

Artículo Original

Bacteriología

Kasmera 49(2):e49236626, 2021

ISSN 0075-5222 E-ISSN 2477-9628

<https://doi.org/10.5281/zenodo.5568852>



Detección de *Staphylococcus aureus* y expresión de genes de virulencia de cepas provenientes de superficies hospitalarias

Detection of Staphylococcus aureus and expression of virulence genes of strains from hospital surfaces

Villalta-Calderón David Israel¹, Orellana-Bravo Paola Patricia², Andrade-Tacuri Carlos Fernando²

¹Universidad Católica de Cuenca. Unidad Académica de Salud y Bienestar. Carrera de Bioquímica y Farmacia. Maestría en Diagnóstico de Laboratorio Clínico y Molecular. Cuenca-Azuay. Ecuador. ²Universidad Católica de Cuenca. Unidad Académica de Salud y Bienestar. Carrera de Odontología. Centro de Investigación Innovación y Transferencia de Tecnología. Laboratorio de Genética y Biología Molecular. Cuenca-Azuay. Ecuador.

Resumen

Staphylococcus aureus es considerado uno de los patógenos de mayor importancia en la práctica clínica diaria. Su patogenicidad está relacionada con la producción de determinantes de virulencia que incluyen factores de adherencia celular y secreción de toxinas. Se recolectaron 200 muestras de superficies ambientales de diferentes servicios hospitalarios, con la finalidad de detectar *S. aureus* e identificar genes que codifican para hemolisinas (*hla*, *hly*, *hld*, *hlg*), TSST-1 (*tst*) y PVL (*lukF/lukS*). La frecuencia de aislamiento fue de 3%; 6/200. La distribución fue la siguiente: emergencia (2), rayos X (1), ecografía (1), odontología (1) y vestidores (1). Los genes *hla* y *hld* fueron los más frecuentes (67% cada uno), *tst* se obtuvo en la mitad de las cepas y *hlg* se identificó en menor proporción (33%). No se detectaron genes para PLV y hemolisina β. En cada aislamiento se obtuvo dos o más genes de virulencia. Los perfiles genéticos fueron los siguientes: *hla/hld* (1 cepa), *tst/hla/hld* (1 cepa), *tst/hla/hld/hlg* (2 cepas). Aunque la frecuencia de *S. aureus* fue baja, no se debe desestimar la importancia de los ambientes hospitalarios como reservorio y fuente de transmisión; más aún, si se considera que las cepas portaban combinaciones de genes para la TSST-1 y hemolisinas.

Palabras claves: *Staphylococcus aureus*, virulencia, genes, ambiente de instituciones de salud.

Abstract

Staphylococcus aureus is considered one of the most important pathogens in daily clinical practice. Its pathogenicity is related to the production of virulence determinants that include factors of cell adhesion and secretion of toxins. We collected 200 samples of environmental surfaces from different hospital services, to detect *S. aureus* and identify genes coding for hemolysins (*hla*, *hly*, *hld*, *hlg*), TSST-1 (*tst*) and PVL (*lukF/lukS*). The frequency of isolation was 3% (6/200). The distribution was as follows: emergency (2), X-rays (1), ultrasound (1), dentistry (1) and dressing rooms (1). The *hla* and *hld* genes were the most frequent (67% each one), *tst* was obtained in half of the strains and *hlg* was identified in a smaller proportion (33%). No genes were detected for PLV and hemolysin β. In each isolation, two or more virulence genes were obtained. The genetic profiles were as follows: *hla/hld* (1 strain), *tst/hla/hld* (1 strain), *tst/hla/hld/hlg* (2 strains). Although *S. aureus* was isolated with a low frequency, the importance of hospital environments as a reservoir and source of transmission should not be dismissed; moreover, if one considers that the strains carried combinations of genes for TSST-1 and hemolysins.

Keywords: *Staphylococcus aureus*, virulence, genes, environmental of health care institutions.

Recibido: 29/08/2021

Aceptado: 03/10/2021

Publicado: 18/10/2021

Como Citar: Villalta-Calderón DI, Orellana-Bravo PP, Andrade Tacuri CF. Detección de *Staphylococcus aureus* y expresión de genes de virulencia de cepas provenientes de superficies hospitalarias. *Kasmera*. 2021;49(2): e49236626. doi: 10.5281/zenodo.5568852

Autor de Correspondencia: Villalta-Calderón David Israel. E-mail: divillaltac@gmail.com

Una lista completa con la información detallada de los autores está disponible al final del artículo.

©2021. Los Autores. **Kasmera**. Publicación del Departamento de Enfermedades Infecciosas y Tropicales de la Facultad de Medicina. Universidad del Zulia. Maracaibo-Venezuela. Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la licencia Creative Commons atribución no comercial (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>) que permite el uso no comercial, distribución y reproducción sin restricciones en cualquier medio, siempre y cuando la obra original sea debidamente citada.



Introducción

Staphylococcus aureus es una bacteria ampliamente diseminada a nivel global, considerado uno de los patógenos de mayor importancia en la práctica clínica diaria capaz de provocar una amplia gama de enfermedades, ya sea por acción directa o mediante el efecto de sus toxinas (1). Su patogenicidad está relacionada con la producción de determinantes de virulencia que incluyen factores de adherencia celular y secreción de toxinas; los cuales contribuyen a la patogénesis de la infección y están controlados por complejos mecanismos de regulación. Esta fina red regulatoria sería la clave en la patogénesis de la enfermedad estafilocócica que puede conducir a la cronicidad y que, al mismo tiempo, permite la adaptación del microorganismo a los cambios del microambiente durante el curso de la infección (2,3).

