

Identificación genotípica de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) (blaTEM y blaSHV) en *Escherichia coli* uropatógena.

Genotyping of β -lactamases of spectrum spread spectrum (ESBL) (blaTEM and blaSHV) in *Escherichia coli* uropathogenic.

Yeffersson Grandas Franco¹, María Camila Greco Angarita¹, Mayra Alejandra Porras Gutiérrez¹,
Juanita Trejos-Suárez²

Correspondencia: Juanita Trejos-Suárez. Calle 70 No. 55-210, Campus Universitario Lagos del Cacique, Universidad de Santander UDES, Bucaramanga, Colombia. Teléfono: 6516500 Ext. 1212. Correo electrónico: juanita.trejos@udes.edu.co

Resumen

Introducción: Las infecciones de tracto urinario (ITU) son consideradas un problema de salud pública a nivel mundial debido a su incidencia y morbilidad. Entre los agentes causales que se aíslan con mayor frecuencia, se encuentra *E. coli*, con una prevalencia que va desde 40% al 95%. Actualmente, la problemática de las ITU ha venido en aumento, debido a la aparición de resistencia bacteriana a agentes antimicrobianos, influenciado por la presión selectiva, la preexistencia de genes de resistencia y el uso indiscriminado de antibióticos. **Objetivo:** Identificar molecularmente β -lactamasas de espectro extendido (blaTEM y blaSHV), en *E. coli* uropatógena, aislada en pacientes ambulatorios que asisten a un laboratorio clínico de tercer nivel de complejidad. **Materiales y métodos:** Estudio descriptivo de corte transversal. En este trabajo se estudiaron 250 cepas de las cuales 120 eran presuntivas de producir β -lactamasas de acuerdo al método de Kirby-bauer que se realizó años anteriores por el semillero de Inmunidad e Infección. Los genes de interés se amplificaron mediante PCR. Se utilizó *Klebsiella pneumoniae* ATCC 700603 como control positivo. Una vez amplificado el gen se llevó a cabo el corrido electroforético en gel de agarosa donde el producto amplificado fue de 470 pb en el caso de blaSHV y de 1080 pb para blaTEM. Los fenotipos compatibles con producción de β -lactamasas se analizaron por medio de distribución de frecuencia usando el software WHONET 5.6. La distribución de frecuencia de los genes analizados se calculó usando el software MedCalc versión 15.2.2 (Bélgica – Software BBVA). **Resultados:** De las cepas analizadas, el 52,8% portadoras del gen blaTEM y el 2,8% del gen blaSHV-2. Se encontró co-existencia de los genes blaSHV-2 y blaTEM en el 1,68% del total de las cepas. De todas las cepas presuntivas de producir BLEE (n=120), 94 fueron productoras de BLEE, lo que nos indicaría que las 21 cepas restantes, implementan otro mecanismo de resistencia como por ejemplo, modificación de la permeabilidad de la membrana y/o la presencia de otras β -lactamasas como AmpC o CTX-M. **Conclusión:** El principal gen implicado en la producción de β -lactamasas en las cepas estudiadas es blaTEM, comparándolo con la presencia de blaSHV-2, además de presentarse co-existencia de los dos genes.

Palabras clave: Beta-lactamasas; *Escherichia coli* uropatógena; resistencia a medicamentos; antibacterianos; blaTEM, blaSHV-2. (Fuente: DeCS BIREME)

Citación: Grandas Y, Greco C, Porras M, Trejos-Suárez J. Identificación genotípica de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) (blaTEM y blaSHV) en *Escherichia coli* uropatógena. Rev. Fac. Cienc. Salud UDES. 2016;3(1.S1):15. <http://dx.doi.org/10.20320/rfcsudes.v3i1.s1.p002>

© 2016 Universidad de Santander. Este es un resumen de acceso abierto (*Open Access*), distribuido bajo los términos de la licencia *Creative Commons Attribution (CC BY 4.0)*, esta licencia permite a otros distribuir, mezclar, ajustar y construir a partir de esta obra, incluso con fines comerciales, siempre y cuando se adjudique el crédito al autor original y se cite este manuscrito como la fuente de la primera publicación del trabajo.



¹ Estudiante, Programa de Bacteriología y Laboratorio Clínico, Facultad de Ciencias de las Salud, Universidad de Santander UDES, Bucaramanga-Colombia.

² Profesora, Programa de Bacteriología y Laboratorio Clínico, Grupo de Investigación en Manejo Clínico –CliniUDES–, Facultad de Ciencias de las Salud, Universidad de Santander UDES, Bucaramanga-Colombia.