

Identificación de clones *Staphylococcus aureus* Resistentes a Meticilina Comunitarios Aislados de Niños Paraguayos

Rodríguez Fátima¹, Grupo Estudio *S. aureus*², Fernández Silvina³, Haim Sol⁴, Mollerach Marta⁵, Guillén Rosa⁶.

¹farrdriguez288@gmail.com, ²juaniorte@yahoo.com.mx, ³silvinafernandez23@gmail.com, ⁴solhaim@gmail.com, ⁵mmollera@ffy.uba.ar, ⁶rmgguillen@gmail.com
^{1,6}Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud, UNA. ²Hospital General Pediátrico, ²Instituto de Previsión Social, ²Hospital Nacional de Itauguá, ²Hospital de Clínicas, Asunción, Paraguay. ^{3,4,5}Laboratorio de Resistencia Bacteriana. FFyB, UBA. Buenos Aires, Argentina.

Programa de Vinculación de Científicos y Tecnólogos – Convocatoria 2013

RESUMEN

El estudio permitió la identificación de clones de *Staphylococcus aureus* resistentes a meticilina asociados a la comunidad (SARM-CO) aislados de niños paraguayos que acudieron a hospitales de referencia (n=24). La caracterización se realizó por técnicas moleculares combinadas. El 22% de los aislados estudiados estaba relacionado al clon responsable de las infecciones más severas de SARM-CO en la región (A-IV-t311-ST5) y el 54% al clon SARM C-IV-t019-ST30.

INTRODUCCIÓN

El SARM-CO se caracteriza por producir principalmente infecciones de piel y partes blandas. La epidemiología del mismo es compleja, por la circulación de cientos de clones a nivel mundial, por lo que se requieren de métodos moleculares reproducibles y de alto poder discriminatorio para la identificación de los mismos^{1,2,3}. El presente estudio tuvo por objetivo identificar clones SARM-CO aislados de niños, circulantes en nuestro país, los cuáles eran desconocidos hasta el momento.

MATERIALES Y MÉTODOS

Diseño y Muestreo

- Observacional,
- Corte Transverso.
- Casos Consecutivos

Población

- 24 SARM-CO, año 2010
- IPPB e Invasivas de niños de 4 hospitales

Análisis Molecular

- MLVA (Análisis de VNTR)
- PFGE (Electroforesis en Gel de Campo Pulsado)
- MLST (Secuenciación de 7 locus constitutivos)
- *Spa Typing*, *Cassette SCCmec*
- Factores de Virulencia: hemolisinas α , β , PVL, enterotoxinas A, B, C, D, H, toxinas exfoliativas A, B.
- Genes de resistencia atb: *mecA*.

