

Palazzo, Andrea (1). Lavayén, Silvina (1). Zotta, C. Marcelo (1). Silva, Andrea (1). Centrón, Daniela (2). Rajal, Verónica (3). Vega, Israel (4). Masachessi, Gisela (5). Mayón, Paula (6). Coronel, Lorena (6). Quiroga, Paula (2). Vargas, Claudia (2). Del Bianco, Carlos (7). Comino, Ana Paula (8). von Haeften, Gabriela (8).

(1) Instituto Nacional de Epidemiología "Dr. Juan H. Jara". Administración de Laboratorios e Institutos de Salud ANLIS-Malbrán. (2) Instituto de Investigaciones en Microbiología y Parasitología Médica. CONICET. Universidad de Buenos Aires. (3). Instituto de Investigaciones para la Industria Química. CONICET-Universidad Nacional de Salta. (4) Instituto de Fisiología -CONICET. Universidad Nacional de Cuyo. (5) Instituto de Virología Dr. J. M. Vanella. Universidad Nacional de Córdoba. (6) Agua y Saneamientos Argentinos S.A.- AYSA. (7) EDAR Bajo Grande, Municipalidad Córdoba. (8) Obras Sanitarias Mar del Plata Sociedad de Estado.

Consultas: apalazzo@anlis.gob.ar

INTRODUCCIÓN

La Resistencia antimicrobiana (RAM), es un problema de salud pública a nivel mundial que debe ser abordada desde la visión de “Una Salud”. La vigilancia ambiental puede contribuir con su estudio mediante la Epidemiología basada en Aguas Residuales.

OBJETIVO

Efectuar el monitoreo de presencia de cepas de *Escherichia coli* resistentes a antibióticos productoras de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) y/o carbapenemasas (CRE), y genes asociados a dichos mecanismos de resistencia en muestras ambientales de aguas residuales.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se realizó un estudio multicéntrico, observacional, descriptivo, de carácter exploratorio. Se tomaron muestras de aguas residuales con una frecuencia mensual durante 6 meses (entre abril y noviembre de 2023) de plantas depuradoras de aguas residuales con alta cobertura de población servida, de diversas regiones de Argentina: AySA Planta depuradora Norte-San Fernando-Buenos Aires, Salta (Aguas del Norte), Córdoba (EDAR Bajo Grande), Mendoza (Agua y Saneamiento Mendoza) y Partido de General Pueyrredón-Buenos Aires (EDAR-Obras Sanitarias Mar del Plata Sociedad de Estado). Se determinaron características físico-químicas y biológicas de las muestras. Se realizaron recuentos y aislamientos presuntivos de *E.coli* productoras BLEE y CRE, reacciones Multiplex PCR convencional según lo propuesto por el Laboratorio Nacional de Referencia (INEL-Malbrán) para detección de los genes *bla*_{CTX-M}, *bla*_{PER-2}, *bla*_{KPC}, *bla*_{OXA-48-like}, *bla*_{VIM}, *bla*_{IMP} y *bla*_{NDM}, respectivamente; y caracterización fenotípica mediante kit comercial API®20E BioMérieux.

RESULTADOS

- Se detectaron cepas resistentes a antibióticos productoras BLEE y/o CRE, en todas las muestras analizadas.
- Se observaron variaciones en perfiles de resistencia tanto geográficas como temporales.
- El análisis multivariado utilizando el método “Análisis de clústeres sobre Componentes Principales (FIGURA 6) arrojó 3 clústeres los cuales no se encontraron asociados a los diferentes genes estudiados. *Clúster 1* (Salta, Mendoza y Buenos Aires- Zona Norte (AYSA)): las aguas residuales de estos centros exhibieron ciertas similitudes, presentando recuentos de *E. coli*, y valores de SST (sólidos suspendidos totales) , DBO (demanda biológica de oxígeno) y DQO (demanda química de oxígeno) inferiores a la media general ($p<0,05$). *Clúster 2* (integrado en su mayoría por muestras de Córdoba), se caracterizó por presentar valores de DQO, DBO y SST superiores a la media general ($P<0,05$). *Clúster 3* (PGP-Bs As), caracterizado por recuentos de *E.coli* y valores de DQO, SST y pH superiores a la media general ($p<0,05$).
- Los diferentes genes no se encontraron asociados a ninguno de los parámetros del efluente.

