



INFORME BREVE

***Staphylococcus aureus* resistentes a meticilina aislados de teléfonos móviles de estudiantes de Enfermería en Cuenca, Ecuador**



Nube María Tenezaca Lliguin ^{a,*}, Paola Patricia Orellana Bravo^b,
Carlos Fernando Andrade Tacuri^b y Jonnathan Gerardo Ortiz Tejedor^c

^a Maestría en Diagnóstico, Laboratorio Clínico y Molecular, Universidad Católica de Cuenca, Cuenca, Ecuador

^b Carrera de Odontología, Laboratorio de Biología Molecular y Genética, Centro de Investigación Innovación y Transferencia de Tecnología (CIITT), Universidad Católica de Cuenca, Cuenca, Ecuador

^c Carrera de Bioquímica y Farmacia, Maestría en Diagnóstico, Laboratorio Clínico y Molecular, Universidad Católica de Cuenca, Cuenca, Ecuador

Recibido el 10 de julio de 2024; aceptado el 3 de diciembre de 2024

Disponible en Internet el 28 de enero de 2025

PALABRAS CLAVE

Staphylococcus aureus;
Teléfono móvil;
Gen *mecA*;
Enfermería

Resumen *Staphylococcus aureus* es un importante patógeno en los establecimientos de salud; actualmente es una preocupación mundial su frecuente resistencia a múltiples antibióticos. Se investigó la presencia de *S. aureus* en las superficies de los teléfonos móviles de estudiantes del último año de la carrera de Enfermería en Cuenca, Ecuador. En los aislamientos recuperados de dichas superficies se determinaron los perfiles de sensibilidad a los antibióticos y la presencia de genes de resistencia a dichos agentes; también se determinó la presencia de genes de virulencia. *S. aureus* se aisló en el 11,84% (9/76) de las muestras. El 44,44% de los aislamientos portaron el gen *mecA* (MRSA) y ninguno el gen *vanA*. Los genes de virulencia identificados fueron *hla* (100% de los aislados), *hly* (88,89%), *tst* y *sec* (22,22% cada uno), y *sea* (11,11%). El antibiograma reveló que el 33,33% de las cepas poseían resistencia a cefoxitina y el 44,44%, resistencia inducible a clindamicina (ICRSA). En Cuenca, Ecuador, los teléfonos móviles de los estudiantes de último año de Enfermería constituyen un reservorio de aislamientos de *S. aureus* resistentes y virulentos, que podrían ser focos infecciosos para la transmisión de este patógeno.

© 2024 Los Autores. Publicado por Elsevier España, S.L.U. en nombre de Asociación Argentina de Microbiología. Este es un artículo Open Access bajo la licencia CC BY-NC-ND (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

* Autor para correspondencia.

Correos electrónicos: nubetmaria@gmail.com, nube.tenezaca.07@est.ucacue.edu.ec (N.M. Tenezaca Lliguin).

KEYWORDS

Staphylococcus aureus;
Mobile phone;
mecA gene;
Nursing

Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolated from mobile phones of nursing students in Cuenca, Ecuador

Abstract *Staphylococcus aureus* is an important pathogen in healthcare facilities, with its resistance to a number of antibiotics currently being a global concern. In this report the presence of *S. aureus*, resistance gene virulence and antibiotic susceptibility profiles were determined in the mobile phones of senior nursing students. *S. aureus* was isolated in 11.84% (9/76) of the samples. Furthermore, 44.44% of the mobile phones carried the *mecA* (MRSA) gene, while none carried the *vanA* gene. Virulence genes identified were 100% *hla*, 88.89% *hly*, 22.22% *tst* and *sec*, and 11.11% *sea*. The antibiogram revealed that 33.33% of the strains were resistant to ceftiofur and 44.44% showed inducible resistance to clindamycin (ICRSA). The mobile phones of senior nursing students represent an important reservoir of drug-resistant and virulent strains of *S. aureus*, which could act as infectious foci for the transmission of this pathogen.

