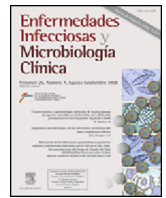




Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica

www.elsevier.es/eimc



Original breve

Persistencia de un clon ST6 de *Enterococcus faecalis* con genotipo *vanB2* en dos hospitales de Aragón



Carla Andrea Alonso^a, Antonio Rezusta^b, Cristina Seral^c, Isabel Ferrer^b, Francisco Javier Castillo^c y Carmen Torres^{a,*}

^a Área de Bioquímica y Biología Molecular, Universidad de La Rioja, Logroño, España

^b Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Miguel Servet, IIS Aragón, Zaragoza, España

^c Servicio de Microbiología, Hospital Clínico Universitario Lozano Blesa, Universidad de Zaragoza, IIS Aragón, Zaragoza, España

INFORMACIÓN DEL ARTÍCULO

Historia del artículo:

Recibido el 10 de noviembre de 2015

Aceptado el 20 de febrero de 2016

On-line el 5 de abril de 2016

Palabras clave:

Enterococcus faecalis resistente

a vancomicina

vanB2

ST6

Brote

España

RESUMEN

Introducción: Con el objetivo de estudiar la evolución del brote por *Enterococcus faecalis* ST6 genotipo *vanB2* descrito en 2009-2010 en 3 hospitales de Zaragoza, se caracterizaron todos los aislados clínicos *E. faecalis* resistentes a vancomicina obtenidos entre 2011 y 2013 en dichos hospitales.

Métodos: Caracterización molecular de los aislados y estudio de su relación clonal por electroforesis en campos pulsados. Revisión de las historias clínicas de los pacientes.

Resultados: Se detectaron 79 aislados *E. faecalis* genotipo *vanB2* de 73 pacientes de 2 de los 3 hospitales analizados, la mayoría de origen urinario. El 46,5% de los casos fueron nosocomiales. La distribución según servicios hospitalarios mostró gran variabilidad, no pudiéndose identificar una fuente de infección común. Todas las cepas fueron multiresistentes (vancomicina, eritromicina, tetraciclina, ciprofloxacino, estreptomycin, gentamicina, kanamicina) y pertenecieron al clon ST6. El 93,7% eran indistinguibles al clon del inicio del brote o subtipos estrechamente relacionados.

Conclusión: El brote se mantiene constante en los 3 años posteriores a su descripción, lo que señala la necesidad de mantener un control activo que limite la emergencia y diseminación de clones resistentes a vancomicina.

© 2016 Elsevier España, S.L.U.

y Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica. Todos los derechos reservados.

Persistence of a ST6 clone of *Enterococcus faecalis* genotype *vanB2* in two Hospitals in Aragon (Spain)

ABSTRACT

Introduction: In order to study the evolution of the outbreak that occurred between 2009 and 2010 in 3 hospitals in Zaragoza, all vancomycin-resistant clinical *Enterococcus faecalis* isolates identified between 2011 and 2013 at these hospitals were characterised.

Methods: Molecular characterisation of the isolates and analysis of their clonal relationships was performed using pulsed field electrophoresis, along with a retrospective review of the patient records.

Results: A total of 79 vancomycin-resistant *E. faecalis* isolates with genotype *vanB2* of 73 patients were recovered in 2 of the 3 hospitals, most of them from urine specimens. About 46% of the cases were nosocomial. Distribution of the isolates among hospital services demonstrated high variability, making it difficult to predict a common source of infection. All the strains were multiresistant (vancomycin, erythromycin, tetracycline, ciprofloxacin, streptomycin, gentamicin, kanamycin) and belonged to

Keywords:

Vancomycin-resistant *Enterococcus faecalis*

vanB2

ST6

Outbreak

Spain

* Autor para correspondencia.

Correo electrónico: carmen.torres@unirioja.es (C. Torres).

lineage ST6. Seventy-four isolates (93.7%) were identical or closely related to the dominant one in the origin of the outbreak.

Conclusion: The outbreak remains constant over three years after being initially described, indicating the need to implement an active control in order to limit the emergence and spread of vancomycin-resistant clones.

© 2016 Elsevier España, S.L.U. and Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica. All rights reserved.