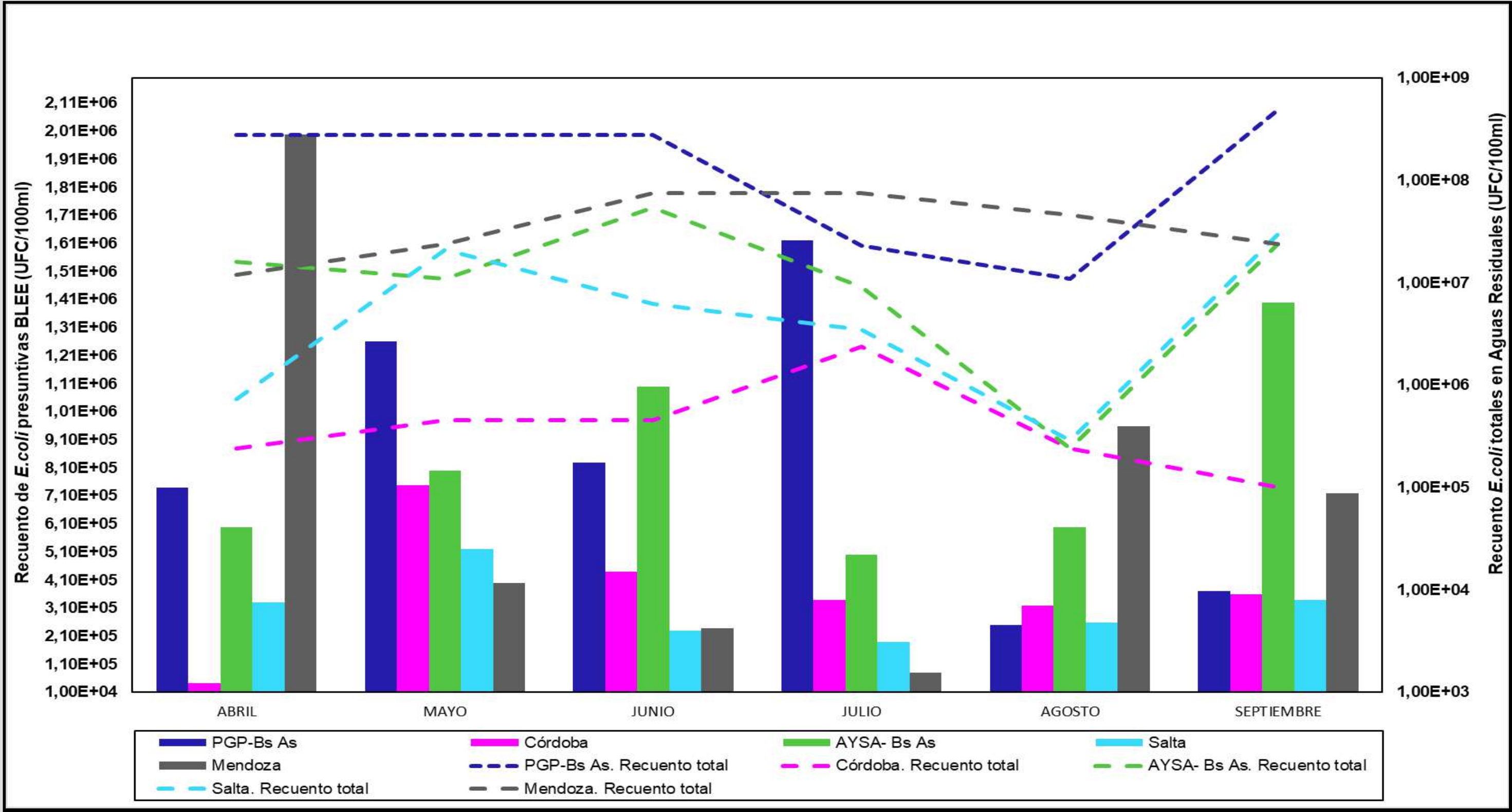


FIGURA 1. Distribución mensual de *E.coli* presuntivas productoras de BLEE y recuento total de *E.coli*, provenientes de diversas regiones de Argentina.

