

Análisis de asociación de resistoma de *Staphylococcus aureus* genotipo meticilinoresistente sudamericanos extraídos de la base de datos BV-BRC

Gerald Moreno-Morales^{1*}, Luis Luna-Espinoza¹, Lenin Maturrano-Hernández¹, Raúl Rosadio-Alcántara¹

¹ Unidad de Biología y Genética Molecular, Facultad de Medicina Veterinaria, UNMSM, Lima, Perú

Autor por correspondencia: gmoreno993@gmail.com

Introducción: La Lista de Patógenos Bacterianos Prioritarios de la OMS de 2024 incluye como patógeno de alta prioridad a *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (MRSA), linaje que en su mayoría presenta el gen *mecA*, un cassette cromosómico y un arsenal único de genes asociados, como genes de resistencia a antibióticos y a metales, reduciendo las opciones de tratamiento. **Objetivo:** Evaluar asociación entre el genotipo MRSA (*mecA*+) y genes de resistencia a antibióticos y metales pesados en genomas de *Staphylococcus aureus* (SA) de BV-BRC de sudamérica. **Metodología:** Se realizó la búsqueda en la base de datos BV-BRC de genomas de SA de países sudamericanos, aislados de múltiples especies de hospedero y condiciones clínicas entre 1978-2021. Se descargaron un total de 553 genomas de buena calidad usando la herramienta "Datasets". Se empleó AMRFinderPlus 3.12.8 para detección de genes de resistencia a los antimicrobianos, respuesta al estrés y virulencia. Se usaron los paquetes: Python (pandas) y de R (tidyverse y broom) para el análisis de datos. Finalmente se evaluaron asociaciones entre el genotipo *mecA*+ y la presencia de 120 genes mediante regresión logística simple. El pipeline se encuentra disponible en un repositorio público de GitHub. **Resultados:** Se encontró asociación (Bonferroni p -ajustado < 0.05) entre los siguientes genes notables con el genotipo *mecA*+: *ermA* (macrólidos/lincosamidas, OR=38.87, CI:19.69-88.44), *fosB* (fosfomicina, OR=11.98, CI:7.09-21.28), *aac(6'')/aph(2'')*-Ia (aminoglicósidos, OR=5.52, CI:3.59-8.69) y *merA* (mercurio, OR=36.56, CI:16.20-104.86), todos ellos asociados a elementos genéticos móviles sugiriendo una transmisión horizontal activa entre las cepas *mecA*+. **Conclusiones:** Es fundamental la consideración de estos genes reportados, en el plan de vigilancia de MRSA en países sudamericanos.

Palabras clave: *Staphylococcus aureus*, MRSA, BV-BRC, Meticilina, *mecA*, *merA*

Referencias Bibliográficas

1. Ali, M. S., Isa, N. M., Abdelrhman, F. M., Alyas, T. B., Mohammed, S. E., Ahmed, A. E., Ahmed, Z. S. A., Lau, N.-S., Garbi, M. I., Amirul, A. A.-A., Seed, A. O., Omer, R. A., & Mohamed, S. B. (2019). Genomic analysis of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strain SO-1977 from Sudan. *BMC Microbiology*, 19(1), 126. <https://doi.org/10.1186/s12866-019-1470-2>
2. *Exploring and retrieving sequence and metadata for species across the tree of life with NCBI Datasets | Scientific Data*. (s. f.). Recuperado 11 de agosto de 2024, de <https://www.nature.com/articles/s41597-024-03571-y>
3. Feldgarden, M., Brover, V., Gonzalez-Escalona, N., Frye, J. G., Haendiges, J., Haft, D. H., Hoffmann, M., Pettengill, J. B., Prasad, A. B., Tillman, G. E., Tyson, G. H., & Klimke, W. (2021). AMRFinderPlus and the Reference Gene Catalog facilitate examination of the genomic links among antimicrobial resistance, stress response, and virulence. *Scientific Reports*, 11(1), 12728. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-91456-0>
4. Iii, R. A. P., & Read, T. D. (2018). *Staphylococcus aureus* viewed from the perspective of 40,000+ genomes. *PeerJ*, 6, e5261. <https://doi.org/10.7717/peerj.5261>
5. Olson, R. D., Assaf, R., Brettin, T., Conrad, N., Cucinell, C., Davis, J. J., Dempsey, D. M., Dickerman, A., Dietrich, E. M., Kenyon, R. W., Kuscuoglu, M., Lefkowitz, E. J., Lu, J., Machi, D., Macken, C., Mao, C., Niewiadomska, A., Nguyen, M., Olsen, G. J., ... Stevens, R. L. (2023). Introducing the Bacterial and Viral Bioinformatics Resource Center (BV-BRC): A resource combining PATRIC, IRD and ViPR. *Nucleic Acids Research*, 51(D1), D678-D689. <https://doi.org/10.1093/nar/gkac1003>