


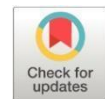


Infecciones vaginales y mecanismos de resistencia bacteriana en América Latina y el Caribe (2013-2023)

Vaginal infections and mechanisms of bacterial resistance in Latin America and the Caribbean (2013-2023)

- ¹ Daniela Alexandra Santacruz Carpio  <https://orcid.org/0009-0001-2403-6927>
Facultad de Bioquímica y Farmacia, Universidad Católica de Cuenca, Cuenca, Ecuador.
daniela.santacruz@est.ucacue.edu.ec
- ² Paola Fernanda Tenesaca Otavalo  <https://orcid.org/0009-0004-1248-4185>
Facultad de Bioquímica y Farmacia, Universidad Católica de Cuenca, Cuenca, Ecuador.
paola.tenesaca@est.ucacue.edu.ec
- ³ Jonnathan Gerardo Ortiz Tejedor  <https://orcid.org/0000-0001-6770-2144>
Facultad de Bioquímica y Farmacia - Maestría en Diagnóstico de laboratorio clínico y molecular. Universidad Católica de Cuenca. Cuenca - Ecuador.
jonnathan.ortiz@ucacue.edu.ec



Artículo de Investigación Científica y Tecnológica

Enviado: 16/06/2023

Revisado: 13/07/2023

Aceptado: 03/08/2023

Publicado: 04/09/2023

DOI: <https://doi.org/10.33262/anatomiadigital.v6i3.2.2674>

Cítese:

Santacruz Carpio, D. A., Tenesaca Otavalo, P. F., & Ortiz Tejedor, J. G. (2023). Infecciones vaginales y mecanismos de resistencia bacteriana en América Latina y el Caribe (2013-2023). *Anatomía Digital*, 6(3.2), 57-69.
<https://doi.org/10.33262/anatomiadigital.v6i3.2.2674>



ANATOMÍA DIGITAL, es una Revista Electrónica, Trimestral, que se publicará en soporte electrónico tiene como misión contribuir a la formación de profesionales competentes con visión humanística y crítica que sean capaces de exponer sus resultados investigativos y científicos en la misma medida que se promueva mediante su intervención cambios positivos en la sociedad. <https://anatomiadigital.org>
La revista es editada por la Editorial Ciencia Digital (Editorial de prestigio registrada en la Cámara Ecuatoriana de Libro con No de Afiliación 663) www.celibro.org.ec

Esta revista está protegida bajo una licencia Creative Commons Atribución-NoComercial-CompartirIgual 4.0 International. Copia de la licencia: <https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/deed.es>

Palabras claves:

B-lactamasa,
infección del tracto
urinario, gen de
resistencia,
mecanismo de
resistencia de *E.*
coli

Keywords:

B-lactamase,
urinary tract
infection,
resistance gene,
resistance

Resumen

Introducción. Las infecciones vaginales son ocasionadas por la invasión y multiplicación de microorganismos que causan disbiosis del ecosistema vaginal. Algunos de los signos y síntomas frecuentes son prurito vulvar, ardor, irritación entre otros. Suele ser común durante el embarazo y generalmente se debe a cambios hormonales. Las especies de la familia *Enterobacteriaceae* son los principales microorganismos responsables. **Objetivo.** Caracterizar las infecciones vaginales de origen bacteriano y los principales mecanismos de resistencia reportados en América Latina y el Caribe. **Metodología.** En la presente revisión sistemática, se empleó la metodología prisma que presenta información referente a: las infecciones vaginales, agentes causales implicados, mecanismos de resistencia, genes de resistencia y métodos moleculares implicados en el diagnóstico. **Resultados.** El gen predominante fue *bla_{CTX-M}* en *E. coli* y *K. pneumoniae*. Además, refiere que cefalosporinas, penicilinas, ciprofloxacino, entre otros antibióticos; no son efectivos para el tratamiento. De igual manera la colistina se emplea como última línea de tratamiento y se refleja altas tasas de resistencia en América Latina. **Conclusión.** Se analizaron varios estudios elaborados en América Latina y el Caribe, encontrando que las especies más prevalentes fueron *E. coli* y *K. pneumoniae*. Los mecanismos de resistencia adquiridos por las bacterias fueron las enzimas carbapanemasas y betalactamasas de espectro extendido. Mientras que los genes responsables en la mayoría de los estudios pertenecían a la clasificación de los *bla_{CTX-M}*. Adicionalmente, las altas cifras de resistencia que presentaron frente a colistina señalan un problema de salud, debido a la disminución de opciones para tratar las infecciones vaginales. **Área de estudio general:** Bioquímica y Farmacia. **Área de estudio específica:** microbiología. **Tipo de estudio:** revisión bibliográfica.

