

CAM-ALAM 2016 – 26-30/09 ROSARIO, STA FE

MI-0490

Análisis molecular y características epidemiológicas de la colonización por Staphylococcus aureus resistente a Meticilina en pacientes que se hospitalizan, Córdoba.

D Barcudi, R Lamberghini, A Garnero, AL Egea, D Tosoroni, L Decca, C Manchado, G Beccerica, D Vega, P Montanaro, L Gonzalez, F Jalil, P Cortes, P Gonzalez, M Calvari, A Littvik, T López, L Marianelli, G López, A Rivadero, S Penco, E Diaz, A Kuyuk, I Herrero, I Ocampo, A López, M Figueroa, C Nobile, A Minguez, M Landa, P Gagetti, C Lucero, D Faccione, A Corso, JL Bocco, C Sola.

La entrada de cepas de Staphylococcus aureus (SA) resistente a metilina (MRSA) asociado a la comunidad (CA-MRSA) al medio hospitalario, desplazando a las tradicionales cepas asociadas al hospital (HA-MRSA) comprometen las actuales estrategias de "screening" basadas en factores de riesgo para HA-MRSA.

Los objetivos de este trabajo fueron analizar 1) la prevalencia de colonización por MRSA 2) la epidemiología molecular en pacientes adultos (Ad) y pediátricos (Pe), que se hospitalizan, 3) la tasa de adquisición hospitalaria de MRSA.

Se organizó un estudio prospectivo, multicéntrico, descriptivo y comparativo, tomando muestras de colonización (nasal, faríngea e inguinal) en 8 Instituciones de Córdoba (oct-nov 2014) a los pacientes en la admisión (n: 1419) y en el egreso (n: 534: muestra representativa del total admitidos con ≥ 3 días de internación). Se realizó el análisis molecular de los MRSA a través de PFGE, tipo de SCCmec y genes pvl clasificándolos como CA-MRSA (pulsotipos asociados con clones CA-MRSA y con SCCmec IV excepto IVNv). Del total (n: 1419) de pacientes admitidos [53 % (n: 752) Ad y 47% (n: 667) Pe], 435 (31%) presentaron colonización por SA, 58 (4,1%) fueron MRSA (44 (38%) CA-MRSA y 14 (1%) HA-MRSA) y 8 (1%) HA-MRSA. Estas proporciones fueron significativamente diferentes en Pe y Ad ($P < 0,001$). En total se detectaron 10 adquisiciones (7 colonizaciones y 3 infecciones), con una tasa de adquisición de 2.3 casos /1000 días pacientes. Todos los casos adquiridos de fueron producidos por clones CA-MRSA. El análisis molecular demostró la presencia de 11 pulsotipos, siendo los más frecuentes aquellos asociados a los clones CA-MRSA epidémicos en nuestro país, el I con el SCCmecIVa (28%, 15% Ad, 34%Pe) y el N con el SCCmecIVc (19%, 30%Ad, 13%Pe) Se observa una diferencia significativa de las proporciones de estos dos clones CA-MRSA entre Ad y Pe. En tercer y cuarto lugar los clones HA-MRSA: C-SCCmecIVNv (Variante Arg Clon Ped) 15% y el A-SCCmecI. Al comparar las variables socio-demográficas entre pacientes colonizados y no colonizados, en el análisis univariado, se identificaron factores asociados a la colonización por CA-MRSA diferentes a los asociados a colonización por HA-MRSA.

En total se detectaron 10 adquisiciones (7 colonizaciones y 3 infecciones), con una tasa de adquisición de 2.3 casos /1000 días pacientes. Todos los casos adquiridos de fueron producidos por clones CA-MRSA.

En conclusión, la mayor proporción de MRSA en pediatría está causada por una mayor proporción de cepas CA-MRSA, El 76% de los pacientes colonizados por MRSA fue por CA-MRSA. Los genotipos CA-MRSA más frecuentes coinciden con los clones epidémicos más prevalentes como causantes de infecciones. Se demostró la transmisión y adquisición de las cepas CA-MRSA en el ambiente hospitalario desplazando las cepas HA-MRSA. Se identificaron diferencias en las variables epidemiológicas relacionadas a los pacientes colonizados por cepas CA-MRSA de aquellas de los pacientes colonizados por cepas HA-MRSA. Estrategias de control diferencial