



IDENTIFICACIÓN DE GENES DE VIRULENCIA DE *Staphylococcus aureus* EN MUESTRAS NASALES DE ESTUDIANTES DE ODONTOLOGÍA

Poster

Antimicrobianos y resistencia

Sandra Elena Hernández-Solís^{1, 2}, Esperanza Mercedes Lama-González^{1, 2},
Florencio Rueda-Gordillo^{1, 2}.

(1) Universidad Autónoma de Yucatán, Departamento de Microbiología Oral y Biología Molecular, Facultad de Odontología, Calle 61-A No. 492A x Av. Itzáes, Merida, México.

(2) Cuerpo Académico de Microbiología, Patología y Biología Molecular Odontológica.

hsolis@correo.uady.mx

Introducción: Las cepas de *Staphylococcus aureus* pueden colonizar las fosas nasales de portadores asintomáticos y propagar infecciones graves, esto a través de sus factores de virulencia. Durante la práctica clínica existe el riesgo de transmisión de *S. aureus* resistente a la meticilina (MRSA), dificultando las opciones de tratamiento. Los estudios para determinar su prevalencia en el personal odontológico son escasos.

Objetivo: Identificar los genes de virulencia relacionados con la adhesión celular, citotoxicidad y resistencia a la meticilina en cepas de *S. aureus* aisladas de la cavidad nasal de estudiantes de la Facultad de Odontología de la Universidad Autónoma de Yucatán (FOUADY).

Metodología: Se realizó una muestra aleatoria estratificada representativa de estudiantes de la FOUADY. Se analizaron 220 muestras nasales, 161 (73.2%) de alumnos con práctica clínica y 59 (26.8%) sin práctica clínica. *S. aureus* se identificó por métodos bioquímicos, y PCR punto final, empleando oligonucleótidos específicos para género (16srRna) y especie (nuc). Asimismo, se emplearon oligonucleótidos para los genes de virulencia de resistencia a la meticilina (mecA), unión a la fibronectina (FnbA y FnbB) y liberación de la α -hemolisina (hla).

Resultados: Se encontró una prevalencia de *S. aureus* del 19.1% (42/220) y del 10.5% (23/220) para portadores de MRSA. El 19.2% (31/161) de alumnos con práctica clínica fueron portadores y el 18.6% (11/59) de alumnos sin práctica clínica fueron portadores de *S. aureus* ($p>0.05$). 85.7% (36/42) de las muestras de *S. aureus* presentaron el gen *hla*. Los genes *FnbA* y *FnbB* fueron aislados 30.9% (13/42) y 50.0% (21/42) respectivamente.

Discusión: La tasa de colonización nasal por *S. aureus* (19.1%) fue menor que lo reportado en otros estudios (23–31%). La frecuencia de MRSA fue similar a la hallada por otros autores (~9.7%). La presencia de *hla* fue alta, aunque ligeramente menor que en otros estudios. En cambio, la frecuencia de *FnbA* fue significativamente menor a la reportada por otros autores, mientras que *FnbB* se mantuvo dentro de un rango comparable.

Conclusiones: *S. aureus* y sus diversos factores de virulencia se encuentran colonizando a los estudiantes de la FOUADY, tanto a alumnos con y sin práctica clínica.

Palabras Clave

(1) *S. aureus*, (2) MRSA, (3) nasal, (4) portadores, (5) Odontología.

Financiamiento:

Programa de Apoyo e Impulso a la Investigación de la Facultad de Odontología (PAIIFO)