Abstract

Introduction. Vaginal infections are caused by the invasion and multiplication of microorganisms that cause dysbiosis of the vaginal ecosystem. Some of the frequent signs and symptoms are vulvar itching, burning, and irritation, among others. It is usually common during pregnancy and is due to hormonal changes.

mechanisms

Species of the Enterobacteriaceae family are the main responsible microorganisms. **Objective.** To characterize vaginal infections of bacterial origin and the main resistance mechanisms reported in Latin America and the Caribbean. **Methodology.** In this systematic review, the Prisma methodology was used, which presents information regarding vaginal infections, causative agents involved, resistance mechanisms, resistance genes, and molecular methods involved in the diagnosis. **Results.** The predominant gene was *bla_{CTX-M}* in *E. coli* and *K. pneumoniae*. In addition, it refers that cephalosporins, penicillins, and ciprofloxacin, among other antibiotics; are not effective for treatment. In the same way, colistin is used as the last line of treatment, and high rates of resistance are reflected in Latin America. **Conclusion.** Several studies were conducted in Latin America and the Caribbean were findings revealed that the most prevalent species were *E. coli* and *K. pneumoniae*. The mechanisms used by these bacteria were extended-spectrum carbapenems and beta-lactamase enzymes. While the responsible genes in most of the studies belonged to the *bla_{CTX-M}* classification. Additionally, the elevated levels of resistance that they presented against colistin indicate a health problem, due to the reduction of options to treat vaginal infections.

Introducción

Las infecciones vaginales son causadas por la invasión y multiplicación de microorganismos presentes en la vagina, ocasionando una disbiosis de este ecosistema. Por lo general, se manifiesta prurito vulvar, ardor, irritación, disuria, dispareunia y fetidez vaginal; entre los factores que favorecen su desarrollo se encuentran el uso de jabones íntimos, terapia antibiótica ineficiente, prácticas higiénicas deficientes, entre otros. Es más frecuente durante el embarazo, debido a los cambios hormonales; la asociación de diversos factores aumenta la morbimortalidad materna y perinatal (1).

Es muy frecuente que una infección vaginal sea provocada por diversos microorganismos. Sin embargo, es mucho más común por bacterias, lo que se conoce como vaginosis bacteriana. Dentro de este grupo la familia de mayor predominio es la *Enterobacteriaceae* (2). Las bacterias responsables son principalmente Gram negativas, entre ellas *Escherichia coli*, *Klebsiella oxytoca*, *Klebsiella pneumoniae*. Sin embargo, *E. coli* tiene mayor prevalencia a nivel mundial. Se manifiesta una mayor incidencia en las mujeres,

adultos mayores, sobre todo en las mujeres gestantes. *E. coli* exhibe resistencia al ácido nalidíxico, ampicilina, ciprofloxacino, sulfametoxazol trimetoprima, entre otros (3,4).

Las bacterias han desarrollado mecanismos de resistencia que inhiben el efecto antimicrobiano; existe mayor evidencia de los mecanismos adoptados por las especies de la familia *Enterobacteriaceae*. Estas bacterias pueden producir las enzimas Betalactamasas de espectro extendido (BLEE), que son enzimas fenotípicas que inhiben la acción de penicilina y cefalosporinas; además, las enzimas carbapanemasas, son un nuevo mecanismo de resistencia ocasionado por la inadecuada administración de los carbapenémicos, entre las especies que lo han adoptado son *E. coli*, *Klebsiella oxytoca*, *Enterobacter* y *Serratia*. Sin embargo, los carbapenémicos son el último recurso para tratar a las bacterias BLEE y AmpC, por lo tanto, su evidencia es menor (5–7).