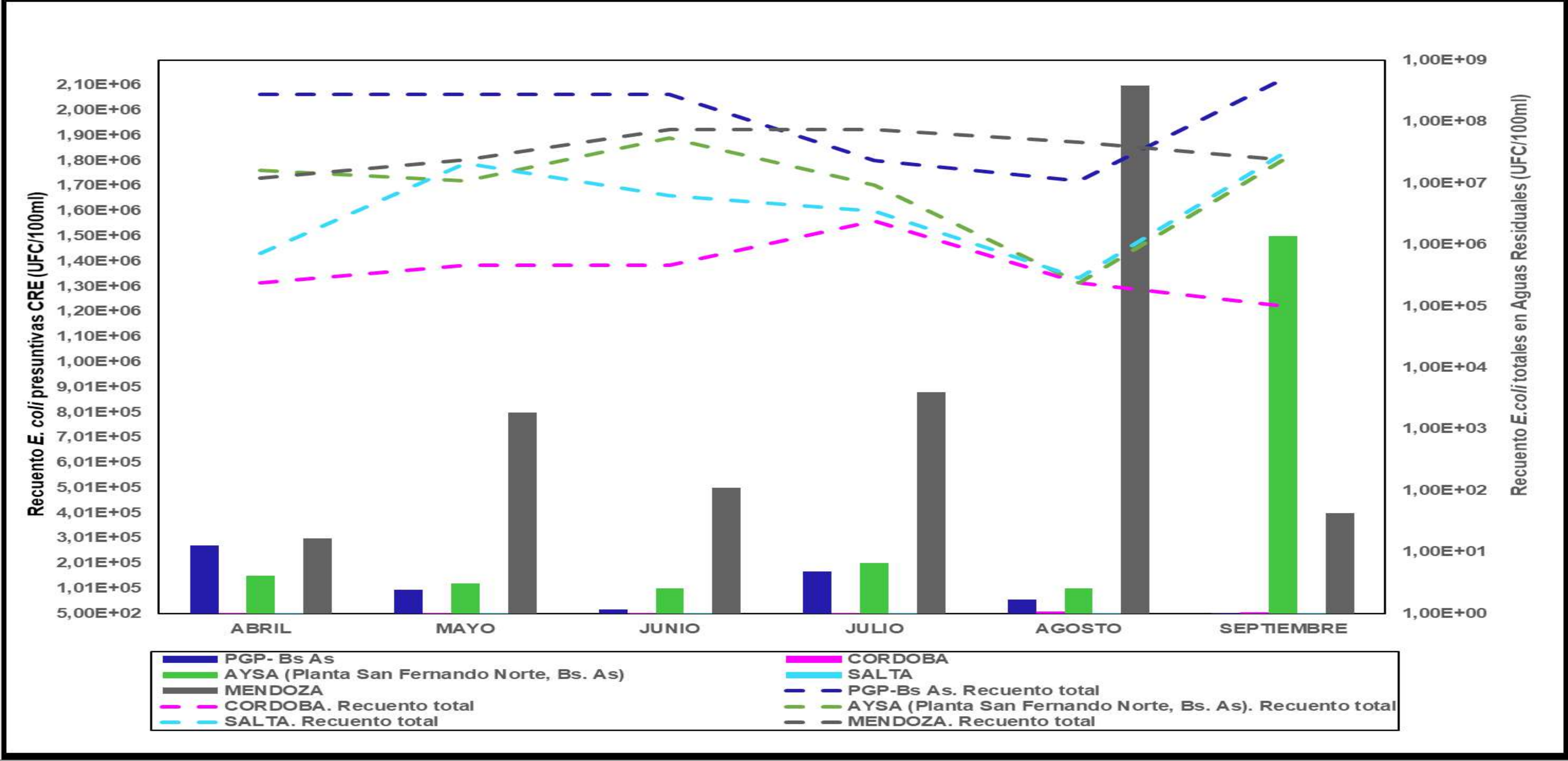


FIGURA 2. Distribución mensual de *E.coli* presuntivas productoras de CRE y recuento total de *E.coli*, provenientes de diversas regiones de Argentina.

