



DETECCIÓN DEL GEN DE RESISTENCIA A LA METICILINA C (MECC) EN STAPHYLOCOCCUS COAGULASA NEGATIVOS

Erika Gómez Mateo¹, Anaid Bustos Hamdan², Samuel González García ¹, Aida Hamdan-Partida¹ y Jaime Bustos-Matínez¹

1 Depto. Atención a la Salud, UAM-Xochimilco, 2 Facultad de Medicina, UNAM. erikagmez_@hotmail.com

El género *Staphylococcus* presenta dos tipos principales de bacterias, los estafilococos coagulasa positivos (CPS) y los estafilococos coagulasa negativos (CNS). Ambos tipos de bacterias son causa importante de infecciones en el humano. La colonización por estas bacterias es un factor importante en posibles infecciones causadas por estos microorganismos. Son residentes habituales en piel y mucosas de sujetos sanos y en ocasiones son causa de infecciones sistémicas, especialmente entre portadores de prótesis, catéteres u otros dispositivos. Dentro de las CNS también se han encontrado cepas resistentes a la meticilina como *S. epidermidis* (MRSE), *S. haemolyticus* (MRSH) y *S. lugdunensis* (MRSL).

El gen que comúnmente se asocia con la resistencia a la meticilina es el gen *mecA*. Sin embargo recientemente se ha descrito la presencia de un nuevo gen llamado *mecC*.

El objetivo de este trabajo fue la detección del gen *mecC* en cepas de *Staphylococcus* coagulasa negativa.

Se analizaron 11 cepas de *Staphylococcus* coagulasa negativa aisladas de una población de portadores sanos, primeramente se determinó la concentración mínima inhibitoria (MIC) de oxacilina para detectar las cepas resistentes a meticilina y se determinó por medio de galerías API la especie a la que pertenecían. Se extrajo el DNA y se detectaron los genes *mecA* y *mecC* mediante PCR.

Se encontró que 3 cepas corresponden a la especie *S. epidermidis*, 7 son *S. xylosus* y una es *S. hominis* en la prueba de MIC para oxacilina se detectaron 10 cepas resistentes a la meticilina. De estas cepas, 4 cepas fueron positivas para el gen *mecA*, y de estas en 3 se amplificó el gen *mecC*.

Concluimos que se encontraron cepas CNS portadores del gen *mecC*, con la metodología utilizada, sin embargo necesitamos hacer un análisis más profundo para descartar un posible entrecruzamiento con el gen *mecA*.