

Diseminación de *Enterococcus faecium* con Resistencia a Glicopeptidos del Complejo Clonal 17 en Argentina

Faccione, D; Abel, S; Lopez Ruitti, P; Gagetti, P; Corso, A.

SERVICIO ANTIMICROBIANOS, BACTERIOLOGÍA,
INSTITUTO NACIONAL DE ENFERMEDADES INFECCIOSAS
ANLIS "DR. CARLOS G. MALBRÁN"

ENTEROCOCOS

DESARROLLAR EN MEDIOS ADVERSOS

RESISTENCIA INTRINSECA A ATB

ADQUIRIR DETERMINANTES DE R A ATB

FACTORES DE VIRULENCIA

FORMACION DE BIOFILMS

ENTEROCOCOS

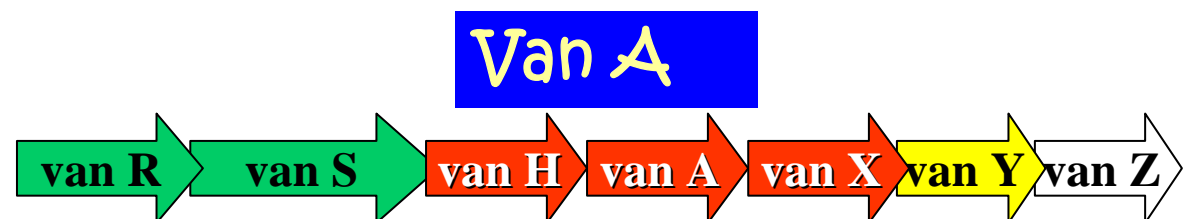
Red WHONET -
Argentina

Enterococcus sp., *E. faecium*, *E. faecalis*

Excluido: SCV, fecal, rectal



VR *Efaecium*



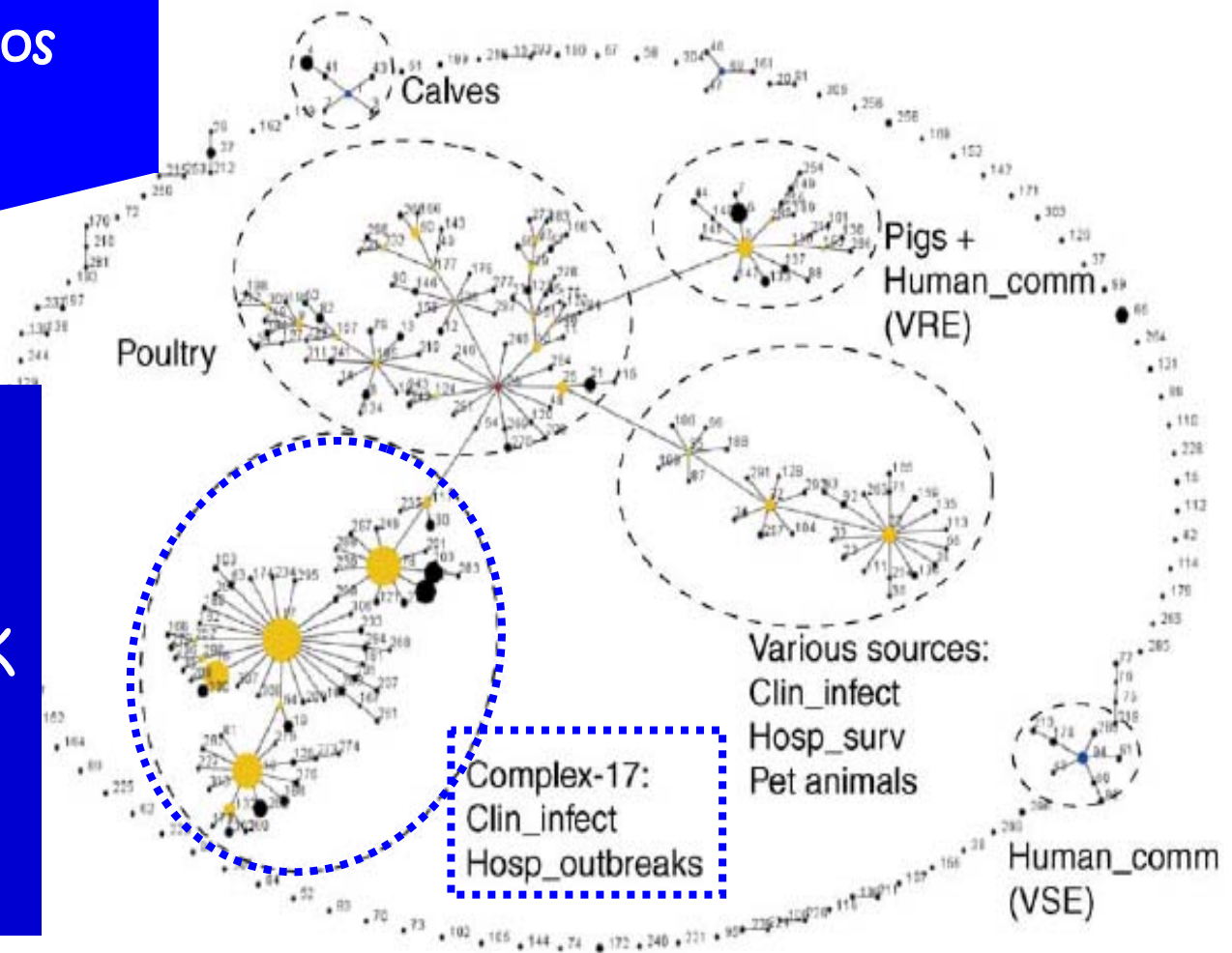
E. faecium Van-R: VREfm

COMPLEJO CLONAL 17:

- || Infecciones clínicas
- || Brotes hospitalarios

MARCADORES GENÉTICOS

- alelo 1 del gen *purK* (MLST)
- presencia gen esp (isla patogenicidad)



VREfm

antecedentes

- Estudio previo caracterizamos molecularmente los primeros **189 VREfm** de **30 hospitales** de Argentina
- Resistencia mediada principalmente por gen **vanA** (**186/189**)