Introducción

Enterococcus faecalis y *Enterococcus faecium* constituyen la tercera-cuarta etiología más frecuente de infección nosocomial¹. En los años ochenta se describieron en Europa las primeras cepas de *Enterococcus* resistentes a vancomicina (EVR), y desde entonces los brotes hospitalarios fundamentalmente asociados a *E. faecium* han ido en aumento. El aislamiento de *E. faecalis* resistente a vancomicina (EFRV) continúa siendo infrecuente. La resistencia adquirida a glucopéptidos está mediada por diversos mecanismos, entre los cuales *vanA* y *vanB* son los más frecuentes. La adquisición de estas resistencias dificulta el tratamiento de las infecciones por EVR, ya que las alternativas terapéuticas están aprobadas para indicaciones clínicas específicas y, frente a ellas, también se han descrito resistencias².

España es uno de los países europeos con menor tasa de EVR, si bien se han publicado brotes nosocomiales esporádicos³⁻⁵, la mayoría asociados a *E. faecium* ST17. El único brote por *E. faecalis vanB2* publicado hasta la fecha en España se detectó entre 2009 y 2010 en 3 hospitales de Zaragoza⁶. Posteriormente, entre 2011 y 2013 se identificaron en 2 de dichos hospitales 79 aislados con similares características. Nuestro objetivo fue caracterizar estos aislados para determinar si pertenecían al mismo brote y analizar las características y la evolución del mismo.

Métodos

Descripción del brote y aislamientos bacterianos

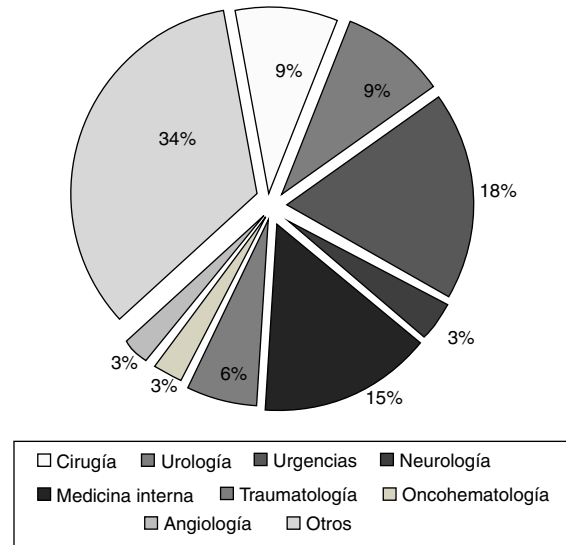
Tras el inicio del brote por EFRV con genotipo *vanB2* en noviembre de 2009 y su exhaustivo estudio hasta 2010⁶, se llevó a cabo un seguimiento posterior mediante selección y caracterización de todos los aislados EFRV resistentes a vancomicina obtenidos en el Hospital Universitario Miguel Servet (HUMS), el Hospital Clínico Universitario Lozano Blesa (HCLUB) y el Hospital Royo Villanova (HRV) entre enero de 2011 y diciembre de 2013. Los aislados procedían de muestras clínicas recibidas en el Laboratorio de Microbiología para el diagnóstico de la infección.

Se revisaron las historias clínicas de los pacientes, analizándose variables microbiológicas, demográficas y clínicas: edad, sexo, origen de la infección, patología de base, tratamiento antibiótico previo, tratamiento del proceso, evolución del paciente. En el caso de cepas del mismo paciente, se incluyeron solo las procedentes de muestras de distinto origen o diferente patrón de electroforesis en campo pulsado (ECP).

Identificación y antibiograma

El fenotipo de resistencia se determinó por métodos de difusión en disco y microdilución en caldo (MicroScan, Siemens). Se estudió la sensibilidad frente a ampicilina, clindamicina, eritromicina, cloranfenicol, ciprofloxacino, teicoplanina, vancomicina, tetraciclina, quinupristina-dalfopristina, trimetoprim-sulfametoxazol, gentamicina, estreptomina, kanamicina, linezolid y daptomicina

Distribución de los aislamientos según servicios (Hospital Lozano Blesa)



Distribución de los aislamientos según servicios (Hospital Miguel Servet)

