Artículo de Investigación

GEN SEA DE LA ENTEROTOXINA A DE *STAPHYLOCOCCUS AUREUS* EN QUESO FRESCO

SEA gene of *Staphylococcus aureus* enterotoxin A in fresh cheese

Jackeline Beatriz Arteaga de Arias [1]

Recibido 12/03/2024
Aceptado 27/07/2024

RESUMEN

El Staphylococcus aureus es un microorganismo productor de enterotoxina causante de intoxicación alimentaria, transmitido a través de alimento contaminado. Objetivo: identificar la presencia del gen SEA de la enterotoxina tipo A de Staphylococcus aureus en quesos frescos. Métodos y materiales: 22 quesos frescos tomados al azar, analizados por técnicas microbiológicas y moleculares; se efectuó recuento microbiológico en el medio de cultivo agar Baird-Parker a colonias color negro, con halos transparentes, sospechosas a ser coagulasa positiva. Posteriormente, se identificaron las características fenotípicas a través de pruebas bioquímicas en manitol salado, prueba de catalasa y coagulasa. Se efectuó la reacción en cadena de polimerasa en punto final para la caracterización genotípica de la bacteria, detectando el gen rRNA 16S, además de detectar la presencia del gen SEA que codifica la producción de la enterotoxina tipo A. Resultados: se obtuvieron recuentos microbiológicos superiores al valor del límite permitido en 18 de los quesos (82 %). De los aislados positivos a Staphylococcus aureus por pruebas bioquímicas, el 63 % se confirmaron con Gen rRNA 16S, identificando en el 36 % el gen SEA. Conclusión: la identificación del gen enterotoxigénico por técnicas moleculares y la elevada contaminación bacteriana es indicativo de riesgo para la salud de la población de sufrir una intoxicación alimentaria o encontrarse presente otros microorganismos causantes de enfermedades transmitidas por alimentos por el empleo de inadecuadas prácticas higiénicas en la manipulación y conservación de los alimentos.

Palabras clave: enterotoxinas, intoxicación alimentaria estafilocócica, SEA, queso, El Salvador.

ABSTRACT

Staphylococcus aureus is an enterotoxin-producing microorganism that causes food poisoning, it is transmitted through contaminated food. Objective: To identify the presence of the SEA gene of Staphylococcus aureus enterotoxin type A in fresh cheeses. Methods and materials: 22 randomly selected samples of fresh cheese were analyzed using microbiological and molecular techniques.

[1] Docente Investigadora del Departamento de Microbiología e Inmunología y Biología Molecular. Facultad de Medicina, Universidad Evangélica de El Salvador, jackeline.arteaga@uees.edu.sv, https://orcid.org/0009-0005-7176-1661

Microbiological counts were performed using Baird-Parker agar medium to identify black colonies with transparent halos suspected to be coagulase-positive staphylococci. Phenotypic traits were subsequently identified through biochemical tests in mannitol salt agar, catalase and coagulase tests. Endpoint polymerase chain reaction was conducted for the genotypic characterization of the bacteria, detecting the 16S rRNA gene, in addition to detecting the presence of the SEA gene that encodes the production of enterotoxin type A. Results: Microbiological counts above the permitted limit value were obtained in 18 of the cheese samples (82%). Of the positive isolates for Staphylococcus aureus by biochemical tests, 63% were confirmed with the 16S rRNA gene, with the SEA gene being identified in 36%. Conclusion: The identification of the enterotoxigenic gene by molecular techniques and the high bacterial contamination is indicative of a risk for the health of the population of suffering from food poisoning or of the presence of other microorganisms that cause foodborne diseases due to the employment of inadequate hygiene practices in the handling and preservation of food.

Keywords: enterotoxins, staphylococcal food poisoning, SEA, cheese, El Salvador.

INTRODUCCIÓN

Los alimentos deben de ser inocuos para su consumo, no deben contener sustancias químicas ni microorganismos perjudiciales para las personas que los ingieren, cumplir con estándares de calidad higiénica durante su almacenamiento, manipulación, procesamiento y distribución. Estos pueden servir como vehículo transportador de agentes causales de diversas enfermedades que son conocidas como enfermedades transmitidas por alimentos (ETA).

