

Mejora de la vigilancia de infecciones nosocomiales con secuenciación del genoma bacteriano

Identificación exhaustiva
de aislados de patógenos
mediante la secuenciación
de Illumina y la aplicación
SRST2 de BaseSpace™

illumina®

Introducción

Las infecciones nosocomiales (HAI, Health care–Associated Infections) son un gran problema sanitario, especialmente en pacientes críticos e inmunodeprimidos. Las HAI no solo amenazan la salud y la vida de los pacientes, sino que también suponen una carga económica adicional para los pacientes y el sistema sanitario, que incluye pérdidas económicas y una hospitalización más prolongada.^{1,2} La vigilancia de cepas bacterianas patógenas en los entornos sanitarios puede ayudar a prevenir el impacto de las HAI. Los métodos de laboratorio, como la qPCR y la espectrometría de masas, proporcionan una identificación rápida de los patógenos, lo que permite tomar decisiones de tratamiento oportunas. Sin embargo, estos métodos no son suficientes para rastrear brotes o realizar investigaciones de transmisión.

La secuenciación de nueva generación (NGS, Next-Generation Sequencing) permite la caracterización completa de genomas bacterianos, proporcionando información para el subtipado, la diferenciación entre aislados, el resaltado de aislados en un grupo y los marcadores de resistencia antimicrobiana (AMR, AntiMicrobial Resistance) y de virulencia.³ El análisis y la interpretación rápida de los datos de secuenciación permite al personal de control de infecciones responder rápidamente a posibles brotes y rastrearlos hasta el origen para ayudar a prevenir más infecciones y transmisiones. Tras un flujo de trabajo completo de secuenciación del genoma completo (WGS, Whole-Genome Sequencing) que se puede completar en dos días, la propagación de patógenos responsables de las HAI se puede supervisar y tratar de forma eficiente y adecuada.

El *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (SARM) es un patógeno multirresistente con mayores tasas de morbilidad que las cepas de *S. aureus* sensibles a la meticilina. Las infecciones causadas por las cepas hospitalarias de *S. aureus* resistente a la meticilina (SARM-H) requieren estancias hospitalarias más largas que las causadas por las cepas hospitalarias de *S. aureus* sensible a la meticilina y, por lo general, son resistentes a antibióticos tanto betalactámicos como no betalactámicos.

A fin de caracterizar aislados de SARM-H u otras especies bacterianas, Illumina ofrece la aplicación SRST2* como parte de una solución de WGS completa que incluye la preparación y secuenciación de librerías de Illumina (Figura 1). La aplicación SRST2, disponible en BaseSpace Sequence Hub, informa de la presencia de tipos de secuencia (ST, Sequence Types) de una base de datos de tipado de secuencias multilocus (MLST, Multi-Locus Sequence Typing)⁴ y genes de referencia de una base de datos de secuencias para genes de virulencia, genes de resistencia y replicones de plásmidos con comparación de muestra a muestra en más de 150 géneros y especies bacterianas. La aplicación SRST2 se ha actualizado para añadir la base de datos Comprehensive Antibiotic Resistance Database (CARD) y la base de datos ARG-Annot, además de ResFinder.

Esta nota de aplicación demuestra las capacidades de la aplicación SRST2 actualizada para identificar y caracterizar aislados patógenos, lo que hace que la vigilancia de HAI sea accesible para los laboratorios sin experiencia previa en NGS.

*Tipado de secuencias de lectura corta



Figura 1: Flujo de trabajo de vigilancia de HAI. La aplicación SRST2 de BaseSpace forma parte de un flujo de trabajo de NGS completo para la vigilancia de HAI que incluye la preparación y secuenciación de librerías de Illumina.

Resistance Gene Database - CARD

Show 25 entries

Search:

Sample	ANT4_AgIy	APH3_AgIy	Erm_MLS	FosB_Fcyn	MphC_MLS	MsrA_MLS	NoirA_Fiq
SRR14866231	-	-	ermA_2135	fosB.1_1906*	-	-	noirA_1920*
SRR14866232	-	-	ermA_2135	fosB.1_1906*	-	-	noirA_1920*
SRR14866233	-	-	ermA_2135	fosB.1_1906*7	mphC.v1_2177	msrA.v1_2191*	noirA_1920*
SRR14866234	ant4-1b_128*	-	ermA_2135*	fosB.1_1906*	-	-	noirA_1920*
SRR14866235	-	aph3-IIIa_153	ermC.v1_2138*	fosB.1_1906	mphC.v1_2177	msrA.v1_2191*	noirA_1920*
SRR14866236	-	-	ermA_2135	fosB.1_1906*	mphC.v1_2177	msrA.v1_2191*	noirA_1920*
SRR14866237	-	-	ermA_2135	fosB.1_1906*	-	-	noirA_1920*
SRR14866238	ant4-1b_128*	aph3-IIIa_153	ermA_2135	fosB.1_1906*	mphC.v1_2177	msrA.v1_2191*	noirA_1920*
SRR14866239	ant4-1b_128*	-	ermA_2135	fosB.1_1906*	-	-	noirA_1920*
SRR14866240	ant4-1b_128*	aph3-IIIa_153	ermA_2135	fosB.1_1906*7	mphC.v1_2177	msrA.v1_2191*	noirA_1920*
SRR14866241	-	-	ermA_2135	fosB.1_1906*	-	-	noirA_1920*
SRR14866242	ant4-1b_128*	-	ermA_2135	fosB.1_1906*	-	-	noirA_1920*
SRR14866243	ant4-1b_128*	-	ermA_2135	fosB.1_1906*	-	-	noirA_1920*
SRR14866244	-	-	ermA_2135	fosB.1_1906*	-	-	noirA_1920*
SRR14866245	-	aph3-IIIa_153	-	fosB.1_1906	mphC.v1_2177	msrA.v1_2191*	noirA_1920*
SRR14866246	ant4-1b_128	-	ermC.v1_2138	fosB.1_1906*	-	-	noirA_1920*
SRR14866247	-	-	ermA_2135	fosB.1_1906*	mphC.v1_2177	msrA.v1_2191*	noirA_1920*
SRR14866248	-	-	ermA_2135	fosB.1_1906*	mphC.v1_2177	msrA.v1_2191*	noirA_1920*
SRR14866249	-	-	ermC.v1_2138	fosB.1_1906*	-	-	noirA_1920*
SRR14866250	-	aph3-IIIa_153	-	fosB.1_1906*	mphC.v1_2177	msrA.v1_2191*	noirA_1920*
SRR14866251	-	aph3-IIIa_153	-	fosB.1_1906	mphC.v1_2177	msrA.v1_2191*	noirA_1920*
SRR14866252	-	-	ermA_2135	fosB.1_1906*	mphC.v1_2177	msrA.v1_2191*	noirA_1920*
SRR14866253	-	aph3-IIIa_153	ermC.v2_2139*7	fosB.1_1906	mphC.v1_2177	msrA.v1_2191*	noirA_1920*
SRR14866254	-	-	ermC.v2_2139*	fosB.1_1906*	-	-	noirA_1920*
SRR14866255	-	aph3-IIIa_153	-	fosB.1_1906*	mphC.v1_2177	msrA.v1_2191*	noirA_1920*

Sample ANT4_AgIy APH3_AgIy Erm_MLS FosB_Fcyn MphC_MLS MsrA_MLS NoirA_Fiq

Figura 4: Informe de genes de resistencia. La aplicación SRST2 incluye una tabla interactiva que indica los alelos de CARD detectados en cada aislado.

Resumen

Las HAI son una preocupación importante en la atención sanitaria, ya que contribuyen a una elevada morbilidad del paciente y a un aumento de los costes sanitarios. Mediante un flujo de trabajo de NGS que incluye el análisis de datos con la aplicación SRST2, resulta posible detectar la presencia de genes vinculados a fenotipos clínicamente relevantes, incluidos genes de virulencia, genes AMR o determinantes de serotipo. Gracias a la rápida preparación de librerías de Illumina y MiSeq System, los genomas bacterianos se pueden secuenciar y analizar por completo en un plazo de dos días, lo que permite una vigilancia oportuna de las HAI.



1 800 809 4566 (llamada gratuita, EE. UU.) | tel.: +1 858 202 4566
 techsupport@illumina.com | www.illumina.com

© 2023 Illumina, Inc. Todos los derechos reservados. Todas las marcas comerciales pertenecen a Illumina, Inc. o a sus respectivos propietarios. Si desea consultar información específica sobre las marcas comerciales, consulte www.illumina.com/company/legal.html.
 M-GL-01570 ESP v1.0

Información adicional

Aplicación SRST2 de BaseSpace

Bibliografía

- Henderson A, Nimmo GR. [Control of healthcare- and community-associated MRSA: recent progress and persisting challenges.](#) *Br Med Bull.* 2018;125(1):25-41. doi:10.1093/bmb/ldx046.
- Jia H, Li L, Li W, et al. [Impact of Healthcare-Associated Infections on Length of Stay: A Study in 68 Hospitals in China.](#) *Biomed Res Int.* 2019;2019:2590563. Fecha de publicación: 18 de abril de 2019. doi:10.1155/2019/2590563.
- Mirande C, Bizine I, Giannetti A, Picot N, van Belkum A. [Epidemiological aspects of healthcare-associated infections and microbial genomics.](#) *Eur J Clin Microbiol Infect Dis.* 2018;37(5):823-831. doi:10.1007/s10096-017-3170-x.
- Huang W, Wang G, Yin C, et al. [Optimizing a Whole-Genome Sequencing Data Processing Pipeline for Precision Surveillance of Health Care-Associated Infections.](#) *Microorganisms.* 2019;7(10):388. Fecha de publicación: 24 de septiembre de 2019. doi:10.3390/microorganisms7100388.
- Khan SA, Gudeta DD, Aljahdali N, et al. [Draft Genome Sequences of 27 Hospital-Associated Methicillin-Resistant Staphylococcus aureus Strains Isolated in Minnesota.](#) *Microbiol Resour Announc.* 2022;11(2):e0118621. doi:10.1128/mra.01186-21.
- Centers for Disease Control and Prevention. [Outpatient antibiotic prescriptions — United States, 2021.](#) [cdc.gov/antibiotic-use/data/report-2021.html](https://www.cdc.gov/antibiotic-use/data/report-2021.html). Fecha de actualización: 4 de octubre de 2022. Fecha de consulta: 25 de enero de 2023.