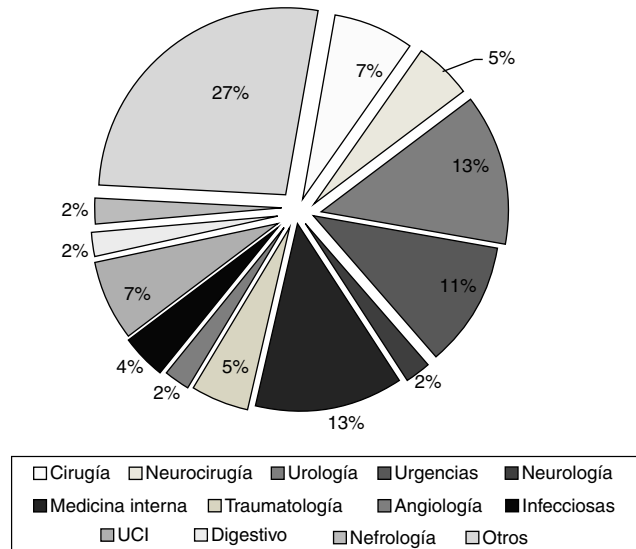
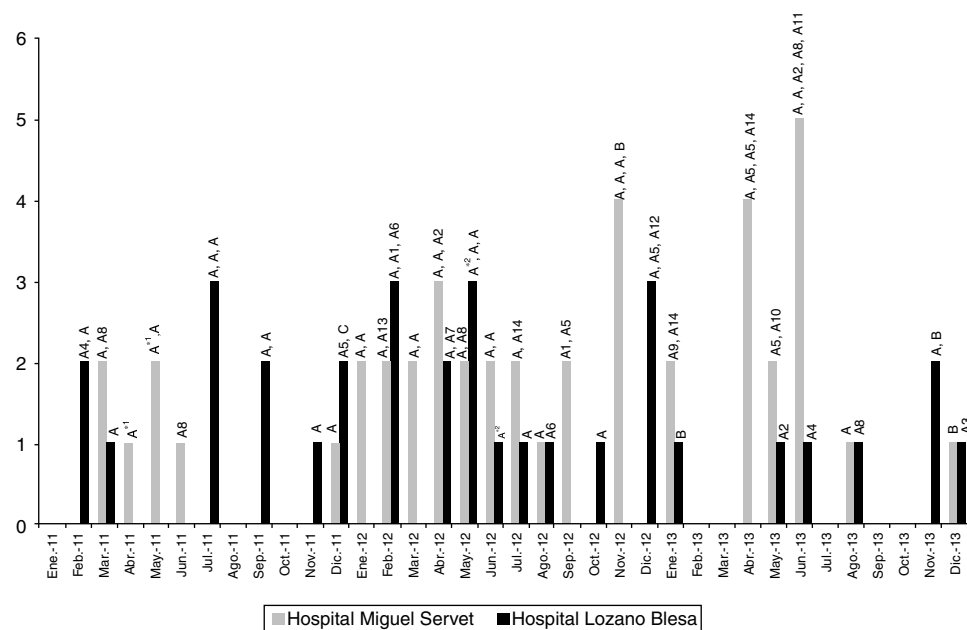


Figura 1. Distribución de los aislamientos según servicio hospitalario en los dos hospitales analizados.

siguiendo los criterios EUCAST⁷. La producción de betalactamasa no fue evaluada. La concentración mínima inhibitoria de vancomicina, teicoplanina y daptomicina se determinó por el método del Etest (Biomérieux). Los genes de resistencia a vancomicina (*vanA*, *vanB*, *vanC-1*, *vanC-2/3* y *vanD*) se analizaron por PCR en todos los aislamientos y el gen *vanB2* fue secuenciado en una cepa seleccionada por cada perfil de ECP^{6,8}.



*1, *2 Probables casos de infección cruzada de origen nosocomial.

Figura 2. Evolución temporal (2011-2013) de los aislamientos de *E. faecalis vanB2* y patrones de ECP detectados (A, A1-A14, B, y C).

Tipificación molecular

La relación clonal de los EFRV *vanB2* se analizó mediante digestión del ADN cromosómico (*Sma*I) y posterior separación de los fragmentos mediante ECP. Los perfiles genéticos se compararon siguiendo los criterios de Tenover⁹.

