

FECHA DE RECEPCIÓN: 01/04/2024
FECHA DE APROBACIÓN: 21/05/2024
FECHA PUBLICACIÓN: 30/05/2024

1. Licenciada en Laboratorio
Clínico. Universidad de Cuenca.
Cuenca-Ecuador

Artículo original | Original Article

<https://orcid.org/0009-0004-6718-5772>

Correspondencia:
belen.durans@ucuenca.edu.ec

Dirección:
Av. Max Uhle & Jorge Carrera
Andrade

Código Postal:
010104

Celular:
0980918734

Cuenca-Azuay-Ecuador

Staphylococcus aureus meticilino resistente en pacientes de la clínica Santa Ana, Cuenca

Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in patients at the Santa Ana Clinic, Cuenca

■ Duran Sarango Maria Belen¹, Tacuri Agurto Adriana Rebeca¹, Espinoza Pesantez Diana Isabel¹.

RESUMEN

Introducción: las infecciones bacterianas son un constante problema de salud pública, sobre todo por la resistencia bacteriana que limita el uso terapéutico de antibacterianos; el *Staphylococcus aureus*, germen de alta patogenicidad, desarrolla con facilidad resistencia a los betalactámicos.

Objetivos: determinar la frecuencia de infecciones bacterianas causadas por *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (SARM) en cultivos de aislados clínicos de pacientes de la Clínica Santa Ana, Cuenca-Ecuador, en el período 2021 - 2022.

Métodos: estudio descriptivo-transversal. Se analizaron 835 cultivos positivos cada uno con sus respectivas pruebas de identificación y susceptibilidad antibacteriana; los datos fueron recolectados mediante un formulario elaborado por los autores; la tabulación y análisis se realizó en el programa estadístico IBM SPSS Statics 25 versión libre, y Microsoft Excel; los resultados se presentan en tablas simples y cruzadas.

Resultados: de los 835 cultivos estudiados, 9.82% fueron cepas de *Staphylococcus aureus*, de los cuales 51.22% corresponden a SARM, el germen fue predominante en cultivos de secreciones 78.60%, la mayor parte de población fueron pacientes de 27 a 59 años (47.62%), casos de origen comunitario (54.76%) y similar porcentaje para mujeres y hombres (50%).

Conclusiones: la mitad de las cepas de *Staphylococcus* corresponden a la cepa metilinoresistente, predominando su aislamiento en secreciones de tipo comunitario, sin diferencias en cuanto a sexo.

Palabras clave: *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina, antibacterianos, Farmacorresistencia bacteriana

ABSTRACT

Introduction: bacterial infections are a constant health problem, especially due to bacterial resistance that limits the therapeutic use of antibacterial; *Staphylococcus aureus*, a highly pathogenic germ, easily develops resistance to beta-lactams.

Objectives: to determine the frequency of bacterial infections caused by methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in different cultures of clinical isolates from patients of "Clínica Santa Ana", Cuenca 2021 - 2022.

Methodology: a descriptive-transversal study was carried out. A total of 835 positive cultures were analyzed, each with their respective identification and antibacterial susceptibility tests; data were collected using a form prepared by the authors; tabulation and analysis were analyzed in the IBM SPSS Statistics 25 free version statistical program and Microsoft Excel; the results are presented in simple and crossed tables.

Results: of the 835 cultures studied, 9.82% were *Staphylococcus aureus* strains, of which 51.22% were methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA), the germ was found predominantly in cultures of lesions 78.60%, most of the population were patients aged 27 to 59 years (47.62%), cases of community origin (54.76%) and without major differences according to sex, obtaining a 1:1 ratio.

Conclusions: half of the *Staphylococcus* strains correspond to the methylene-resistant strain, its isolation predominating in community-type secretions, without differences in terms of sex.

Keywords: *Staphylococcus aureus*, methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*, antibacterial, Drug resistance bacterial

INTRODUCCIÓN

Las infecciones bacterianas son un constante problema de salud, causado por bacterias gram negativas o gram positivas, en este último grupo destaca SARM¹⁻². La resistencia a la meticilina surge por una transferencia horizontal mediada por los genes *mecA* y *mecC* que codifican la PBP2a (penicillin binding protein), la misma se extiende a los demás β -lactámicos³.