La Organización Mundial de la Salud (OMS) indica que se debe crear conciencia y responsabilidad en los trabadores que manipulan alimentos sobre la inocuidad, siendo fundamental mantener medidas de prevención y cumplir con requisitos como el empleo de una adecuada limpieza sanitaria que incluye la ropa del manipulador, el lugar donde se manipula el alimento y los utensilios que se utilizan para evitar la contaminación cruzada; también es importante conservar los alimentos en temperaturas óptimas para evitar un aumento en el crecimiento de microorganismos.(1)

Un alimento seguro está asociado a las buenas prácticas higiénicas alimenticias y al empleo de medidas de prevención para evitar que perjudique la salud del consumidor, ya que un alimento puede estar contaminado y a pesar de eso tener un buen sabor, color y olor.(2)

En los casos de ETA, la presencia del agente patógeno o su toxina en el alimento no necesariamente provocará la toxicoinfección; para ello, deben darse estas condiciones:

- Ingerir una cantidad suficiente del microorganismo patógeno y una porción significativa del alimento que supere las barreras fisicoquímicas e inmunológicas del individuo para causar una infección o la producción de la toxina.
- El alimento debe tener características nutritivas propias que permitan el desarrollo y multiplicación del microorganismo patógeno.
- Además, el alimento debe encontrarse por tiempos significativos a temperaturas que permitan que los

microorganismos se desarrollen y produzcan sus toxinas.(3)

Existe una diversidad de microorganismos como virus, bacterias y hongos que son potencialmente dañinos o perjudiciales y que al entrar en contacto con el organismo humano desencadenan enfermedades. Ciertas bacterias y hongos pueden pertenecer a la microbiota del ser humano, animales o encontrarse en el ambiente y llegar a los alimentos. Uno de los microorganismos investigados es la bacteria Staphylococcus aureus, que tiene forma de coco, forma agrupaciones en racimos y es grampositivo; no son microorganismos exigentes, por lo que se desarrollan en cualquier medio de cultivo sin inhibidores; dependiendo del medio de cultivo, se desarrollan colonias medianas, brillantes y redondas; son aeróbicos o anaeróbicos facultativos y poseen la enzima catalasa y coagulasa (4,5) perteneciente a la microbiota humana, colonizando el tracto nasofaríngeo y piel, que puede causar diversas afectaciones al ser humano.

Las bacterias sintetizan proteínas y enzimas dependiendo de las necesidades y condiciones ambientales en la que se encuentren, por lo que su expresión genética está regulada durante la transcripción por medio de un grupo de genes estructurales conocidos como operones. Durante la transcripción, un gen puede inhibirse por la unión de una proteína represora al operón o unirse un agente inductor a la proteína represora, permitiendo que el operón tenga una activación en la transcripción con la síntesis de la proteína.(5,6)

Para que se realice la expresión genética de una célula bacteriana debe realizarse una secuencia de pasos de transcripción y transducción, que es llevar la información de un gen hacia la secuenciación de aminoácidos que formarán una proteína para ser expresadas las características fenotípicas de la célula.(5,6)

La reacción en cadena de polimerasa PCR in vitro se fundamenta en la replicación del ADN a investigar, la mezcla de nucleótidos, cebadores (primers) específicos del segmento del ADN que se quiere amplificar y el empleo de una enzima ADN polimerasa termoestable (Taq polimerasa) en una solución de osmolaridad y pH estables que permitan el buen funcionamiento de la enzima.(6,7)

La función de esta enzima es sintetizar las cadenas complementarias de ADN a partir del ADN molde uniendo en el extremo de 5' los primers específicos que se sitúan al lado de la secuencia de nucleótidos del gen que se desea detectar, sucesivamente se colocan los nucleótidos en el orden establecido hibridando el segmento de la cadena de ADN molde. Los primers que se utilizan son de dos tipos, uno de sentido y el otro de anti sentido, para poder hibridar la cadena de ADN molde que se encuentra en direcciones contrarias de 5' a 3' y de 3' a 5'.(6,7)

Staphylococcus aureus posee genes como el SEA, SEB, SEC, SED, SEE, SEG, SEH, SEI, SEJ, SEL, SEM, SEN, SEO, SEP, SEQ, SER y SEU que codifican la expresión de enterotoxinas en condiciones adecuadas de pH y temperatura.(8) Estas son proteínas distintas estables al calor con diferente toxicidad y peso molecular de 26 a 30 kDa. La toxina no se destruye ni con el calor ni con el tiempo durante la cocción de los alimentos. La principal enterotoxina que se aísla en brotes epidémicos es la SEA.(8)

Los alimentos al contaminarse con una bacteria en condiciones óptimas de crecimiento, como una adecuada temperatura entre 37 °C a 40 °C, PH 5.0, pueden producir toxinas, como la enterotoxina, en un lapso de