S. aureus produce diversas proteínas extracelulares y toxinas involucradas en enfermedades estafilocócicas. Dentro de las proteínas de membranas activas están las hemolisinas y leucocidinas. Las hemolisinas (alfa, beta, gamma, delta), tienen capacidad hemolítica y citolítica para células sanguíneas, plaquetas y células endoteliales. La leucocidina de Pantón-Valentine (PVL, por sus siglas en inglés) codificada por los genes co-transcritos *lukF/lukS-PV*, está presente en un 5% de los aislamientos clínicos de *S. aureus* (4). La PVL es altamente virulenta y a menudo se asocia con infecciones recurrentes de piel y tejidos blandos y neumonía necrotizante. La mortalidad debido a neumonía necrotizante positiva a la PVL es alta (40-60%); esto se debe a los efectos citotóxicos para los neutrófilos, monocitos y macrófagos (5).

En la virulencia de *S. aureus* también están implicadas la toxina 1 del síndrome del choque tóxico (TSST-1, por sus siglas en inglés) y las enterotoxinas estafilocócicas (ET). Las ET son producidas por 30 a 50% de las cepas de *S. aureus*, y se asocian con intoxicaciones alimentarias y enterocolitis (4). La TSST-1, codificada por el gen *tst*, afecta las células del sistema inmunológico e induce la liberación de interleucina y factor de necrosis tumoral-alfa (TNF- α) y la proliferación inespecífica de células T, lo que puede llevar a una enfermedad grave y potencialmente mortal en los seres humanos, conocida como síndrome de Shock Tóxico (6).

S. aureus es un microorganismo presente en múltiples ambientes, pero, especialmente, se lo identifica como responsable de numerosas infecciones intrahospitalarias. Ha sido aislado de quirófanos, áreas de cuidados intensivos y dispositivos médicos, entre otros (7,8). Diversas áreas que rodean al paciente, tales como: aire, agua sanitaria que entra en contacto con el propio paciente, con el personal de salud y con los dispositivos médicos, comidas, superficies inertes, instrumentos que contactan con piel y mucosas del paciente y soluciones de administración intravenosas, constituyen potenciales reservorios y fuentes de transmisión de infecciones a nivel hospitalario (2).

Cerca del 50% de las infecciones intrahospitalarias son producidas por *S. aureus* cuyo hábitat son las fosas nasales, la faringe y la piel de portadores asintomáticos, quienes pueden convertirse en transmisores de persona-persona o fácilmente diseminarlo a cualquier superficie (10). La diseminación de los microorganismos en el ambiente hospitalario tiene causas multifactoriales, a menudo se origina a partir de contaminación cruzada; la forma más común de transferencia de patógenos es través de las manos de los profesionales de salud y de la microbiota de los pacientes. No obstante, el medio ambiente hospitalario puede contribuir con la diseminación de patógenos. Estudios ambientales han demostrado que pacientes admitidos en habitaciones donde habían sido tratados pacientes infectados resultaron colonizados por el mismo microorganismo (11).

El riesgo que representa para el sistema sanitario global la transmisión de cepas virulentas de *S. aureus* por individuos asintomáticos y las crecientes evidencias de que una de las formas más fáciles de diseminación es a través de múltiples instrumentos de trabajo y accesorios personales (12), justifican la realización de estudios para evidenciar su presencia en superficies hospitalarias y dispositivos de uso médico e identificar los genes asociados con su virulencia. Por lo tanto, esta investigación tiene como objetivo detectar *S. aureus* y caracterizar genes de virulencia para exotoxinas en aislamientos obtenidos de superficies hospitalarias en un centro de salud de Cuenca-Ecuador.

Métodos

Tipo y diseño de la investigación: la investigación realizada fue de tipo no experimental descriptiva, cuantitativa de corte transversal.

Población y muestra: el universo objeto de estudio estuvo constituido por las diferentes áreas que conforman los servicios hospitalarios de un centro de salud de Cuenca-Ecuador. Se recolectaron 200 muestras distribuidas de la siguiente forma: 12 de emergencia, 34 de hospitalización, 4 de vestidores, 5 de cafetería, 6 de quirófano-vestidor, 5 de enfermería-quirófano, 1 de sala de recuperación, 14 de quirófano 1, 6 quirófano 6, 13 de quirófano 2, 20 de Laboratorio Clínico, 20 de rayos X, 41 de odontología, 10 de ecografía y 9 de baño de mujeres.

Las muestras se obtuvieron rotando un hisopo estéril humedecido con caldo soya tripticasa sobre determinadas superficies de diferentes áreas hospitalarias; una vez recolectados, los especímenes fueron trasladados al laboratorio de Biología Molecular y Genética del Centro de Investigación, Innovación y Transferencia de Tecnología, Universidad Católica de Cuenca, para su procesamiento.

Criterios de inclusión: en este estudio se incluyeron las superficies de aquellas áreas hospitalarias en las cuales no se aplicó ningún proceso de limpieza o desinfección, en las 24 horas previas a la toma de la muestra.

Criterios de exclusión: se excluyeron las superficies ambientales cuya carga microbiana pudiera encontrarse considerablemente reducida, debido a la aplicación de proceso de higienización y desinfección, durante las 24 horas anteriores al muestreo.