- Por SmaI-PFGE se discriminaron 35 tipos clonales
El **57%** (107) de los aislamientos se agrupó en **clon dominante A**

Objetivo

Evaluar la posible relación genética entre los clones de VREfm de Argentina y el CC17

Mat. y Mét.

35 Tipos Clonales (*SmaI*-PFGE)



PCR → Detección gen *esp*

(Leavis H., et al. JCM 44:1059-64, 2006)

2 Clones mayoritarios (A y B)

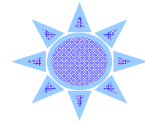
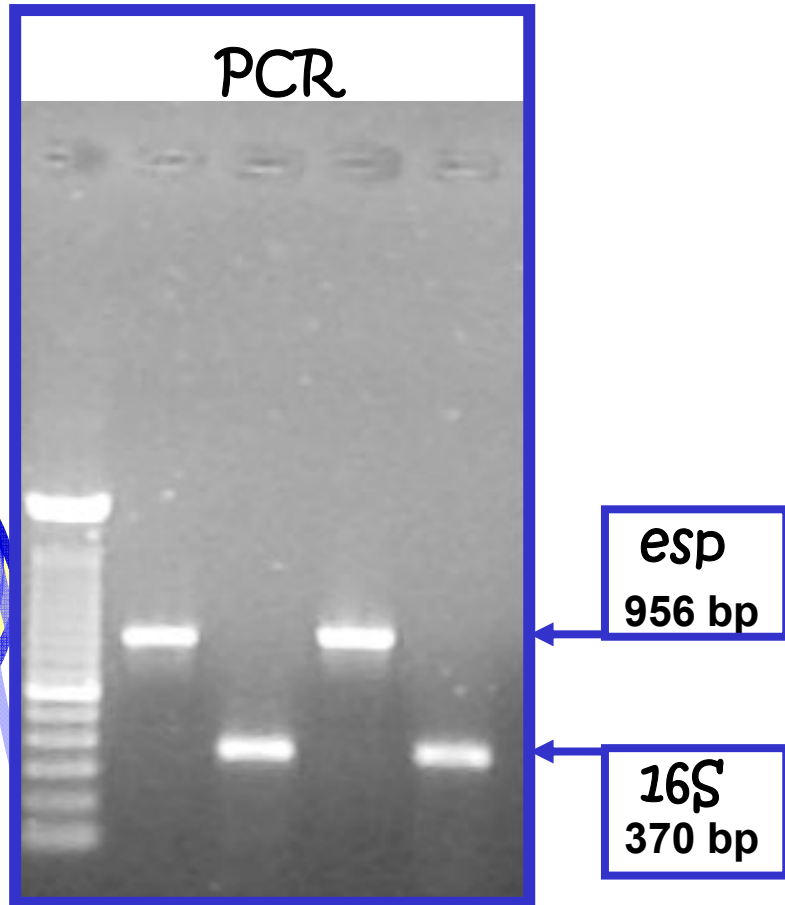


Secuenciación → gen *purK*

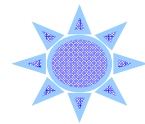
MLST → *purK*, *atpA*, *ddl*, *gdh*, *gyd*, *pstS* y *adK*

<http://efaecium.mlst.net/>

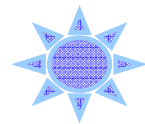
Detección gen *esp*



25/35 clones
92,3% aislamientos



28/30 hospitales
con VRE *esp* (+)



Clones A y B (64%)
→ *esp* (+)

Resultados

Secuencia
gen *purK*

Clon A (57%)

alelo 1

+

Clon B (7%)

alelo 1

SEARCH RESULTS :YOUR ALLELE NUMBER IS 1

MLST
Multi Locus Sequence typing

mlst.net | efaecium.mlst.net

Monday 13th September 2010

DATA ANALYSIS

Enterococcus faecium - Single Locus Sequence Query ?

