

2012 Noviembre, 3(2): 1-2

“DETERMINANTES DE PATOGENICIDAD EN *Enterococcus* spp. AISLADOS DE ALIMENTOS DE ORIGEN ANIMAL Y SU IMPACTO EN SALUD PUBLICA”.

Autores: Pourcel G.², Delpech G.², Schell C.¹, Sparo M.¹⁻², Bernstein J.¹, Grenovero S.¹, De Luca M.¹, Basualdo J.¹

Lugar de Trabajo: ¹Cátedra de Microbiología y Parasitología. Facultad de Ciencias Médicas. UNLP. ²Escuela Superior de Ciencias de la Salud. Medicina. UNICEN.

E-mail de contacto: msparo@med.unlp.edu.ar

Introducción

El género *Enterococcus* integra la microbiota habitual del tracto gastrointestinal del hombre y los animales. Su capacidad para producir infección está relacionada con diferentes determinantes de patogenicidad, ubicados en genes que codifican factores de virulencia como la proteína unida al colágeno (*ace*), antígeno de endocarditis (*efaA*), activador de hemolisina (*cylA*), gelatinasa (*gelE*), sustancias de agregación (*asa1* y *asa373*) y proteína de superficie (*esp*) asociados a multi-resistencia a los antimicrobianos (ATM) de utilización clínica habitual. En productos cárnicos, lácteos y alimentos listos para consumir han sido aislados enterococos con determinantes de patogenicidad y resistencia a los ATM. Sin embargo, en Argentina, existe escasa documentación acerca de la presencia de estas cepas en los alimentos de origen animal y su potencial impacto en la salud pública.

Objetivos

Detectar los determinantes de patogenicidad en cepas de *Enterococcus* spp. recuperadas de alimentos de origen animal.

Materiales y Métodos

Proyecto de diseño observacional, descriptivo, prospectivo y de corte transversal. Las muestras fueron tomadas de diversos alimentos de origen animal, elaborados y comercializados en establecimientos minoristas y supermercados de la ciudad agrícola-ganadera de Tandil, siguiendo la metodología recomendada por el *Compendium of Methods for the Microbiological Examination of Food* (APHA, 2001).

La caracterización fenotípica de las cepas aisladas se realizó por tests bacteriológicos convencionales. Para la validación de especies de este género, se utilizó el análisis de perfiles de proteínas *electro whole-cell protein profile* (WCP).

La detección fenotípica de los factores de virulencia se realizó por prueba de gelatinasa (Gel), producción de hemolisinas (Hyl) e investigación de sustancia agregativa (SA). La investigación de genes de virulencia, *gelE*, *cylA*, *esp*, *asa1* (*primer acces*, Gene Bank SFPASA1), *asa373* (*primer acces*, Gene Bank AJ132039), *ace* (*primer acces*, Gene Bank AF159247) y *efaA* (*primer acces*, Gene Bank EFU03756) fue realizada por Multiplex PCR.

Resultados

sobre *n*=24 cepas de *E. faecalis* recuperadas de productos fermentados cárnicos se detectaron los genes *asa1* y *asa373* en *n*=14 aislamientos y fue detectado el gen *ace* en *n*=7 aislamientos. En las mismas especies recuperada de hamburguesas (*n*=30) fue detectado el gen *gel* en *n*=18 aislamientos y los genes *asa1* y *asa373* en *n*=17 aislamientos. En el mismo alimento se encontró el gen *ace* en *n*=10 aislamientos. Dentro de los alimentos lácteos estudiados, como queso de oveja, fue detectado el gen *ace* en *n*=3 aislamientos de *E. faecalis* y en quesos de vaca el gen *ace* en *n*=2 aislamiento de *E. faecalis*. En la especie *E. faecium* se observó sobre *n*=6 aislamientos recuperados de productos fermentados, 2 genes *asa1* y un gen *asa373*. En queso de oveja, sobre *n*=22 aislamientos, la distribución de los genes fue: 15 cepas con gen *esp*, 8 cepas con gen *asa1* y 9 cepas con gen *asa373*. En quesos de vaca, en *n*=23 aislamientos, fueron detectados 12 genes *gel*, 16 genes *esp*, 10 genes *asa1* y 11 genes *asa373*. En cepas de *E. faecalis* proveniente de productos fermentados de origen cárnico se detectaron determinantes de virulencia en *n*=22 (22/24) aislamientos y en hamburguesas en *n*=30 (30/30). En cepas de *E. faecium* recuperadas de queso de oveja se observaron genes de virulencia en *n*=15 (15/22) aislamientos y en queso de vaca *n*=16 (16/23). En cepas de *E. faecium* provenientes de productos fermentados fueron detectados, en *n*=4 (4/6) aislamientos, determinantes de virulencia con la siguiente distribución: 2 genes *asa1*, 1 gen *asa373*, 1 gen *esp*; y 2 genes *esp*, y en cepas

2012 Noviembre, 3(2): 1-2

de *E. faecium* provenientes de hamburguesas fue detectado 1 gen *esp*, en $n=1$ (1/3) aislamiento. En cepas de *E. faecalis* recuperados de queso de oveja fueron detectados determinantes de virulencia con la siguiente distribución: 3 genes *cyl*, 1 gen *esp*, 1 gen *ace*; 1 gen *gel*, 1 gen *asa1*, 1 gen *asa373*, 1 gen *efa* y 1 gen *asa373*, en $n=5$ (5/6) aislamientos y en quesos de vaca en $n=2$ (2/3) aislamientos se encontró la siguiente distribución: 1 gen *gel*, 1 gen *esp*, 1 gen *asa1*, 1 gen *asa373*, 1 gen *cyl*, 1 gen *ace*; 1 gen *cyl* y 1 gen *ace*.

Conclusión

Los resultados encontrados demuestran la presencia de cepas del genero *Enterococcus* con determinantes de patogenicidad aisladas de alimentos de origen animal. La búsqueda de cepas potencialmente patógenas como las de éste genero, no debe limitarse solo a medicina humana. Los reservorios no humanos juegan un papel preponderante en la diseminación de microorganismos productores de infecciones asociadas al cuidado de la salud debido a su impacto en Salud Pública por el ingreso a la comunidad vía cadena alimenticia.