



Infectio

Asociación Colombiana de Infectología

www.elsevier.es/infectio



ORIGINAL

Correlación entre la detección de superantígenos y resistencia a oxacilina en aislamientos hospitalarios de *Staphylococcus aureus*



José-Ignacio Moncayo-Ortiz^{a,*}, Luisa-Fernanda Corredor-Arias^a,
Jenna-Samara Luligo-Espinal^b, Adalucy Álvarez-Aldana^a y Jorge-Javier Santacruz-Ibarra^a

^a Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Risaralda, Colombia

^b Centro de Biología Molecular y Biotecnología, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Risaralda, Colombia

Recibido el 26 de septiembre de 2014; aceptado el 20 de febrero de 2015

Disponible en Internet el 29 de abril de 2015

PALABRAS CLAVE

Staphylococcus aureus;
Superantígenos;
Enterotoxinas;
Staphylococcus aureus resistente a metilicina;
Staphylococcus aureus sensible a metilicina;
Oxacilina

Resumen

Objetivo: Establecer la correlación entre la detección de superantígenos (MSSA) y la susceptibilidad a oxacilina de *Staphylococcus aureus* (MRSA) en aislamientos hospitalarios.

Materiales y métodos: En 81 aislamientos de *Staphylococcus aureus* de origen hospitalario, la susceptibilidad a oxacilina se estableció por un sistema automatizado y la detección de 22 genes de superantígenos fue realizada mediante PCR individual y múltiple.

Resultados: La MRSA fue del 38,3%. Todos los aislamientos MRSA portaban uno o más genes de superantígenos; y el 92% de MSSA. El número de genotipos fue variable, pero un hallazgo relevante fue que el *cluster egc* solo fue detectado en MRSA (48,4%). Los genes no clásicos más detectados en MRSA fueron *sem* (53,1%) y *seg* (28,4%); y *sem* (37%) y *seq* (30,9%) para MSSA. El gen *sec* clásico (13,6%) fue más prevalente en MSSA, y en MRSA, los clásicos fueron de muy baja frecuencia. Para todos los genes, los genes *seg*, *sej*, *sen*, *seo* y *seq* mostraron diferencias estadísticamente significativas entre los aislamientos MRSA y MSSA.

Conclusión: Este estudio no permitió sacar conclusiones concluyentes para establecer la relación entre la detección de superantígenos y la susceptibilidad a oxacilina (MRSA vs. MSSA). Aunque, el número de genotipos fue variable, la presencia del *cluster egc* solamente en aislamientos MRSA es un hallazgo interesante, y en posteriores estudios se podría determinar la importancia del *cluster egc*.

© 2014 ACIN. Publicado por Elsevier España, S.L.U. Este es un artículo Open Access bajo la licencia CC BY-NC-ND (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

* Autor para correspondencia.

Correo electrónico: jimo@utp.edu.co (J.-I. Moncayo-Ortiz).

<http://dx.doi.org/10.1016/j.infect.2015.02.004>

0123-9392/© 2014 ACIN. Publicado por Elsevier España, S.L.U. Este es un artículo Open Access bajo la licencia CC BY-NC-ND (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

KEYWORDS

Staphylococcus aureus;
Superantigen;
Enterotoxins;
Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*;
Methicillin-Sensitive *Staphylococcus aureus*;
Oxacillin

Correlation between detection of superantigens and oxacillin resistance of *Staphylococcus aureus* in hospital isolates

Abstract

Objective: To establish the relationship between the detection of superantigens (MSSA) and *Staphylococcus aureus* resistance to oxacillin in hospital isolates.

Material and methods: In 81 isolates of *Staphylococcus aureus* of hospital origin, an oxacillin susceptibility test was performed by an automated system and 22 superantigenic genes were obtained using single and multiplex PCR.

Results: The MRSA was 38.3%. All MRSA isolates carried one or more genes for superantigens and 92.0% of MSSA. The numbers of genotypes for the 2 groups were variable, but the most important finding was that the *egc cluster* was detected only in MRSA (48.4%). The non-classic genes more often detected in MRSA were *sem* (53.1%) and *seg* (28.4%); in MSSA they were *sem* (37.0%) and *seq* (30.9%). The gen classic *sec* (13.6%) was more prevalent in MSSA and in MRSA; the classic genes were very low in frequency. For all genes, the genes: *seg*, *sej*, *sen*, *seo* and *seq* showed statistically significant differences between MRSA and MSSA isolates.