Metodología:

Aislamiento e identificación de *S. aureus*: antes de su inoculación en medios de cultivo las muestras fueron incubadas en aerobiosis a 37°C por 24 horas. Transcurrido este período se sembraron en Agar Manitol salado (medio selectivo para *Staphylococcus*) y se incubaron entre 24 y 48 horas en estufa a 37°C. La identificación presuntiva se realizó según la fermentación del manitol, la morfología colonial y la morfología celular. Para la identificación genética de *S. aureus* se detectaron los genes *nuc*, *nuca* y *femB*, siguiendo el protocolo descrito por Handan y col (13).

Extracción de ADN: para la extracción de ADN de las cepas de *S. aureus* se utilizó una solución de lisis formada

por Dodecilsulfato sódico (SDS) al 1% en NaOH 0.25N y se sometió a ebullición. Con un asa bacteriológica se tomó una porción de las colonias y se procedió a suspender en 1ml de agua destilada estéril en tubos Eppendorf. A continuación, se centrifugó por 10 minutos a 3000 rpm y se descartó el sobrenadante. Seguidamente, se agregó 50µl de solución de lisis, se mezcló con un vortex y se colocaron los tubos en un termo bloque a 100°C por 15 minutos, luego se agregó 450µl de agua libre de nucleasas y se centrifugó por 20 segundos para obtener ADN total (14). El ADN extraído se conservó a -20°C.

Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR): las reacciones de PCR para la detección de los genes *tst*, *lukS-PV*, *lukF-PV*, *hla*, *hly*, *hld* y *hlg* se realizó siguiendo la metodología descrita por Jarraud y col. (15). Los primers y condiciones de la PCR se detallan en la [Tabla 1](#). La visualización de los amplicones se realizó por electroforesis horizontal en gel de Agarosa al 1.5% con TAE 1X, según el protocolo descrito por Lina y col. (16).

Tabla 1. Toxinas, genes, primer y condiciones de PCR

Toxinas	Genes	Primers 5'-3'	Condiciones de Amplificación
TSST-1	<i>tst</i>	F: TTCACTATTTGTA AAAAGTGCAGACCCACT R: TACTAATGAATTTTTATCGTAAGCCCTT	Desnaturalización: 5 min. a 95°C. 30 ciclos de: 94°C 1 min 55°C 1 min para alineamiento 72°C 1 min para extensión 72°C 10 min para elongación final
PVL	<i>lukS-PV</i>	F: ATCATTAGGTAAAATGTCTGGACATGATCCA R: GCATCAASTGTATTGGATAGCAAAAAGC	
	<i>lukF-PV</i>	F: TCATTAGGTAAAATGTCTGGACATGATCCA R: GCATCAASTGTATTGGATAGCAAAAAGC	
Hemolisinas	<i>hla</i>	F: CTGATTACTATCCAAGAAATTCGATTG R: CTTCCAGCCTACTTTTTATCAGT	
	<i>hly</i>	F: GTGCACCTACTGACAATAGTGC R: GTTGATGAGTAGCTACCTTCAGT	
	<i>hld</i>	F: AAGAATTTTTATCTTAATTAAGGAAGGAGTG R: TTAGTGAATTTGTTCACTGTGTCGA	
	<i>hlg</i>	F: GCCAATAAGTTATTAGAAAATGC R: CCATAGACGTAGCAACGGAT	

Análisis estadístico: El análisis estadístico se llevó a cabo mediante estadística descriptiva, se generó una base de datos en el programa IBM SPSS Statistics versión 25.0. los resultados obtenidos se presentaron en tablas y figuras. Para establecer asociación entre las variables se realizó la prueba de Chi Cuadrado con un valor de significancia de 0.05, obteniendo un valor de significación asintótica de Chi de 0.306.

Aspectos bioéticos: la presente investigación se basó en las normas éticas para la investigación. Se contó con la carta de autorización de la gerencia del centro de salud para el muestreo. Los datos son resguardados siendo usados exclusivamente por el investigador para los fines declarados en esta investigación. Los resultados presentados son totalmente anónimos y los datos fueron codificados de modo que se aseguró la privacidad de la información.

Resultados

En este estudio, la frecuencia de muestras positivas para *S. aureus* obtenidas a partir de las superficies ambientales analizada fue de 3% (6/200). Como puede observarse en la [Tabla 2](#), aunque el número de aislamientos es bajo se encuentran distribuidos en varios servicios hospitalarios. Los genes para la producción de hemolisina σ (*hla*) y hemolisina δ (*hld*), acompañados por el gen codificante de la TSST-1 fue la combinación más frecuentemente detectada.

La [Tabla 3](#) muestra los porcentajes de positividad para *S. aureus* tomando en consideración el número de muestras recolectadas en cada servicio. Se observa un bajo porcentaje de aislamiento en el servicio de odontología a pesar de ser el área donde se recolectó en mayor número de especímenes; mientras que, en los vestidores, aunque el número de muestras es bajo, se obtuvo una importante frecuencia de este microorganismo. Para evaluar la asociación entre la

variable sitio de muestreo y hallazgo de *S. aureus* se realizó la prueba estadística Chi Cuadrado. El valor $p > 0,05$ obtenido indica que estas variables son independientes, por lo tanto, no se establece una relación entre las variables.

La distribución de los genes de virulencia analizados en los aislamientos de *S. aureus* se observa en la [Figura 1](#). No se hallaron los genes: *lukS/lukF* que codifican para la PVL ni el gen *hly* para la producción de β -hemolisina.