Además, se ha evidenciado que *E. coli* es la especie que posee varios mecanismos de resistencia entre ellos están B-lactamasas, mutación de dihidrofolato reductasas, AmpC, sobreexpresión de bombas de eflujo, inactivación enzimática (aminoglucósidos), alteración en topoisomerasas IV (quinolonas) (5).

E. coli, es uno de los principales productores de betalactamasas de espectro extendido (BLEE), sin embargo, este mecanismo de resistencia se debe a ciertos genes como son *bla_{CTX-M}*, *bla_{TEM}* y *bla_{SHV}*. Por su parte, la familia CTX-M y sus diversas variables son de mayor importancia debido a su distribución a nivel mundial. Para la identificación de estos genes es común emplear la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y mediante la aplicación de electroforesis en gel de agarosa. De la misma manera, los principales genes encargados de codificar las enzimas carbapanemasas son *bla_{KPC}*, *bla_{IMP}*, *bla_{VIM}*, *bla_{NDM}*; sin embargo, es más común la identificación de los genes responsables de la BLEE. En diversos estudios internacionales y en la región representan una gran prevalencia, lo que dificulta el tratamiento de las infecciones urinarias (8–10).

En Francia, se demostró que la bacteria más prevalente en las infecciones urinarias es *E. coli* con un 60%. En cuanto a la resistencia se tiene que: ampicilina, amoxicilina y eritromicina exhibieron una alta resistencia en función a los uropatógenos; del mismo modo, se demostró resistencia a ceftriaxona, ceftazidima y cefixima sulfametoxazol; mientras que pristinamicina y ticarcilina demostraron sensibilidad (11).

Por otra parte, en Colombia el microorganismo prevalente de las infecciones del tracto urinario es *E. coli*, seguido de *K. pneumoniae*, *Proteus spp.* y *Enterobacter spp.* estos últimos en un mínimo porcentaje; pero lo más relevante de esta investigación es el mayor porcentaje de resistencia de *E. coli* y *K. pneumoniae* frente a ampicilina/sulbactam, *K. pneumoniae* presenta resistencia a ceftriaxona con una tasa de 68,8% (12).

E. coli sigue siendo el principal agente causal de las infecciones urinarias. En un estudio realizado en Ecuador, este microorganismo ha demostrado resistencia a dicloxacilina, ampicilina, trimetoprim sulfametoxazol, levofloxacina entre otros. Afectando principalmente a las mujeres debido a su anatomía, las cuales son propensas a sufrir cistitis, esta es la ITU (infección del tracto urinario) de mayor frecuencia (13).

La influencia de las infecciones vaginales representa un problema de salud pública sobre todo en los países subdesarrollados, debido al alto costo de los antibióticos y al aumento de la estancia hospitalaria. Es necesario analizar el panorama de tratamiento antimicrobiano válido a nivel de la región para aplicar para tratar sobre todo *E. coli* y *K. pneumoniae*, debido al aumento frecuente del fracaso farmacológico. Por lo que este estudio tiene como objetivo caracterizar las infecciones vaginales de origen bacteriano y los principales mecanismos de resistencia reportados en América Latina y el Caribe, durante el periodo 2013 - 2023, mediante una revisión sistemática de la literatura.

Metodología

La presente revisión sistemática, presenta información relevante referente a: las infecciones vaginales, agentes causales implicados, principales mecanismos de resistencia, genes de resistencia y métodos moleculares implicados en el diagnóstico. En cuanto a la información fue recopilada de bases de datos como: Scielo, Scopus, Taylor and Francis, PubMed. Se emplearon diferentes estrategias de búsqueda como: Resistencia bacteriana and Enterobacterias, mechanism of resistance and gene, Genes de resistencia and Diagnóstico molecular gen of resistance and UTI, *E. coli* and ESBL, mechanism of resistance and Chile. Se emplearon operadores booleanos como: “AND, OR, NOT” y como gestor bibliográfico se utilizó “Zotero”.

Criterios de inclusión. Artículos publicados en el periodo de tiempo 2013 - 2023. Artículos originales en portugués, español e inglés. Artículos originales internacionales y nacionales, estudios de corte longitudinal y transversal.