© 2024 The Author(s). Published by Elsevier España, S.L.U. on behalf of Asociación Argentina de Microbiología. This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

Las infecciones asociadas a la atención sanitaria (IAAS) son consideradas por la OMS como un factor importante en el incremento del uso de antibióticos y facilitan la aparición de factores de virulencia y resistencia a los antimicrobianos^{5,7}. *Staphylococcus aureus* se destaca por ser una de las bacterias más frecuentes en las IAAS⁹. Este microorganismo puede formar biopelículas en las superficies, en dispositivos médicos y en prótesis. En los teléfonos móviles, el calor generado durante su uso facilita el crecimiento bacteriano¹³. De esta manera, los teléfonos móviles pueden actuar como reservorio de este patógeno durante su uso en la asistencia sanitaria.

S. aureus porta algunos mecanismos de resistencia a los antibióticos, lo que incrementa notablemente su morbilidad a nivel mundial. El gen *mecA* inhabilita la meticilina y los antibióticos betalactámicos; estas cepas son conocidas como *S. aureus* resistentes a la meticilina (SARM)^{2,4}. El gen *vanA* es el responsable de los aislamientos de *S. aureus* resistentes a la vancomicina (SARV); este mecanismo está asociado a cambios en la permeabilidad de la pared bacteriana¹¹.

Actualmente existen reportes de genes de virulencia que contribuyen a la patogenicidad de *S. aureus*. El gen *lukS-F de Panton Valentine* codifica la leucocidina, un compuesto que destruye los leucocitos causando necrosis tisular⁹. Los genes *sea*, *sec* y *seb* codifican enterotoxinas estafilocócicas con capacidad de producir intoxicaciones alimentarias³. El gen *tst* codifica la toxina 1 del síndrome de shock tóxico (TSST-1)¹⁵.

El objetivo de esta investigación fue determinar la frecuencia de *S. aureus* en la superficie de teléfonos móviles de estudiantes de último año de la carrera de Enfermería en Cuenca, Ecuador (ciclo lectivo 2023) y conocer algunas características relevantes de estos aislamientos. Para ello se recurrió a pruebas fenotípicas (fermentación del manitol, coagulasa, DNasa) y genotípicas (detección de genes *nucA* y *femB*). Se investigó la resistencia a antimicrobianos mediante antibiograma y por detección de genes de

resistencia (*mecA*, *vanA*); también se analizó la presencia de genes de virulencia (*tst*, *lukS/F-PV*, *sea*, *sec*, *hla* y *hly*).

La investigación fue observacional y transversal. En junio de 2023 se tomaron 76 muestras de la superficie de los teléfonos móviles de 76 estudiantes del último año de la carrera de Enfermería: 38 asistían a prácticas comunitarias (C) y 38 a prácticas hospitalarias (H). Todos ellos se encontraban en rotación de su servicio por dos meses y voluntariamente firmaron el consentimiento informado para participar de este estudio.

Dado que el teléfono móvil es un objeto inanimado, no fue necesaria la aprobación por parte del Comité de Ética en Investigación en Seres Humanos (CEISH) del Ecuador para la toma de muestras. El procesamiento de las muestras se realizó en el Laboratorio de Biología Molecular y Genética del Centro de Investigación, Innovación y Transferencia de Tecnología (CIITT) de la Universidad Católica de Cuenca.

Se recolectaron las muestras por la técnica de hisopado de las superficies de teléfonos móviles; estos hisopos se colocaron en el medio de enriquecimiento caldo tripitica-soya y se incubaron durante 48 h a 37 °C en aerobiosis. Posteriormente se sembró en agar manitol salado e incubó durante 24-48 h a 37 °C. El análisis fenotípico se realizó mediante la selección de colonias fermentadoras del manitol, en las que se realizaron las pruebas de coagulasa, catalasa y desoxirribonucleasa³.

