

Plan de Gestión de Datos

INFORMACIÓN SOBRE EL PROYECTO	
1. – Datos del Proyecto	
• Título del Proyecto (en castellano)	
Estudio molecular de <i>Staphylococcus aureus</i> : mecanismos de resistencias emergentes que puedan ocasionar fracasos terapéuticos. Asociación con factores de virulencia y linajes genéticos.	Código: 50520190100083 LI
• Título del Proyecto (en inglés)	
Molecular study of <i>Staphylococcus aureus</i> : emerging mechanisms of antimicrobial resistance that can lead to treatment failure. Association with virulence factors and genetic lineages.	
• Descripción del Proyecto (en castellano) Resumen	
<p><i>Staphylococcus aureus</i> (SAU) es responsable de un amplio espectro de enfermedades, que van desde infecciones leves hasta invasivas severas no sólo por la gran cantidad de factores de virulencia que posee sino también por la capacidad de desarrollar mecanismos de resistencia a los antibióticos, actualmente disponibles en el mercado. Esto constituye un serio problema de salud pública.</p> <p>El objetivo de este proyecto es el estudio de la epidemiología molecular de aislamientos de <i>Staphylococcus aureus</i> basada en la detección de genes de resistencia que pueden ocasionar fracasos terapéuticos, factores de virulencia con gran impacto clínico y marcadores moleculares de clonalidad.</p> <p>Se estudiarán aislamientos de SAU provenientes de procesos infecciosos de pacientes atendidos en un centro de salud de la ciudad de Santa Fe.</p> <p>Para cumplimentar los objetivos, se realizará la investigación mediante técnicas de biología molecular de genes de: resistencia (<i>mecA</i>, <i>mecC</i>, <i>SCCmec</i>, <i>InuA</i>) factores de virulencia (<i>lpx</i>, <i>fnbA</i>, <i>fnbB</i> y <i>bbp</i>) y marcadores moleculares de clonalidad (gen <i>spa</i> y secuenciotipo).</p> <p>Conocer la epidemiología molecular local y regional de SAU contribuirá no sólo a una correcta selección de la terapia antimicrobiana empírica, sino también a relacionar clonalmente los diversos aislamientos, determinar el número de clones circulantes y conocer líneas clonales hipervirulentas. Además posibilitará identificar la fuente de contaminación o reservorio y los vehículos de transmisión, evaluar la eficacia de las medidas de control dirigidas a evitar la diseminación de clones en estudios de brotes y diferenciar entre infección y recidiva. Esto conducirá a disminuir costos en la salud</p>	

pública.

• **Descripción del Proyecto (en inglés) Resumen**

Staphylococcus aureus (SAU) is an important etiological agent of a diverse infections, ranging from relatively superficial skin infections to serious, life-threatening ones. This is due to its numerous virulence factors and the ability to acquire resistance mechanisms to the antibiotics available for treatment patients, resulting in a serious worldwide health problem.

The aim of this project is to study the molecular epidemiology of SAU isolates based on the investigation of antibiotic resistance genes that may cause therapeutic failure, genes encoding virulence factors with major clinical impact, and clonal identity molecular markers.

Sau clinical isolates from patients attending to a health-care center in Santa Fe City will be studied.

In order to accomplish the objectives, molecular biology techniques will be performed to detect resistance genes (*mecA*, *mecC*, *SCCmec*, *InuA*), virulence genes (*lpa*, *fnaA*, *fnaB* y *bbp*) and clonal identity molecular markers (*spa* gen and sequence type).

Knowledge of SAU's local and regional epidemiology is essential to guide empirical and pathogen specific therapy and will contribute to analyse clonal relation between different isolates, determine the circulating clones and hyperactive virulent lineages. It will also enable to identify reservoirs and vectors, evaluate control strategies targeted to prevent clonal outbreaks, and differentiate current infection from recurrence. This study will contribute to decrease costs in public health.

• **Palabras Claves descriptivas del Proyecto (en castellano)**

Staphylococcus aureus; Resistencias emergentes y cepas hipervirulentas; Linajes genéticos.

• **Palabras Claves descriptivas del Proyecto (en inglés)**

Staphylococcus aureus; Emerging resistances and hipervirulent strains; Genetic lineages.

2 – Datos de la Directora del Proyecto

- **Nombre y Apellido**

Emilce de los Angeles Méndez

- **Unidad Académica**

Facultad de Bioquímica y Ciencias Biológicas. UNL

- **Teléfono oficial de contacto**

+54 342 4575206 interno 153

-Teléfono móvil de contacto

0342 6129933

-E-mail de la Directora del Proyecto

emendez@fcb.unl.edu.ar

DATOS RESULTANTES DE LA EJECUCIÓN DEL PROYECTO

-Describa la toma de muestras / datos a realizar

Se reactivarán 200 aislamientos de SAU obtenidos durante un año, provenientes de procesos infecciosos de pacientes y que se encuentran conservados, en leche a -20°C en el cepario del laboratorio de la cátedra de Bacteriología Clínica.

Se investigarán los genes *mecA*, *mecC* (gen emergente de resistencia) y tipo de *cassette* *SCCmec*. Se detectará la presencia del gen que codifica la enzima 3-lincomicina-4clindamicina-nucleotidiltransferasa mediante técnicas de PCR simple (resistencia emergente). Se estudiarán factores de virulencia tales como leucocidina de Pantón-Valentine (*luk-PV*) y moléculas de adhesión (*fnbp-A*, *fnbp-B* y *bbp*) mediante técnicas de PCR simple. Se determinará el gen *spa* y el secuenciotipo para evaluar diversidad genómica y circulación de clones epidémicos.

- Datos: ¿Existe alguna razón por la cual los datos declarados no deban ser puestos a disposición de la comunidad/ser de acceso público? (marque X)

NO

SI. Elija una de las opciones:

- Se encuentra en evaluación de protección por medio de patentes
- No se inició el proceso de evaluación de patentabilidad, pero podría ser protegible
- Existe un contrato con un tercero que impide la divulgación
- Otro. Justifique.

Dra. Emilce de los A. Méndez
Prof. Bacteriología Clínica
FBCB (UNL)