Criterios de exclusión. Artículos publicados fuera del periodo de estudio. Artículos de revisión bibliográfica. Cartas al editor. Artículos originales de bases científicas no confiables o en su defecto que estén en otro idioma.

Los datos recolectados fueron de bases de datos que proporciona la biblioteca de la Universidad Católica de Cuenca.

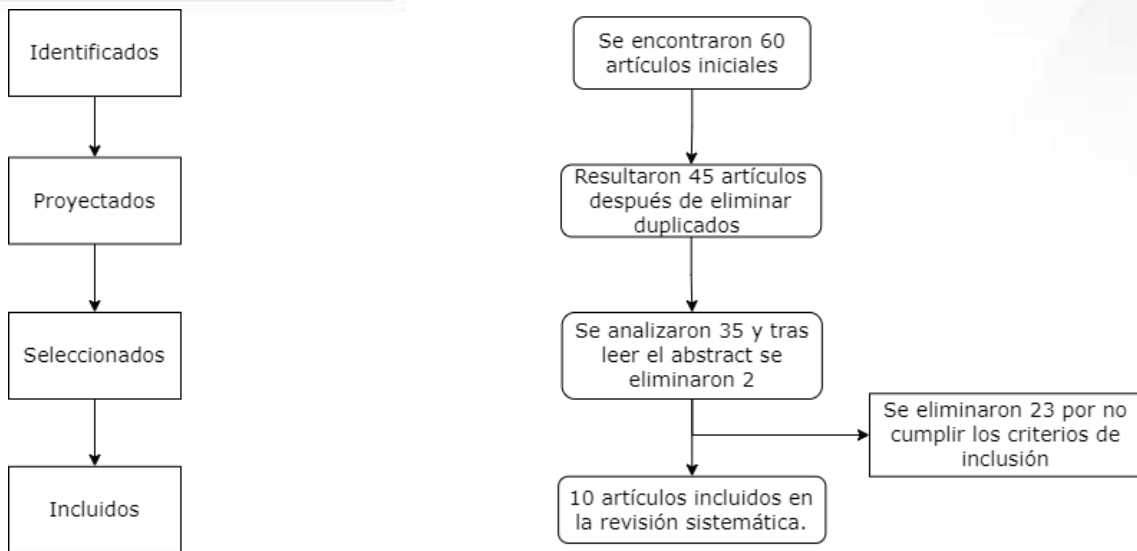


Figura 1: Metodología prisma empleada en la investigación

Discusión

De acuerdo con los estudios recopilados, en la **tabla 1** se aprecia que *K. pneumoniae*, y *E. coli* son las más predominantes en las infecciones vaginales. Sin embargo, los genes que poseen mayor porcentaje en cuanto a su prevalencia en estos estudios son los genes de Betalactamasas.

Tabla 1: Genes de resistencia más prevalentes en función del microorganismo y país de origen

Año de publicación	Autor	Tipo de estudio	Tamaño de muestra	Mecanismo de resistencia	Gen más prevalente	Microorganismo	País	Cita bibliográfica
2018	Pereyra <i>et al.</i>	Longitudinal prospectivo	53	<i>bla CTX-M</i>	74,30%	<i>E. coli</i>	Bolivia	(14)
2018	Álvarez <i>et al.</i>	Descriptivo retrospectivo	40	<i>bla CTX-M</i>	62,50%	<i>E. coli</i>	Chile	(15)
2018	Guzmán <i>et al.</i>	Experimental	103	<i>bla CTX-M</i>	34,60%	<i>E. coli</i>	Venezuela	(16)
2018	Sacsquispe Bailón	Descriptivo observacional	83	<i>bla NDM</i>	67,50%	<i>K. pneumoniae</i>	Perú	(6)
2018	Carrasco <i>et al.</i>	Experimental	22	<i>bla CTX-M</i>	71%	<i>K. pneumoniae</i>	Chile	(17)
2019	Azevedo Paola <i>et al.</i>	Experimental	48	<i>bla KPC</i>	37,50%	<i>K. pneumoniae</i>	Brasil	(18)
2020	Faccone Diego <i>et al.</i>	Retrospectivo	117	<i>mcr-1</i>	13,50%	<i>E. coli</i>	Argentina	(19)
2020	De la Cadena <i>et al.</i>	Observacional experimental	26	<i>bla CTX-M</i>	85%	<i>E. coli</i>	Colombia	(20)
2021	Olivia <i>et al.</i>	Descriptivo corte transversal	61	<i>ampC</i>	94%	<i>K. pneumoniae</i>	Cuba	(21)
2022	Gonzales <i>et al.</i>	Observacional descriptivo	35	<i>bla CTX-M</i>	57,10%	<i>E. coli</i>	Perú	(22)

