

Resistencia a vancomicina en aislamientos clínicos de *Enterococcus*

Vancomycin-resistant in clinical isolates of *Enterococcus*

Señor Editor:

Enterococcus spp. es un habitante natural del medio ambiente y un componente esencial de la microbiota intestinal de humanos y animales sanos ^(1,2). Los miembros de este género son patógenos asociados con diversos cuadros clínicos, que incluyen bacteriemia, endocarditis infecciosa, infecciones del tracto urinario y, en casos raros, infecciones del sistema nervioso central ^(1,2).

Los enterococos se reconocieron como patógenos nosocomiales importantes debido a su resistencia intrínseca a varios antimicrobianos y su capacidad para adquirir rápidamente determinantes de virulencia y resistencia a los antimicrobianos ^(1,2), entre ellas la resistencia a vancomicina. La infección por *Enterococcus* resistente a vancomicina (ERV) se asocia con una mayor tasa de mortalidad. La frecuencia de ERV han ido aumentando desde que se encontró por primera vez en 1986 ^(1,2). La mayoría de los ERV están asociados con las especies *E. faecium* (77%) y *E. faecalis* (9%), y el resto representan especies menos frecuentes en infecciones graves, incluidas *E. gallinarum*, *E. casseliflavus*, *E. avium* y *E. raffinosus* ^(1,2).

Los estudios epidemiológicos sobre ERV demuestran que esta resistencia se debe a la adquisición

de genes, principalmente *vanA* y *vanB*, los cuales se movilizan a través de plásmidos ⁽¹⁻³⁾. De estos dos genes, el gen *vanA* confiere resistencia a vancomicina y teicoplanina; el gen *vanB* confiere resistencia variable sólo a vancomicina ⁽¹⁻³⁾.

Nosotros realizamos un estudio con el objetivo de determinar la presencia de resistencia a vancomicina en aislamientos clínicos de enterococos. Entre enero y diciembre de 2017, se colectaron 34 aislamientos consecutivos únicos de ERV (33 de *E. faecium* y uno de *E. faecalis*), recuperados de muestras clínicas: sangre, orina, secreciones respiratorias bajas; e hisopados rectales de pacientes hospitalizados en el Instituto Nacional de Enfermedades Neoplásicas (INEN) del Perú (tabla 1). La identificación y susceptibilidad antimicrobiana, se realizó por el sistema automatizado Phoenix (BD Diagnostics, Sparks, MD). La caracterización molecular para identificar la presencia de genes asociados a resistencia se realizó mediante PCR ⁽⁴⁾.

Prácticamente todos los aislamientos de *Enterococcus* spp. mostraron resistencia a glucopéptidos (sólo dos aislamientos presentaron susceptibilidad intermedia a teicoplanina), además de ser resistentes a ampicilina y eritromicina. Adicionalmente, presentaron sensibilidad a gentamicina 22/34 (64,7%) y ciprofloxacino 3/34

Tabla 1. Distribución de aislamientos de *Enterococcus* spp. resistentes a vancomicina según tipo de muestra y procedencia.

Procedencia	Tipo de muestra			
	Sangre	Orina	Secreciones respiratorias bajas	Hisopados rectales
Medicina oncológica	8	3	2	15
Pediatría oncológica	4	--	--	--
Urología	1	1	--	--
Trasplante de médula ósea	--	--	--	1
TOTAL	13	4	2	16







CARTA AL EDITOR / LETTER

(8,8%). Se observó un solo aislamiento con resistencia a linezolid. La presencia del gen *vanA* se detectó en 29/34 (85,2%) de los aislamientos de ERV.

En Latinoamérica, la resistencia a glucopéptidos en *Enterococcus* spp. está mediada por el gen *vanA*, mostrando además una marcada multi resistencia, quedando como alternativa terapéutica linezolid, como se ha descrito en la mayoría de los países de la región^(4,5). La presencia de ERV portador del gen *vanA* ya fue notificada en casos de infección y colonización intestinal en Perú⁽³⁻⁵⁾.

Una de las limitaciones de nuestro estudio fue que no se analizaron otros genes de resistencia a vancomicina diferentes a *vanA* y *vanB*. Además, siendo necesaria la caracterización molecular que nos permita conocer el entorno y las plataformas genéticas donde se movilizan estos genes.

En conclusión, ERV productor de *vanA* está presente en el INEN. El gen *vanA*, al encontrarse en elementos móviles, podría ser transmitido a otras bacterias más patógenas, ocasionando por ejemplo, la aparición de *Staphylococcus aureus* resistente a vancomicina. En ese sentido, un enfoque de epidemiología molecular es importante para desarrollar estrategias de control y manejo de este tipo de microorganismos en nuestro país.

Katherine Yauri-Condor^{1,a} , **Milagros Zavaleta Apestequi**^{1,b} , **Carlos Raúl Sevilla-Andrade**^{1,2,c} , **Julia Piscocoya Sara**^{2,d} , **William Vicente Taboada**^{3,4,e} , **Edgar Gonzales-Escalante**^{1,5,f} 

Correspondencia:

Edgar Gonzales Escalante
Correo electrónico: egones5@gmail.com

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Ahmed MO, Baptiste KE. Vancomycin-Resistant Enterococci: A review of antimicrobial resistance mechanisms and perspectives of human and animal health. *Microb Drug Resist.* 2018; 24(5):590-606. doi: 10.1089/mdr.2017.0147
2. Faron ML, Ledebouer NA, Buchan BW. Resistance mechanisms, epidemiology, and approaches to screening for vancomycin-resistant *Enterococcus* in the health care setting. *J Clin Microbiol.* 2016; 54(10):2436-2447. doi:10.1128/JCM.00211-16.
3. Estrada-Roman A, Mendo-Lopez R, Astocondor L, Zervos M, Garcia C. Colonización por enterococo resistente a vancomicina en pacientes internados de un hospital de Lima, Perú. *Rev Peru Med Exp Salud Publica.* 2017; 34(4):666-71. doi: 10.17843/rpmesp.2017.344.2617
4. Panesso D, Reyes J, Rincón S, et al. Molecular epidemiology of vancomycin-resistant *Enterococcus faecium*: a prospective, multicenter study in South American hospitals. *J Clin Microbiol.* 2010; 48(5):1562-9. doi: 10.1128/JCM.02526-09.
5. Rios R, Reyes J, Carvajal LP, et al. Genomic Epidemiology of Vancomycin-Resistant *Enterococcus faecium* (VREfm) in Latin America: Revisiting the Global VRE Population Structure. *Sci Rep.* 2020; 10(1):5636. doi: 10.1038/s41598-020-62371-7.

Recibido: 07/10/2021

Aceptado: 25/10/2021

¹ Centro de Investigaciones Tecnológicas, Biomédicas y Medioambientales, Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Perú.

² Instituto de Medicina Tropical “Daniel A. Carrión”, Departamento Académico de Microbiología Médica, Facultad de Medicina, Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Perú.

³ Instituto Nacional de Enfermedades Neoplásicas. Lima, Perú.

⁴ Laboratorios Unilabs. Lima, Perú.

⁵ Laboratorio de Resistencia Bacteriana, Instituto de Investigaciones en Bacteriología y Virología Molecular, Facultad de Farmacia y Bioquímica Universidad de Buenos Aires. Buenos Aires, Argentina.

^a Tecnólogo Médico.

^b Biólogo molecular,

^c Tecnólogo Médico.

^d Médico cirujano; Magister en Epidemiología.

^e Patólogo clínico.

^f Tecnólogo Médico; Magister en Microbiología.