



REVISTA ARGENTINA DE MICROBIOLOGÍA

www.elsevier.es/ram



INFORME BREVE

Análisis MLVA y perfil de virulencia de aislamientos de *Staphylococcus aureus* resistentes a la meticilina adquiridos en la comunidad causantes de infecciones pediátricas en Paraguay

Fátima Rodríguez Acosta^a, Wilma D. Basualdo Acuña^b, Héctor Castro^b, Ana Campuzano^c, María L. Macchi^c, Juana Ortellado de Canese^c, Patricia Almada^c, Mónica Rodríguez^d, Lorena Grau^d, Gladys Velázquez^d, Carmen Espínola^d, Gloria C. Samudio Domínguez^e, Gloria Gómez^e, Letizia Carpinelli^a y Rosa M. Guillén Fretes^{a,*}

^a Departamento de Biología Molecular y Biotecnología, Departamento de Análisis Clínicos y Microbiología, Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud, UNA, 2160 San Lorenzo, Paraguay

^b Departamento Epidemiología y Enfermedades Infecciosas, Laboratorio de Microbiología, Hospital General Pediátrico Niños de Acosta Ñú, 2179 San Lorenzo, Paraguay

^c Cátedra de Pediatría y Laboratorio de Microbiología, Hospital de Clínicas, FCM, UNA, 2160 San Lorenzo, Paraguay

^d Servicio de Pediatría y Laboratorio de Microbiología, Hospital Central, Departamento de Epidemiología y SIS, Instituto de Previsión Social, 1749 Asunción, Paraguay

^e Servicio de Pediatría, Servicio de Microbiología, Hospital Nacional de Itauguá, 2740 Itauguá, Paraguay

Recibido el 2 de agosto de 2016; aceptado el 16 de marzo de 2017

PALABRAS CLAVE

Staphylococcus aureus resistente a meticilina;
Niños;
Factores de virulencia;
Tipificación molecular

Resumen *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina adquirido en la comunidad (SARM-AC) es uno de los principales patógenos causantes de infecciones de piel y partes blandas, aunque también se lo implica en infecciones graves, como osteomielitis y neumonía. El objetivo de este estudio descriptivo fue determinar el tipo de *cassette SCCmec*, el perfil de virulencia y la variabilidad genética de 21 aislamientos de SARM-AC que infectaron a niños paraguayos en el año 2010. Se determinó por PCR el tipo de *cassette SCCmec* y los factores de virulencia, en tanto que la variabilidad genética se determinó por la técnica *multiple locus variable analysis* (MLVA). Todos los aislamientos (100%) presentaron *cassette SCCmec IV*; algunos portaron factores de virulencia como *hla*, *hly* y *sea* (el 28,6, el 9,5 y el 4,8%, respectivamente). El análisis MLVA

* Autor para correspondencia.

Correo electrónico: rmguillen@gmail.com (R.M. Guillén Fretes).

<http://dx.doi.org/10.1016/j.ram.2017.03.012>

0325-7541/© 2017 Asociación Argentina de Microbiología. 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/>).

Cómo citar este artículo: Rodríguez Acosta F, et al. Análisis MLVA y perfil de virulencia de aislamientos de *Staphylococcus aureus* resistentes a la meticilina adquiridos en la comunidad causantes de infecciones pediátricas en Paraguay. Rev Argent Microbiol. 2017. <http://dx.doi.org/10.1016/j.ram.2017.03.012>

KEYWORDS

Methicillin-resistant
Staphylococcus aureus;
Children;
Virulence factors;
Molecular typing

mostró gran variabilidad genética, con datos de antibiograma y perfil de virulencia congruentes. Este trabajo pone de manifiesto por primera vez en Paraguay la presencia de SARM-AC portador del *cassette SCCmec IV* con elevada diversidad genética.

© 2017 Asociación Argentina de Microbiología. 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/>).