El análisis genotípico se realizó mediante la extracción del ADN de las cepas de *S. aureus* utilizando el método de lisis alcalina². Mediante la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) se identificaron los genes *nucA* y *femB*, y posteriormente se investigó la presencia de los genes de resistencia a los antimicrobianos *blaZ*, *mecA* y *vanA*, según Andrade et al.². Finalmente, se investigó la presencia de los genes de virulencia *tst*, *lukS/F-PV*, *sea*, *sec*, *hla* y *hly* siguiendo el protocolo descrito por Pacheco et al.⁹.

La prueba de sensibilidad a los antimicrobianos se realizó de acuerdo a las pautas del *Clinical and Laboratory Standards Institute* (CLSI), así como también la interpretación

Tabla 1 Perfil de resistencia a antimicrobianos en cepas de *Staphylococcus aureus* aisladas de superficies de teléfonos móviles de estudiantes de último año de Enfermería (Cuenca, Ecuador)

Cepa	Eritromicina	Clindamicina	D-test	Cefoxitina
1C	30 mm (S)	30 mm (S)	(-)	30 mm (S)
2C	31 mm (S)	31 mm (S)	(-)	30 mm (S) ^a
15C	17 mm (I)	30 mm (S)	(-)	28 mm (S)
17C	N/A	N/A	(+)	28 mm (S)
18C	N/A	N/A	(+)	28 mm (S)
25C	N/A	N/A	(+)	20 mm (R) ^b
11H	20 mm (I)	31 mm (S)	(-)	20 mm (R)
12H	30 mm (S)	30 mm (S)	(-)	28 mm (S)
38H	N/A	N/A	(+)	20 mm (R) ^c

Las letras C y H identifican las cepas obtenidas de los teléfonos móviles de estudiantes que asistían a prácticas comunitarias u hospitalarias, respectivamente.

S: sensible; R: resistente; I: intermedia; N/A: no aplica.

^a Cepa portadora del gen *mecA* y sensible a cefoxitina.

^{b, c} Cepas portadoras del gen *mecA* de origen comunitario u hospitalario, respectivamente, resistentes a cefoxitina y D-test positivas.

Tabla 2 Genes de resistencia y genes de virulencia en cepas de *Staphylococcus aureus* aisladas de superficies de teléfonos móviles de estudiantes de Enfermería (Cuenca, Ecuador)

Cepa	Genes de resistencia			Genes de virulencia					
	<i>blaZ</i>	<i>mecA</i>	<i>vanA</i>	<i>tst</i>	<i>lukS/F-PV</i>	<i>sea</i>	<i>sec</i>	<i>hla</i>	<i>hly</i>
1C	+	-	-	+	-	-	-	+	+
2C	+	+	-	-	-	-	-	+	+
15C	+	-	-	-	-	-	-	-	-
17C	+	-	-	-	-	-	-	+	+
18C	+	-	-	-	-	-	-	+	+
25C	+	+	-	-	-	-	+	+	+
11H	+	+	-	-	-	-	+	+	+
12H	-	-	-	-	-	+	-	+	-
38H	+	+	-	-	-	-	-	+	+
n	8/9	4/9	0/9	2/9	0/9	1/9	2/9	9/9	8/9
%	88,89	44,44	0	22,22	0	11,11	22,22	100	88,88

Las letras C y H identifican las cepas obtenidas de los teléfonos móviles de estudiantes que asistían a prácticas comunitarias u hospitalarias, respectivamente.

de los resultados para evaluar la sensibilidad a cefoxitina (30 µg), clindamicina (2 µg) y eritromicina (15 µg)⁶. Las cepas de SARM se identificaron por su resistencia a cefoxitina y las cepas de *S. aureus* con resistencia inducible a clindamicina (ICRSA) se detectaron mediante el D-test, en el que la presencia de una zona de inhibición aplanada, lo que confiere la forma de letra D alrededor del disco de clindamicina, indica una cepa ICRSA positiva⁸.