2 a 4 horas, que afecta al sistema vago, provocando cuadros gastrointestinales como dolor abdominal, vómitos y diarreas (8) con recuperación en 1 a 2 días.(2) La conservación inadecuada, el tiempo prolongado de la elaboración hasta el consumo del producto y la manipulación deficiente pueden influenciar que la enterotoxina formada produzca signos y síntomas gastrointestinales.(9)

La importancia de este estudio reside en que los productos lácteos artesanales, como el queso fresco, son una fuente altamente nutritiva por el contenido proteico para los microorganismos, por lo que es importante mantener un adecuado control y manipulación higiénica sanitaria en la leche y sus derivados, puesto que es un producto de consumo masivo. La mayoría de quesos frescos son producidos utilizando leches sin pasteurizar, pudiendo estar asociados a brotes de intoxicaciones alimentarias, entendiéndose por brote a un grupo de personas que experimentan síntomas similares después de haber ingerido el producto que fue obtenido de un lugar en específico como una tienda, un restaurante o comercio.(10,11) Se realizó la identificación del gen SEA de la enterotoxina tipo A de Staphylococcus aureus, principal causante de brotes de intoxicación alimentaria, por métodos microbiológicos y de biología molecular en los quesos frescos artesanales que se comercializan en el mercado municipal; la obtención de datos de recuento UFC/g superior al límite permitido de consumo estipulado por el reglamento indican contaminación microbiológica y la presencia de otros microorganismos causantes de ETA, con la posibilidad de ser los causantes de afectaciones gastrointestinales sin notificación, por el tipo de cuadro clínico que se presenta, que pueden ser mortales para niños menores de 5 años sin tratamiento oportuno.(12)

METODOLOGÍA

La presente investigación se realizó utilizando un enfoque de tipo descriptivo y cuantitativo, de tipo transversal. Las muestras fueron recolectadas y analizadas una vez en un tiempo determinado; fue experimental por emplear métodos microbiológicos y de biología molecular, donde la unidad de análisis fue el gen SEA y la muestra estuvo integrada por 22 unidades de quesos frescos tomados al azar por no contar con datos exactos de puestos de ventas en el municipio de Apopa, departamento de San Salvador, en el mes de diciembre de 2021. Se incluyeron las ventas de puestos fijos y no fijos y que al momento de la recolecta se encontraron abiertos; se excluyeron los puestos cerrados y los que no comercializaron el producto.

Los recuentos microbiológicos fueron comparados con los valores de referencia de los criterios del Reglamento Técnico Centroamericano (RTCA) 67.04.50:17,(13) utilizando la siguiente formula: N x factor de dilución = UFC/g

De los amplicones, se obtuvieron a través de imágenes de capturas fotográficas evidencia de la presencia y ausencia de las bandas amplificadas según el tamaño de pares de bases (pb) de los genes rRNA 16S y SEA de la enterotoxina de Staphylococcus aureus.
Los datos en cada etapa del procesamiento de las muestras se recolectaron a través de fichas de registro y fueron tabulados utilizando Microsoft Excel para obtener los resultados que fueron representados a través de gráficas y tablas.

Procedimiento microbiológico
Las muestras de quesos se transportaron el día de la recolecta al laboratorio de microbiología en termos separados en bolsas para conservar

las condiciones de temperatura e identificados con un código. Se pesaron 10 g en balanza y se agregaron en 90 ml de agua peptonada bufferada, obteniendo una dilución de 10-1; se homogenizó en el equipo Stomacher 400 Circulator-Seward por 2 minutos a 260 rpm, transfiriendo 1 ml de la dilución a 9 ml de agua peptonada bufferada, obteniendo una dilución de 10-2; se sembró por triplicado en agar Baird-Parker incubado a 37 °C por 24-48 horas en atmosfera aeróbica; se observaron características de colonias color negro con halo transparente sospechosas de ser Staphylococcus coagulasa positivo; se realizó recuento microbiológico en el contador de colonias manual Scan 100-Interscience multiplicando por el factor de dilución 10-2 utilizado; se realizaron pruebas bioquímicas como coloración de Gram, que permite observar la forma de cocos sueltos o en racimos de color azul-violeta; el crecimiento se realizó en agar manitol salado selectivo y diferencial, que consiste en la fermentación del manitol produciendo un color amarillo con un halo alrededor; se efectuó la prueba de catalasa que permite la identificación del género a través del reactivo peróxido de hidrógeno 3 %, dando un resultado positivo con la formación de agua y desprendimiento de oxígeno observado por la presencia de burbujas. La confirmación de especie de Staphylococcus aureus se hizo con la prueba de coagulasa, permitiendo identificar la presencia de la enzima coagulasa utilizando plasma de conejo citratado con EDTA, que resultó positiva con la formación de un coagulo de fibrina. En cada uno de los procedimientos se utilizó la cepa NCTC 10652 Staphylococcus aureus como control positivo.

