

SEIMC 2023 - Libro de comunicaciones

Código ISBN	978-84-09-50940-9
Enlace publicación	https://intranet.pacifico-meetings.com/amsysweb/faces/publicacionOnlineLIBRO.xhtml?id=830
Tema	02. Epidemiología de la resistencia a los antimicrobianos. Vigilancia y control de las resistencias
Sesión	SP-21. Epidemiología de la resistencia a los antimicrobianos. Vigilancia y control de las resistencias
Código de presentación	1092
Autor(es)	Mario Sergio Pino-Hurtado, Agustí Martínez, Carmen Lozano, Myriam Zarazaga, Carmen Torres
Centros	Universidad de La Rioja, Logroño
Título:	Las aguas residuales como vía de diseminación de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido. Detección y caracterización.

Texto:

Introducción/Objetivos:

Las enterobacterias (EB) son patógenos oportunistas que pueden adquirir genes codificantes de betalactamasas de espectro extendido (BLEEs), confiriéndoles resistencia a cefalosporinas de amplio espectro, lo que representa un grave problema terapéutico. Las EB productoras de BLEEs (EB-BLEEs) no solo se detectan en el ámbito clínico. El medioambiente, aspecto menos estudiado, desempeña un papel clave en la diseminación de este tipo de bacterias y en especial las aguas residuales provenientes de distintas actividades humanas (domésticas, industriales, agrícolas, ganaderas y de hospitales). Su estudio desde una perspectiva “One-Health” permite comprender mejor los mecanismos involucrados en la aparición y diseminación de esta pandemia silenciosa. El **objetivo** del trabajo fue estudiar la presencia y caracterización de EB-BLEEs en dos estaciones de depuración de aguas residuales (EDARs) del norte de España y sus afluentes/efluentes, relacionadas con diferentes actividades antropogénicas (domésticas, rurales, hospitalarias y vertidos de mataderos).

Materiales y métodos:

Se recolectaron 78 muestras (40 aguas/38 lodos) recogidas en diferentes etapas de tratamiento de las dos EDARs y sus colectores, durante diciembre-2021/septiembre-2022. Dichas muestras se sembraron en placas de agar MacConkey suplementadas con 2µg/mL de cefotaxima y placas cromogénicas agar Brilliance ESBL para la detección de EB-BLEEs. Se incubaron durante 24h a 37°C y 3-4 colonias por placa fueron seleccionadas e identificadas mediante MALDI-TOF. Se utilizó la técnica de difusión en disco para estudiar la sensibilidad a 12 antimicrobianos [ampicilina (AMP), amoxicilina-ácido clavulánico (AMC), cefotaxima (CTX), ceftazidima (CAZ), cefoxitina (FOX), imipenem (IMP), ciprofloxacina (CIP), tetraciclina (TET), tobramicina (TOB), gentamicina (CN), trimetoprim-sulfametoxazol (SXT) y cloranfenicol (CLO)] y la presencia de doble halo (CTX-AMC-CAZ) como indicador de BLEEs. Se realizó PCR y posterior secuenciación para la detección de genes codificantes de BLEEs (*bla*_{CTX-M-G1}, *bla*_{CTX-M-G9}, *bla*_{TEM} y *bla*_{SHV}).

Resultados:

Se aislaron 127 cepas con fenotipo BLEEs procedentes de muestras de aguas (n=88) y de lodos (n=39), que se identificaron como *Escherichia coli* (96%) y *Klebsiella pneumoniae* (4%). Respecto a los estudios de sensibilidad a antimicrobianos se detectaron los siguientes porcentajes de resistencia: AMP(100%), AMC(17.1%), CTX(90.4%), CAZ(20.5%), FOX(4.1%), TET(60.2%), CIP(56.1%), SXT(54.1%), CN(19.2%), TOB(17.1%), y CLO(13.7%). De los aislados, el 63.7% portaban genes *bla*_{CTX-M-G1} [variantes 1(3.1%) / 15(54.3%) / 32(3.9%) / 55(2.4%)], 27.6% portaban *bla*_{CTX-M-G9} y 8.7% presentaron *bla*_{SHV} [variantes 12(7.9%) / 27(0.8%)]. En 42 EB-BLEEs también se detectaron dos genes no-BLEEs de tipo *bla*_{TEM}. En las etapas finales del tratamiento de depuración no se detectó una disminución apreciable de bacterias portadoras de genes *bla*, excepto en el tratamiento de lodos donde sí hubo una mayor reducción. No obstante, sí se detectaron *bla*_{CTX-M-G1} y *bla*_{CTX-M-G9} en los lodos de enmienda. Preocupantemente, en los efluentes se aislaron 20 cepas (19 *E. coli* / 1 *K. pneumoniae*) portadoras de *bla*_{CTX-M-15/32} y *bla*_{SHV-12/27}.

Conclusiones:

Se detectaron EB-BLEEs con enzimas de los tipos *bla*_{CTX-M-G1}, *bla*_{CTX-M-G9} y *bla*_{SHV} en las aguas y lodos de dos EDARs y sus afluentes/efluentes. La presencia de bacterias multirresistentes portadoras de estos genes en los efluentes demuestra el grado de diseminación de esta problemática y la necesidad de valorar medidas de control.