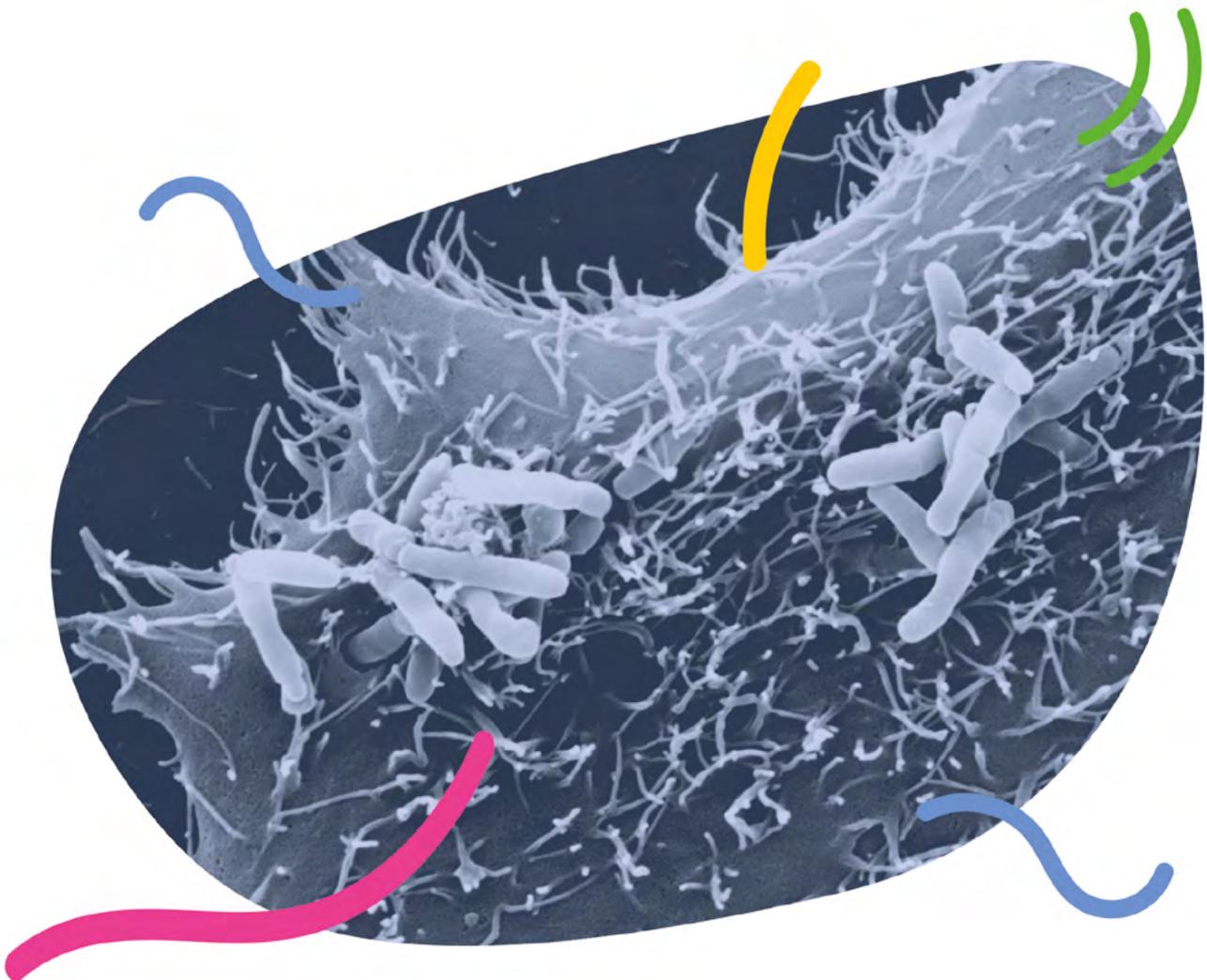


XXIX Congreso  
SOCIEDAD ESPAÑOLA DE  
**MICROBIOLOGÍA**  
*BURGOS 2023*

**LIBRO DE ABSTRACTS**

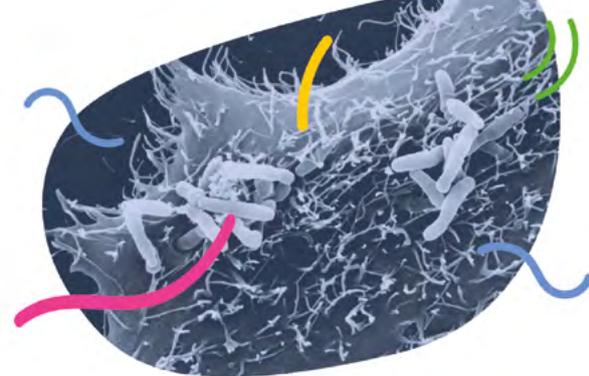
**Microorganismos:  
Un Universo en Continua Evolución.**

*25 - 28 JUNIO 2023*



# Microorganismos: Un Universo en Continua Evolución.

25 - 28 JUNIO 2023



## #401 ANÁLISIS GENÉTICOS DE LA RESISTENCIA FRENTE A B-LACTÁMICOS EN AISLADOS INVASIVOS DE STREPTOCOCCUS SUIS

Cristina Uruén García<sup>1</sup>, Clara Marín Alcalá<sup>2</sup>, Jesús Arenas Busto<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>(Departamento de Patología Animal, Facultad de Veterinaria, Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2, Universidad de Zaragoza-CITA, Zaragoza, España)

<sup>2</sup>(Departamento de Ciencia Animal, CITA, Instituto Agroalimentario de Aragón-IA2, Universidad de Zaragoza-CITA, Zaragoza, España)

### Resumen de la comunicación

*Streptococcus suis* es una bacteria Gram positiva comensal en el tracto respiratorio superior de los cerdos, pero es también un microorganismo patógeno, el cual causa endocarditis, artritis, y meningitis (enfermedad estreptocócica porcina). Se le considera una de las principales causas de mortalidad en la producción porcina, generando importantes pérdidas económicas a nivel global. Su principal tratamiento es mediante antibióticos  $\beta$ -lactámicos.

