

UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN
Dirección de Postgrado



Magíster en Ciencias mención Microbiología

Facultad de Ciencias Biológicas

**ELEMENTOS QUE CAPTURAN GENES DE RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS EN
CEPAS DEL CLON PANDÉMICO DE *Vibrio parahaemolyticus***

PRISCILA PAMELA DAUROS SINGORENKO

CONCEPCIÓN - CHILE
2009

RESUMEN

Vibrio parahaemolyticus es un habitante natural de ambientes marinos que puede ser patógeno para el humano, cuando se ingiere al consumir alimentos marinos crudos o mal cocidos, causando cuadros febriles, vómitos, diarrea, náuseas, etc. En Chile, la ingesta de los productos marinos es común, y *V. parahaemolyticus*, desafortunadamente, se ha establecido endémicamente en algunas zonas. La composición genética particularmente del género *Vibrio* es muy compleja y dinámica, con elementos genéticos que facilitan la captura y transmisión a través de las barreras filogenéticas teniendo implicancias en una rápida evolución de la especie. Además, éste tráfico puede favorecer la diseminación constante de elementos genéticos perjudiciales directa o indirectamente para la salud humana mediante el traspaso de genes de resistencia a otras especies bacterianas de importancia clínica. En este trabajo se estudió 110 cepas de *V. parahaemolyticus* de origen ambiental y clínico, aisladas durante los años 2005 y 2007 en varias regiones del país. Se determinó su perfil de resistencia a 17 antibióticos por el método de difusión en agar. Por PCR se detectaron genes de marcadores del grupo pandémico, de elementos genéticos que capturan genes de resistencia a antibióticos y genes de resistencia a antibióticos. Además, se estableció la relación genotípica de las cepas mediante perfiles de macrorestricción y Electroforesis de Campo Pulsado. Las cepas fueron uniformemente susceptibles a antibióticos de diversos grupos como tetraciclina, ácido nalidíxico, ciprofloxacina, sulfonamidas, trimetoprim, sulfametoxazol-trimetoprim, cloranfenicol y florfenicol. Las cepas exhibieron distintos porcentajes de resistencia sólo frente a antibióticos betalactámicos, como ampicilina, cefalotina, cefoxitina, cefotaxima y cefpodoxima; y a aminoglicósidos, como amikacina y gentamicina. La amplitud de patrones de resistencia varió entre 0 y 5 antibióticos y de categoría intermedia entre 0 y 7 antibióticos, con comportamiento similar en los años 2005 y 2007. Se identificó el grupo pandémico en 89% de las cepas clínicas del año 2005, disminuyendo a 66% en el año 2007. En las cepas ambientales se detectó el grupo pandémico en 20% en el año 2005, subiendo a 36% en 2007. Los

estudios de macro restricción demostraron la presencia de 9 perfiles (clones) en las cepas aisladas en el año 2005, con 78% de ellas correspondientes a un solo clon. Los perfiles aumentaron a 16 en las cepas del año 2007 correspondiendo 61% a un solo clon. El clon prevalente en ambos años fue el mismo. En ninguna cepa se detectó los elementos genéticos que capturan genes de resistencia a antibióticos, pero si el superintegrón en todas las cepas. La secuenciación de este gen demostró un polimorfismo asociado a dos residuos aminoacídicos. El perfil de resistencia a antibióticos β -lactámicos no se logró asociar con la pesquisa de diversos genes de β -lactamasas. El único gen detectado fue *bla*_{TEM}; sin embargo, se requieren estudios posteriores para la confirmación.

