

XIV REUNIÓN GRUPO MICROBIOLOGÍA MOLECULAR



Santander 2024

LIBRO DE COMUNICACIONES





***Streptococcus suis* transfiriere genes de resistencia a antibióticos
a otros estreptococos patógenos de humanos**

Cristina Uruén^{1,2}, María José Lavilla^{3,4}, Antonio Rezusta^{3,4}, Clara Marín^{3,5}, Jesús Arenas^{1,2,4*}

¹Unidad de Microbiología, Departamento de Patología Animal, Facultad de Veterinaria. ²Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2, Zaragoza, España; ³Departamento de Microbiología, Hospital Universitario Miguel Servet, Zaragoza, España; ⁴Instituto de Salud Aragonesa, IIS. ⁵Departamento de Ciencia Animal, CITA, Zaragoza, España.

* jarenasbusto@gmail.com

S. suis es el agente causal de la enfermedad estreptocócica porcina, causando una elevada prevalencia y mortalidad a nivel mundial. Exhibe una notable diversidad genotípica, clasificándose en 33-35 serotipos y más de 3800 secuencias tipo (ST). *S. suis* ha desarrollado elevadas tasas de resistencia, especialmente a tetraciclinas, macrólidos y lincosamidas. Los genes responsables de estas resistencias (GRAs) se ubican en elementos genéticos móviles (MGEs), como elementos integrativos y conjugativos (ICEs) e integrativos y movilizables (IMEs) facilitando su transferencia entre especies. Al poder colonizar al ser humano, tiene el potencial de transferir GRAs a otros patógenos.

En el estudio se investigó la transferencia de GRAs de *S. suis* a otros estreptococos patógenos humanos tanto *in vivo* como *in vitro*. Para esto se determinó el perfil de resistencias de 116 aislados invasivos de *S. suis* obtenidos de cerdos enfermos y 2.516 aislados de diferentes especies de estreptococos de pacientes humanos (*S. agalactiae*, *S. pneumoniae*, *S. pyogenes* y *S. mitis*), observándose altas tasas de resistencias a tetraciclinas, macrólidos y/o lincosamidas en *S. suis* (~90%) y moderadas en el resto de estreptococos (~30%). Se secuenciaron los genomas de los aislados resistentes portadores de los GRAs *tet(O)* y *erm(B)*, concretamente 30 de *S. suis* y 9 de *S. agalactiae*. Análisis bioinformáticos detectaron *tet(O)* y *erm(B)* ubicados en MGEs en ambas especies. Aunque estos MGEs mostraron similitudes, también presentaron variaciones en la organización genética y secuencia nucleotídica. Curiosamente, los MGEs de las cepas Ss_72 y Ss_124 de *S. suis* y Sa_44 de *S. agalactiae* mostraron homología nucleotídica superior al 97%, sugiriendo la transferencia *in vivo* de GRAs entre ambas especies. Posteriormente, se analizó la transferencia *in vitro* de GRAs entre especies. Cepas de *S. suis* con MGEs que portaban GRAs fueron co-incubadas con cepas de estreptococos de humana de la colección. Se obtuvieron transconjugantes con el MGE de *S. suis* integrado en su genoma en todas las mezclas, excepto en *S. mitis*. Las tasas de conjugación variaron entre especies, en parte influenciadas por mecanismos de competición interespecie. En conclusión, *S. suis* puede transferir GRAs a otros estreptococos patógenos de humanos mediante MGEs, lo cual representa un desafío para la salud global.

Este estudio fue financiado por los proyectos ABC-VaccineSs (MCIN/AEI/10.13039/501100011033) concedido por la Agencia Estatal de Investigación y TRANSIT (Ref. LMP58_21) de I+D+i de la Dirección General de Aragón.