

Describen los mecanismos genéticos por los que la bacteria *A. pittii* es resistente a distintos antibióticos

- Esta especie, que causa patologías graves, ha adquirido características que permiten su dispersión y supervivencia en el ambiente hospitalario
- Algunas bacterias del género *Acinetobacter* pertenecen a un grupo de patógenos contra los que la Organización Mundial de la Salud estima que hay necesidad imperiosa de conseguir nuevos antibióticos eficaces

Santander, 17 de junio de 2022.- *Acinetobacter pittii* (*A. pittii*), una bacteria patógena que se propaga en ambientes hospitalarios y que suele causar infecciones sanguíneas asociadas al uso de catéteres, alberga diferentes genes relacionados con la resistencia a los antibióticos betalactámicos, el grupo más ampliamente usado de antimicrobianos, así como mutaciones puntuales que parecen estar también vinculadas con la resistencia a la colistina, un antibiótico de los considerados de “último recurso”. Así lo ha descrito un estudio liderado por un equipo del área de Enfermedades Infecciosas del CIBER (CIBERINFEC) y otras instituciones nacionales e internacionales, que publica la revista *Antibiotics*.

Las bacterias resistentes a los antimicrobianos son un problema creciente en la salud pública, especialmente en el ambiente hospitalario, donde los microorganismos de infección encuentran su nicho. Entre estas bacterias, el género *Acinetobacter* alberga diferentes especies que escapan a múltiples fármacos. Es por ello que está incluido en el grupo patógeno ESKAPE, una serie de especies bacterianas contra las que la Organización Mundial de la Salud estima que hay una necesidad imperiosa de conseguir nuevos antibióticos eficaces, puesto que entre todas provocan el 80% de los fallecimientos causados por infecciones debidas patógenos resistentes a antibióticos.

Unas bacterias cada vez más extendidas y reservorio de resistencias

“Dentro de esta familia de bacterias, *A. baumannii* (la más extendida de este grupo) y *A. pittii* han conseguido en relativamente pocos años pasar de ser meras contaminantes ambientales a verdaderas productoras de patologías graves, en muchos casos difíciles de tratar con antibiótico”, explica José Ramos Vivas, investigador del CIBERINFEC y de la Universidad Europea del Atlántico de Santander y uno de los autores principales de este trabajo. A pesar de la todavía baja –aunque creciente– prevalencia de *A. pittii* en los hospitales, existe cierta preocupación de que estas cepas con determinantes de resistencia puedan propagarse igual o más que especies más problemáticas como su pariente *A. baumannii*. Además, “estas bacterias son difíciles de erradicar de los entornos hospitalarios debido a su capacidad para sobrevivir en condiciones estresantes, actuando también como reservorio de genes de resistencia a los antimicrobianos en instalaciones clínicas que podrían diseminarse fácilmente a otros patógenos”, alerta el investigador.

Por ello, es importante comprender cómo estas especies han adquirido las características que permiten su dispersión y su supervivencia en el ambiente hospitalario, así como averiguar cuáles son los motivos por los que reclutan fácilmente en sus genomas los determinantes que les ayudan a resistir distintos tratamientos antibióticos. Para avanzar en este conocimiento, este grupo de investigación se centró en analizar las características genómicas y los determinantes de resistencia a los antimicrobianos en cinco cepas de *A. pittii* que fueron aisladas en el Hospital Universitario Marqués de Valdecilla (Santander).

Transferencia de la resistencia a los antimicrobianos

En esos genomas se detectan gran cantidad de elementos móviles que pueden portar determinantes de resistencia. Se trata, por ejemplo, de islas genómicas (uno de los principales mecanismos genéticos de transferencia intercelular, por los cuales las bacterias causantes de infecciones intrahospitalarias adquieren perfiles de multirresistencia) y de transposones (secuencias de ADN que puede moverse de manera autosuficiente a diferentes partes del genoma de una célula y causar mutaciones en el ADN del genoma). “Tanto la nueva adquisición como la diseminación de genes de resistencia a los antimicrobianos se deben principalmente al papel de estos elementos genéticos móviles, que pueden mover algunas secuencias en la misma bacteria (ADN intracelular) o a una nueva célula a través de la transferencia horizontal de genes (ADN intercelular)”, señala María Lázaro, investigadora en el Instituto de Agrobiotecnología del CSIC en Navarra y también autora del estudio.

Utilizando distintos programas bioinformáticos, este equipo ha podido definir cómo, al igual que ocurre en *A. baumannii*, distintas cepas de la especie *A. pittii* albergan ya en sus genomas transposones, islas genómicas, y determinantes puntuales de resistencia frente a distintos compuestos antimicrobianos como la colistina, un antibiótico de último recurso. “La presencia principalmente de elementos genéticos cromosómicos móviles y plásmidos permitiría a *A. pittii* la adquisición y la diseminación de la resistencia a diversos antibióticos. Esto, junto con una capacidad similar a *A. baumannii* para formar biocapas -o biofilms- en distintas superficies, podría hacer difícil su erradicación del ambiente hospitalario”, detalla Itziar Chapartegui, investigadora postdoctoral en el Departamento de Microbiología de la Universidad de Texas en Galveston, y primera firmante del estudio.

“Las investigaciones de este tipo, donde se realiza una comparativa completa de los genomas entre distintas cepas y especies, nos puede ayudar a comprender mejor su ecología dentro del ambiente hospitalario y así optimizar estrategias que puedan permitir el control de su dispersión”, concluyen estos investigadores .

Artículo de referencia:

Chapartegui-González I, Lázaro-Díez M, Ramos-Vivas J. **Genetic Resistance Determinants in Clinical *Acinetobacter pittii* Genomes.** *Antibiotics* (Basel). 2022;11(5):676. Published 2022 May 17. doi:10.3390/antibiotics11050676

Sobre CIBERINFEC

El Centro de Investigación Biomédica en Red (CIBER) es un Consorcio dependiente del Instituto de Salud Carlos III –Ministerio de Ciencia e Innovación). Su área de Enfermedades Infecciosas (CIBERINFEC), impulsada gracias a los fondos *NextGenerationEU*, está formada por 46 grupos de investigación que trabajan en cuatro grandes programas de investigación: Salud Global, infecciones emergentes y reemergentes; resistencia a antimicrobianos; VIH/SIDA e infecciones de transmisión sexual; e infecciones en Inmunodeprimidos no HIV e infecciones relacionadas con la asistencia sanitaria.