

2.2 PRIMERA CARACTERIZACIÓN Y ANÁLISIS DEL GENOMA COMPLETO DE CEPAS DE *Klebsiella pneumoniae* HIPERVIRULENTE (hvKp) PROVENIENTES DE COLOMBIA

Rada Ana M.¹, Mosquera Jeaneth², Velásquez Carolina³,
Agudelo Carlos A⁴, Capataz César³.

¹Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia, Medellín, Colombia. ²Universidad de Medellín, Medellín, Colombia. ³Fundación Clínica del Norte, Bello, Colombia. ⁴Clínica Universitaria-Universidad Pontificia Bolivariana, Medellín, Colombia.

Introducción: *Klebsiella pneumoniae* hipervirulenta (hvKp) causa infecciones graves adquiridas en la comunidad, reportadas alrededor del mundo, incluyendo América Latina. Nuestro objetivo fue proporcionar un análisis de Secuenciación de Genoma Completo (SGC) de tres aislados de hvKp provenientes de Colombia.

Metodología: Se realizó la SGC en la plataforma illumina MiSeq a tres aislamientos de *K. pneumoniae* con prueba de la cuerda positiva, provenientes de pacientes con antecedentes clínicos sugestivos de infección por cepas hipervirulentas. Un aislado (CN-01) fue recuperado de un absceso hepático y dos aislados de líquido cefalorraquídeo (CN-02,03). Los ensamblajes fueron caracterizados y tipificados en el servidor web CGE. La identificación de genes de virulencia y la tipificación capsular se realizaron utilizando Pasteur BIGSdb-Kp. Se reconstruyó el árbol filogenético de máxima verosimilitud incluyendo genomas de hvKp y no hvKp (n = 81) de diferentes áreas geográficas utilizando RAXML.

Resultados: Los tres aislados de *K. pneumoniae* pan-susceptibles fueron recuperados de hombres con enfermedad invasiva provenientes de área rural. El aislado CN-01 de ST23 y con polisacárido capsular (cps) K1 portaba genes de virulencia localizados en un plásmido muy similar al plásmido pK2044-IncHI1B de hvKp NTUH-K2044 proveniente de Taiwán (2009). El análisis filogenético reveló que estaba relacionado con CG23. El aislado CN-03, de ST198 y K30-cps, no estuvo relacionado con CG23, sin embargo, portaba los genes *iro*, *irp*, *ybt* y *rmpA* en el elemento ICEKp1 similar al de hvKp NTUH-K2044. Además, el aislado CN-02 de ST111 y K45 cps no fue relacionado con CG23 y portaba los genes *ybt*, *irp* y *fyuA* dentro de un ICEKp5.

Conclusiones: Este estudio mostró la circulación de cepas hvKpn pan-susceptibles en Colombia, portadoras de factores de virulencia sobre elementos genéticos móviles descritos previamente en Asia. Los esfuerzos de vigilancia clínica y genómica serán importantes para el seguimiento de hvKp con la combinación de resistencia a antimicrobianos en Colombia.

Palabras clave: *Klebsiella pneumoniae* hipervirulenta, Colombia, plásmidos.

Bibliografía: Sellick JA, Russo TA. Getting hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* on the radar screen. *Curr Opin Infect Dis.* 2018;31(4):341-346.

Russo TA, Marr CM. Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*. *Clin Microbiol Rev.* 2019;32(3):e00001-19.

2.2 FIRST CHARACTERIZATION AND COMPLETE GENOME ANALYSIS OF HYPERVIRULENT *Klebsiella pneumoniae* STRAINS (hvKp) FROM COLOMBIA

Rada Ana M¹, Mosquera Jeaneth², Velásquez Carolina³,
Agudelo Carlos A⁴, Capataz César³.

¹Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia, Medellín, Colombia. ²Universidad de Medellín, Medellín, Colombia. ³Fundación Clínica del Norte, Bello, Colombia. ⁴Clínica Universitaria-Universidad Pontificia Bolivariana, Medellín, Colombia.

Background: Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* (hvKp) causes severe community-acquired infections which have been reported worldwide, including Latin America. We aimed to provide Whole Genome Sequencing (WGS) analysis of three hvKp isolates from Colombia.

Methods: We apply WGS on the illumina MiSeq platform to three *K. pneumoniae* isolates with positive string test, from patients with a clinical background highly suggestive of infection with hypervirulent strain. One isolated (CN-01) was recovered from liver abscess and two isolated from cerebrospinal fluid (CN-02,03). The assemblies were characterized and typed using CGE web server. The virulence genes and capsular typing were performed using Pasteur BIGSdb-Kp. Maximum likelihood phylogenetic tree was reconstructed including genomes of hvKp and non-hvKp (n=81) from different geographical areas using RAxML.

Results: The three pan-susceptible *K. pneumoniae* isolates were recovered of male from rural area with invasive disease. The strain CN-01 belonging to ST23 and K1 cps (capsular polysaccharide) carried virulence genes located on a plasmid highly similar to plasmid pK2044-IncHI1B from NTUH-K2044 strain hvKp, recovered in Taiwan (2009). Phylogenetic analysis revealed that this isolated, was related to the CG23 cluster. The isolate CN-03, belonging to ST198 and K30-cps, was not related to CG23, however, carried the *iro*, *irp*, *ybt* and *rmpA* genes within ICEkp1 similar to ICEkp1-NTUH-K2044 strain. In addition, the isolated CN-02 belongs to ST111 and K45 cps was not related to CG23 and carried the *ybt*, *irp* and *fyuA* genes within a ICEkp5.

Conclusions: This study showed the circulation of pan-susceptible hvKpn strains in Colombia, carrying virulence factors on mobile genetic elements described previously in Asia. These findings evidence that clinical and genomic surveillance efforts will be important for the tracking of hvKp with the combination of antimicrobial resistance in Colombia.

Key words: Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*, Colombia, plasmids.

References: Sellick JA, Russo TA. Getting hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* on the radar screen. *Curr Opin Infect Dis*. 2018;31(4):341-346.

Russo TA, Marr CM. Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*. *Clin Microbiol Rev*. 2019;32(3):e00001-19.