

Portadores de *Staphylococcus aureus* como factor de riesgo en la infección intrahospitalaria

María Antonia Gaona de Hernández BLC,¹

Cuando el huésped humano nace, se expone al ambiente externo y es colonizado en la piel y las mucosas con microorganismos, son cientos de especies de bacterias y un pequeño número de hongos, protozoos y virus que constituyen la microbiota humana, considerados microorganismos comensales, es decir, que no causan daño. Algunos miembros de la microbiota de piel y mucosas se establecen durante horas, días o semanas y son considerados flora transitoria. Por el contrario, otros microorganismos están relativamente fijos en el sitio de colonización y, si se les retira, se restablecen con rapidez; es el grupo considerado flora residente.

Hoy, mediante el uso de tecnologías basadas en DNA para la detección e identificación de genes bacterianos, se sabe que los cultivos por métodos fenotípicos tradicionales representan solo una pequeña fracción de los microorganismos que realmente existen en el hospedero. Sanford y Gallo, además, anotan que algunos estudios han empezado a sacar a la luz las relaciones íntimas compartidas entre anfitrión y microbios residentes; evidencian que, tanto los factores inmunológicos como los comportamientos de los anfitriones dan forma a la composición de estas comunidades (1); en palabras de los romanos *suum quique*, cada uno tiene lo propio (2).

La presencia de los microorganismos comensales resulta esencial para la vida del ser humano, dado su papel en los procesos digestivos, en la síntesis de vitaminas, en la prevención de la colonización por microorganismos patógenos, compitiendo por nutrientes y espacio con gran número de bacterias por producción de compuestos proteínicos (bacteriocinas) para restringir el crecimiento de patógenos. *Staphylococcus aureus* es un patógeno que puede colonizar las fosas nasales, las mucosas orofaríngeas y la piel de algunas personas, pudiendo entablar una relación de huésped portador asintomático, mientras exista equilibrio armónico con el sistema inmune del hospedero.

El género *Staphylococcus* está conformado por varias especies que son médicamente importantes. *Staphylococcus aureus* es agente causal frecuente de infecciones leves localizadas en piel y tejido subcutáneo, e intoxicaciones alimentarias en personas de la comunidad. Es hoy, de igual manera, uno de los microorganismos que causa mayor impacto en infecciones graves en pacientes de la comunidad y en infecciones hospitalarias, como lo demuestran numerosos estudios a nivel nacional y mundial (3, 4). La bacteria tiene una compleja variedad de antígenos celulares y extracelulares; así mismo, algunas cepas son capaces de adquirir genes que las capacitan para producir ciertas toxinas (leucocidina de Pantón Valentin —LPV—) y enzimas (enterotoxinas, penicilinasas), que le otorgan mayor patogenicidad.

En la llamada Edad de Oro de los antibióticos, que comenzó con la producción de penicilina a gran escala, su utilización logró contrarrestar la enfermedad y muerte de etiología infecciosa, al punto de que se presagiaba el fin de las enfermedades infecciosas, pero hoy el panorama ha ido

1 Grupo de Investigaciones Microbiológicas-UR (GIMUR). Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas, Universidad del Rosario.

cambiando por el aumento de la resistencia a los antimicrobianos. *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (SARM) ha adquirido el gen (*mecA*), que codifica las proteínas ligadoras de penicilina, PBP2a, que tienen una baja afinidad con antibióticos beta lactámicos (meticilina, penicilinas y cefalosporinas) y, por lo tanto, le confieren resistencia a estos antibióticos. El gen *mecA* se localiza en el casete estafilocócico (SCCmec) y se describen seis secuencias génicas en este casete (tipos I-VI), cada uno de los tipos con diferencias en el patrón de susceptibilidad a los antibióticos usados. Las cepas SARM, antes limitadas a infecciones adquiridas o asociadas con atención hospitalaria (SARM-AH) aparecen actualmente en la comunidad y son responsables de la mayor parte de las infecciones por *S. aureus* asociado con la comunidad (SARM-AC) (5).

Se han realizado muchos estudios enfocados con el aislamiento de portadores de *Staphylococcus aureus* y SARM en estudiantes de medicina (6), en cohortes antes y después de contacto con servicios de hospitales, en personal que labora en hospitales (4), enfocados en buscar los factores de riesgo relacionados con la colonización (7), en personas de la comunidad haciendo caracterización de los patrones de resistencia antibiótica y asociación entre patologías clínicas de los pacientes con SARM y expresión de factores de virulencia (8). Demostrando diferencias en los resultados, aumenta el índice de portadores al contacto con la atención hospitalaria en algún grado y el hallazgo de cepas con perfil fenotípico y genotípico de resistencia antimicrobiana que antes no se habían detectado.

