

# Rezistența la antibiotice și biocide la tulpini de *Escherichia coli* izolate din ape uzate din Algeria

Rares-Ionuț DRAGOMIR<sup>1</sup>, Yacine BOUTEKFA<sup>2</sup>, Marius SURLEAC<sup>3</sup>, Liviu-Iulian ROTARU<sup>3</sup>, Simona PARASCHIV<sup>3</sup>, Leontina BĂNICĂ<sup>3</sup>, Mădălina Diana GĂBOREANU<sup>1</sup>, Irina GHEORGHE-BARBU<sup>1</sup>, Mariana Carmen CHIFIRIUC<sup>1</sup>, Ilda CZOBOR-BARBU<sup>1</sup>

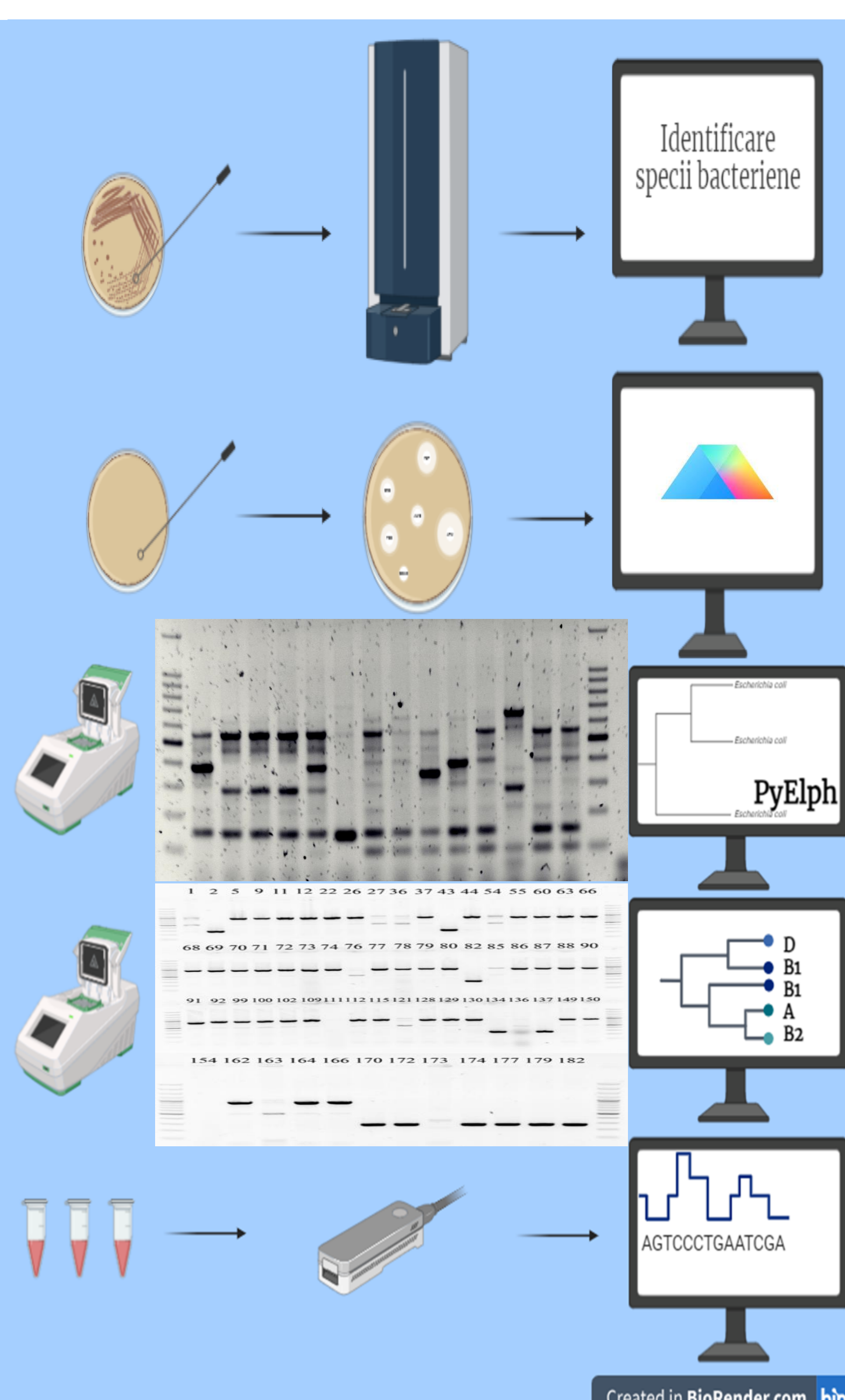
1. Universitatea din București, Facultatea de Biologie, Departamentul de Botanică și Microbiologie; 2. Laboratory of biotechnology, Environment and Health, Faculty of Biology, Saad Dahlab Blida University, Algeria; 3. Institutul Național de Boli Infecțioase „Prof. Dr. Matei Bals”, București