Se seleccionó un aislamiento por cada patrón de ECP, y estos fueron estudiados por *multilocus sequence typing* (MLST), amplificando y secuenciando los fragmentos de los genes *gdh*, *gyd*, *pstS*, *gki*, *aroE*, *xpt* e *yqil* (<http://efaecalis.mlst.net>).

Resultados

En el periodo de estudio (2011-2013) se detectaron 79 aislados *E. faecalis* resistentes a vancomicina con genotipo *vanB2* (46 en HUMS, 33 en HCULB), procedentes de 73 pacientes (45,5% varones; edad media: 73 años). En el HRV no se detectó ningún EFRV en el periodo en estudio. La mayoría de los aislados (62; 78,5%) se obtuvieron de muestras urinarias. Ninguno de los pacientes con datos disponibles sobre terapia antibiótica previa había recibido vancomicina, pero sí betalactámicos (14/32) y/o fluoroquinolonas (20/32). En 54 pacientes, *E. faecalis vanB2* se confirmó como el agente causal del cuadro infeccioso. De los 71 casos en los que pudo estudiarse el origen de la infección, 32 (45,1%) fueron comunitarios, 33 (46,5%) nosocomiales y 6 (8,4%) asociados a cuidados sanitarios. La distribución de los aislamientos según servicios hospitalarios mostró una gran dispersión (fig. 1), lo que sugiere la existencia de diferentes fuentes de infección o la transmisión de estos clones a través del personal sanitario o el traslado de pacientes. La infección cruzada de origen nosocomial parece especialmente probable en 2 casos; uno en el servicio de neurocirugía del HUMS en abril-mayo de 2011 y otro en el servicio de traumatología del HCULB en mayo-junio de 2012. En ambos casos se aislaron EFRV *vanB2* con igual pulstipo de distintos pacientes que coincidieron en el mismo servicio y periodo de tiempo durante su estancia hospitalaria.

En cuanto al estudio genotípico, todas las cepas portaban el gen *vanB2*, y en todas se detectó una mutación puntual (G34T) que implicaba un cambio aminoacídico (Met11Ile) en dicho alelo. Los

aislamientos presentaron un fenotipo multirresistente, que incluía, además de resistencia a vancomicina, también a eritromicina, tetraciclina, ciprofloxacino y alto nivel de resistencia a estreptomicina, gentamicina y kanamicina.

La ECP reveló la existencia de 3 perfiles genéticos (patrón A y sus subtipos, patrón B y patrón C). La mayoría de las cepas (n = 74; 93,7%) pertenecían a un clon idéntico al del inicio del brote (A, n = 43) o a algún subtipo (A₁-A₁₄, n = 31) estrechamente relacionado (1-3 bandas de diferencia). Cuatro cepas, aisladas en ambos hospitales y pertenecientes a distintos pacientes, fueron identificadas como clon B y una como clon C (> 6 bandas de diferencia). El tipado por MLST realizado en 16 aislados representativos de los diferentes tipos y subtipos de ECP demostró que todos ellos pertenecían a la secuencia tipo ST6. La figura 2 muestra que la frecuencia en la detección de los aislamientos EFRV *vanB2*-ST6 durante los 3 años de seguimiento del brote se mantiene estable.

Discusión

A diferencia de Estados Unidos, donde se han descrito brotes por EVR (mayoritariamente *E. faecium*) con relativa frecuencia, en Europa la prevalencia ha sido menor, aunque en los últimos años se ha evidenciado un incremento en algunos países¹. Durante años, la detección de *E. faecium* con genotipo *vanA* ha sido frecuente en animales de granja y alimentos, probablemente en relación con el amplio uso de avoparcina como promotor de crecimiento en animales hasta 1997, año en que fue prohibido este uso en la Unión Europea. Si bien *E. faecalis* es el principal responsable de las infecciones enterocócicas, *E. faecium* presenta mayores tasas de resistencia adquirida a los antimicrobianos. Las infecciones por EFRV siguen siendo infrecuentes. Así, debido a las especiales características del primer brote por *E. faecalis vanB2* descrito en España, en este trabajo realizamos el seguimiento y la caracterización de los aislamientos clínicos de los años siguientes. Cabe señalar que la relación clonal de los aislados se estableció mediante ECP, indicado preferentemente para cepas aisladas en hospitales durante periodos inferiores a 6 meses¹⁰. Sin embargo, la falta de metodologías alternativas en términos de coste, reproducibilidad y poder discriminatorio ha

favorecido la extensión de su uso en estudios de evolución de brotes. Por otra parte, la adquisición de elementos de transferencia horizontal puede dar lugar a cambios en más de 6 bandas, lo que podría repercutir en una subestimación del total de clones relacionados.

