



Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica

www.elsevier.es/eimc



Original

Relación entre factores de virulencia, resistencia a antibióticos y los grupos filogenéticos de *Escherichia coli* uropatógena en dos localidades de México

Laura Iveth Miranda-Estrada^a, María Ruíz-Rosas^b, José Molina-López^{c,d}, Isela Parra-Rojas^a, Edgar González-Villalobos^{c,d} y Natividad Castro-Alarcón^{e,*}

^a Unidad Académica de Ciencias Químico Biológicas, Universidad Autónoma de Guerrero, Chilpancingo de los Bravo, Guerrero, México

^b Laboratorio Clínico, Clínica Hospital ISSSTE, Chilpancingo de los Bravo, Guerrero, México

^c Laboratorio de Patogenicidad Bacteriana, Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, UNAM, Ciudad de México, D.F., México

^d Hospital Infantil de México «Federico Gómez», Secretaría de Salud, Ciudad de México, D.F., México

^e Laboratorio de Investigación en Microbiología, Unidad Académica de Ciencias Químico Biológicas, Universidad Autónoma de Guerrero, Chilpancingo de los Bravo, Guerrero, México

INFORMACIÓN DEL ARTÍCULO

Historia del artículo:

Recibido el 21 de julio de 2015

Aceptado el 18 de febrero de 2016

On-line el xxx

Palabras clave:

Escherichia coli uropatógena

Infección del tracto urinario

Grupos filogenéticos

Factores de virulencia

Resistencia a antibióticos

RESUMEN

Introducción: *Escherichia coli* es el principal agente causal de infecciones del tracto urinario (ITU), y sus factores de virulencia son los responsables de la gravedad de estas infecciones emergentes. El objetivo de este estudio fue evaluar la relación entre los determinantes de virulencia y susceptibilidad a antibióticos con los grupos filogenéticos de *E. coli* aisladas de ITU en 2 localidades de México.

Métodos: Se analizaron 50 aislamientos de *E. coli* de una localidad en el centro del país y 57 provenientes de una localidad al suroeste. Los aislamientos fueron caracterizados fenotípica (serotipificación, ensayos de adherencia, formación de biopelícula, producción de hemolisina y susceptibilidad antibióticos) y genotípicamente (grupos filogenéticos y genes de virulencia).

Resultados: Los grupos filogenéticos B2 (60%) y F (12%) fueron significativamente predominantes en la localidad del centro con mayor frecuencia de los genes *fimH* (96%), *iutA* (66%) y *sat* (36%) en comparación con la localidad en el suroeste, donde los grupos A (35%) y B1 (21%) fueron más frecuentes y presentaron menor cantidad de genes de virulencia. El 21,5% del total de aislamientos pertenecieron al grupo O25-ST131. La producción de hemolisina y biopelícula fue significativamente mayor en cepas de la localidad del sureste. La resistencia a ampicilina (92,5%), tetraciclina (76,6%) y trimetoprim/sulfametoxazol (70,1%) fueron las más comunes en ambos grupos.

Conclusión: El grupo filogenético, los factores de virulencia y la susceptibilidad a antibióticos de *E. coli* causante de ITU en la comunidad varían significativamente entre las poblaciones mexicanas estudiadas. Los grupos filogenéticos A y B1 pueden ser multiresistentes y tienen la capacidad de producir infecciones urinarias.

© 2016 Elsevier España, S.L.U. y Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica. Todos los derechos reservados.

Relationship between virulence factors, resistance to antibiotics and phylogenetic groups of uropathogenic *Escherichia coli* in two locations in Mexico

ABSTRACT

Introduction: *Escherichia coli* is the major causative agent of urinary tract infections (UTI), and virulence factors are responsible for the severity of these emerging infections. The aim of this study was to evaluate the relationship between virulence determinants and antibiotic susceptibility with phylogenetic groups of *E. coli* isolates of UTI in two locations in Mexico.

Keywords:

Uropathogenic *Escherichia coli*

Urinary tract infection

Phylogenetic groups

* Autor para correspondencia.

Correos electrónicos: natividadcastro24@gmail.com, natycastro2@hotmail.com (N. Castro-Alarcón).

<http://dx.doi.org/10.1016/j.eimc.2016.02.021>

0213-005X/© 2016 Elsevier España, S.L.U. y Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica. Todos los derechos reservados.

Virulence factors
Antibiotic resistance

Methods: An analysis was performed on 50 isolates of *E. coli* from the centre of the country and 57 from a town in the southwest. The isolates were characterized by phenotype (serotyping assays, *in vitro* adhesion, biofilm formation, production of haemolysin, and antibiotic susceptibility) and genotype (phylogenetic groups and virulence genes).

Results: In the centre of the country location the phylogenetic group B2 (60%) and F (12%) were significantly more prevalent and had a higher frequency of genes, *fimH* (96%), *iutA* (66%), *sat* (36%), compared to the southwest location, where the group A (35%) and B1 (21%) were significantly predominant and had fewer virulence genes. About one-fifth (21.5%) of all isolates belonged to the O25-ST131 group. Haemolysin and biofilm producing strains were significantly higher in the southwest location. Resistance to ampicillin (92.5%), tetracycline (76.6%), and trimethoprim/sulfamethoxazole (70.1%) were the most common in both groups.

Conclusion: The phylogenetic group, virulence factors, and antibiotic susceptibility of the *E. coli* that causes UTI in the community, varies significantly among the Mexican populations studied. Phylogenetic groups A and B1 may be multidrug resistant and have the ability to produce UTI.

© 2016 Elsevier España, S.L.U. and Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica. All rights reserved.