Previamente analizamos la resistencia a 6  $\beta$ -lactámicos (Amoxicilina, Amoxicilina / Ácido Clavulánico, Ampicilina, Cefquinoma, Ceftiofur y Penicilina G) de 116 aislados invasivos de *S. suis* aislados en España. Los antibióticos testados mostraron tasas de resistencia inferiores al 3%, excepto la Penicilina G, en la que se obtuvieron resistencias en un 33% de los aislados. En este estudio, se analizó el origen genético de la resistencia a la Penicilina G en 19 aislados de diferentes linajes genéticos. Para ello, se secuenciaron los genes *pbp1a*, *pbp2b*, *pbp2x* y *mraY* de estos aislados, y se compararon con los de la cepa de referencia P1/7, sensible a  $\beta$ -lactámicos. Las cepas resistentes mostraron una mayor variabilidad en la secuencia aminoacídica de PBP2X, PBP2b y *MraY* (2,6 – 6,6%) respecto a las sensibles (0,1 – 1%) ( $p < 0,05$ ). Aunque en la PBP1a también se observó una variabilidad aminoacídica de 0,7% y 0,9% en aislados sensibles y resistentes, respectivamente, la diferencia no fue significativa. La relación entre sustituciones no sinónimas y sinónimas del gen *pbp1a* fue 0,13, superior al resto de genes (0,04 – 0,08), indicando que este gen es el menos conservado. Análisis bioinformáticos mostraron evidencias de recombinación en varios genes, tales como *pbp1a* y *pbp2b*. Estos resultados confirman la importancia de las proteínas de unión a las penicilinas y *MraY* en la generación de antibiorresistencias a  $\beta$ -lactámicos en *S. suis*, y sugiere que su origen puede ser causado por transferencia genética horizontal.

### Financiación

Este estudio fue financiado por el proyecto TRANSIT (Ref. LMP58\_21) de I+D+i de la Dirección General de Aragón.