



REVISTA ARGENTINA DE MICROBIOLOGÍA

www.elsevier.es/ram



ARTÍCULO ORIGINAL

Distribución de grupos filogenéticos y factores de virulencia en cepas de *Escherichia coli* uropatógena productora de β -lactamasa CTX-M-15 aisladas de pacientes de la comunidad en Mérida, Venezuela

Ysheth Millán^a, Erick Hernández^{a,b,c}, Beatriz Millán^a y María Araque^{a,*}

^a Laboratorio de Microbiología Molecular, Facultad de Farmacia y Bioanálisis, Universidad de Los Andes, Mérida, Venezuela.

^b Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Medicina, Universidad de Los Andes, Mérida, Venezuela.

^c Laboratorio de Salud Pública del estado Mérida, Mérida, Venezuela

Recibido el 11 de enero de 2014; aceptado el 6 de mayo de 2014

PALABRAS CLAVE

Escherichia coli
uropatógena;
Grupos filogenéticos;
Virulencia;
Beta-lactamasa
CTX-M-15

Resumen

En este estudio se determinó el perfil de distribución de grupos filogenéticos y la detección genética de factores de virulencia en cepas de *Escherichia coli* uropatógena (ECUP) productoras de β -lactamasa CTX-M-15. Veintiocho cepas fueron aisladas de pacientes con infección del tracto urinario (ITU) que asistieron al Laboratorio de Salud Pública del estado Mérida, Venezuela, durante el lapso comprendido entre enero 2009 y julio 2011. La determinación de los grupos filogenéticos y la detección de seis genes de virulencia, *fimH*, *fyuA*, *kpsMTII*, *usp*, *PAI* y *papAH*, se realizó mediante amplificación por PCR. Quince cepas de 28 se ubicaron principalmente en el filogrupo A, seguidos por el B2 (12/28) y D (1/28). No se observó una relación directa entre la recurrencia o gravedad de la ITU y la distribución de los filogrupos. Todos los factores de virulencia estudiados se encontraron con la frecuencia más alta en el grupo B2. El perfil de virulencia prevalente estuvo conformado por la asociación de tres genes principales: *fimH*, *fyuA* y *kpsMTII* y en menor frecuencia, por la presencia de otros determinantes como *usp*, *PAI* y/o *papAH*. Estos resultados indican que la mayoría de ECUP estuvieron dotadas de tres propiedades virulentas importantes: adhesión, captación de hierro y evasión de la fagocitosis, las cuales favorecieron la producción de ITU recurrentes. Este es el primer trabajo que describe la asociación de grupos filogenéticos con el potencial de virulencia de cepas de ECUP productoras de β -lactamasa CTX-M-15 en Venezuela.

© 2014 Asociación Argentina de Microbiología. Publicado por Elsevier España, S.L. Todos los derechos reservados.

* Autor para correspondencia.

Correo electrónico: araquemc@ula.ve (M. Araque).

KEYWORDS

Uropathogenic
Escherichia coli;
Phylogenetic groups;
Virulence;
CTX-M-15 beta-lactamase

Distribution of phylogenetic groups and virulence factors in CTX-M-15 β -lactamase-producing uropathogenic *Escherichia coli* strains isolated from patients in the community of Mérida, Venezuela**Abstract**

In this study, the distribution of phylogenetic groups and the genetic detection of virulence factors in CTX-M-15 β -lactamase-producing uropathogenic *Escherichia coli* (UPEC) strains were analyzed. Twenty eight strains were isolated between January 2009 and July 2011 from patients with urinary tract infection (UTI) who attended the Public Health Laboratory at Mérida, Venezuela. Determination of phylogenetic groups and detection of six virulence genes, *fimH*, *fyuA*, *kpsMTII*, *usp*, *PAI* and *papAH*, were performed by PCR amplification. Fifteen of the 28 isolates were mainly located in the phylogenetic group A, followed by B2 (12/28) and D (1/28). No direct relationship between the severity or recurrence of UTI and the distribution of phylogroups was observed. All studied virulence factors were found in group B2 strains with the highest frequency. The prevalent virulence profile included the combination of three main genes: *fimH*, *kpsMTII* and *fyuA* and, to a lesser extent, the presence of other determinants such as *usp*, *PAI* and/or *papAH*. These results indicate that virulent UPEC incorporated three important properties: adhesion, iron uptake and evasion of phagocytosis, which favored the production of recurrent UTI. This is the first report describing the association of phylogenetic groups with the potential virulence of CTX-M-15 β -lactamase producing UPEC strains in Venezuela.