Introducción

Escherichia coli es el agente causal más común de infecciones en el tracto urinario (ITU), incluyendo cistitis aguda, pielonefritis y urosepsis, los 3 síndromes más comunes y clínicamente distintos. Normalmente, *E. coli* establece una relación simbiótica con su huésped y tiene una función importante en la promoción de la estabilidad de la microbiota normal intestinal¹. Sin embargo, las infecciones causadas por *E. coli* extraintestinales son la principal causa de morbilidad, mortalidad y altos costos asociados a la salud. Las *E. coli* tienen que adaptarse al medio ambiente del hospedero (vejiga, riñón y torrente sanguíneo) y los factores de virulencia juegan un papel importante en las etapas iniciales de interacción con el hospedero². Los factores de virulencia son principalmente de 2 tipos: los expresados en la superficie celular (que desempeñan funciones de adhesión e invasión de tejidos además de formación de biopelículas e inducción de citosinas) y los producidos dentro de la célula bacteriana y que son exportados al sitio de infección³.

Los principales facilitadores de la invasión a células epiteliales de la vejiga son los pili tipo 1, los cuales se expresan en más de un 90% en todos los aislamientos de *E. coli*, incluyendo tanto cepas patógenas como comensales. Los pili tipo 1 están compuestos por repeticiones de subunidades de pilina FimA, la parte distal del pili está formada por 2 adaptadores (proteínas FimF y FimG) y la adhesina unida a manosa FimH. Esta adhesina FimH media la adherencia de la bacteria a una serie de glucoproteínas y epítomos peptídicos no glucosilados en el epitelio de la vejiga que conducen a la internalización de la bacteria, formando comunidades bacterianas intracelulares⁴⁻⁶. Mientras que el pili P (pili asociado a pielonefritis) se ha encontrado aproximadamente en el 80% de los aislamientos causantes de ITU altas⁷, las distintas subunidades estructurales de las fimbrias P se encuentran codificadas por el operón pap⁸.

Tres tipos de toxinas son producidas por *E. coli* uropatógenas (UPEC), la α -hemolisina, el factor citotóxico necrosante tipo 1 (CNF1) y la toxina secretada autotransportadora Sat. La α -hemolisina (HlyA), también denominada «toxina formadora de poros», se inserta dentro de la membrana celular del huésped provocando lisis celular, facilitando la liberación de hierro y nutrientes que son esenciales para el crecimiento bacteriano⁹. El CNF1 conduce a una activación constitutiva de los miembros de la familia Rho, resultando en el rearrreglo del citoesqueleto de la célula huésped, provocando apoptosis de las células de la vejiga estimulando su exfoliación *in vivo*¹⁰. La toxina Sat es una serina-proteasa que se encuentra clasificada dentro de la familia de las serina-proteasa autotransportadora de *Enterobacteriaceae* (SPATE), la cual se encuentra predominantemente en cepas de UPEC y se caracteriza por tener efectos citopáticos en riñón y vejiga; esta toxina

puede inducir vacuolización dentro del citoplasma de células uroepiteliales¹¹.

En función de las relaciones de similitudes evaluadas mediante técnicas de electroforesis de diferentes enzimas y de secuenciación de sus genes (MLST) se han determinado grupos filogenéticos¹². Clermont et al.¹³ han desarrollado una PCR cuádruple que reconoce 7 grupos filogenéticos (A, B1, B2, C, D, E, F), uno llamado clado 1. Además, hay evidencias de que ciertos serotipos *E. coli* se asocian con ITU: O1, O2, O4, O6, O7, O8, O16, O18, O25 y O75^{14,15}.

El manejo clínico de las ITU es complicado debido al incremento en la incidencia de infecciones causadas por cepas de *E. coli* que son resistentes a los antibióticos comúnmente utilizados y son productores de biopelículas. Recientemente, una clona de *E. coli*, O25-ST131, productora de betalactamasas de espectro extendido, multirresistentes y con alta virulencia, ha emergido a nivel mundial como una causa importante de las ITU adquiridas en la comunidad¹⁶.

A pesar de la identificación de múltiples genes asociados a la virulencia en cepas UPEC, no ha sido posible determinar un perfil de urovirulencia, dado que la mitad de todos los aislamientos de UPEC no contienen ninguno o solo uno de los determinantes de virulencia identificados. El objetivo de este estudio fue evaluar la relación entre determinantes de virulencia (serotipificación, capacidad de adherencia, producción de biofilm y toxinas) y perfil de resistencia con los grupos filogenéticos de *E. coli* en aislamientos de ITU de pacientes ambulatorios en 2 localidades en México.

Metodología

Aislamientos bacterianos

Durante el periodo comprendido entre septiembre de 2010 y agosto de 2011 se recuperaron aislamientos clínicos de *E. coli* a partir de muestras de orina de pacientes con ITU adquiridas en la comunidad. Solo se trabajó una cepa por paciente, y fueron de cistitis aguda no complicada (pacientes ambulatorios, mujeres no embarazadas y sin ninguna otra enfermedad concomitante). Los urocultivos fueron procesados por métodos convencionales y se incluyeron las muestras con cuenta viable $> 10^5$ UFC/ml. Los aislamientos clínicos fueron identificados por el sistema semiautomatizado API20E (Biomérieux) y pruebas bioquímicas. Cincuenta cepas fueron recuperadas de la clínica número 61 del Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS) y 57 del hospital del ISSSTE en Chilpancingo, Guerrero, ubicados al centro y al suroeste de México, respectivamente.

Download English Version:

<https://daneshyari.com/en/article/5672022>

Download Persian Version:

<https://daneshyari.com/article/5672022>

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