Conclusion: This study did not reveal a clear relationship between the detection of superantigens and oxacillin susceptibility (MRSA vs. MSSA). Although the number of genotypes varied, the presence of *egc cluster* only in the MRSA isolate was an important finding. Further studies are needed to establish the importance of the *egc cluster*.

© 2014 ACIN. Published by Elsevier España, S.L.U. This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

Introducción

Staphylococcus aureus (*S. aureus*) es uno de los patógenos humanos más importantes capaz de causar un amplio rango de infecciones, como infecciones de la piel y tejidos blandos, infecciones intrahospitalarias, intoxicación alimentaria, y también produce otras enfermedades más severas como síndrome de choque tóxico, endocarditis, osteomielitis, meningitis y neumonía^{1,2}.

La patogenicidad de *S. aureus* es muy compleja, involucra numerosos productos bacterianos así como vías de regulación sofisticadas³. Han sido descritos muchos factores de virulencia, mecanismos de resistencia a los antibióticos, producción de exotoxinas y enzimas que contribuyen a la habilidad para colonizar y causar enfermedad^{1,2,4}.

En Colombia, al igual que en otros países a nivel mundial, *S. aureus* es una causa importante de infecciones intrahospitalarias; a nivel local, el Hospital Universitario San Jorge de Pereira, Risaralda, reporta datos epidemiológicos de aislamientos de *S. aureus* del 9-12% entre los años 2010-2012, siendo la segunda causa de infecciones hospitalarias después de *Escherichia coli*.

Una de las propiedades de algunos factores de virulencia es la superantigenicidad, la cual se refiere a la capacidad de activación entre un 5-20% de linfocitos T con una producción masiva de citocinas proinflamatorias y quimiocinas que pueden producir fiebre, hipotensión y otros desórdenes que incluyen un choque potencialmente letal^{1,5,6}, mientras que los antígenos convencionales solo activan un 0,01% de los linfocitos T. Los superantígenos incluyen enterotoxinas estafilocócicas clásicas y no clásicas (*staphylococcal enterotoxins [SE]*), la toxina del síndrome del choque tóxico y toxinas exfoliativas⁷. Varias enterotoxinas de *S. aureus* se incluyen en los serotipos clásicos SEA, SEB, SEC, SED y SEE. Sin embargo, técnicas moleculares han revelado

enterotoxinas estrechamente relacionadas (no clásicas) donde se incluyen SEG, SEH, SEI, SEJ, SEK, SEL, SEM, SEN, SEO, SEP, SER y SEU^{1,4}. Estos productos se han detectado en muestras de alimentos implicados en la intoxicación alimentaria y en muestras clínicas derivadas de pacientes infectados con *S. aureus*. Así, más de 20 genes de enterotoxinas han sido identificados junto a otras moléculas tipo enterotoxinas (*enterotoxin-like molecules [SEI]*) (SEA-SEIV) que conservan relaciones filogenéticas, estructura y secuencias²⁻⁴. Los superantígenos son codificados en plásmidos, bacteriófagos, islas de patogenicidad y en elementos genéticos móviles¹⁻⁴. Los genes que codifican algunas enterotoxinas están físicamente agrupados; 6 genes (*seg*, *sei*, *sem*, *sen*, *seo* y *seu*) están localizados en *egc* (*enterotoxin gene cluster*)⁵.

La virulencia y la resistencia antimicrobiana en las cepas de *S. aureus* lo ha convertido en un problema de salud pública. La reconocida multiresistencia de *S. aureus* está generando un serio problema de salud pública a la hora de abordar el tratamiento y manejo de las infecciones estafilocócicas. Los primeros antimicrobianos utilizados en el tratamiento de las infecciones causadas por *S. aureus* fueron las penicilinas; la oxacilina y la metilicina fueron introducidas en la década de 1960, pero desafortunadamente a los pocos años las cepas de *S. aureus* se tornaron resistentes y fueron colectivamente denominados *S. aureus* metilicina resistentes (MRSA: *methicillin-resistant S. aureus*). Estas cepas portan el gen *mecA*, el cual se encuentra en un elemento genético móvil conocido como casete cromosómico estafilocócico *mec* (*SCCmec: staphylococcal cassette chromosome mec*).

El surgimiento de MRSA y otros antibióticos inicialmente ocurrió en los hospitales, y en tiempos más recientes han sido detectados circulando en la comunidad, aumentando la morbimortalidad en la población^{8,9}. A nivel mundial se

Download English Version:

<https://daneshyari.com/en/article/3403732>

Download Persian Version:

<https://daneshyari.com/article/3403732>

[Daneshyari.com](https://daneshyari.com)