De las 76 muestras de superficies de teléfonos móviles se obtuvieron 9 aislamientos de *S. aureus*, lo que representa una frecuencia del 11,84%. De los 9 aislamientos, 6 (7,89%) se obtuvieron de los móviles de estudiantes del área hospitalaria y 3 (3,95%) de los móviles de estudiantes del área comunitaria.

El 33,33% (3/9) de los aislados de *S. aureus* mostraron resistencia a cefoxitina en la prueba de sensibilidad a los antimicrobianos. Asimismo, 4 de estos fueron D-test positivos y 5 fueron D-test negativos (tabla 1). Se identificó que un aislamiento del área comunitaria y otro del área hospitalaria

eran *S. aureus* con resistencia inducible a clindamicina (ICRSA) y también resistentes a meticilina (SARM).

Mediante los métodos moleculares se encontró que 4 aislamientos (44,44%) portaban el gen *mecA* y ninguno el gen *vanA* (tabla 2). Si bien los métodos genotípicos hallaron al aislado 2C como portador del gen *mecA*, este se mostró sensible a la cefoxitina en el antibiograma (tabla 1); probablemente se trate de un gen silenciado en este caso. En todos los aislamientos de *S. aureus* se identificaron dos o más genes de virulencia, incluidos *tst*, *sea*, *sec*, *hla* y *hly* (tabla 2). El gen *lukS/F-PV* no se detectó en ningún aislamiento.

Los datos presentados son de gran importancia, pues muestran que el 11,84% de los teléfonos móviles de este conjunto de estudiantes de Enfermería portaban *S. aureus*, un patógeno altamente virulento, resistente a los antibióticos y que puede ser transmitido a los pacientes mediante contaminación cruzada.

Resultados similares fueron informados por Pacheco et al.⁹ en una investigación que analizó teléfonos móviles de

estudiantes de Odontología de la misma ciudad ecuatoriana. Ese reporte documentó que el 17,39% de los dispositivos portaban *S. aureus*⁹. Un estudio realizado en Ghana evidenció menores frecuencias de colonización por esta bacteria en teléfonos móviles de enfermeras y estudiantes universitarios del área de la salud¹². Esta discrepancia podría sugerir una deficiente desinfección de los teléfonos móviles en nuestro medio.

Es importante recalcar que el 44,44% de los aislamientos de *S. aureus* recuperados en este estudio portaban el gen *mecA* (4/9); estos pueden diseminarse en diferentes áreas y limitar los tratamientos. El estudio realizado en Ghana antes citado mostró resistencia a cefoxitina en el 28% de las cepas recuperadas¹². Esta disparidad de resultados podría deberse a que la investigación en Ghana abarcó los teléfonos móviles de los trabajadores de la salud en general.

En otro orden, en un aislamiento se identificó el gen *mecA* mediante pruebas moleculares, pero en el antibiograma ese aislamiento se mostró sensible a cefoxitina. Este es un aspecto relevante recientemente descrito por Rasheed et al.¹⁰, quienes señalan que algunos aislamientos de *S. aureus* presentan este comportamiento de genes silenciados, y que en algún momento los productos de dichos genes reaparecen creando fallas terapéuticas, lo que enfatiza la importancia del diagnóstico molecular, que adquiere carácter obligatorio en casos de infecciones por bacterias resistentes en pacientes inmunocomprometidos.

En este informe se describe que dos aislamientos fueron SARM y a la vez ICRSA (uno del área comunitaria y otro del área hospitalaria); de esta manera, se limita el uso de betalactámicos, macrólidos y lincosamidas. En el plano microbiológico, realizar el D-test evita futuros fracasos del tratamiento farmacológico¹.