## Introducere

Rezistența și multirezistența bacteriilor la antibiotice continuă să reprezinte una dintre cele mai mari provocări pentru sănătatea publică, atât în țările în curs de dezvoltare, cât și la nivel global. În plus, bacteriile au dezvoltat mecanisme de rezistență și la substanțe biocide, ceea ce le face astfel să fie foarte greu de eliminat, în special de pe dispozitive medicale. Principalul rezervor al diseminării acestor bacterii, în mediile naturale, este reprezentat de apele uzate.

## Materiale și metode

1. Identificarea speciilor bacteriene prin -MALDI-TOF.
2. Determinarea rezistenței la antibiotice prin - metoda disc-difuzimetrică. Determinarea rezistenței la biocide - metoda microdiluțiilor.
3. Identificarea filogeniei moleculare prin tehnica ERIC-PCR și software PyEplh.
4. Determinarea grupelor de patogenitate prin metoda triplex PCR.
5. Secvențierea genomurilor bacteriene a fost realizată prin tehnica nanopore, genomurile draft fiind asamblate și adnotate cu software dedicate, într-o platformă Linux.



## Scopul studiului

Investigarea tulpinilor de *Escherichia coli*, izolate din probe de namol din trei stații de epurare din Algeria, în vederea determinării profilurilor de rezistență la antibiotice și biocide, prin metode fenotipice și moleculare.