En cuanto al origen de las cepas, la mayoría provenían de muestras urinarias, como también se describe en anteriores trabajos¹¹. Ninguno de los pacientes de los que pudo obtenerse información acerca del tratamiento antibiótico previo había recibido vancomicina, por lo que, a diferencia de otros estudios³, no se observó asociación entre consumo previo de vancomicina y emergencia de EFRV *vanB2*. Sin embargo, la selección de estos clones como consecuencia de la administración previa de antibióticos de otras familias frecuentemente relacionadas con adquisición de EVR^{3,12} (como fluoroquinolonas, frente a las cuales mostraron resistencia los clones estudiados, o cefalosporinas), no puede descartarse.

La secuencia tipo ST6 a la que pertenecieron los aislamientos de *E. faecalis* es, junto con la ST17 (en *E. faecium*), una de las líneas genéticas mejor adaptadas al ambiente hospitalario en España¹³. En 2004 se describió la diseminación en 3 hospitales portugueses de un clon de *E. faecalis* perteneciente a este linaje pero portador del gen *vanA*¹⁴. Estos hechos respaldan los estudios que sugieren que ST6 es particularmente apto para captar genes exógenos (como *vanA* o *vanB*) por recombinación¹⁵. Cepas de *E. faecalis* pertenecientes a este linaje también han sido detectadas en cerdos¹⁶ y en una rata silvestre¹⁷, mostrando características muy similares a las cepas clínicas de Portugal y España. Cabe destacar que la mutación detectada en el alelo *vanB2* (G34T), que conlleva un cambio aminoacídico (Met11Ile), también se observó en el aislado proveniente de la rata. Serán necesarios futuros estudios que determinen la posible implicación biológica de esta mutación presente en el alelo *vanB2* de cepas de enterococo distribuidas en entornos tan variados.

La tipificación molecular nos permitió observar la circulación de 3 clones presentes en ambos hospitales y con una distribución temporal sin una tendencia definida. A diferencia de lo que se observa en los brotes causados por *E. faecium*, usualmente policlonales y en los que el clon predominante al inicio va dejando paso a otras variantes^{6,7,11}, en este brote tanto el clon predominante (A) como otros clones (B, C) e incluso sus subtipos (A₁-A₁₄) se detectaron a los largo de los 3 años, sin una asociación clara de una variante a un determinado hospital. Esto, junto con la elevada tasa de casos comunitarios y la gran variabilidad en la distribución de los aislados por servicio hospitalario, plantea la posibilidad de que se trate de un clon que esté ampliamente distribuido en esta área. Es necesario, por tanto, la implementación de estrategias de control para reducir la persistencia de estos EFRV, evitar la diseminación y emergencia de nuevos clones, y la posible transferencia horizontal de genes *vanB* a otras cepas para preservar la utilidad clínica de la vancomicina.

Financiación

Este trabajo ha sido financiado en parte por el proyecto SAF2012-35474 del Ministerio de Economía y Competitividad

(MINECO) y el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER). C.A. Alonso tiene una beca FPI predoctoral del MINECO adscrita al proyecto SAF2012-35474.

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses.