Procedimiento molecular

Extracción de ADN. De las cepas aisladas de las muestras de queso fresco, se realizó la extracción del ADN utilizando NucleoSpin Tissue, Genomic DNA from tissue de la marca Macherey-Nagel. Se reconstituyeron los reactivos y se añadió una cantidad considerable de colonias en cada tubo Eppendorf, se añadieron 25 µl de proteinasa K a cada tubo y se colocaron en baño maría a 56 °C por 1 hora. Posteriormente, se incubaron a 70 °C en baño maría para realizar la purificación del ADN.

PCR en punto final. Para proceder con la reacción en cadena de polimerasa, se utilizaron los protocolos descritos por Gucukoglu et al.,(14) Onen et al.,(15) Alarcón-Lavín et al.,(12) estandarizando el protocolo de la máster mix de la reacción, con la modificación de realizar por separado la búsqueda del gen rRNA 16S y gen SEA de Staphylococcus aureus, completando un volumen final de 50 µl por tubo PCR de muestra con los componentes siguientes: 10X Buffer BioRad 5 µl; dNTP's 10mM 0.8 µl (Pcrbio.com); primer Forward 100 pmol 0.3 µl; primer Reverse 100 pmol 0.3 µl (sintetizados por Macrogen Humanizing Genomics) —ver Tabla 1— Taq DNA Polimerasa 1.0 µl en Tris-HCL con un pH 8.7 balanceado en KCL (NH4)2 SO4; 15 mM MgCl2; 1 % Tween 20 (Apex BioReSearch products); agua libre de nucleasa 37.10 µl (Bio Labs); ADN Purificado 5 µl; además de usar la cepa NCTC 10652 Staphylococcus aureus como control positivo de los genes a detectar.

Tabla 1. Secuencia de primers utilizados en el protocolo de PCR en punto final de Staphylococcus aureus.(14,15)

Primer	Secuencia	Pares de bases pb
F rRNA 16S R rRNA 16S	5’ AACTCTGTTATTAGGGAAGAACA 3’ 5’ CCACCTTCCTCCGGTTTGTCACC 3’	750
F SEA R SEA	5’ GGTTATCAATGTGCGGGTGG 3’ 5’ CGGCACTTTTTTCTCTTCGG 3’	102

Los tubos de PCR se procesaron en el termociclador Techne 3Prime y se cumplieron las siguientes etapas:

La primera etapa de la reacción fue la desnaturalización inicial del material genético, en donde se sometió a una temperatura de 95 °C por cinco minutos para que las hebras de la hélice de ADN se separaran y obtener el molde o templado, 35 ciclos de desnaturalización por dos minutos a una temperatura de 94 °C. La segunda etapa fue la hibridación o alineación de las secuencias complementarias con los primer o iniciadores en sentido 5’ a 3’ por 2 minutos a una temperatura de 55 °C. La tercera etapa fue la extensión, sometido por un minuto a una temperatura de 72 °C óptima para que la enzima Taq polimerasa funcionara catalizando la reacción, añadiendo los oligonucleótidos complementarios y una extensión final por siete minutos a 72 °C, para formar las nuevas cadenas de ADN con los amplicones según el número de pares de bases conocidos del gen rRNA 16S de Staphylococcus aureus y el gen SEA de la enterotoxina, realizados los procedimientos por separado.

Electroforesis. Una vez obtenidos los amplicones, se verificó la presencia o ausencia de los genes rRNA 16S y SEA, preparando el gel de agarosa al 2.5 % con buffer de TBE 10X, añadiendo a la agarosa 3.5 µl de GelRed.

Al estar listo el templado de agarosa con los pocillos, se colocó en la cuba de electroforesis EasyCast B1-ThermoFisher Scientific. Se cargó cada uno de los amplicones respectivos con un volumen de 2 µl por muestra amplificada más 5 µl de buffer de carga, además de colocar por templado la escalera de peso molecular de 100 pb SmartCheck, obteniendo control positivo del gen rRNA 16s y SEA de Staphylococcus aureus respectivamente. El equipo de electroforesis EPS-300X-C.B.S Scientific se programó a 90 voltios por 75 minutos.

Por último, se visualizaron las bandas en el transiluminador High Performance UV TFM-20V Transilluminator-UVP con la captura de imagen a través de una cámara.