Los aislamientos de *S. aureus* portan en su genoma, además, genes de virulencia que pueden agravar el cuadro clínico del paciente. En este trabajo se evidenció la presencia de los genes *tst* (22,22%), *sea* (11,11%), *sec* (22,22%), *hla* (100%) y *hly* (88,88%). En un estudio realizado en Australia se aisló *S. aureus* como parte del grupo ESKAPE (acrónimo de seis patógenos altamente virulentos y resistentes a los antibióticos) y se identificaron 15 genes de virulencia en hisopados de teléfonos móviles de trabajadores de la salud¹⁴. Coincidimos con los autores de dicho reporte, quienes señalan que, en virtud del frecuente hallazgo de genes de resistencia y virulencia, los teléfonos móviles deben considerarse un mecanismo de transmisión de patógenos tanto a nivel hospitalario como comunitario.

Este informe demuestra que los teléfonos móviles de los estudiantes de último año de la carrera de Enfermería en Cuenca, Ecuador, constituyen un importante reservorio de aislamientos de *S. aureus* resistentes y virulentos, que podrían ser focos infecciosos para la transmisión de este patógeno entre los estudiantes y los pacientes. Frente a este tipo de aislamientos, las opciones terapéuticas son limitadas, complicando en gran medida el cuadro clínico de los pacientes, que se infectan mediante contaminación cruzada en aquellas áreas comunitarias y hospitalarias en las que los estudiantes de Enfermería realizan sus prácticas. Considerando impensable prescindir hoy en día del uso de los teléfonos móviles en la asistencia sanitaria, recomendamos limpiar y desinfectar las superficies de dichos dispositivos

para evitar la propagación de este patógeno e instaurar protocolos de desinfección.

Financiación

Este artículo ha sido desarrollado por parte del Grupo de Investigación en Genética y Biología Molecular de Microorganismos de la Universidad Católica de Cuenca (GI-GyBM2). Los autores indican que para el desarrollo de esta investigación los fondos fueron entregados por la Universidad Católica de Cuenca como parte del proyecto de investigación denominado «Detección de genes de resistencia y virulencia de *Staphylococcus aureus* aislados en pantallas de celulares del personal de salud de un hospital de Cuenca-Ecuador, 2021».

Conflicto de intereses

Los autores de este artículo declaran que no existe conflicto de intereses.

Agradecimientos

A la Universidad Católica de Cuenca por facilitarnos los equipos, suministros y el Laboratorio de Biología Molecular y Genética del CIITT, necesarios para desarrollar esta investigación. A la vez también agradecer a los estudiantes de último año de Enfermería (2023) de la Universidad de Cuenca por permitirnos recolectar las muestras de las superficies de los teléfonos móviles.

Bibliografía

1. Abdalla AE, Kabashi A, Elobaid M, Haj Hamed N, Modawry W, Alameen A, Abdalla K, Ejaz H. Methicillin and inducible clindamycin-resistant *Staphylococcus aureus* isolated from postoperative wound samples. J Pure Appl Microbiol. 2019;13:1605–9, <http://dx.doi.org/10.22207/JPAM.13.3.33>.
2. Andrade CF, Orellana P, Reinoso N, González L, Toledo K, Vélez P. Detection of *blaZ* and *mecA* genes and antimicrobial susceptibility in *Staphylococcus aureus* colonizing multipurpose boxes of dentistry students. Genet Mol Res. 2023;22:GMR19119, <http://dx.doi.org/10.4238/gmr19119>.
3. Baz AA, Bakhiet E, Abdul-Raouf U, Abdelkhalek A. Prevalence of enterotoxin genes (sea to see) and antibacterial resistant pattern of *Staphylococcus aureus* isolated from clinical specimens in Assiut city of Egypt. Egypt J Med Human Genet. 2021;22:84, <http://dx.doi.org/10.1186/s43042-021-00199-0>.
4. Becker K, Denis O, Roisin S, Mellmann A, Iidelevich EA, Knaack D, van Alen S, Kriegeskorte A, Köck R, Schaumburg F, Peters G, Ballhausen B. Detection of *mecA*- and *mecC*-positive methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) isolates by the New Xpert MRSA Gen 3 PCR assay. J Clin Microbiol. 2016;54:180–4, <http://dx.doi.org/10.1128/JCM.02081-15>.
5. Blot S, Ruppé E, Harbarth S, Asehnoun K, Poulakou G, Luyt CE, Rello J, Klompas M, Depuydt P, Eckmann C, Martin-Loeches I, Povoia P, Bouadma L, Timsit JF, Zahar JR. Healthcare-associated infections in adult intensive care unit patients: Changes in epidemiology, diagnosis, prevention and contributions of new technologies. Intensive Crit Care Nurs. 2022;70:103227, <http://dx.doi.org/10.1016/j.iccn.2022.103227>.
6. Clinical & Laboratory Standards Institute. M100Ed34 | Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility

- Testing, 34th edition. Disponible en: <https://clsi.org/standards/products/microbiology/documents/m100/>
7. Cruz AR, van Strijp JAG, Bagnoli F, Manetti AGO. Virulence gene expression of *Staphylococcus aureus* in human skin. *Front Microbiol.* 2021;12:692023, <http://dx.doi.org/10.3389/fmicb.2021.692023>.
8. Ghosh S, Banerjee M. Methicillin resistance & inducible clindamycin resistance in *Staphylococcus aureus*. *Indian J Med Res.* 2016;143:362–4, <http://dx.doi.org/10.4103/0971-5916.182628>.
9. Pacheco MA, Orellana P, Andrade C, Torracchi J. Virulence genes in *Staphylococcus aureus* isolated from cell phone screens of dentistry students in Cuenca-Ecuador. *Genet Mol Res.* 2021;20:GMR18928, <http://dx.doi.org/10.4238/gmr18928>.
10. Rasheed H, Ijaz M, Ahmed A, Javed MU, Shah SFA, Anwaar F. Discrepancies between phenotypic and genotypic identification methods of antibiotic resistant genes harboring *Staphylococcus aureus*. *Microb Pathog.* 2023;184:106342, <http://dx.doi.org/10.1016/j.micpath.2023.106342>.
11. Rodríguez CA, Vesga O. Vancomycin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Biomed.* 2005;25:575–87, <http://dx.doi.org/10.7705/biomedica.v25i4.1384>.
12. Saba CKS, Naa-Inour F, Kpordze SW. Antibiotic resistance pattern of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* and *Escherichia coli* from mobile phones of healthcare workers in public hospitals in Ghana. *Pan Afr Med J.* 2022;41:259, <http://dx.doi.org/10.11604/pamj.2022.41.259.29281>.
13. Shiluli C, Achok C, Nyaswa P, Ogwai S, Aroko A, Obila J, Koigi G, Ridhwana M, Okwayo B, Wanjiru D, Lukeba L, Ryckaert E, Van Durme A, Walschaerts V, De Preter V. Antimicrobial sensitivity patterns of *Staphylococcus* species isolated from mobile phones and implications in the health sector. *BMC Res Notes.* 2021;14:1, <http://dx.doi.org/10.1186/s13104-020-05413-7>.
14. Tajouri L, Campos M, Olsen M, Lohning A, Jones P, Moloney S, Grimwood K, Ugail H, Mahboub B, Alawar H, McKirdy S, Alghafri R. The role of mobile phones as a possible pathway for pathogen movement, a cross-sectional microbial analysis. *Travel Med Infect Dis.* 2021;43:102095, <http://dx.doi.org/10.1016/j.tmaid.2021.102095>.
15. Weiss S, Holtfreter S, Meyer TC, Schmiedeke F, Cammann C, Dörr M, Felix SB, Grabe HJ, Homuth G, Kohler C, Mahncke C, Michalik S, Nauck M, Friedrich N, Samietz S, Völzke H, Völker U, Bröker BM. Toxin exposure and HLA alleles determine serum antibody binding to toxic shock syndrome toxin 1 (TSST-1) of *Staphylococcus aureus*. *Front Immunol.* 2023;14:1229562, <http://dx.doi.org/10.3389/fimmu.2023.1229562>.