## Rezultate

### Profilurile de rezistență la antibiotice a tulpinilor de *Escherichia coli*

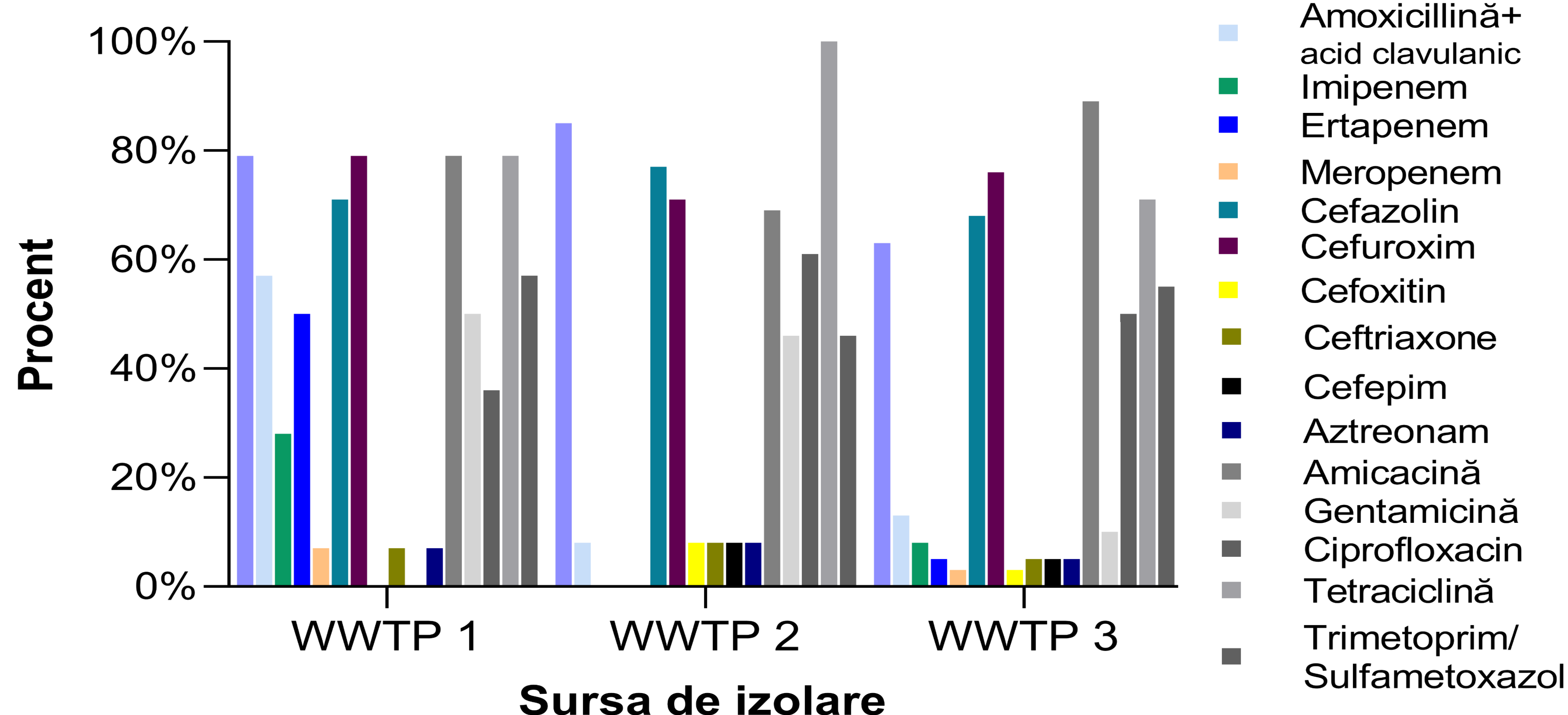


Fig. 1. Profilurile de rezistență la antibiotice a tulpinilor de *Escherichia coli*.

Profilurile de rezistență la antibiotice au arătat ca peste 50% dintre tulpinile testate au prezentat rezistență la tetraciclină, cefuroxim, ciprofloxacina. Mai mult de atât, au fost identificate și tulpini rezistente la ertapenem și imipenem, fiind antibiotice de ultimă linie. În plus, au fost identificate și genele, *tet(B)* *blaOXA-244*, *blaOXA-48*, care determină rezistență la aceste antibiotice.