Las infecciones bacterianas se consideran una emergencia epidemiológica por su alta prevalencia; en América Latina en el año 2021, Argentina registró 88%; Brasil de 4.5% a 8.6% y Bolivia con 1.5%⁴. En Ecuador en el periodo 2014-2018, el Ministerio de Salud Pública (MSP) determinó el porcentaje de resistencia antimicrobiana de SARM en aislados hospitalarios del 33% a 59%⁵.

La resistencia antibacteriana que presenta SARM, constituye una de las principales limitantes en el tratamiento eficaz, debido a que no se puede emplear β -lactámicos y en su lugar se debe utilizar otros fármacos de mayor espectro y toxicidad como linezolid, rifampicina, daptomicina y vancomicina, este último puede causar ciertos efectos secundarios como reacciones anafilácticas, ototoxicidad o nefrotoxicidad⁶⁻⁷.

En febrero de 2018, la OMS identificó importantes factores que determinan la aparición de cepas resistentes como el mal manejo de infecciones y el uso inadecuado-excesivo de antimicrobianos, sumados a condiciones sanitarias precarias como la falta de agua potable y saneamiento básico e inobservancia de medidas básicas de higiene de personas y animales. Estos organismos con resistencia antimicrobiana pueden estar presentes en personas, animales o en el medio ambiente, y son de fácil transmisión; los pacientes infectados con SARM tienen un 64% más de probabilidad de morir siendo mayor que los pacientes infectados con bacterias sensibles a fármacos⁸⁻⁹.

METODOLOGÍA

Estudio descriptivo-transversal. Se analizaron historias clínicas de pacientes con reporte de cultivos positivos de los años 2021 y 2022 con sus respectivas pruebas de identificación y susceptibilidad a los antimicrobianos; se incluyeron datos demográficos, obtenidos a través de la base de datos del área de Microbiología de la Clínica Santa Ana de la ciudad de Cuenca, las variables no contenían ningún tipo de identificación, de esta manera se garantizó el anonimato de cada paciente, y se siguieron principios bioéticos en el manejo de los datos durante toda la investigación, la información se recolectó en un formulario creado por los autores, el con las siguientes variables: SARM o sensible a meticilina, características sociodemográficas, tipo de muestra, área hospitalaria. Se excluyeron todos

los cultivos bacterianos negativos, cultivos positivos para hongos y *Staphylococcus aureus* aislados a partir de urocultivos. La información obtenida se analizó en el programa estadístico IBM SPSS Statics 25 versión libre, y para la edición de tablas estadísticas que reflejen los resultados obtenidos se utilizó Microsoft Excel. Las variables cualitativas y cuantitativas se representan mediante tablas simples y cruzadas. Se realizó análisis descriptivo, utilizando frecuencia y porcentajes.

RESULTADOS

Se analizaron un total de 835 muestras, la población más frecuente fueron bacilos gram negativos, 70.42%; 19.76% fueron cocos gram positivos diferentes de *Staphylococcus aureus*, y 9.82% *Staphylococcus aureus* (Tabla N°1).

Tabla N°1

Bacterias aisladas en cultivos

Bacterias Aisladas	n=835	%
Bacilos Gram Negativos	588	70.42 %
Cocos Gram Positivos (diferentes a <i>S. aureus</i>)	165	19.76 %
<i>Staphylococcus aureus</i>	82	9.82 %

Según la resistencia de *Staphylococcus aureus*, el 51.22% fueron cepas resistentes a meticilina/oxacilina (Tabla N°2).

Tabla N°2

Sensibilidad y resistencia a meticilina

<i>Staphylococcus aureus</i>	n=82	%
Sensibles a Oxacilina	40	48.78 %
Resistentes a Meticilina/Oxacilina	42	51.22 %

De acuerdo al tipo de muestra clínica, las de mayor frecuencia fueron las secreciones 81% (piel, tejidos blandos, heridas quirúrgicas, entre otros), y en menor porcentaje hemocultivo y líquido sinovial 4.8% (Tabla N°3)

Tabla N°3

Muestras clínicas obtenidas para cultivo bacteriano

Tipo de muestra	n=42	%
Secreciones (piel, tejidos blandos, heridas quirúrgicas, etc.)	34	81%
Aspirado bronquial	1	2.40 %
Hemocultivo	2	4.80 %
Líquido sinovial	2	4.80 %
Líquido pleural	1	2.40 %
Líquido peritoneal	1	2.40 %
Líquido cefalorraquídeo	1	2.40 %

La edad predominante correspondió a adultos, de 27 a 59 años (47.62%), y en ambos sexos (50%) (Tabla N°4).