La *Revista Ciencias de la Salud* de la Universidad del Rosario ha publicado el tema relacionado con la prevalencia de portadores de *Staphylococcus aureus* y sus respectivos patrones de resistencia a distintos antimicrobianos, lo cual permite hacer aportes en el conocimiento del alcance y la magnitud de la colonización e infección por este agente. Por otro lado, observar en el riesgo epidemiológico de diseminación de las cepas SARM encontradas de los contactos de la comunidad a pacientes hospitalizados o viceversa. Las conclusiones, en general, se dirigen a la necesidad de prevención de la extensión de infecciones, mediante el lavado de manos rutinario y el uso de barreras de contención de la infección en el contexto del trabajo hospitalario.

Sanford y Gallo reconocen que uno de los miembros de la microbiota más abundantes y frecuentemente cultivados es *Staphylococcus epidermidis*, el cual tiene un potencial de ocasionar infecciones serias tipo fungemias asociadas con el catéter, infecciones de dispositivos protésicos, pero también produce una variedad de moléculas que interfieren con el crecimiento de patógenos y mencionan que mediante la producción de serin proteasa, Esp, degrada varias proteínas de *Staphylococcus aureus* involucradas en la formación de biofilms y muchos receptores importantes para la colonización e infección de las células del huésped. La producción de modulinas solubles en fenol (PSMs) con potente actividad antimicrobiana contra *Streptococcus pyogenes* y *Staphylococcus aureus*. Así mismo, *Propionibacterium acnés* es capaz de inhibir el crecimiento de SARM-AC, además, otros microbios comensales mantienen la barrera de la homeostasis, un aspecto crucial en la defensa del huésped frente a los patógenos (1).

Los crecientes potenciales de patogenicidad de los SARM (3), demostrados en recientes estudios realizados por Escobar-Pérez et al. determinan características moleculares en cuanto a detección de genes para factores de virulencia, indicando recambio clonal de los aislamientos SARM y SARM (SA sensible a meticilina) en Colombia. Se trata de que cuando emerge un clon con su respectivo perfil de sensibilidad, aumenta su frecuencia y ocasiona un desplazamiento total de un clon anterior. La investigación concluye que se puede posibilitar el estudio de los aislamientos SARM para

llevar a cabo la vigilancia epidemiológica y estudios clínicos no solo de SARM sino de SASM que, por ser más sensibles a antibióticos, subestiman su patogenicidad y virulencia. Otra bondad de estos estudios es que se pueden emitir recomendaciones tempranas para la vigilancia, el tratamiento y la contención de las infecciones causadas por estafilococos.

Este panorama cuestiona las limitaciones para un trabajo integral, pero, si en el marco de cada institución, se hacen los estudios microbiológicos, y en lo posible moleculares, para tener su propio inventario e implementar acciones de control de portadores y, por otro lado, dar un mejor uso de los antibióticos, los cuales si no se regulan en forma adecuada pueden contribuir al desbalance de la microbiota y desfavorecer la inhibición del crecimiento de patógenos mediante las interacciones biológicas demostradas de las bacterias residentes, influiría en la salud y se evitaría el riesgo y el aumento de las infecciones.

Referencias

1. Sanford J, Gallo R. Functions of the skin microbiota in health and disease. *Semin Immunol.* 2013;25(5):370-7.
2. Engleberg C, DiRita V, Dermody T. En: Schaechter M, Engleberg C, DiRita VJ, Dermody T. Schaechter's. *Mechanisms of Microbial Disease.* 4.^a ed. Baltimore: Lippincott Williams-Wilkins; 2007; p. 11.
3. Escobar-Pérez J, Castro BE, Márquez-Ortiz RA, Gaines S, Chavarro B, Moreno J, et al. Aislamientos de *Staphylococcus aureus* sensibles a meticilina relacionados genéticamente con el clon USA300, ¿origen de los aislamientos SARM de genotipo comunitario en Colombia? *Biomédica* 2014;34(1):124-36.
4. Espinosa C, Romero M, Rincón G, Bohórquez M, Arámbula A. Portadores nasales de *Staphylococcus aureus* en personal que labora en un Hospital de Santander. *Rev. Univ. Ind. Santander. Salud* 2011; 43(2):111-7.
5. Murray PR, Rosenthal KS, Pfaller MA. *Staphylococcus* y cocos grampositivos relacionados. En: Murray PR, Rosenthal KS, Pfaller MA. *Microbiología Médica* 7.^a ed. Barcelona: Elsevier Saunders; 2014; p. 175.
6. Méndez I, Holguín D, Pachón D, Africano F, González I, Rojas N. Prevalence and antimicrobial susceptibility of *Staphylococcus aureus* methicilin resistant isolated from medical students. *CES Med* 2013;27(1):21-30.
7. Rodríguez EA, Jiménez JN. Factores relacionados con la colonización por *Staphylococcus aureus*. *IATREIA* 2015;128(1):66-77.
8. Fosch, S, Yones C, Trossero M, Grosso O, Nepote A. Portación nasal de *Staphylococcus aureus* en individuos de la comunidad: factores epidemiológicos. *Acta Bioquím Clín Latinoam* 2012;46(1): 59-68.