### Profilurile de rezistență la biocide a tulpinilor de *Escherichia coli*

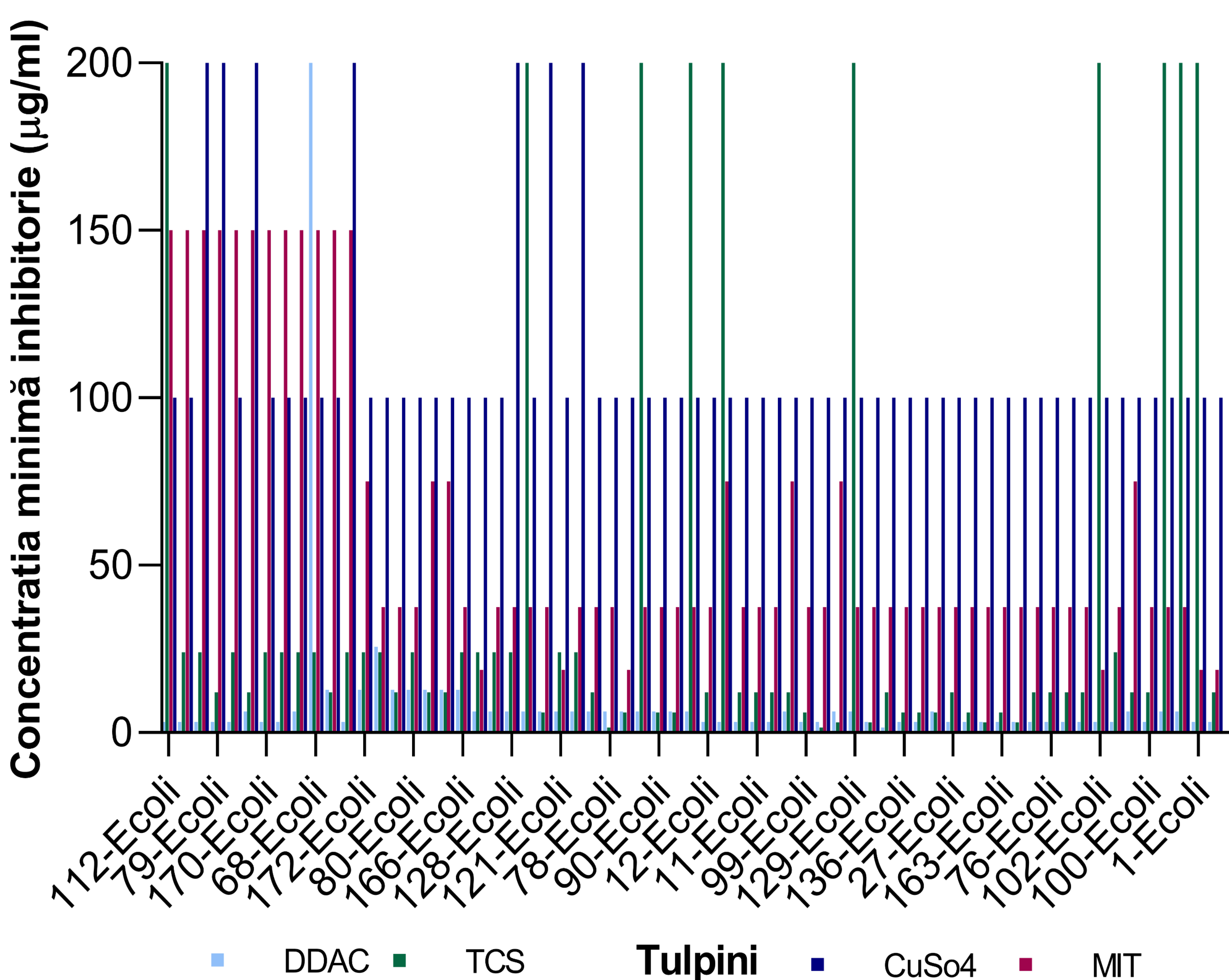


Fig. 2. Profilurile de rezistență la biocide a tulpinilor de *Escherichia coli*.

Analiza profilurilor de rezistență la biocide a evidențiat că cele mai reduse concentrații minime inhibitorii (CMI) înregistrate pentru biocidele testate sunt următoarele: clorura de didicildimetilamoniu 1,6 µg/ml, triclosan 1,5 µg/ml, metilizotiazolinonă 18,75 µg/ml și sulfatul de cupru 100 µg/ml. În plus, au fost identificate și genele *emr (A,B, D)*, *fabI*, *copA* și *qacF*, care conferă rezistență la biocidele menționate.

## Mulțumiri

Studiul a fost realizat cu sprijinul financiar din cadrul proiectului COFUND-AQUATIC POLLUTANTS-BIOCIDE (ERANET 243/2021) finanțat de Unitatea Executivă pentru Finanțarea Învățământului Superior, a Cercetării, Dezvoltării și Inovării (UEFISCDI)

## Concluzii

Acest studiu reprezintă o premieră pentru epidemiologia moleculară a tulpinilor izolate din ape uzate din Africa. Prin urmare, pentru a diminua răspândirea acestor bacterii, trebuie adoptate noi strategii de monitorizare și control a diseminării rezistenței la antibiotice.