DISCUSIÓN DE RESULTADOS

La siembra de muestras de queso fresco en medio de cultivo agar Baird-Parker selectivo y diferencial permitieron el aislamiento y recuento bacteriano de estafilococos coagulasa positivo por la reducción del telurito a teluro, dando como resultado colonias color negro-grisáceo y por la acción de la lecitinasa sobre la yema de huevo, formando un halo transparente alrededor de la colonia. Para determinar si el producto cumplía con los criterios microbiológicos de la presencia de la

bacteria, se tomaron los valores de referencia permitidos en el RCTA 67.04.50:178 (13) para la bacteria de Staphylococcus aureus de 103 UFC/g de alimento. Se determinó en este estudio que del total de 22 muestras de quesos frescos, el 82 % (18 muestras, ver Tabla 2) tuvo criterio microbiológico rechazable por recuentos altos de UFC/g, indicando la existencia de malas prácticas higiénicas de manipulación, puesto que este alimento debe conservarse refrigerado a temperaturas entre 4 a 8 °C para evitar el sobrecrecimiento microbiano en el producto y que existe la posibilidad que los manipuladores de alimento pueden ser la fuente de contaminación del producto como los hallazgos de Alarcon-Levin et al., donde el 38 % de la población estudiada eran portadores de la bacteria a nivel nasofaríngeo y contaminaban los alimentos por la incorrecta manipulación y medidas higiénicas inadecuadas.(12) En otro estudio realizado por Vásquez Arce et al. fue evaluada la calidad de 30 muestras quesos frescos y fueron encontrados 83 % con la presencia y recuento microbiológico altos para Staphylococcus aureus, determinando una mala calidad del producto.(16)

Los datos obtenidos también se comparan con los del estudio de Cristóbal Delgado y Maurtua Torres, que evaluaron 39 muestras de queso artesanal y obtuvieron el 87.2 % de recuento microbiológico elevado para Staphylococcus aureus, indicando una elevada carga microbiológica por las malas prácticas higiénicas de manipulación del producto comercializado en los mercados, representando un riego para la salud de las personas que los consumen.(11)

El 82 % de las cepas correspondieron al aislamiento de Staphylococcus aureus por características fenotípicas, resultados obtenidos en el medio agar Baird-Parker y confirmados por pruebas bioquímicas. El 18 % que se detectó fue Staphylococcus sp., siendo una bacteria perteneciente a la microbiota humana normal sin factores de virulencia y patogenicidad.(4,5) Estos resultados se pueden corroborar con investigaciones hechas por Gucukoglu et al. y Herrera Arias & Santos-B que emplearon las técnicas microbiológicas antes mencionadas.(14,17)

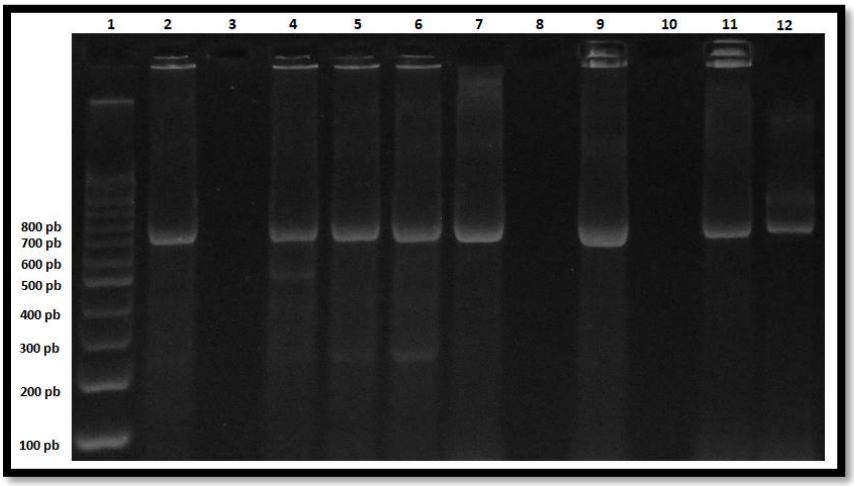
Tabla 2. Comparación de los resultados del Recuento microbiológico de las muestras de queso frescos con el valor permitido del RTCA67.04.50:17

N° de muestras	Recuento microbiológico dilución 10^{-2}	Criterio microbiológico permitido RTCA 10^3 UFC/g
QF1	3.0 x10^4	Rechazable
QF2	1.8 x10^4	Rechazable
QF3	<100 VE	Aceptable
QF4	5.0x10^4	Rechazable
QF5	1.0x10^5	Rechazable
QF6	1.4x10^5	Rechazable
QF7	1.5 x10^5	Rechazable
QF8	8.5x104	Rechazable