TABLA 1: Características aislados SARM-CO

Aislado	Resist. a atb	Spa typing	MLST	Pulsot ipo	Genes de Virulencia	Tipo de Muestra
SIP 29	M,P,C	t019	ST30	C	<i>lukF-P/V, hla, hlb</i>	Invasiva
SIP 30	M,P,C	t019	ST30	C	<i>lukF-P/V, hla, hlb</i>	IPPB
SGP 14	M,P	t019	ST30	C	<i>lukF-P/V</i>	IPPB
SGP 17	M,P	t019	ST30	C	<i>lukF-P/V</i>	IPPB
SGP 32	M,P	t019	ST30	C	<i>lukF-P/V</i>	Invasiva
SGP 34	M,P	t019	ST30	C	<i>lukF-P/V</i>	Invasiva
SGP 49	M,P	t019	ST30	C	<i>lukF-P/V</i>	IPPB
SGP 57	M,P	t019	ST30	C	<i>lukF-P/V</i>	IPPB
SGP 58	M,P	t019	ST30	C	<i>lukF-P/V</i>	IPPB
SIP 19	M,P,C,E, I	t311	ST5	A	<i>lukF-P/V</i>	IPPB
SIP 9	M,P	t311	ST5	A	<i>lukF-P/V</i>	IPPB
SGP 11	M,P,C,E,F	t975	ST30	C	<i>lukF-P/V</i>	Invasiva
SGP 21	M,P,G	t002	ST5	A	ND	Invasiva
SGP 22	M,P	t021	ST435	C	<i>lukF-P/V</i>	IPPB
SGP 29	M,P,C,E, I	t311	ST5	A	<i>lukF-P/V</i>	Invasiva
SHN 16	M,P,C,E	t311	ST5	A	<i>lukF-P/V, hla</i>	IPPB
SHN 18	M,P,G	t1791	ST5	A	<i>hla</i>	Invasiva
SCM 19	M,P	t019	ST30	C	<i>lukf-p/v</i>	IPPB
SCM 21	M,P	t019	ST30	C	<i>lukf-p/v</i>	IPPB
SCM 34	M,P,C	t311	ST5	A	<i>lukf-p/v, sea, hla</i>	IPPB
SCM 44	M,P,C,G	t002	ST100	A	<i>hla</i>	IPPB
SCM 47	M,P,C,E,F,G	t148	ST72	A	<i>hla</i>	Invasiva
SCM 55	M,P	t019	ST30	C	<i>lukf-p/v</i>	IPPB
SCM 61	M,P	t019	ST30	C	ND	IPPB

Abreviaturas: C: Cloranfenicol; E: Eritromicina; F:Cefoxitina; G:Gentamicina; I:Cilindamicina; M:Meticilina; P: Penicilina; ND: No detectado; IPPB: Infecciones de piel y partes blandas. Las agrupaciones MLVA están indicadas por colores.

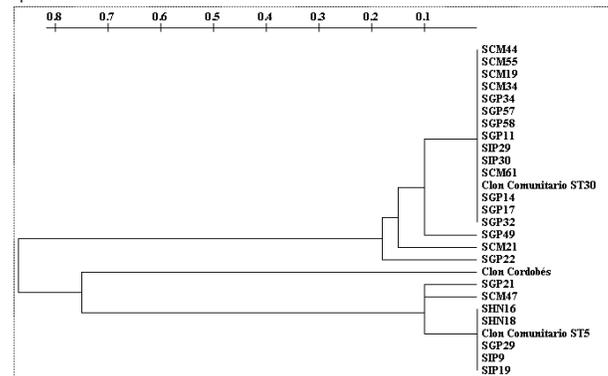


Figura 1: Dendrograma de aislados SAMR-CO (n=24). Obtenido con resultados de PFGE empleando el software Treecon, en la parte superior se observa el grado de distancia entre aislados. Se incluyeron los clones Cordobés, Comunitario ST5 y ST30 como controles.

RESULTADOS

Se detectaron genes de leucocidina de Pantón Valentine, hemolisina A, B y enterotoxina A en 38%, 29%, 8% y 4%. Todos fueron portadores de cassette *SCCmec* IV. El spatipo más frecuente fue el t019(58%) seguido por t311(21%), t00 (8%) y en 4%: t148, t975, t021 y t1791 (Tabla 1). La PFGE permitió validar resultados de MLVA, en el cual se observaron agrupaciones de aislados con mismas características fenotípicas y genotípicas (Fig.1).

CONCLUSIONES

Este es el primer reporte de clones SARM-CO en Paraguay. El 21% de los aislados está estrechamente relacionado al clon responsable de las infecciones más severas causadas por SARM-CO en la región (ST5-t311-IV). El clon más frecuente (54%) está relacionado al clon comunitario ST30-t019-IV. Además se detectó un clon ST100-t002-IV-PVL-, estrechamente relacionado al clon pediátrico argentino.

Agradecimientos: Al CONACYT por la beca de vinculación otorgada a la B.C. Fátima Rodríguez para la estancia en la FFyB de la UBA, mediante la cual se pudo realizar la PFGE.