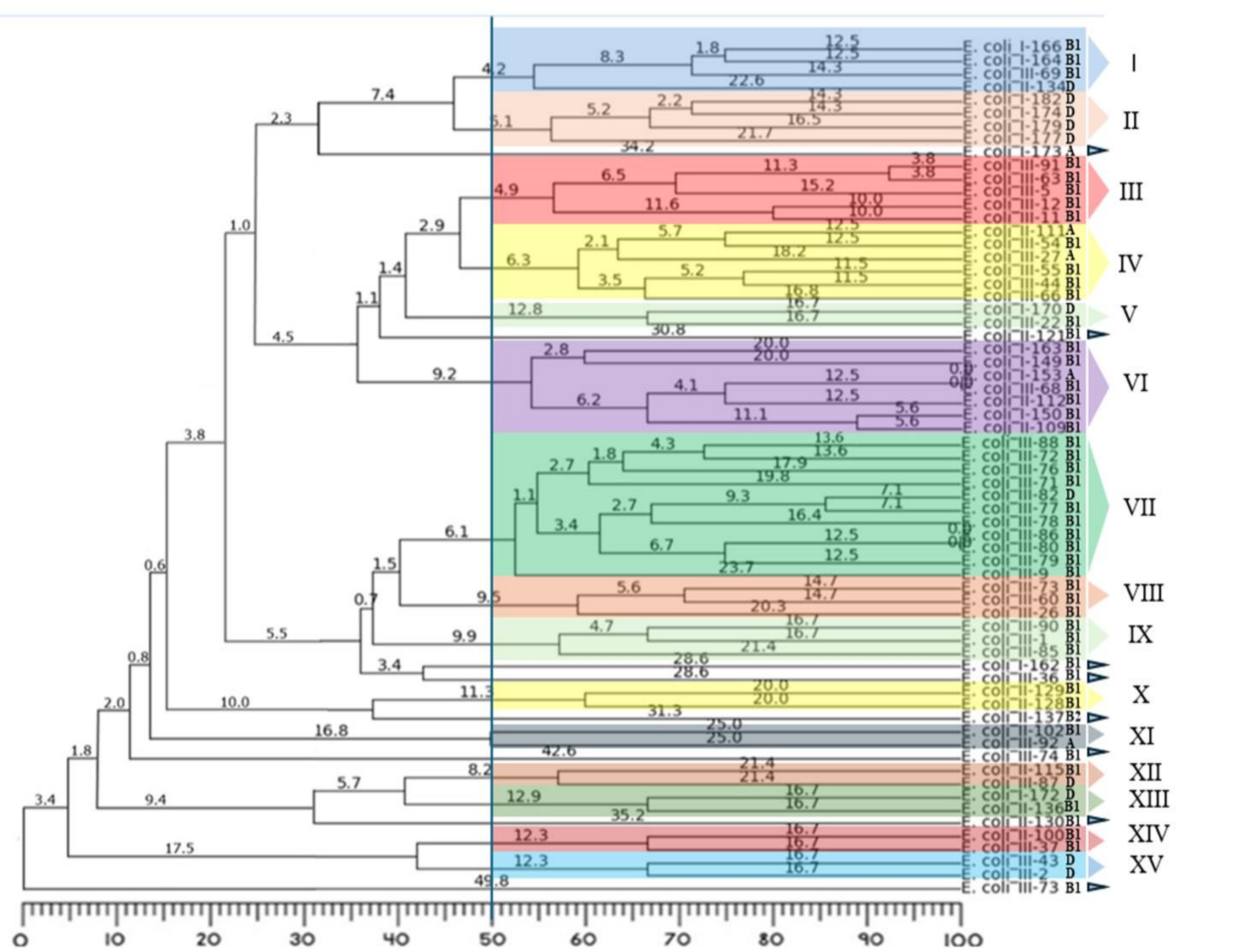


Fig. 3. Filogenia moleculară și filogrupurile de patogenitate ale tulpinilor de *Escherichia coli* testate.

În baza analizei filogeniei moleculare, pentru un procent de similaritate de 50%, au fost identificate 15 clusteruri, iar tulpinile din aceste clusteruri fiind izolate din stații de epurare diferite. Mai mult de atât, au fost identificate filogrupurile care sunt asociate cu tulpini patologice (B2 și D). Astfel, 76% aparțin filogrupului B1, 17% D, 6% A, 1% B2.

## Bibliografie

1. Clermont O., Bonacorsi S., Bingen E. Rapid and simple determination of the *Escherichia coli* phylogenetic groups. Appl. Environ. Microbiol. 66: 4555-4558 (2000). <https://doi.org/10.1128/AEM.66.10.4555-4558.2000>
2. Pavel A.B., Vasile C.I. PyEplh - a software tool for gel images analysis and phylogenetics. BMC Bioinformatics 13, 9 (2012). <https://doi.org/10.1186/1471-2105-13-9>
3. Stoppe NdC, Silva JS, Carlos C, Sato MIZ, Saraiva AM, Ottononi LMM and Torres TT. Worldwide Phylogenetic Group Patterns of *Escherichia coli* from Commensal Human and Wastewater Treatment Plant Isolates. Front. Microbiol. 8:2512 (2017). doi: 10.3389/fmicb.2017.02512
4. Versalovic J., Koeuth T., Lupski R. Distribution of repetitive DNA sequences in eubacteria and application to fingerprinting of bacterial genomes. Nucleic Acids Research. 19: 6823-6831 (1991). <https://doi.org/10.1093/nar/19.24.6823>