Tabla 2. Características de las cepas ambientales de *S. aureus* en este estudio

Cepa	Origen de la muestra	Servicio	Genes de virulencia detectados
2	Camilla	Emergencia	<i>tst, hld, hlg</i>
10	Camilla	Emergencia	-
49	Casillero	Vestidores	<i>tst, hla, hld, hlg</i>
122	Mouse de computadora	Rayos X	-
148	Manilla de puerta	Ecografía	<i>hla, hld</i>
189	Mouse de computadora	Odontología	<i>tst, hla, hld</i>

Tabla 3. Frecuencia de aislamiento *S. aureus* por servicio hospitalario

Servicio	No de cepas/No de muestras (n/N)	Positividad (%)
Emergencia	2(12)	16,6
Rayos X	1(20)	5,0
Odontología	1(41)	2,4
Ecografía	1(10)	10
Vestidores	1(4)	25
Otros	0/113	-
Total	6(200)	3

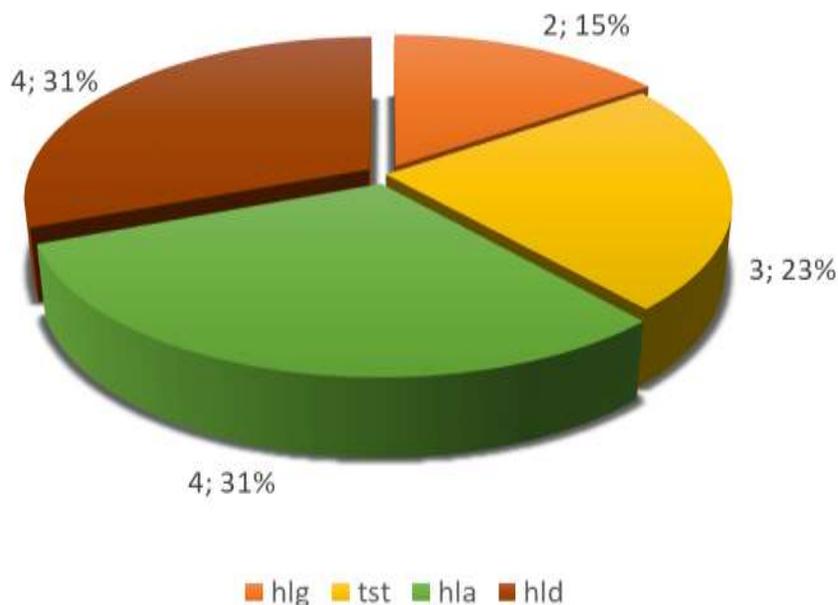


Figura 1. Distribución de genes de virulencia en cepas ambientales de *S. aureus* (n=6)

En la [Figura 2](#) se presenta la identificación molecular por técnica de PCR de los genes que codifican para la TSST-1 y hemolisinas (σ , β , γ). En 2 (33%) de las seis cepas evaluadas no se evidenció la presencia de estos genes;

mientras que, en 4 (67%) aislamientos se obtuvo dos o más genes de virulencia. Los perfiles genéticos obtenidos fueron los siguientes: *hla/hld* (1 cepa), *tst/hla/hld* (1 cepa), *tst/hla/hld/hlg* (2 cepas).

