

EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR DE LAS INFECCIONES CAUSADAS POR *S. AUREUS* EN EL CENTRO DEL PAÍS E IMPLICANCIAS EN LA RESISTENCIA A LOS ANTIMICROBIANOS

González María J¹, Blasko Enrique G¹, Marianelli Leonardo³, Garnero Analía⁴, Martins Marcelo³, Gagetti Paula², Grupo de estudio de *S. aureus* de Córdoba¹, Bocco José L¹, Corso Alejandra² y Sola Claudia¹

¹Centro de Investigaciones en Bioquímica Clínica e Inmunología (CIBICI) CONICET, Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Nacional de Córdoba, Córdoba, Argentina.² Servicio Antimicrobianos, Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas (INEI)-ANLIS, "Dr. Carlos G. Malbrán", Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina.³ Cátedra de Infectología I, Hospital Rawson, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional de Córdoba,

⁴ Servicio de Infectología, Hospital de Niños de la Santísima Trinidad de Córdoba, Córdoba

S. aureus (SA), es un patógeno que causa un amplio rango de infecciones, con capacidad de adquirir resistencia (R) a antimicrobianos (RAM), como la metilicina (MRSA y MSSA) y con potencial de diseminación en hospitales (HA) y la comunidad (CA) a través de clones con incrementada virulencia y/o transmisibilidad y/o RAM

Objetivo: Estudiar la epidemiología molecular de las infecciones invasivas (INVI) y no INVI por *S. aureus*, de inicio en el ámbito hospitalario (HO) o en la comunidad (CO), y su relación con la RAM en Córdoba, Argentina.

M&M: Durante el mes de Nov de 2019 se realizó un estudio multicéntrico prospectivo observacional en 10 hospitales de Córdoba, donde se colectaron 190 aislamientos clínicos consecutivos de SA. Se realizó el antibiograma (difusión/Vitek2, CLSI2019) y la caracterización molecular por PFGE/tipo spa/MLST y SCCmec

Resultados: El 71% (n: 136) fueron infecciones CO y el 69% fueron pacientes adultos (≥ 19 años). La prevalencia de MRSA fue 37,9% (95%IC: 31,3%-44,9%), sin diferencias ($p > 0.05$) entre todos los hospitales y entre las infecciones CO (37,5%) y HO (38,9%). Los linajes (CC) más frecuentes, fueron: CC30: 23,2% (n:44): 13 MSSA (PFGE-N/ST30, t012 y rel.) y 31 MRSA (N/ST30/IV, t019 y rel.), CC5: 21,6% (n:41): ST5, 61%/n:25: 4 MSSA (PFGE-I/ST5, t002 y rel.) y 21 MRSA [(I/ST5/IV, t311 y rel., 95%, n:20) y (A/ST5-I, t149, n:1)], ST100, 22%/n:9: MRSA/C/ST100/IVNv, t002 y rel., ST6, 15%/n: 6: 5 MSSA (JJ/ST6, t701 rel.) y 1 MRSA (JJ/ST6/IVc, t701) y ST1649, 2%/n:1 (QQ/ST1649/IV, t701), CC398: 19,5% (n:37): MSSA (t1451 y rel.) y CC8: 16,3% (n:31); ST8, 81%/n:25: 20 MSSA (USA300/ST8, t024, t304 y rel.), y 5 MRSA (USA300/ST8/IV, t008 y rel.) y ST72, 19%/n:6: 3 MSSA (R/ST72, t148 rel.) y 3 MRSA (R/ST72/IV, t148). El CC398 causó el 18% de las infecciones CO, el 22% de las HO, el 21% de las INVI y el 17% de las no INVI. SA presentó R a (%): ERY 40, CLIN 37, GEN 17, CIP 5,2 y RIF 3,1. El 48% de la R a ERY, el 49% de R a CLI y el 28% de R a GEN se asociaron al CC398. El resto de la R se asoció principalmente a los siguientes CC: CC8/USA300MSSA, CC5ST5-IV y CC5/ST100-IVNV.

Conclusión: Los resultados indican que los linajes CC30, CC5, CC398 y CC8 son los principales responsables de las infecciones por SA en la región central del país. El MSSACC398 produjo infecciones CO y HO y es la principal causa de la R a Ma y lincosamidas. La vigilancia molecular continua es fundamental para el entendimiento de la epidemiología cambiante de las infecciones por SA.