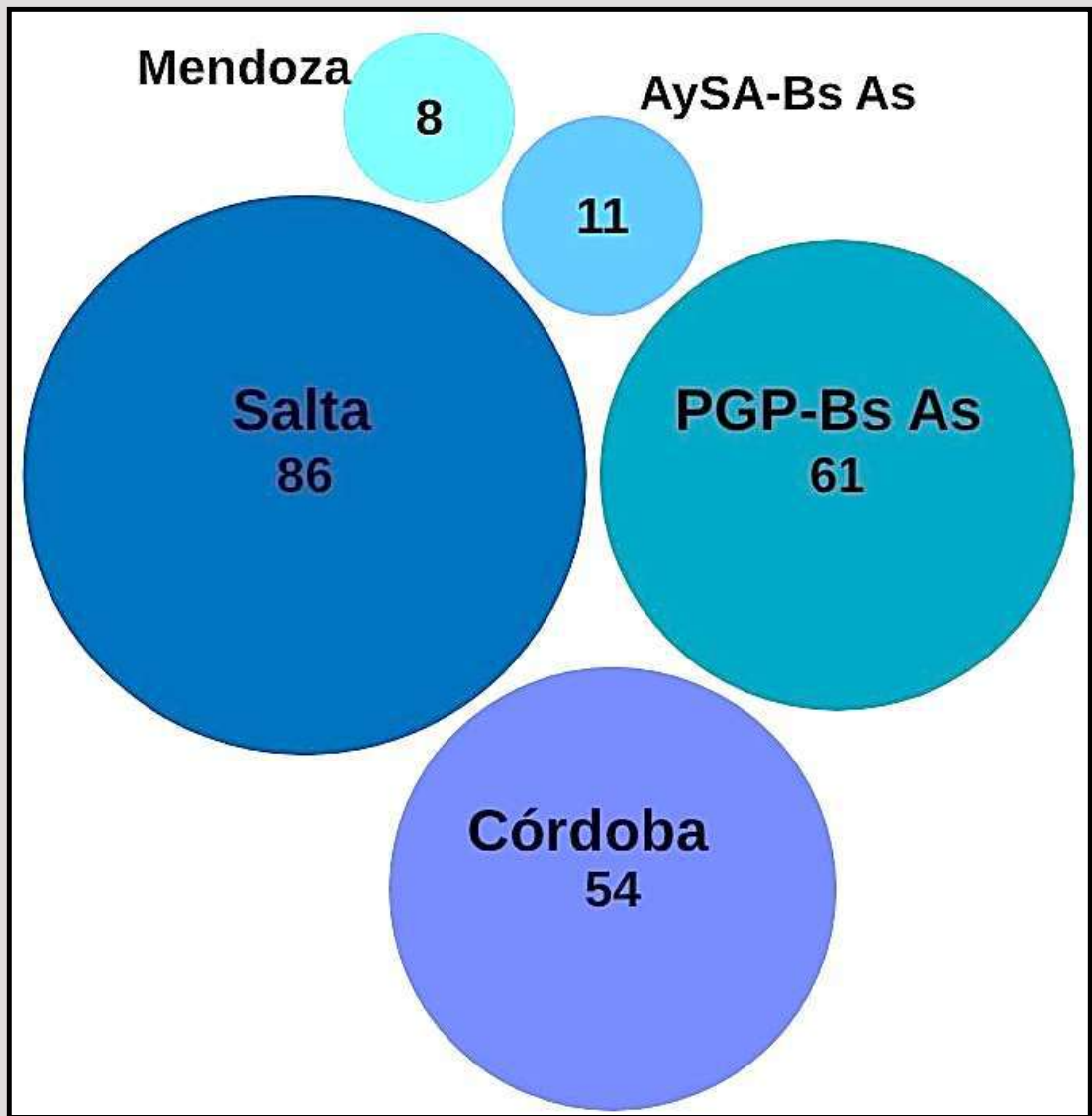


FIGURA 3. Distribución del gen *bla*_{CTX-M} asociado a BLEE en colonias de *E.coli* presuntivas, por regiones estudiadas.