Tabla N°4

Características sociodemográficas

Edad	n=42	%
5 años y menos	5	11.90 %
6 - 11 años	1	2.38 %
12 - 18 años	1	2.38 %
19 - 26 años	3	7.14 %
27 - 59 años	20	47.62 %
Mayor a 60 años	12	28.57 %
Sexo		
Masculino	21	50 %
Femenino	21	50 %

De acuerdo al área hospitalaria, la mayor frecuencia de infecciones bacterianas fue en pacientes de consulta externa (45.24%), seguido hospitalización (30.95%) (Tabla N°5).

Tabla N°5

Área hospitalaria de donde proceden las muestras

Área hospitalaria	n=42	%
Consulta externa	19	45,24 %
Emergencia	4	9,52 %
Hospitalización	13	30,95 %
Neonatología	3	7,14 %
Quirófano	1	2,38 %
UCI Adultos	2	4,76 %

DISCUSIÓN

Vargas y colaboradores¹⁰, en la Escuela Militar de México analizaron la frecuencia de los portadores de SARM, se determinó que el 46.36% fueron positivos para *Staphylococcus aureus* y el 10.9% para SARM; la diferencia con los datos obtenidos en comparación con el presente es notoria, pues se registró 9.82%, pudiendo explicarse por el tamaño y tipo de población estudiada, así como el establecimiento donde se realizó la investigación, una clínica particular.

Cabrejos y colaboradores¹¹, en un hospital de tercer nivel de Perú, encontraron 26.4% de las cepas de SARM en secreciones (piel, tejidos blandos, heridas quirúrgicas) y el 18.9% a partir de muestras de sangre, porcentajes diferentes a los de la presente investigación, que mayoritariamente la obtuvo de secreciones; en el año 2020, en México, Martínez y colaboradores¹² obtuvieron valores altos de SARM en secreciones, 64.7%; y 5.9% de hemocultivos; no se reportó información sobre el aislamiento de SARM en líquidos estériles, por esta razón se desconoce la frecuencia de esta cepa en este tipo de muestra.

Sería importante determinar las cepas, como lo hicieron en Venezuela, Bastidas y colaboradores¹³, tipificando 81 muestras en cuatro instituciones, obteniendo 67.9% amplificaron el gen *mecA* y 24 cepas (43.6%) amplificaron SCCmec. El SCCmec tipo I fue el de mayor frecuencia, seguido del SCCmec IV y SCCmec III, que representan el 62,5%, 25% y 12,5%, respectivamente; es un ejemplo de

que, en realidades similares en otros países latinoamericanos, es posible dar un paso adelante en el estudio bacteriológico.

De acuerdo a datos presentados Nichol y colaboradores¹⁴ en Canadá en el año 2007-2016, la frecuencia de las infecciones causadas por SARM fue principalmente asociados a la comunidad con el 56.3% de casos, seguida del área hospitalaria con el 43.8%, resultados similares a los obtenidos en la presente investigación, con una frecuencia del 54.76% de casos adquiridos en la comunidad (consulta externa, emergencia) y el 45.23% fueron casos del área hospitalaria.

Además, según los autores Martínez y Porras las resistencias asociadas a las cepas SAMR-AC generalmente se encuentran limitadas a los β -lactámicos, sin embargo, las cepas SARM-H se encuentran asociadas a una multiresistencia por lo que suelen requerir tratamiento empírico con antibióticos de segunda línea como glucopéptidos, daptomicina o linezolid¹⁵.

SARM inicialmente se visualizó como infección nosocomial, incluidos hospitales y otros centros de atención médica; sin embargo, se ha convertido en una causa importante de infecciones asociadas a la comunidad y se han desarrollado reservorios en ambos entornos¹⁶⁻¹⁷, aumentando su virulencia¹⁸, lo que dificulta su terapéutica al aumentar las resistencias.

En esta perspectiva comunitaria, la identificación de características genéticas únicas y la determinación del genotipo son herramientas valiosas para

los estudios epidemiológicos de SARM; a fin de obtener los mejores resultados con un tratamiento antibiótico preciso¹⁹.