QF9	$7.0x10^4$	Rechazable
QF10	$9.0x10^4$	Rechazable
QF11	$1.0x10^5$	Rechazable
QF12	$7.0x10^4$	Rechazable
QF13	$5.5x\ 10^4$	Rechazable
QF14	<100 VE	Aceptable
QF15	$3.5x\ 10^4$	Rechazable
QF16	$2.7x10^4$	Rechazable
QF17	<100 VE	Aceptable
QF18	$4.7x10^4$	Rechazable
QF19	$8.6x10^4$	Rechazable
QF20	<100 VE	Aceptable
QF21	$6.0x10^4$	Rechazable
QF22	$8.7x10^4$	Rechazable

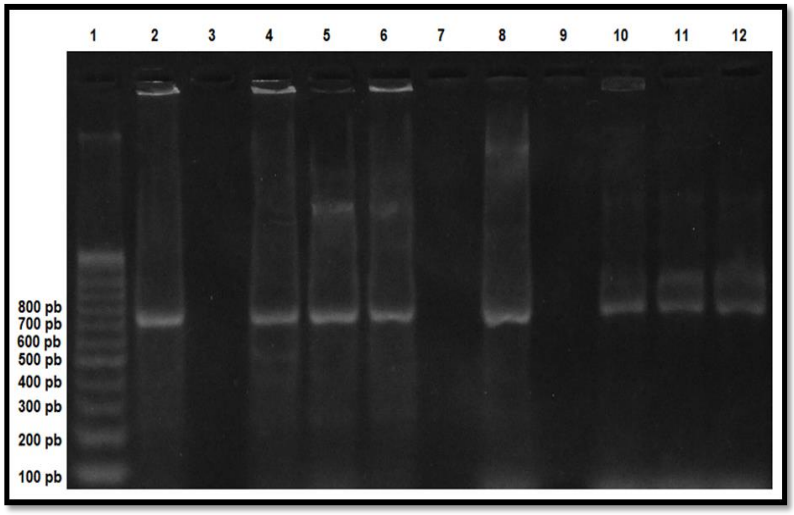
El primer gen detectado fue el rRNA 16S con peso de 750 pb para la confirmación de la bacteria, utilizando por gel de corrida 12 pozos distribuidos por el marcador de peso, la cepa control positivo NCTC 10652 Staphylococcus aureus y 9 muestras de estudio por gel; en la Figura 1 se puede observar la muestra de los pares de bases amplificados, de los cuales el carril 8 corresponde a la muestra Q-F6 y el carril 10 a la muestra QF-8; en la Figura 2, en el carril 7 de la muestra QF-15 y carril 9 de la QF-18 existe ausencia del gen amplificado, por lo tanto son negativos de cepa Staphylococcus aureus.

Figura 1. Primera banda correspondiente al gen RNA 16S de 750 pb.



Carril 1: marcador de peso molecular de 100 pb; carril 2: control positivo NCTC 10652; carril 4: QF-1; carril 5: QF-2; carril 6: QF-4; carril 7: QF-5; carril 8: QF-6; carril 9: QF-7; carril 10: QF-8; carril 11: QF-9; carril 12: QF-10.

Figura 2. Segunda banda correspondiente al gen RNA 16S de 750 pb.



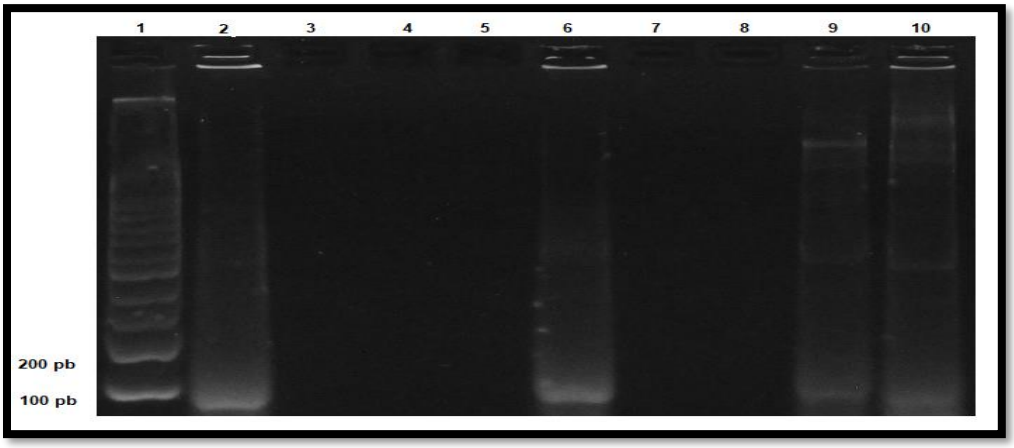
Carril 1: marcador de peso molecular de 100 pb; carril 2: control positivo NCTC 10652; carril 4: QF-11; carril 5: QF-12; carril 6: QF-14; carril 7: QF-15; carril 8: QF-16; carril 9: QF-18; carril 10: QF-19; carril 11: QF-21; carril 12: QF-22.