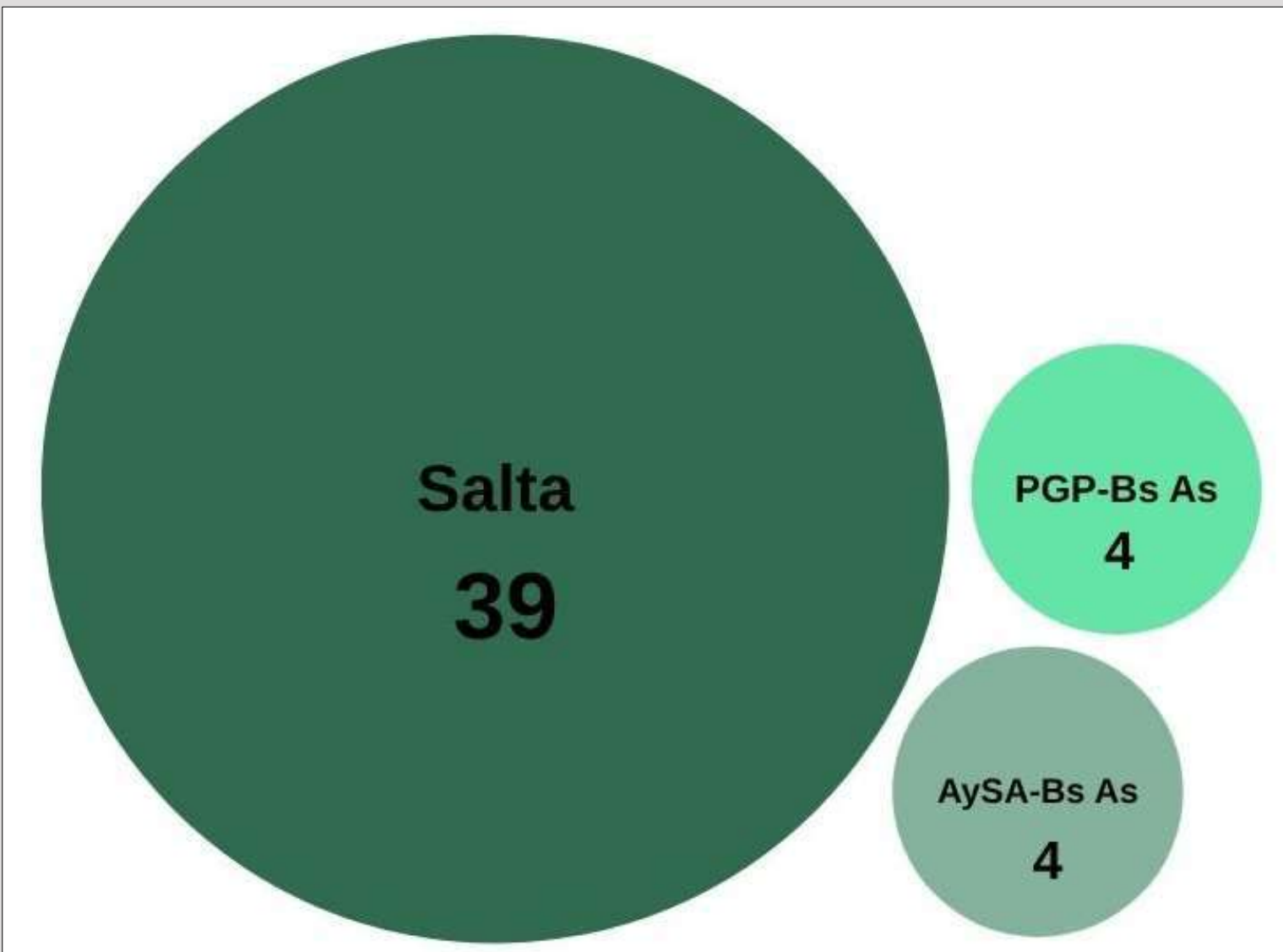


FIGURA 4. Distribución del gen *bla*_{PER-2} asociado a BLEE en colonias de *E.coli* presuntivas, por regiones estudiadas.