© 2014 Asociación Argentina de Microbiología. Published by Elsevier España, S.L. All rights reserved.

Introducción

Escherichia coli es uno de los más importantes agentes causales de infección extraintestinal³¹. Esta especie bacteriana puede ser agrupada en cepas comensales, patotipos intestinales y patógenos extraintestinales. En este último grupo se encuentran las cepas de *E. coli* uropatógena (ECUP), las productoras de sepsis y meningitis²⁶.

ECUP es el agente etiológico más comúnmente involucrado en las infecciones del tracto urinario (ITU). Se estima que entre un 70 % a 95 % de las ITU de inicio comunitario y aproximadamente un 50 % de las de origen nosocomial son producidas por ECUP^{26,31}. Las cepas de *E. coli* son genéticamente diversas, de manera que las diferencias entre aislados patógenos y comensales se fundamentan en sus antecedenentes filogenéticos. Las cepas comensales pertenecientes a los grupos A y B1 son consideradas de bajo poder virulento, mientras que las patógenas extraintestinales, además de albergar genes que codifican factores de virulencia responsables de promover las etapas de colonización, adherencia, invasión y la evasión de los mecanismos de defensa del hospedero humano, derivan principalmente de los filogrupos B2 y D^{5,26,31}. Las cepas de ECUP del grupo B2 producen el 69 % de las cistitis, 67 % de las pielonefritis y el 72 % de las sepsis con punto de partida en el tracto urinario^{5,12,26,28,31}.

La prevalencia y frecuencia de aislamiento de ECUP en ITU en pacientes de la comunidad se ha relacionado con el incremento de la resistencia antimicrobiana, especialmente a los antibióticos β -lactámicos, por la producción de β -lactamasas de espectro extenso (BLEE), principalmente las del tipo CTX-M^{17,26}. La β -lactamasa CTX-M-15, una de las variantes del grupo CTX-M-1, es la BLEE de más amplia disseminación mundial^{6,11,25,30}.

Es controversial la asociación de genes que median la resistencia antimicrobiana, grupos filogenéticos y la presencia de determinantes de virulencia como indicadores de patogenicidad^{5,13,21,22,28}. Sin embargo, Lee *et al.*¹⁸ encontraron una estrecha relación entre los genes involucrados en el transporte del hierro y la supervivencia en el suero (genes *iutA* y *traT*, respectivamente) y la presencia de CTX-M-1 y CTX-M-9 en cepas de ECUP del grupo B2. En este contexto, recientemente reportamos por primera vez en Latinoamérica la presencia de ECUP productora de CTX-M-32, filogrupo B2 que portaba cuatro genes asociados a virulencia (*fimH*, *kpsMTII*, *fyuA* y *usp*)².

En Venezuela son escasas las publicaciones que describen las bases genéticas que sustentan el potencial patogénico de los grupos filogenéticos de ECUP productoras de BLEE que circulan en la comunidad^{2,20}. Por tal motivo, en este estudio se determinó por primera vez la distribución de los filogrupos y la presencia genética de factores de virulencia en cepas de ECUP productoras de β -lactamasa CTX-M-15 aisladas de pacientes con ITU provenientes de la comunidad de Mérida, Venezuela.

Materiales y métodos**Cepas bacterianas**

Se estudió una colección de 28 cepas de *E. coli* productoras de CTX-M-15 aisladas de muestras de orina provenientes de pacientes que asistieron al Laboratorio de Salud Pública del estado Mérida, Venezuela, con diagnóstico de infección urinaria durante el período enero 2009 a julio 2011. Estas cepas fueron caracterizadas fenotípica y genéticamente para

Download English Version:

<https://daneshyari.com/en/article/4370464>

Download Persian Version:

<https://daneshyari.com/article/4370464>

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