



XXVIII Comunicaciones Científicas y Tecnológicas

Orden Poster: CM-006 (ID: 2487)

Autor: Pellegrini, Juan Leandro

Título: Secuenciación de genoma completo y análisis filogenético de aislamientos de *Escherichia coli* portadores del gen mcr-1 en la provincia del Chaco.

Director: Merino, Luis Antonio

Co-Director: Di Conza, José Alejandro

Palabras clave: colistina, mcr-1, secuenciación

Área de Beca: Cs. De La Salud

Tipo Beca: Cofinanciadas Doctorales

Periodo: 01/09/2020 al 31/08/2025

Lugar de trabajo: Imr - Instituto De Medicina Regional

Proyecto: (20L009) Detección de enterobacterias resistentes a colistina en muestras provenientes de animales de cría y caracterización de los mecanismos involucrados

Resumen:

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) se considera un problema de salud global emergente, debido a que el uso extensivo de antimicrobianos tanto en humanos como en animales, seleccionan microorganismos multirresistentes (MDR) que pueden causar infecciones graves en medicina humana. La secuenciación de genoma completo constituye una herramienta útil para el monitoreo de la epidemiología molecular de la RAM. Los objetivos de este trabajo fueron identificar y caracterizar genes de resistencia, virulencia y plásmidos presentes en 3 aislamientos de *Escherichia coli* resistente a colistina portadores del gen mcr-1 mediante el análisis de genoma completo y establecer la relación filogenética con 14 cepas mcr-1 positivas distribuidas en todo el mundo. Se analizaron 3 aislamientos de *E. coli* (CBC20, DMC10B y DMC1) portadores del gen mcr-1 obtenidos de cerdos de engorde en la provincia del Chaco durante el año 2021. La sensibilidad antimicrobiana se determinó por el método de microdilución en caldo según CLSI. La secuenciación del genoma completo se llevó a cabo a través de la utilización de la plataforma de MinION (Oxford Nanopore, UK). Se realizó un ensamble de novo del genoma utilizando el programa Canu 1.6, los parámetros de calidad se evaluaron con QUAST 5.0.2 y la anotación se realizó mediante Prokka. El serotipo se determinó por medio de SerotypeFinder 2.0. Los genes de resistencia, virulencia y plásmidos fueron identificados usando la base de datos de ResFinder 3.0, VirulenceFinder 2.0 y PlasmidFinder 2.1, respectivamente. Se generaron alineaciones del genoma core con Roary 3.13.0 utilizando las anotaciones de Prokka como datos de entrada. Posteriormente, se construyó un árbol de máxima verosimilitud utilizando el programa IQ-TREE versión 2.2.0. Los aislamientos CBC20, DMC10B y DMC1 presentaron una CIM a colistina de 4 microgramos/mL, 8 microgramos/mL y 4 microgramos/mL, respectivamente. CBC20 y DMC10B albergaron el gen mcr-1.5, en cambio DMC1 exhibió la presencia del gen mcr-1.1. Plasmid Finder demostró que los 3 aislamientos compartían tres replicones plasmídicos, incluidos IncFII, Incl2 y Col440II. A su vez, DMC10B contenía los replicones Incl1 y IncX1, mientras que CBC20 y DMC1 contenían otros tipos de plásmidos como IncFIB e IncY. La relación filogenética entre las cepas y los 14 aislamientos portadores de mcr-1 reveló la presencia de 12 clados distintos, donde cada clado estuvo conformado por secuencias de ADN de diferentes orígenes. Según nuestra revisión, este es el primer estudio que describe la utilización de la tecnología de secuenciación de genoma completo en aislamientos de *E. coli* multirresistente en el nordeste argentino. Estos resultados proporcionan una información exhaustiva del genotipo de resistencia y virulencia, que en un futuro podrían contribuir con el desarrollo de estrategias de control y prevención de la RAM en la región.