El 78 % de 18 muestras de quesos frescos fueron identificadas fenotípicamente por métodos bacteriológicos y por reacción en cadena de polimerasa con Staphylococcus aureus y 22 % fueron identificadas con Staphylococcus sp.

Fueron utilizados dos geles de agarosa al 2 % con diez pozos distribuidos por el marcador de peso, la cepa control positivo del gen NCTC 10652 Staphylococcus aureus y 7 muestras por gel.

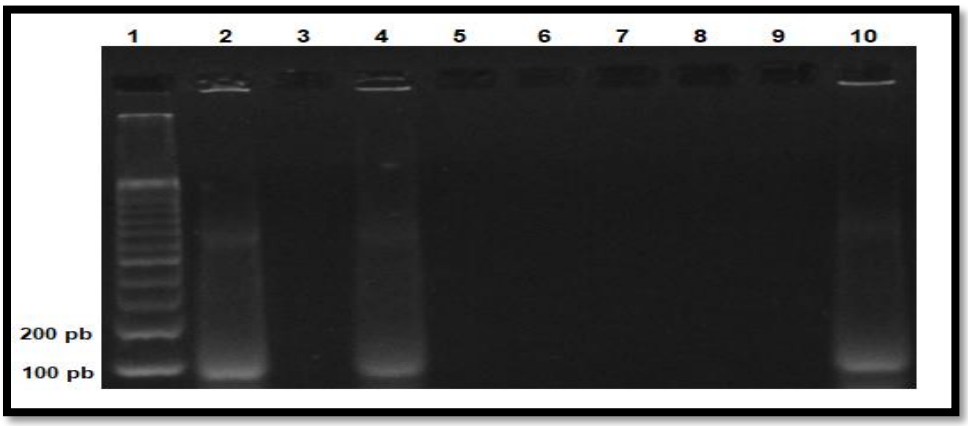
En la Figura 3 se muestra amplificado el gen SEA de tamaño 102 pb, el cual se encuentra presente en el carril 4 correspondiente a la muestra QF-1 y en el carril 10 de la muestra QF-10; en la Figura 4 se muestra presente en el carril 6 de la muestra QF-13, carril 9 de la muestra QF-21 y carril 10 de la muestra QF-22.

Figura 3. Primera banda correspondiente al gen SEA de 102 pb.



Carril 1: marcador de peso molecular de 100 pb; carril 2: control positivo. NCTC 10652; carril 4: QF-1; carril 5: QF-2; carril 6: QF-4; carril 7: QF-5; carril 8: QF-7; carril 9: QF-9; carril 10: QF-10.

Figura 4. Segunda banda correspondiente al gen SEA de 102 pb.



Carril 1: marcador de peso molecular de 100 pb; carril 2: control positivo 10652; carril 4: QF-11; carril 5: QF-12; carril 6: QF-13; carril 7: QF-16; carril 8: QF-19; carril 9: QF-21; carril 10: QF-22.

Se tuvo como resultado final de 14 muestras identificadas con Staphylococcus aureus por métodos microbiológicos y moleculares la presencia del gen SEA en 36 % (5 muestras) y ausencia del gen en el 64 % (9 muestras).Otros estudios mencionan la identificación de la enterotoxina tipo A por la detección del gen SEA por técnicas de biología molecular: Gucukoglu et al. encontraron en 38.4 % de las muestras estudiadas la presencia de este gen, considerando la bacteria como perteneciente a la microbiota normal, tomándose como indicador de bajas condiciones de higiene.(14)

Gutiérrez-A et al. mencionan en su investigación de productos lácteos que de 20 muestras de queso el 25 % correspondían a S. aureus y de estas se detectó la enterotoxina tipo A formada por la bacteria en el 5 %, influenciada por conservación y manipulación inadecuada del producto causando un riego para la salud.(9)

CONCLUSIONES

El estudio de biología molecular para detección del gen SEA productor de enterotoxina resulta importante porque permite determinar la prevalencia en la región de la bacteria que produce la toxina en condiciones de temperatura y multiplicación exponencial en los alimentos, puesto que es una condicionante para que la población presente cuadros clínicos de intoxicaciones alimentarias que son catalogados como gastroenteritis de causa desconocida.