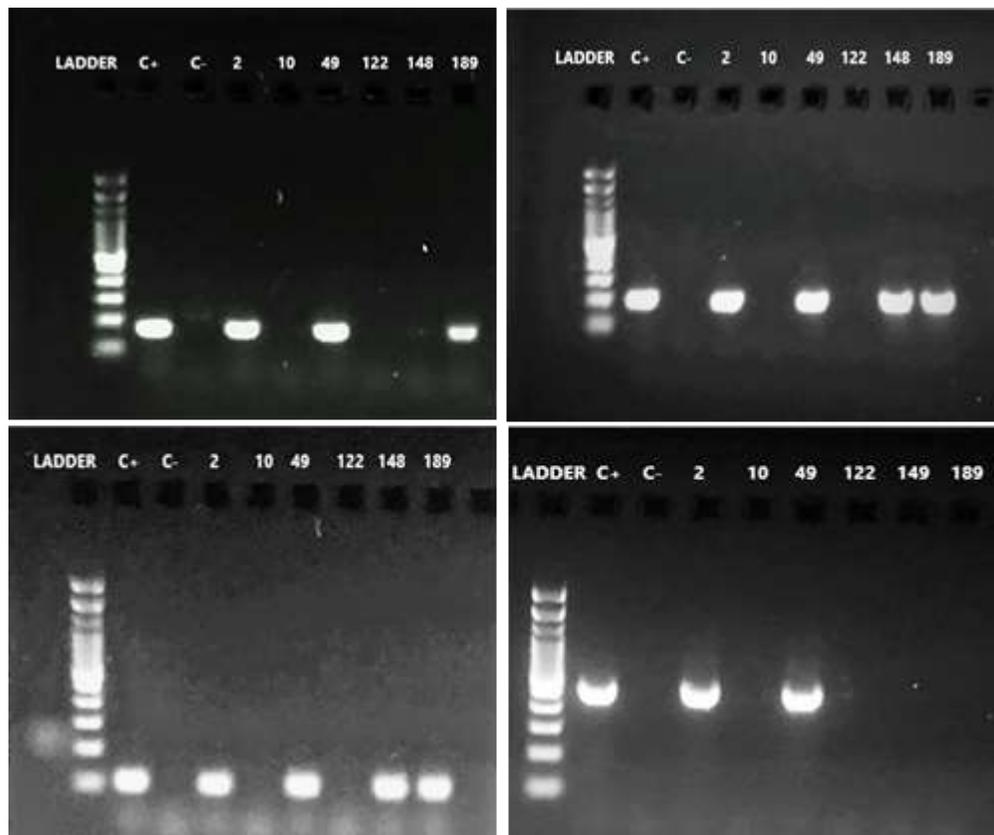


Figura 2. Detección de genes de virulencia de *S. aureus*. Ladder (100pb): marcador de PM; C+: A) Cepa ATCC 43300. B) Cepa ATCC 25923. C) Cepa ATCC 25923. D) Cepa ATCC 33592; C-: *Aggregatibacter*. A) gen *tst* (180pb): cepas positivas: 2, 49 y 189. B) gen *hla* (209pb): cepas positivas: 2, 49, 148 y 189. C) gen *hld* (309pb): cepas positivas: 2, 49, 148, 189. D) gen *hlg* (535pb): cepas positivas: 2 y 49.

Discusión

Los centros hospitalario alberga una variedad de microorganismos cuyas características de supervivencia a las condiciones del medio ambiente y producción de determinantes de virulencia los convierten en patógenos implicados en infecciones intrahospitalarias graves; sobre todo, en áreas donde los pacientes tienen condiciones médicas críticas las cuales comprometen su sistema inmunológico y los predisponen a adquirir procesos infecciosos que pueden prolongar su estancia hospitalaria y comprometer su vida.

Uno de los factores a considerar en la incidencia de infecciones asociadas a los cuidados de salud es el nivel de limpieza microbiológica del área alrededor del paciente. Se ha demostrado que aproximadamente el 20% de los pacientes se contaminan con patógenos intrahospitalarios provenientes del medioambiente que los rodea (12).

S. aureus, un importante patógeno intrahospitalario comúnmente hallado en superficies y dispositivos médicos, fue aislado en un bajo porcentaje de muestras

de las superficies ambientales analizadas (3%; 6/200). Siendo los vestidores y el servicio de emergencia donde se obtuvo la mayor positividad. Hallazgos similares han sido reportados por Oliva y col (18), quienes recuperaron esta bacteria en 4% de los estetoscopios utilizados por el personal médico de un hospital de Perú. Otros investigadores (Andrade y col (14), Chávez y col (11), Gharsa y col (12)) analizaron la contaminación por *S. aureus* en diferentes servicios hospitalarios y reportaron resultados ligeramente superiores que oscilan entre 6-12%.

Evaluaciones de la contaminación de superficies ambientales, equipos médicos y fómites, realizadas en hospitales de diversas áreas geográficas arrojan resultados discrepantes con los hallados en este estudio. Así, Al-Abdli y col (20), en un hospital de Libia, aisló *S. aureus* en 25% de las muestras de diversas salas; siendo la UCI y las unidades médicas donde obtuvo el mayor número de cepas. Por otra parte, Nkuwi y col (21), en un hospital de Dar es Salaam-Tanzania, reportó esta bacteria en 19,5% de las muestras obtenidas de superficies de alto contacto con las manos. Otra investigación dirigida por Rivera (22), en un hospital peruano, publicaron 26% de *S. aureus* en

especímenes ambientales obtenidos de los servicios de Cirugía y Obstetricia.

Estudios microbiológicos han demostrado que las variaciones en el aislamiento de microorganismos intrahospitalarios están relacionadas con la capacidad de persistencia de estos organismos sobre superficies secas; de hecho, *S. aureus* es capaz de mantenerse viable entre 7 días a más de 12 meses en áreas con extrema desecación y soportar temperaturas extremas. Además, la formación de biopelículas en las superficies inanimadas del ambiente hospitalario puede proveer un mecanismo de supervivencia de las células vegetativas por prolongados períodos (23).

En este estudio, *S. aureus* fue aislado de superficies de alto contacto con las manos (camillas y manillas de puertas) ubicadas en la sala de emergencia; y en objetos que no entran en contacto directo con el paciente (casilleros y mouse de computadoras) localizados en vestidores y servicios de rayos X. Otros investigadores(14,18,21,23-26) han recuperado este microorganismo en camas, camillas, carros quirúrgicos, manillas de puertas, mesas laterales, sillas médicas, equipos e instrumentos médicos, accesorios de computadoras ,teléfonos celulares, ropas de cama y cortinas.

La presencia de determinantes genéticos de virulencia ha sido ampliamente analizada en aislamientos clínicos de *S. aureus*. No así, en cepas obtenidas de superficies ambientales hospitalarias, en las cuales un limitado número de investigaciones han sido desarrolladas con la finalidad de detectar genes virulencia. En la presente investigación, los genes que codifican para las hemolisinas α (*hla*) y δ (*hld*) fueron los más frecuentes (67% cada uno), *tst* (para la toxina TSST-1) se obtuvo en la mitad de los aislamientos y *hlg* (para la hemolisina γ) se identificó en menor proporción (33%). No se detectaron genes para PLV y hemolisina β .

