

Caracterización bioquímica y molecular de aislados de *Klebsiella pneumoniae* resistente a antimicrobianos

Autores/as

- **María Neifer Moreno**
Universidad de Antioquia
- **María Elena Vásquez**
Universidad de Antioquia
- **Margarita Correa**
Universidad de Antioquia
- **Johana Carol Estrada**
Universidad de Antioquia
- **Laura Margarita Castañeda**
Universidad de Antioquia

RESUMEN

Introducción: *Klebsiella pneumoniae* es ampliamente reconocida como patógeno oportunista y agente etiológico importante de infecciones nosocomiales y adquiridas en la comunidad, tales como bacteremias, infecciones respiratorias, urinarias y otras infecciones serias, especialmente en pacientes inmunocomprometidos. La mayor incidencia de infecciones debidas a *klebsiella* en las últimas décadas, son debidas a que esta bacteria presenta resistencia a los antimicrobianos y con la adquisición de nuevos mecanismos de

resistencia, este microorganismo ha alcanzado importancia como patógeno nosocomial. En 1983 se describió por primera vez *Klebsiella pneumoniae* con resistencia transferible a cefalosporinas de amplio espectro, debida a la producción plasmídica de b-lactamasas de espectro extendido (ESBL), que confieren resistencia a cefalosporinas de espectro extendido, al aztreonam y a los oxyamino-b-lactamamicos. Otro cambio consiste en el movimiento del Gen ampC, responsable de la producción inducible de b-lactamasas sobre plásmidos que ya han sido encontrados en cepas de *Klebsiella pneumoniae*.

En nuestro medio se sugiere la presencia de cepas de *Klebsiella pneumoniae* multiresistentes, lo que hace necesaria la investigación de este fenómeno complejo de resistencia a antibióticos.

Los estudios fenotípicos y de susceptibilidad que se realizan a los diferentes aislados bacterianos resistentes a antibióticos, son insuficientes para discriminar un posible brote de infección nosocomial, siendo necesaria la utilización de técnicas basadas en el estudio genotípico, que logren establecer diferencias entre los aislados.

El análisis del perfil de plásmidos es de mucha aplicabilidad, ya que permite una evaluación epidemiológica útil para determinar la diferencia o la semejanza entre los aislados sometidos a estudio. Sin embargo, no es suficiente para determinar el origen clonal de un brote y se requiere un método que permita una caracterización mas precisa de las cepas. Para este fin, se utiliza el análisis del DNA genómico, cortado con endonucleasas de restricción con baja frecuencia de corte, por medio de la electroforesis de campo pulsado (PFGE), que ha mostrado ser una buena herramienta epidemiológica, debido a su alta reproducibilidad y a su poder discriminatorio para determinar el origen clonal en varias especies bacterianas incluyendo *Klebsiella pneumoniae*, Este proyecto pretende determinar y caracterizar el comportamiento genético de esta resistencia en las cepas de *Klebsiella pneumoniae* circulantes en nuestro medio, lo que permitirá plantear estrategias epidemiológicas en el manejo y prevención de las diferentes infecciones debidas a este microorganismo.

Objetivo general: Caracterizar bioquímica y molecularmente aislados de *Klebsiella pneumoniae* resistentes a antimicrobianos.

Objetivos específicos: 1. Biotipificar los aislados de *Klebsiella pneumoniae*. 2. Determinar la susceptibilidad de los aislados, incluyendo la detección de la producción de b-lactamasas de espectro extendido. 3. Aislar y determinar el perfil plasmídico de los aislados. 4. Determinar la relación clonal de los aislados.

|

BIOGRAFÍA DEL AUTOR/A

María Neifer Moreno, Universidad de Antioquia
Profesora, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia.

María Elena Vásquez, Universidad de Antioquia
Profesora, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia.

Margarita Correa, Universidad de Antioquia
Profesor, Escuela de Bacteriología y Lab. Clínico, Universidad de Antioquia.

Johana Carol Estrada, Universidad de Antioquia
Estudiante, Escuela de Bacteriología y Lab. Clínico, Universidad de Antioquia.

Laura Margarita Castañeda, Universidad de Antioquia
Estudiante, Escuela de Bacteriología y Lab. Clínico, Universidad de Antioquia.