



Primera caracterización genómica del clon hipervirulento de *Staphylococcus aureus* ST121, aislado de pacientes pediátricos que cursaron con osteomielitis invasiva en un centro asistencial en Paraguay (2010)

Primera caracterización genómica del clon hipervirulento de *Staphylococcus aureus* ST121, aislado de pacientes pediátricos que cursaron con osteomielitis invasiva en un centro asistencial en Paraguay (2010)

Poster

Genomas y Evolución

Julio César Barrios Leiva ¹, Rosa María Guillén Fretes ¹,
Grupo de estudio de *Staphylococcus aureus* del Paraguay ²,
Julio César Barrios Leiva ¹.

(1) Universidad Nacional de Asunción, Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud, Dpto. de Microbiología, Campus Universitario, San Lorenzo, Paraguay.

(2) Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social, Hospital General Pediátrico Niños de Acosta Ñú, Arnaldo Bacigalupo, San Lorenzo, Paraguay.

biojulioc@gmail.com

Staphylococcus aureus es un patógeno relevante en salud pública debido a su capacidad para provocar infecciones graves y adquirir resistencia a múltiples antibióticos. El clon ST121, generalmente sensible a meticilina(SASM), emergió globalmente como un clon hipervirulento con perfiles variados de resistencia. El objetivo del presente estudio fue la caracterización genómica de 2 aislamientos de SASM_ST121, de pacientes pediátricos con osteomielitis invasiva en Paraguay(2010), mediante un estudio descriptivo y retrospectivo. Se secuenciaron los genomas bacterianos. La preparación de las librerías y la secuenciación se llevaron a cabo utilizando la plataforma Illumina. Los ensamblajes genómicos se efectuaron mediante Shovill y la anotación con Prokka. Además se determinó el secuenciotipo (MLST) y

spatipo, se identificaron genes de resistencia antimicrobiana, factores de virulencia y de respuesta al estrés utilizando AMRFinderPlus, así como elementos plasmídicos (PlasmidFinder). Los dos genomas analizados fueron de alta calidad, en cuanto a tamaños ($\approx 2,8$ Mbp) y %GC de 32,71%, sin regiones ambiguas (0,00 N's/100 kbp). Ambos aislamientos correspondieron al clon ST121 y spa-t159, mostrando múltiples genes de resistencia frente a fosfomicina (*fosB*), mupirocina (*murA*), tetraciclina (*tet38*), tigeciclina (*mepA*) y β -lactámicos (*bla*). Ambos aislamientos carecieron del gen *mecA*. Asimismo, presentaron genes relevantes asociados a virulencia, incluyendo la leucocidina de Panton-Valentine (*lukF/S-PV*), lisinas (*aur*, *hlgA*, *hlgB*, *hlgC*, *hld*), enterotoxinas (*seb*, *sen*, *seu*, *sei*, *sem*, *seo*, *sey*, *selX*, *selZ*), formadores de biofilm (*icaC*) y proteasas (*spkB*). Uno de los aislamientos presentó resistencia fenotípica y genotípica adicional a fenicoles (*catA* y *cadD*), además de proteasa (*spIA*) y la portación de elementos plasmídicos (*rep21*, *rep7a*). Mientras que el otro aislamiento presentó moduladores inmunitarios (*scn* y *sak*). La caracterización genómica de estos aislamientos SASM-ST121 mostró un amplio repertorio de genes asociados a mecanismos de resistencia a los antibióticos y factores de virulencia, incluso en ausencia de resistencia a meticilina, significando un importante desafío terapéutico ante la diseminación de éste clon hipervirulento en el ambiente hospitalario. La presencia de plásmidos en uno de los aislamientos sugiere un enorme potencial para la transferencia horizontal de genes relacionados con resistencia antimicrobiana, destacando la importancia de la vigilancia genómica en la prevención y manejo adecuado de infecciones invasivas por *S. aureus*.

Palabras Clave

(1) *Staphylococcus aureus* sensible a meticilina (SASM), (2) secuenciación completa del genoma (WGS), (3) infección invasiva, (4) Paraguay, (5) clon ST121.

Financiamiento:

El presente trabajo fue elaborado en el marco del Programa de Doctorado en Ciencias Biomédicas del IICS-UNA, cofinanciado por el CONACYT del Paraguay (con fondos FEEI y FONACIDE), mediante una beca completa otorgada a J.C.B.L.: Código: POSG01-79; contrato: BCAS01-12.

Agradecimientos:

Grupo de *Staphylococcus aureus* del Paraguay encargados de la colecta en el Hospital General Pediátrico Niños de Acosta Ñú durante el año 2010: Dra. Wilma Basualdo (†), Dra. Beatriz Quiñónez (†) y Bioq. Rocío Arguello.