El análisis de determinantes genéticos de virulencia de cepas de *S. aureus* obtenidas de muestras ambientales por Gharsa y col (19), en un hospital de Tunes, arroja resultados concordantes para los genes *tst* (50%) y *hlg* (42%); de igual modo, no se identificaron genes para la PVL. Por otra parte, se observa una notable discrepancia con los genes *hla* y *hld*, los cuales estuvieron presentes en el 100% de los aislamientos; además detectaron 33% de genes para hemolisina β . Otros investigadores (22), en superficies y equipos odontológicos obtuvieron un 70% de cepas con el gen *tst* y 15% con los genes *lukS/lukF-PV*.

Con base en los resultados de este estudio se puede concluir que, aunque la frecuencia de aislamiento de *S. aureus* fue baja, lo cual hace presumir la aplicación de adecuados protocolos de limpieza y desinfección, no se debe desestimar la importancia de los ambientes hospitalarios como reservorio y posible fuente de transmisión de este microorganismo. Mas aún, si se considera el hecho de que los aislamientos de *S. aureus* obtenidos se caracterizaron por ser portadores, en su mayoría, de una combinación de genes que codifican

para la producción de la TSST-1 y hemolisinas; la primera responsable de un cuadro clínico severo conocido como síndrome de choque tóxico y las segundas relacionadas con la capacidad del microorganismo de producir toxinas citolíticas que destruyen células sanguíneas, plaquetas y células endoteliales.

Se recomienda mantener una constante vigilancia microbiológica de las superficies ambientes hospitalarias, a fin de detectar posibles contaminaciones por *S. aureus* y otros patógenos productores de infecciones asociadas a cuidados de salud. Esto permite, además, controlar y mejorar las posibles fallas en los procesos de higienización y desinfección, sobre todo, en áreas críticas como quirófanos y unidades de cuidado intensivo.

Conflicto de Relaciones y Actividades

Los autores declaran no presentar conflictos de relaciones y actividades durante la realización del estudio.

Financiamiento

El presente proyecto de investigación no fue patrocinado por ninguna entidad, el mismo fue autofinanciado.

Agradecimientos

A la Universidad Católica de Cuenca por permitir el uso de su Laboratorio de Biología Molecular, Al Q.F. Jonnathan Gerardo Ortiz Tejedor MSc. por su constante apoyo en el desarrollo del presente proyecto investigativo.

Referencias Bibliográficas

1. Álvarez Lam I, Ponce Bittar J. *Staphylococcus aureus*, evolución de un viejo patógeno. Rev Cubana Pediatr [Internet]. 2012;84(4):383-91. Disponible en: http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0034-75312012000400007
2. Li X, Huang T, Xu K, Li C, Li Y. Molecular characteristics and virulence gene profiles of *Staphylococcus aureus* isolates in Hainan, China. BMC Infect Dis [Internet]. 2019;19(1):873. Disponible en: <https://doi.org/10.1186/s12879-019-4547-5> DOI: [10.1186/s12879-019-4547-5](https://doi.org/10.1186/s12879-019-4547-5) PMID [31640587](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31640587/) PMCID [PMC6805582](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/PMC6805582/)
3. Jenul C, Horswill AR. Regulation of *Staphylococcus aureus* Virulence. Microbiol Spectr [Internet]. 2019;7(2):7.2.29. Disponible en: <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.GPP3-0031-2018> DOI: [10.1128/microbiolspec.GPP3-0031-2018](https://doi.org/10.1128/microbiolspec.GPP3-0031-2018) PMID [30953424](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30953424/) PMCID [PMC6452892](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/PMC6452892/)
4. Cervantes-García E, García-González R, Salazar-Schettino P. Características generales del *Staphylococcus aureus*. Rev Mex Patol Clin Med Lab.