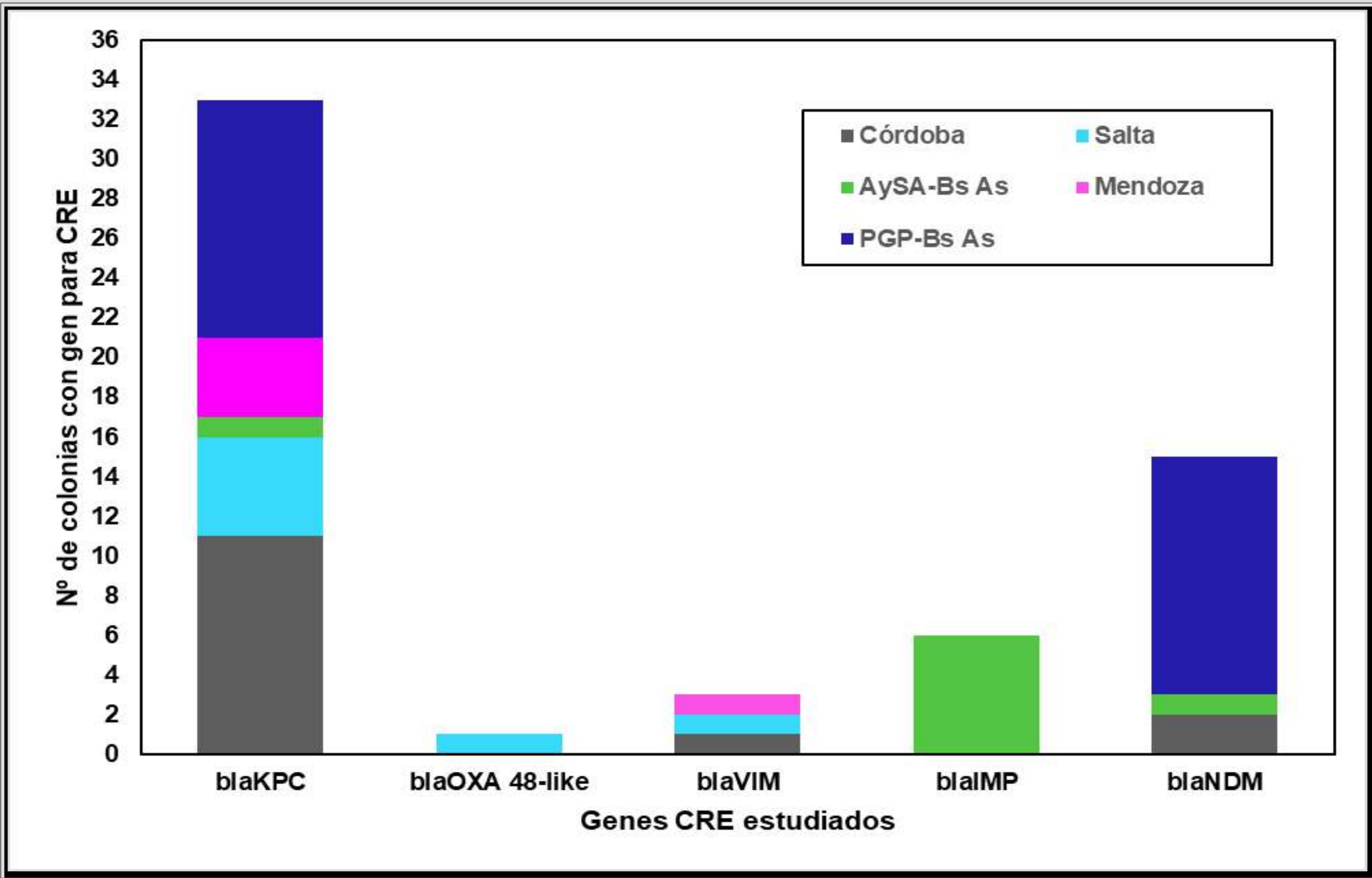


FIGURA 5. Distribución total de genes de resistencia asociados a CRE detectados en colonias de *E.coli* presuntivas, provenientes de diversas regiones de Argentina.