La utilización de los métodos, técnicas y empleo de los productos moleculares utilizados en investigaciones de otras regiones resultaron eficaces en la zona geográfica de este estudio para detectar la cepa codificadora del gen SEA, por lo que sirven de precedentes para ser utilizados en otras investigaciones por biología molecular.

Esta investigación es importante porque permitió confirmar la presencia de Staphylococcus aureus en los quesos frescos, que a pesar de no representar un riego grave para la salud, se debe reconocer que es una bacteria que posee otros factores de patogenicidad que pueden causar daño a la salud de la población vulnerable.

Con la cuantificación se obtuvieron recuentos microbiológicos con valores superiores a los permitidos por el RCTA 67.04.50:17; a pesar que es una bacteria considerada de riego moderado, este dato puede indicar contaminación para otros microorganismos por la inadecuada implementación de prácticas higiénicas, manipulación y conservación del producto

RECOMENDACIONES

- Realizar antibiogramas dirigidos a la detección de resistencia a meticilina por otros factores de patogenicidad que presenta la bacteria que afecta a la población y realizar confirmaciones posteriores por PCR para detectar genes que codifiquen resistencia antimicrobiana.
- Educar a la población que manipula productos lácteos a través de charlas para concientizar las buenas prácticas higiénicas y la adecuada manipulación y conservación de los alimentos para evitar que estos sean fuente de transmisión de ETA.

Agradecimientos
A las autoridades de la Universidad Evangélica de El Salvador por la confianza depositada en el talento de sus investigadores, brindando el apoyo financiero, logístico e instalaciones para que este tipo de investigaciones se desarrollen con el éxito esperado y contribuir en la educación en busca de la excelencia académica comprometidos con el servicio a sus semejantes.

REFERENCIAS

1. Travetto C, Daciuk N, Fernández S, Ortiz P, Mastandueno R, Prats M, et al. Agresiones hacia profesionales en el ámbito de la salud. Rev Panam Salud Publica [Internet]. 2015 [citado 2023 Ago];38(4):307-15. Disponible en: https://iris.paho.org/handle/10665.2/18380

2. Cuestas JA, Rosselli D. Agresión hacia personal de salud: ¿una epidemia global? [Internet]. 2015 Sep-Oct [citado 2023 Ago]. Disponible en: http://hdl.handle.net/10554/47802
3. Vega-Pinochet H. Violencia percibida por trabajadores de la salud de parte de los usuarios del Servicio de Salud Talcahuano en Lirquén, Chile, 2017. Revista Chilena de Salud Pública [Internet]. 2019 Nov [citado 2023 Ago];23(1):49-59. Disponible en: https://doi.org/10.5354/0719-5281.2019.55048
4. Ortells Abuye N, Muñoz Belmonte T, Paguina Martos M, Morató Lorente I. Caracterización de las agresiones producidas al personal sanitario del servicio de urgencias en un hospital comarcal. Enfermería Global [Internet]. 2013 Mar 25 [citado 2023 Ago];12(2):196-207. Disponible en: https://doi.org/10.6018/eglobal.12.2.163471
5. Martínez Isasi S, García Zurita A, Felipez Agrelo I, Castro Dios DJ. Violencia sufrida y percibida por el personal de enfermería del Área Sanitaria Integrada de A Coruña. Enfermería Global [Internet]. 2015 Jul [citado 2023 Ago];14(3): 219-29. Disponible en: http://dx.doi.org/10.6018/eglobal.14.3.198231
6. Ministerio de Sanidad. Informe de agresiones a profesionales del sistema nacional de salud 2021. (ES). 2022 [citado 2023 Ago]. Disponible en: https://www.sanidad.gob.es/areas/profesionesSanitarias/agresiones/docs/InformeAgresionesProfSNSalud2021.pdf
7. Consejo Superior de Salud Pública. Lineamiento Notas de Enfermería [Internet]. (SV): Unidad de Enfermería Ministerio de Salud y Junta de Vigilancia de la Profesión de Enfermería; 2016 [citado 2023 Ago]. Disponible en: https://cssp.gob.sv/wp-content/uploads/2016/06/notas-de-enfermeria-lineamientos.pdf
8. Coca Pérez MC. Consecuencias de las agresiones al profesional sanitario [trabajo de grado de Enfermería]. (ES): Universitat de les Illes Balears; 2019. 43 p. Disponible en: http://hdl.handle.net/11201/150237
9. Dejours C. La banalización de la injusticia social. Editorial Topia; 2006.