- [Internet] 2014;61 (1): 28-40. Disponible en: <https://www.medigraphic.com/pdfs/patol/pt-2014/pt141e.pdf>
5. Yamuna DB, Francis YI, Priya Doss G, Balaji V. Molecular characterization of Pantone-Valentine leukocidin (PVL) toxin-encoding phages from South India. *New Microbes New Infect* [Internet]. 2017;20:34-8. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2052297517300689> DOI: [10.1016/j.nmni.2017.08.005](https://doi.org/10.1016/j.nmni.2017.08.005) PMID [29158906](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29158906/) PMCID [PMC5682882](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/PMC5682882/)
 6. Hakimi Alni R, Mohammadzadeh A, Mahmoodi P, Alikhani MY. Detection of Toxic Shock Syndrome Toxin (TSST) Gene Among *Staphylococcus aureus* Isolated from Patients and Healthy Carriers. *Avicenna J Clin Microbiol Infect* [Internet]. 2018;5(1):14249. Disponible en: <http://ajcmi.umsha.ac.ir/Article/ajcmi-124> DOI: [10.5812/ajcmi.14249](https://doi.org/10.5812/ajcmi.14249)
 7. Paz G, Arana PA, Guzman LA, Rojas LM. Microorganismos ingresados al quirofano en dispositivos electrónicos en un hospital de tercer nivel Cali 2014. *Rev Salud Mov*. 2015;7(2):24-35.
 8. Santana-Padilla YG, Santana-Cabrera L, Dorta-Hung ME, Molina-Cabrillana MJ. Presencia de microorganismos en teléfonos móviles del personal de cuidados intensivos de un hospital de España. *Rev Peru Med Exp Salud Publica* [Internet]. 2019;36(4):676-80. Disponible en: http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1726-46342019000400017 DOI: [10.17843/rpmesp.2019.364.4421](https://doi.org/10.17843/rpmesp.2019.364.4421) PMID [31967261](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31967261/)
 9. López-Cerero L. Papel del ambiente hospitalario y los equipamientos en la transmisión de las infecciones nosocomiales. *Enferm Infecc Microbiol Clin* [Internet]. 2014;32(7):459-64. Disponible en: <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0213005X13003108> DOI: [10.1016/j.eimc.2013.10.004](https://doi.org/10.1016/j.eimc.2013.10.004) PMID [24315300](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24315300/)
 10. Espinosa González CT, Romero Vanegas MK, Rincón Cruz G, Jácome Bohórquez M, Arámbula de Obregón AL. Portadores nasales de *Staphylococcus aureus* en personal que labora en un Hospital de Santander. *Rev Univ Ind Santander Salud* [Internet]. 2011;43(2):111-7. Disponible en: <https://revistas.uis.edu.co/index.php/revistasaluduis/article/view/2392>
 11. Chávez-Vivas M, Martínez A del C, Esparza-Mantilla M. Caracterización de *Staphylococcus aureus* obtenido del ambiente hospitalario y del personal de salud en un hospital de la ciudad de Cali. *Biosalud* [Internet]. 2017;16(2):22-33. Disponible en: http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S1657-95502017000200022&lng=en&nrm=iso&tlng=es DOI: [10.17151/biosa.2017.16.2.3](https://doi.org/10.17151/biosa.2017.16.2.3)
 12. Castaño Jiménez PA, Sánchez Ramírez MC, Echeverry Moreno PA, Aguirre OL. Determinación de bacterias patógenas en teléfonos celulares del personal de salud en un hospital de la ciudad de Manizales. *Microciencia*. 2017;6:51-60. Disponible en: <https://revistas.unilibre.edu.co/index.php/microciencia/article/view/3660> DOI: [10.18041/2323-0320/microciencia.0.2017.3660](https://doi.org/10.18041/2323-0320/microciencia.0.2017.3660).
 13. Hamdan-Partida A, González García S, Bustos-Martínez J. Identificación de *Staphylococcus aureus* utilizando como marcadores los genes *nucA* y *femB*. *Ciencias Clínicas* [Internet]. 2015;16(2):37-41. Disponible en: <https://www.elsevier.es/es-revista-ciencias-clinicas-399-articulo-identificacion-staphylococcus-aureus-utilizando-como-S166513831600015X> DOI: [10.1016/j.cc.2016.02.002](https://doi.org/10.1016/j.cc.2016.02.002)
 14. Andrade T C, Orellana B P. Frecuencia y susceptibilidad a penicilina y meticilina de aislamientos ambientales de *Staphylococcus aureus* en un hospital de Cuenca. *Kasmera* [Internet]. 2019;47(2):123-30. Disponible en: <https://produccioncientificaluz.org/index.php/kasmera/article/view/27470> DOI: [10.5281/zenodo.3406805](https://doi.org/10.5281/zenodo.3406805)
 15. Jarraud S, Mougél C, Thioulouse J, Lina G, Meugnier H, Forey F, et al. Relationships between *Staphylococcus aureus* Genetic Background, Virulence Factors, *agr* Groups (Alleles), and Human Disease. *Infect Immun* [Internet]. 2002;70(2):631-41. Disponible en: <https://doi.org/10.1128/IAI.70.2.631-641.2002> DOI: [10.1128/IAI.70.2.631-641.2002](https://doi.org/10.1128/IAI.70.2.631-641.2002) PMID [11796592](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/11796592/)
 16. Lina G, Piémont Y, Godail-Gamot F, Bes M, Peter M-O, Gauduchon V, et al. Involvement of Pantone-Valentine Leukocidin - Producing *Staphylococcus aureus* in Primary Skin Infections and Pneumonia. *Clin Infect Dis* [Internet]. 1999;29(5):1128-32. Disponible en: <https://doi.org/10.1086/313461> DOI: [10.1086/313461](https://doi.org/10.1086/313461) PMID [10524952](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/10524952/)
 17. Robakowska M, Bronk M, Tyrańska-Fobke A, Ślęzak D, Kraszewski J, Balwicki Ł. Patient Safety Related to Microbiological Contamination of the Environment of a Multi-Profile Clinical Hospital. *Int J Environ Res Public Health* [Internet]. 2021;18(7):3844. Disponible en: <https://www.mdpi.com/1660-4601/18/7/3844> DOI: [10.3390/ijerph18073844](https://doi.org/10.3390/ijerph18073844) PMID [33917580](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33917580/) PMCID [PMC8038759](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/PMC8038759/)
 18. Oliva-Menacho JE, García-Hjarles MA, Oliva-Candela JA, De la Cruz-Roca HS. Contaminación con bacterias patógenas de estetoscopios del personal médico en un hospital de nivel III en Lima, Perú. *Rev Medica Hered* [Internet]. 2016;27(2):83-8. Disponible en: <https://revistas.upch.edu.pe/index.php/RMH/article/view/2842> DOI: [10.20453/rmh.v27i2.2842](https://doi.org/10.20453/rmh.v27i2.2842)
 19. Gharsa H, Dziri R, Klibi N, Chairat S, Lozano C, Torres C, et al. Environmental *Staphylococcus aureus* contamination in a Tunisian hospital. *J Chemother* [Internet]. 2016;28(6):506-9. Disponible en: <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1179/197394>

