

2011 Octubre, 2(3): 1-1

ENTEROCOCCUS FAECALIS Y E. FAECIUM: DISCREPANCIAS ENTRE SU IDENTIFICACIÓN FENOTÍPICA Y GENOTÍPICA EN CEPAS RECUPERADAS DE ALIMENTOS DE ORIGEN ANIMAL

Pourcel Ng¹, Delpech G¹, Schell Cm², De Luca Mm.², Basualdo Farjat Ja.², Bernstein Jc², Grenovero Ms², Sparo Md¹⁻².

¹Escuela Superior en Ciencias de la Salud. Medicina. UNCPBA.

²Cátedra de Microbiología y Parasitología. Facultad de Ciencias Médicas. UNLP.

E-mail: msparo@med.unlp.edu.ar

Introducción

Los enterococos integran la microbiota intestinal humana y animal. Pueden sobrevivir en medios poco enriquecidos como agua, suelo y en los alimentos de origen vegetal y animal. Son considerados patógenos emergentes y responsables de infecciones invasivas en el hombre. *Enterococcus faecalis* y *E. faecium* constituyen las especies predominantes aisladas de alimentos de origen animal. Una de las características, con relevancia epidemiológica, es la emergencia de cepas de *E. faecium* portadoras de resistencia a vancomicina (gen *vanA*) como patógenos en el hombre, pudiendo los alimentos de origen animal constituir un vehículo para estas bacterias. Por lo tanto, la identificación correcta de esta especie en alimentos es fundamental para evitar su diseminación.

Objetivo

Identificar genotípicamente cepas caracterizadas fenotípicamente como *E. faecalis* y *E. faecium*, recuperadas de alimentos de origen animal.

Materiales y Métodos

Se analizaron un total de 76 cepas de enterococos recuperadas de alimentos de origen animal manufacturados con materia prima de origen cárnico y lácteo, que por caracterización fenotípica (API *Streptococcus* System, bioMérieux, France) fueron identificadas como *E. faecalis* (n=68) y *E. faecium* (n=8). La identificación molecular se realizó mediante amplificación génica (PCR) de los genes *ddl* tanto para *E. faecalis* como *E. faecium*, utilizando oligonucleótidos específicos para cada especie. Como controles de reacción se utilizaron cepas de *E. faecalis* ATCC 29212 y *E. faecium* ATCC 19434.

Resultados

De las 8 cepas identificadas fenotípicamente como *E. faecium*, solamente 3 fueron validadas por amplificación génica, perteneciendo las 5 restantes a *E. faecalis*.

Conclusiones

En alimentos de origen animal la caracterización fenotípica de *E. faecalis* y de *E. faecium* presentó discordancia con la identificación génica.

La implementación de técnicas moleculares para la detección adecuada de cepas de *E. faecium* portadoras de resistencia a vancomicina, de trascendencia epidemiológica, es de fundamental importancia debido a su transferencia horizontal a otras especies de enterococos o a cepas de *Staphylococcus aureus* colonizantes de alimentos de origen animal.