Infecciones nosocomiales o comunitarias tratadas en centros de atención tendrán como población siempre vulnerable a los trabajadores de la salud como lo demuestra Kong y colaboradores²⁰ en hospitales del sureste de China.

Entre las limitaciones de la investigación está la población, correspondiente a una clínica particular que atiende a pacientes mayoritariamente urbanos, además de la cantidad de aislados clínicos; aunque muestra una realidad local, es un primer paso de orden exploratorio, materia base para posteriormente realizar estudios interinstitucionales con un adecuado cálculo muestral.

CONCLUSIONES

SARM tuvo una frecuencia del 51.22%, se aisló principalmente en secreciones con el 81%; en pacientes de 19 a 59 años con el 54.76%, y adultos mayores (>60 años) con el 28.57%. En cuanto al sexo, la frecuencia fue equitativa afectando en una relación 1:1. Además, el 54.76% de los casos de infecciones causadas por SARM fueron adquiridos en la comunidad, y el 45.23% se relacionan con el área hospitalaria.

ASPECTOS BIOÉTICOS

El estudio fue aprobado por el Comité de ética de investigación en seres humanos de la Universidad de Cuenca (código 2023-009EO-LC), previo a la recolección de la información se anonimizó la base de datos y durante el proceso investigativo se guardaron los principios básicos de confidencialidad en su manejo y procesamiento.

INFORMACIÓN DE LOS AUTORES

Duran Sarango María Belén. Licenciada en Laboratorio Clínico. Universidad de Cuenca. Cuenca-Azuay-Ecuador. **e-mail:** belen.durans@ucuenca.edu.ec. **ORCID:** <https://orcid.org/0009-0004-6718-5772>

Tacuri Agurto Adriana Rebeca. Licenciada en Laboratorio Clínico. Universidad de

Cuenca. Cuenca-Azuay-Ecuador. **e-mail:** adriana.tacuri@ucuenca.edu.ec. **ORCID:** <https://orcid.org/0009-0008-1997-3116>

Espinoza Pesantez Diana Isabel. Licenciada en Laboratorio Clínico. Especialista en Microbiología Médica. Magister en Gestión y Control de la Calidad. Máster en Metodología de la Investigación en Salud Universidad de Cuenca. Cuenca-Azuay-Ecuador. **e-mail:** disabel.espinozap@ucuenca.edu.ec. **ORCID:** <https://orcid.org/0000-0001-6056-2222>

CONTRIBUCIÓN DE LOS AUTORES

Todos los autores declaran haber contribuido de manera similar en la concepción, diseño del trabajo, análisis e interpretación de los datos, reacción, revisión crítica del manuscrito y aprobación de la versión final estando en capacidad de responder a todos los aspectos del artículo.

CONFLICTO DE INTERESES

No existe conflicto de intereses

FUENTES DE FINANCIAMIENTO

Autofinanciado

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Murray P, Rosenthal K, Pfaller M. Microbiología Médica. Novena edición. Barcelona: Elsevier. 2021.
2. Cervantes-García E, García-González R, Salazar-Schettino P. Características generales del Staphylococcus aureus. Rev Mex Patol Clin Med Lab. 2014;61(1):28-40. Disponible en: <https://www.medigraphic.com/pdfs/patol/pt-2014/pt141e.pdf>
3. Aguayo-Reyes A, Quezada-Aguiluz M, Mella S, Riedel G, Opazo-Capurro A, Bello-Toledo H, et al. Bases moleculares de la resistencia a meticilina en Staphylococcus aureus. Rev chilena Infectol. 2018;35(1):7-14. doi: 10.4067/s0716-10182018000100007
4. Leme R, Bispo P, Salles M. Infecciones de piel y tejidos blandos por Staphylococcus aureus resistente a meticilina de genotipo comunitario