MLVA analysis and virulence profile of community-acquired methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* causing infections in Paraguayan children

Abstract Community-acquired methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (CA-MRSA) is one of the first causes of skin and soft tissue infections, and can also produce severe diseases such as osteomyelitis and pneumonia. The aim of this descriptive study was to determine the *SCCmec* type and virulence profile and to study the genetic diversity by MLVA analysis of 21 CA-MRSA isolates that infected Paraguayan children in 2010. The *SCCmec* type and virulence factors were performed by PCR and genetic diversity by MLVA (multiple locus variable analysis). All the isolates carried *SCCmec* cassette IV. *hla*, *hly* and *sea* genes were detected in 28,6%, 9,5% and 4,8% respectively. The MLVA analysis showed high genetic diversity with congruent antibiotic resistance and virulence profiles. This study revealed the presence of CA-MRSA harbouring *SCCmec* IV with high genetic diversity, providing information not available in our country.

© 2017 Asociación Argentina de Microbiología. 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/>).

Staphylococcus aureus resistente a la meticilina adquirido en la comunidad (SARM-AC) es uno de los principales patógenos causantes de infecciones de piel y partes blandas, aunque también puede producir infecciones graves, como bacteriemia, osteomielitis y neumonía necrosante³. Los aislamientos resistentes a la meticilina se caracterizan por portar los genes *mecA*, *mecB* o *mecC*, que son transportados por un elemento genético móvil denominado *staphylococcal cassette chromosome element* (SCC). Algunos tipos de *SCCmec* son más frecuentes en aislamientos de origen comunitario, lo que los convierte en una importante herramienta para el estudio de la epidemiología de los aislamientos⁴.

La capacidad de *S. aureus* de portar genes de resistencia a antibióticos y una amplia gama de factores de virulencia, así como su gran variabilidad genética, le confieren una epidemiología compleja, por lo que es necesario contar con metodologías que permitan la monitorización y la vigilancia de estos aislamientos en tiempo real.

La técnica conocida como *multiple locus variable analysis* (MLVA) es una metodología que permite discriminar entre diferentes aislamientos clínicos de *S. aureus* empleando una reacción de PCR múltiple, que amplifica 7 regiones intragénicas con número variable de repeticiones en tándem. Este método, de bajo costo, rápida ejecución y fácil interpretación, ha sido validado a nivel internacional y tiene un poder discriminatorio comparable con la *pulse field gel electrophoresis* (PFGE), considerada como el *gold standard* para la tipificación molecular de *S. aureus*^{11,13}.

En Paraguay, los datos publicados sobre *S. aureus* se limitan a un reporte de circulación del clon cordobés/chileno y del clon brasileño en aislamientos que provenían de adultos⁶, y al estudio de un brote epidémico asociado al

consumo de leche contaminada con *S. aureus* portador de enterotoxinas¹⁵.

En referencia a la población pediátrica, un estudio de 113 aislamientos de *S. aureus* asociado a la comunidad mostró un 18% de resistencia a la meticilina y generó los primeros datos de perfil de virulencia, entre los que se destacó la portación de la leucocidina de Panton-Valentine (PVL) como principal factor de virulencia en el 58% del total de las muestras analizadas¹².

El objetivo de este trabajo consistió en determinar el tipo de *cassette SCCmec* y el perfil de virulencia de 21 aislamientos de SARM-AC que infectaron a niños paraguayos menores de 15 años y en estudiar por MLVA su variabilidad genética.

Los aislamientos fueron colectados de 4 hospitales de referencia, que dan cobertura de servicios de salud a más del 50% de la población de Asunción y del Departamento Central durante el año 2010. Estos aislamientos se encontraban preservados en el biobanco del Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud (IICS) como resultado de proyectos iniciales limitados a caracterizaciones clínicas y microbiológicas. El protocolo de estudio contó con la aprobación del Comité Científico y el Comité de Ética del IICS, UNA (P44/2012).

Se definió como infección por SARM-AC cualquier infección por SARM diagnosticada a un paciente ambulatorio o a uno internado si el diagnóstico fue dentro de las 48 h de hospitalización, teniendo en cuenta que el paciente no presentara otra enfermedad de base o crónica que hubiera requerido su exposición previa al ambiente hospitalario⁷. Se excluyeron los aislamientos provenientes de puntas de catéter y secreción traqueal, para evitar fenómenos de portación.

Download English Version:

<https://daneshyari.com/en/article/8844399>

Download Persian Version:

<https://daneshyari.com/article/8844399>

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