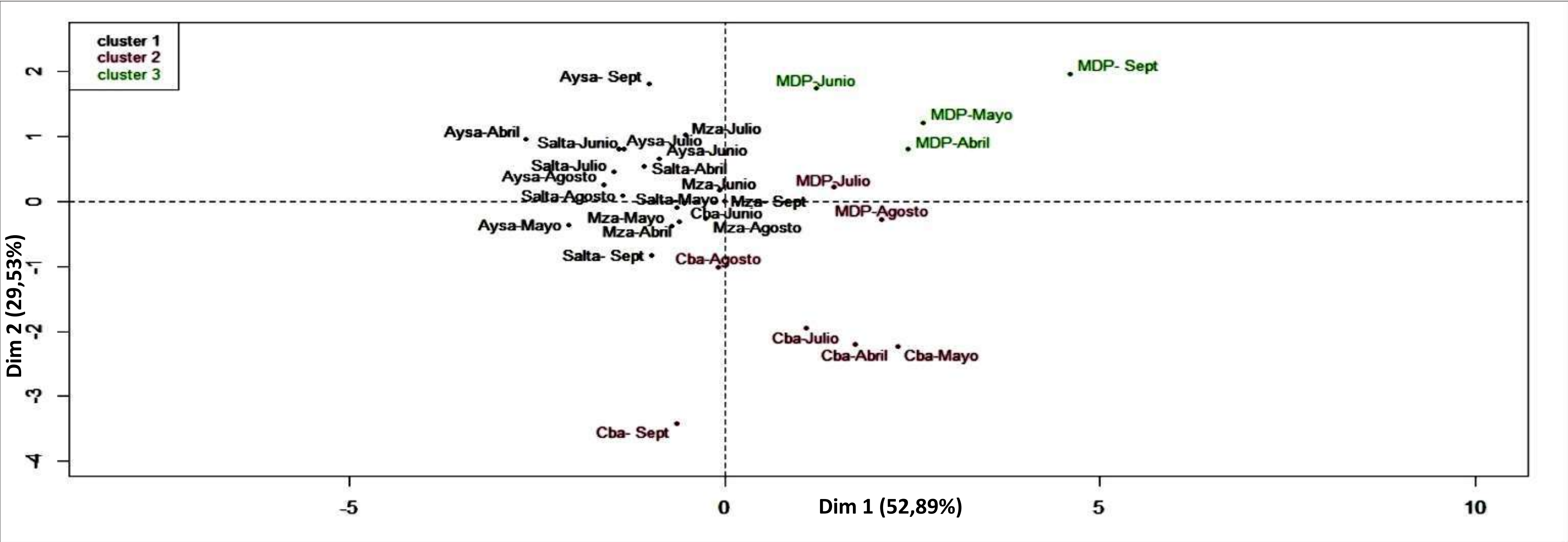


FIGURA 6. Análisis multivariado de *clústers* sobre Componentes Principales. Se realizó *clustering* jerárquico sobre los componentes principales seleccionados (criterio de Ward). A continuación, se realizó un procedimiento de *K-means clustering* para mejorar la partición inicial. Se utilizaron como Variables activas: SST, DQO, DBO, pH y valores de recuento de *E.coli*/100 ml, y como variables ilustrativas genes y regiones.

CONCLUSIONES

- Este trabajo representa el primer estudio multicéntrico de RAM proveniente de vigilancia poblacional a partir de datos de resistencia antimicrobiana surgidos del Monitoreo Ambiental en Aguas Residuales de Argentina.
- Los resultados confirman la detección de aislamientos productores tanto de BLEE y CRE, y al ambiente como potencial reservorio y medio de transferencia de los genes de resistencia.
- Resulta necesario continuar investigando la presencia de otros genes de resistencia a antibióticos β -lactámicos.
- Desde la mirada de *Una Salud*, es importante destacar a partir de nuestros resultados la importancia y el potencial riesgo, tanto para la salud humana, animal y ambiental, de la circulación de cepas bacterianas en el ambiente productoras de enzimas con capacidad de hidrolizar antibióticos β -lactámicos.