

CO-63

Vigilancia microbiológica de *Legionella* spp. a partir de muestras de origen ambiental en el periodo 2010-2023 en España

González-Rubio JM, Bocero-Guerrero A, Cascarejo A, González-Camacho F

Centro Nacional de Microbiología- ISCIII
jmgonzalez@isciii.es

INTRODUCCIÓN

La legionelosis es una enfermedad causada por diferentes especies del género *Legionella*, siendo *Legionella pneumophila* (Lpne) la especie principal responsable de la mayoría de los casos. Se trata de una enfermedad de declaración obligatoria en España y es necesario adoptar medidas para el control y la prevención de la enfermedad. En este contexto, es necesario conocer los resultados microbiológicos de los aislados de procedencia ambiental. Existen estudios previos de la estructura poblacional de Lpne a nivel regional^{1,2}. En este estudio se analizan las características fenotípicas y genotípicas del género *Legionella* a nivel nacional de los últimos 14 años.

OBJETIVOS

Analizar los aislados ambientales de *Legionella* spp. recibidos en el Laboratorio Nacional de Referencia en el periodo 2010-2023.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron 10 632 aislados ambientales procedentes de la base de datos del CNM-ISCIII.

RESULTADOS

El número de muestras procedentes del Programa de Vigilancia ha ido disminuyendo a lo largo de los años (valores próximos al 90 % hasta un 48 % en el año 2023). Por otro lado, las muestras relacionadas con casos esporádicos han ido aumentando desde un 2,38 % en el año 2010 hasta un 27,17 % en el año 2023.

Lpne representa el 88,58 % de los aislados, y dentro de esta especie, el SG1 representa el 73,84 %. En el 2,65 % de las muestras recibidas no se logró identificar al microorganismo.

Dentro de SG2-14, los más frecuentes son SG3 (14,52 %), SG6 (18,24 %) y SG8 (18,20 %). La caracterización fenotípica determinó que un 29,06 % de las bacterias

Lpne SG1 pertenecen al subgrupo Pontiac (MAb 3/1 +) y un 68,21 % a los subgrupos Bellinghan y Olda (MAb 3/1 -). Y dentro de este grupo mayoritariamente fueron OLDA (55,16 %).

Los datos muestran una variabilidad genética con 68 secuenciotipos diferentes en 507 muestras analizadas, siendo ST1 el más frecuente (32,64 %) seguido de ST42 (10,45 %), ST23 (9,47 %) y ST20 (5,13 %).

Las especies más frecuentes dentro de las 29 especies identificadas en 938 muestras por PCR es *L. anisa* (41,36 %) seguida de las especies *L. londinensis* (5,94 %), *L. feelei* (5,44 %) y *L. rubrilucens* (5,22 %).

CONCLUSIONES

Los aislados ambientales relacionados con casos esporádicos o asociados a brotes muestran una tendencia al alza. Disponer de estas muestras es de gran importancia tanto a nivel clínico, para relacionar el posible foco de infección, como para el estudio de las características de la bacteria que puedan ser asociadas a virulencia.

REFERENCIAS

1. Quero S, Párraga-Niño N, Barrabeig I, Sala MR, Pedro-Botet ML, Monsó E, et al. Population structure of Environmental and Clinical *Legionella pneumophila* isolates in Catalonia. Scientific reports. 2018;8(1):6241.
2. Sánchez-Busó L, Coscollà M, Palero F, Camaró ML, Gimeno A, Moreno P, et al. Geographical and Temporal Structures of *Legionella pneumophila* Sequence Types in Comunitat Valenciana (Spain), 1998 to 2013. Applied and environmental microbiology. 2015;81(20):7106-13.

Palabras clave: *Legionella*; vigilancia microbiológica; aislados ambientales, secuenciotipo.