



Identificación in silico de genes de resistencia a antibióticos en cepas de *Salmonella* Typhimurium ST213

ELDA ARACELI HERNÁNDEZ DÍAZ¹, GERARDO VÁZQUEZ MARRUFO¹, ANDREA MONSERRAT NEGRETE PAZ¹ y MA. SOLEDAD VÁZQUEZ GARCIDUEÑAS¹

¹ Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo. cupdam@hotmail.com

Salmonella enterica es uno de los principales agentes etiológicos de enfermedades gastrointestinales transmitidas por alimentos, afectando anualmente a millones de personas en todo el mundo. La prescripción de antibióticos contra este patógeno se restringe a grupos vulnerables como adultos mayores, niños (≤ 5 años) y pacientes inmunocomprometidos. Pero la identificación de genes de resistencia a antibióticos en *S. enterica* tiene relevancia epidemiológica y de salud pública debido a que ha aumentado el aislamiento de cepas multirresistentes, porque existe una correlación resistencia-virulencia y por la transferencia horizontal de genes de resistencia a otros patógenos. El serotipo más comúnmente aislado de muestras clínicas y alimentos es el Typhimurium, siendo la secuencia tipo ST19 el genotipo fundador de dicho serotipo, identificado además como el genotipo más abundante y ampliamente distribuido a nivel global. En algunas regiones se ha documentado el reemplazo de ST19 por otra ST. En África, la ST19 ha sido desplazada por la ST313, que es más virulenta. El análisis genómico comparativo sugiere que la presencia de plásmidos que acarrean genes de resistencia a antibióticos en ST313 puede ser un factor determinante del reemplazo. En México, el genotipo que está desplazando al ST19 en muestras clínicas y aislados de alimentos es el ST213, el cual presenta multirresistencia y ya se ha encontrado en otros países. Por su relevancia epidemiológica, se realizó un análisis genómico comparativo entre cepas del genotipo ST213, para evaluar la distribución de genes de resistencia a antibióticos. A partir de conjuntos de *reads* Illumina depositados en bases de datos, se ensamblaron y analizaron 158 genomas de cepas ST213 empleando el paquete TORMES. 156 genomas se asociaron al serotipo Typhimurium/ST213, descartando aquellos ensamblados con cobertura y/o identidad menor a 97%. Al realizar la búsqueda de genes de resistencia a antibióticos en la base de datos CARD empleando la herramienta Abricate, se identificaron 28 genes que confieren resistencia a diversas familias de antibióticos, incluyendo aquellos para resistencia a: aminoglucósidos, diaminopirimidinas, fenicoles, fluoroquinolonas, macrólidos, sulfonamidas y tetraciclinas. En 157 genomas se encontró al menos uno de los genes que confieren resistencia a diversas familias de antibióticos. Cinco de los 28 genes, se encontraron en ≥ 140 cepas, mientras que nueve genes se encontraron solo en una cepa cada uno. La mayoría de los genes de resistencia identificados están asociados a elementos móviles (plásmidos, integrones o transposones), y solo cuatro se encuentran codificados en el cromosoma. Doce de los 28 genes encontrados confieren resistencia mediante la expresión de bombas de eflujo, nueve por la inactivación del antibiótico y siete por la modificación del sitio blanco. Los resultados indican que las cepas del genotipo ST213 adquieren o intercambian genes de resistencia a antibióticos principalmente mediante mecanismos de transferencia horizontal, lo que les confiere multiresistencia a varias familias de antibióticos. Será interesante evaluar si dicha multiresistencia está asociada tanto a virulencia como al fenómeno de reemplazo de la ST19 por la ST213 en México.