- en América Latina: una revisión sistemática. *Braz J Infect Dis.* 2021;25(1):101539. doi:10.1016/j.bjid.2021.101539
5. Ministerio de Salud Pública. Subsecretaría de Vigilancia epidemiológica. Resistencia antimicrobiana. 2018. Disponible en: https://www.salud.gob.ec/wp-content/uploads/2019/08/gaceta_ram2018.pdf.
 6. Lakhundi S, Zhang K. Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*: Molecular Characterization, Evolution, and Epidemiology. *Clin Microbiol Rev.* 2018;31(4). doi: 10.1128/cmr.00020-18
 7. Arteaga-Delgado L, Espinosa-López Y, Chávez-Vivas M. Prevalencia de *Staphylococcus aureus* que coloniza el personal de salud de un hospital de la ciudad de Cali. *Rev Cienc Salud.* 2016;14(1):9–19. doi: 10.12804/revsalud14.01.2016.01
 8. Boada A, Almeda J, Grenzner E, Pons-Vigués M, Morros R, Juvé R, et al. Prevalencia de portadores nasales de *Staphylococcus aureus* y *Streptococcus pneumoniae* en atención primaria y factores asociados a la colonización. *Enferm Infecc Microbiol Clin.* 2015;33(7):451–7. doi: 10.1016/j.eimc.2014.10.014
 9. Cáceres M. Frecuencia de portadores nasales de *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina en personal de salud de hospitales de Nicaragua. *Rev Panam Salud Publica;* 2011;30(6):610-614. Disponible en: <https://www.scielosp.org/pdf/rpsp/2011.v30n6/610-614>
 10. Vargas-Olmos R, Flores-Gutiérrez Á. Frecuencia de portadores de *Staphylococcus aureus* resistentes a meticilina (MRSA) en cavidades nasales en el personal de discentes de la Escuela Militar de Medicina. *Rev. Sanid Milit.* 2021;75(1). doi: 10.56443/rsm.v75i1.57
 11. Cabrejos-Hirashima L, Vives-Kufoy C, Inga-Salazar J, Astocondor L, Hinostrroza N, García C. Frecuencia de *Staphylococcus aureus* meticilino resistente adquirido en la comunidad en un hospital de tercer nivel en Perú. *Rev Perú Med Exp Salud Pública.* 2021;38(2):313–7. doi: 10.17843/rpmesp.2021.382.6867
 12. Martínez-Medina R, Montalvo-Sandoval F, Magaña-Aquino M, Terán-Figueroa Y, Pérez-Urizar J. Prevalencia y caracterización genotípica de cepas de *Staphylococcus aureus* resistentes a meticilina aisladas en un hospital regional mexicano. *Rev chilena Infectol.* 2020;37(1):37–44. doi:10.4067/s0716-10182020000100037
 13. Bastidas B, Méndez M, Vásquez Y, Requena D. Typification of the staphylococcal chromosome cassette of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in the state of Aragua, Venezuela. *Rev Peru Med Exp Salud Publica.* 2020;37(2):239-245. doi: 10.17843/rpmesp.2020.372.4652
 14. Nichol K, Adam H, Golding G, Lagacé-Wiens P, Karlowky J, Hoban D, et al. Caracterización de MRSA en Canadá de 2007 a 2016. *J Antimicrob Chemother.* 2019;74(Suplemento_4):iv55–63. doi: 10.1093/jac/dkz288
 15. Martínez Campos L, Porras González A. Lectura interpretada del antibiograma. Guía-ABE. Infecciones en Pediatría. Lectura interpretada del antibiograma. Disponible en <http://www.guia-abe.es>
 16. Lakhundi S, Zhang K. Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*: Molecular Characterization, Evolution, and Epidemiology. *Clin Microbiol Rev.* 2018;31(4): e00020-18. doi: 10.1128/CMR.00020-18
 17. David M, Daum R. Community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*: epidemiology and clinical consequences of an emerging epidemic. *Clin Microbiol Rev.* 2010;23(3):616-87. doi: 10.1128/CMR.00081-09
 18. Xia J, Gao J, Kokudo N, Hasegawa K, Tang W. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* antibiotic resistance and virulence. *BioScience Trends.* 2013;7(3):113-121. doi: 10.5582/bst.2013.v7.3.113

19. Kale P, Dhawan B. The changing face of community-acquired methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Indian J Med Microbiol.* 2016;34(3):275-85. doi: 10.4103/0255-0857.188313.
20. Kong Y, Ye X, Zhou W, Jiang Y, Lin H, Zhang X, et. al. Prevalence of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* colonisation among healthcare workers at a tertiary care hospital in southeastern China. *J Glob Antimicrob Resist.* 2018;15:256-261. doi: 10.1016/j.jgar.2018.08.013