- [7815Y.0000000036](https://doi.org/10.1179/1973947815Y.0000000036) DOI: [10.1179/1973947815Y.0000000036](https://doi.org/10.1179/1973947815Y.0000000036) PMID [25968356](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25968356/)
20. E Al-Abdli N, Baiu SH. Isolation of MRSA Strains from Hospital Environment in Benghazi City, Libya. *Am J Infect Dis Microbiol* [Internet]. 2021;4(2):41-3. Disponible en: <http://www.sciepub.com/ajidm/abstract/5896> DOI: [10.12691/ajidm-4-2-4](https://doi.org/10.12691/ajidm-4-2-4)
21. Nkuwi EJ, Kabanangi F, Joachim A, Rugarabamu S, Majigo M. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* contamination and distribution in patient's care environment at Muhimbili National Hospital, Dar es Salaam-Tanzania. *BMC Res Notes* [Internet]. 2018;11(1):484. Disponible en: <https://bmresnotes.biomedcentral.com/articles/10.1186/s13104-018-3602-4> DOI: [10.1186/s13104-018-3602-4](https://doi.org/10.1186/s13104-018-3602-4) PMID [30016984](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30016984/) PMCID [PMC6050707](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/PMC6050707/)
22. Rivera-Jacinto M, Rodríguez-Ulloa C, Huayán-Dávila G. Frecuencia de aislamientos ambientales de *Staphylococcus aureus* y su actividad beta-lactamasa en un hospital de Cajamarca, Perú. *Infectio* [Internet]. 2009;13(3):192-5. Disponible en: http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0123-93922009000300006&nrm=iso
23. Otter JA, Yezli S, Salkeld JAG, French GL. Evidence that contaminated surfaces contribute to the transmission of hospital pathogens and an overview of strategies to address contaminated surfaces in hospital settings. *Am J Infect Control* [Internet]. 2013;41(5):S6. Disponible en: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0196655313000047> DOI: [10.1016/j.ajic.2012.12.004](https://doi.org/10.1016/j.ajic.2012.12.004) PMID [23622751](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/23622751/)
24. Suleyman G, Alangaden G, Bardossy AC. The Role of Environmental Contamination in the Transmission of Nosocomial Pathogens and Healthcare-Associated Infections. *Curr Infect Dis Rep* [Internet]. 2018;20(6):12. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s11908-018-0620-2> DOI: [10.1007/s11908-018-0620-2](https://doi.org/10.1007/s11908-018-0620-2) PMID [29704133](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29704133/)
25. Katsuse Kanayama A, Takahashi H, Yoshizawa S, Tateda K, Kaneko A, Kobayashi I. *Staphylococcus aureus* surface contamination of mobile phones and presence of genetically identical strains on the hands of nursing personnel. *Am J Infect Control* [Internet]. 2017;45(8):929-31. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.ajic.2017.02.011> DOI: [10.1016/j.ajic.2017.02.011](https://doi.org/10.1016/j.ajic.2017.02.011) PMID [28410827](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28410827/)
26. Chen K-H, Chen L-R, Wang Y-K. Contamination of Medical Charts: An Important Source of Potential Infection in Hospitals. *PLoS One* [Internet]. 2014;9(2):e78512. Disponible en: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0078512> DOI: [10.1371/journal.pone.0078512](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0078512) PMID [24558355](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24558355/)
27. Khairalla AS, Wasfi R, Ashour HM. Carriage frequency, phenotypic, and genotypic characteristics of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolated

from dental health-care personnel, patients, and environment. *Sci Rep* [Internet]. 2017;7(1):7390. Disponible en: <https://doi.org/10.1038/s41598-017-07713-8> DOI: [10.1038/s41598-017-07713-8](https://doi.org/10.1038/s41598-017-07713-8) PMID [28784993](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28784993/)

Autores:

Correspondencia: Villalta-Calderón David Israel (Autor de correspondencia). <https://orcid.org/0000-0002-8742-0467>. Universidad Católica de Cuenca. Unidad Académica de Salud y Bienestar. Carrera de Bioquímica y Farmacia. Maestría en Diagnóstico de Laboratorio Clínico y Molecular. Cuenca-Azuay. Ecuador. Dirección postal: Camino a San Pedro del Cebollar y Francisco Chilche. Código Postal: 010219. Cuenca-Azuay. Ecuador. Teléfono: +593 98 480 8473. E-mail: divillaltac@gmail.com

Orellana-Bravo Paola Patricia. <https://orcid.org/0000-0001-6276-0521>. Universidad Católica de Cuenca. Unidad Académica de Salud y Bienestar. Carrera de Odontología. Laboratorio de Genética y Biología Molecular. Centro de Investigación, Innovación y Transferencia de Tecnología. Cuenca-Azuay. Ecuador. E-mail: porellana@ucacue.edu.ec

Andrade-Tacuri Carlos Fernando. <https://orcid.org/0000-0003-3983-1314>. Universidad Católica de Cuenca. Unidad Académica de Salud y Bienestar. Carrera de Odontología. Laboratorio de Genética y Biología Molecular. Centro de Investigación, Innovación y Transferencia de Tecnología. Cuenca-Azuay. Ecuador. E-mail: candradet@ucacue.edu.ec

Contribución de los Autores:

VCDI: conceptualización, metodología, conservación de datos, análisis formal, investigación, recursos, validación, visualización, redacción-Borrador original, redacción-revisión y edición. **OBPP:** metodología, administración de proyectos, recursos, validación, redacción-borrador original, redacción-revisión y edición; **ATCF:** metodología, recursos, validación y visualización.