Bibliografía

1. Werner G, Coque TM, Hammerum AM, Hope R, Hryniewicz W, Johnson A, et al. Emergence and spread of vancomycin resistance among *Enterococci* in Europe. *EuroSurveill.* 2008;13:1–11.
2. Seedat J, Zick G, Klare I, Konstabel C, Weiler N, Sahly H. Rapid emergence of resistance to linezolid during linezolid therapy of an *Enterococcus faecium* infection. *Antimicrob Agents Chemother.* 2006;50:4217–9.
3. Nebreda T, Oteo J, Aldea C, García-Estébanez C, Gastelu-Iturri J, Bautista V, et al. Hospital dissemination of a clonal complex 17 *vanB2* containing *Enterococcus faecium*. *J Antimicrob Chemother.* 2007;59:806–7.
4. Torres C, Escobar S, Portillo A, Torres L, Rezusta A, Ruiz-Larrea F, et al. Detection of clonally related *vanB2*-containing *Enterococcus faecium* strains in two Spanish hospitals. *J Med Microbiol.* 2006;55:1237–43.
5. Valdezate S, Labayru C, Navarro A, Mantecón MA, Ortega M, Coque TM, et al. Large clonal outbreak of multidrug-resistant CC17 ST17 *Enterococcus faecium* containing TN5382 in a Spanish Hospital. *J Antimicrob Chemother.* 2009;63:17–20.
6. López M, Rezusta A, Seral C, Aspiroz C, Marne C, Aldea MJ, et al. Detection and characterization of a ST6 clone of *vanB2-Enterococcus faecalis* from three different hospitals in Spain. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis.* 2012;31:257–60.
7. European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing. 2015. Breakpoint tables for interpretation of MICs and zone diameters [consultado 21 Sep 2015]. Disponible en: <http://www.eucast.org>
8. Dahl KH, Lundblad EW, Rokenes TP, Olsvik O, Sundsfjord A. Genetic linkage of the *vanB2* gene cluster to TN5382 in vancomycin-resistant enterococci and characterization of two novel insertion sequences. *Microbiology.* 2000;146:1469–79.
9. Tenover FC, Arbet RD, Goering RV, Mickelsen PA, Murray BE, Persing DH, et al. Interpreting chromosomal DNA restriction patterns produced by pulsed-field gel electrophoresis: Criteria for bacterial strain typing. *J Clin Microbiol.* 1995;33:2233–9.
10. McLaughlin M, Malczynski M, Qi C, Radetski J, Zembower T, Scheetz MH. Temporal changes in pulsed-field gel electrophoresis banding in vancomycin-resistant *Enterococcus faecium* and implications for outbreak investigations. *Am J Infect Control.* 2013;41:349–53.
11. Bourdon N, Fines-Guyon M, Thiolet JM, Maugat S, Coignard B, Leclercq R, et al. Changing trends in vancomycin-resistant enterococci in French hospitals, 2001–08. *J Antimicrob Chemother.* 2011;66:713–21.
12. Hayakawa K, Marchaim D, Palla M, Gudur UM, Pulluru H, Bathina P, et al. Epidemiology of vancomycin resistant *Enterococcus faecalis*: A case-control study. *Antimicrob Agents Chemother.* 2013;57:49–55.
13. Ruiz-Garbajosa P, Coque TM, Cantón R, Willems RJ, Baquero F, Del Campo R. High-risk clonal complexes CC2 and CC9 are widely distributed among *Enterococcus faecalis* hospital isolates recovered in Spain. *Enferm Infecc Microbiol Clin.* 2007;25:513–8.
14. Novais C, Coque TM, Sousa JC, Baquero F, Peixe L, and the Portuguese Resistance Study Group. Local genetic patterns within a vancomycin-resistant *Enterococcus faecalis* clone isolated in three hospitals in Portugal. *Antimicrob Agents Chemother.* 2004;48:3613–7.
15. McBride SM, Fischetti VA, Leblanc DJ, Moellering RC, Gilmore MS. Genetic diversity among *Enterococcus faecalis*. *PLoS ONE.* 2007;2:e582.
16. Freitas AR, Coque TM, Novais C, Hammerum AM, Lester CH, Zervos MJ, et al. Human and swine hosts share vancomycin-resistant *Enterococcus faecium* CC17 and CC5 and *Enterococcus faecalis* clonal clusters harboring Tn1546 on indistinguishable plasmids. *J Clin Microbiol.* 2011;49:925–31.
17. Lozano C, González-Barrio D, García JT, Ceballos S, Olea PP, Ruiz-Fons F, et al. Detection of vancomycin-resistant *Enterococcus faecalis* ST6-*vanB2* and *E. faecium* ST915-*vanA* in faecal samples of wild *Rattus rattus* in Spain. *Vet Microbiol.* 2015;177:168–74.