SEARCH RESULTS :YOUR ALLELE NUMBER IS 1

Please choose the allele you wish to query -

PurK

```
CGTCAGTGTAGAGGCGTTAAATGCGATTTACCCATGTCATTTATTCCTCAAGGGACAGA
CTTGCTTGCATTACGCAAGACCGCCTGTTAGAAAAATCTTTTTGGAAACGAATAACAT
CGTGATTGCTCCTTATGCAACGATCGTCAGTCCGACGGATATCCAAGATGCGATTGACGG
GATCGGCTATCCTTGTGTTTTGAAAACCACTCGAGGCGGCTATGATGGCAAGGGGCAGTA
TGTTTTGAAAAGTCGGGCGGATCTAGCTCCTGCCATGGACCTTTAAGAGAAGGAACCTG
TGTTTTAGAAGCATGGATCCCGTTTGAAGAAAGAGATTTTCGATCATGGTGGCAGGAAATGG
TCAAGGAGATTTACGACTTTTCCGGTCGTGGAAAACATCCACCACAACAATATTCTTCA
TGAACGATTGCTCCAGCCGCGATTGATCAGGATGTGATCGAGGAGGCTGAGCGTATTGC
CCGTGTGATTGC
```

Reset Submit

DATABASES

- B.burgdorferi*
- B.cereus*
- B.pseudomallei*
- C.albicans*
- C.glabrata*
- C.krusei*
- C.tropicalis*
- C.jejuni*
- C.neoformans var grubii*
- E.coli*
- E.faecalis*
- E.faecium***
- H.influenzae*
- H.pylori*
- Leptospira spp.*
- M.catarhalis*
- N.meningitidis*
- S.agalactiae*
- S.aureus*
- S.enterica*
- S.epidermidis*
- S.pneumoniae*

Resultados

MLST:

*atpA; ddl; gdh;
purK; gyd; pstS;
adk*



Clon A (57%)

ST17

+

Clon B (7%)

ST17

Your sequence type is 17

Strain	ST	Serotype	AtpA	Ddl	Gdh	PurK	Gyd	PstS	Adk
			1	1	1	1	1	1	1
A0001	17		1	1	1	1	1	1	1

MLST
Multi Locus Sequence Typing

mlst.net | efaecium.mlst.net

Friday 1st October 2010

DATA ANALYSIS

DATABASES

- B.burgdorferi*
- B.cereus*
- B.pseudomallei*
- C.albicans*
- C.glabrata*
- C.krusei*
- C.tropicalis*
- C.jejuni*
- C.neoformans var grubii*
- E.coli*
- E.faecalis*
- E.faecium*
- H.influenzae*
- H.pylori*
- Leptospira spp.*
- M.catarrhalis*
- N.meningitidis*

Enterococcus faecium - Allelic Profiles query results

Your sequence type is 17

Strain	ST	Serotype	AtpA	Ddl	Gdh	PurK	Gyd	PstS	Adk
			1	1	1	1	1	1	1
A0001	17		1	1	1	1	1	1	1
A0002	17		1	1	1	1	1	1	1
A0003	17		1	1	1	1	1	1	1
A0004	17		1	1	1	1	1	1	1
A0005	17		1	1	1	1	1	1	1
A0006	17		1	1	1	1	1	1	1
A0007	17		1	1	1	1	1	1	1
A0008	17		1	1	1	1	1	1	1
A0009	17		1	1	1	1	1	1	1
A0010	17		1	1	1	1	1	1	1
E0014	17		1	1	1	1	1	1	1
E0022	17		1	1	1	1	1	1	1

Conclusiones

- La confirmación de que los clones A y B (64%) pertenecen al CC17 indica que este CC es el principal responsable de la emergencia y diseminación de VREfm en Argentina
- La presencia del gen *esp* en la mayoría de los VREfm (>90%) sugiere que estos clones hospitalarios tienen como origen en común el CC17
- Estos resultados concuerdan con la hipótesis de que la gran mayoría de los aislamientos de VREfm causantes de infección hospitalaria circulantes en la actualidad comparten un origen ancestral con el CC17

MUCHAS GRACIAS!