En algunos estudios se aplicaron pruebas de susceptibilidad antimicrobiana, en donde se muestra una alta tasa de resistencia. A continuación, se muestra en la **tabla 2** los porcentajes de resistencia de acuerdo con el estudio realizado en algunos países latinoamericanos.

Tabla 2: Porcentaje de resistencia antimicrobiana en relación con los principales antibióticos empleados para el tratamiento de las infecciones vaginales en los diferentes países de Latinoamérica y el Caribe.

Autor	País	Aislados (total)	Bacteria			Resistencia %	Antimicrobiano	Cita bibliográfica
De la Cadena <i>et al.</i>	Colombia	26	<i>E. coli</i>			81	Ceftazidima	(20)
						69	Cefepima	
						8	Piperacilina/tazobactam	
						4	Fosfomicina	
Olivia <i>et al.</i>	Cuba	61	<i>E. coli</i>	<i>Klebsiella spp.</i>	<i>E. cloacae</i>	59	Ampicilina	(21)
						34	Ampicilina/sulbactam	
						28	Ceftazidima	
						69	Cefotaxima	
						31	Ceftriaxona	
Guzmán <i>et al.</i>	Venezuela	103	<i>E. coli</i>			96,1	Ampicilina	(16)
						59,4	Cefalotina	
						28,4	Ampicilina/sulbactam	
						25,7	Amoxicilina/ácido clavulánico	
						39,6	Trimetropina/sulfametoxazol	
						29,7	Ciprofloxacino	
Carrasco <i>et al.</i>	Chile	22	<i>Klebsiella pneumoniae</i>			82	Ceftazidima	(17)
							Cefotaxima	
							Imipenem	
							Ertapenem	
							Meropenem	
Gonzáles	Perú	35	<i>E. coli</i>			91	Ciprofloxacino	(22)
						73	Colistina	
						59	Gentamicina	
						50	Amikacina	
						71,4	Cefotaxima	
5,7	Cefoxitina							
						Ciprofloxacino		

Los antibióticos que muestran mayor resistencia frente a las bacterias Gram negativas estudiadas son los B-lactámicos, principalmente las cefalosporinas; una prevalencia similar presenta ciprofloxacino, sobre todo en los países de Venezuela, Chile y Perú.

En esta recopilación de estudios en América latina y el Caribe, el gen de mayor prevalencia es *bla_{CTX-M}* proveniente principalmente de las especies *E. coli* y *K. pneumoniae*, pero el gen *ampC* fue escaso, pues sólo fue evidente en un solo estudio realizado en Cuba. Por el contrario, se obtuvo un estudio realizado en Singapur, donde a partir de aislados de las mismas especies, se mostró un porcentaje positivo muy cercano para los genes de *bla_{CTX-M}* y *AmpC*, en 54 y 50% respectivamente. Este contraste de resultados puede ser a causa de la falta estudios que abarquen el análisis simultáneo de estos dos genes en muestras de origen vaginal (23).

Por otra parte, en Turquía, se realizaron pruebas de susceptibilidad antimicrobiana frente a distintos fármacos, en donde se encontró que el antibiótico menos eficaz para tratar *E. coli* es ciprofloxacino (62,2%), por lo que se sugiere la administración de imipenem y meropenem como una alternativa para tratamiento de infecciones complicadas del tracto urinario. Un panorama similar se aprecia en los estudios realizados en Latinoamérica,

puesto que existen tasas altas de resistencia a este antibiótico, pero los hallazgos sugieren una mayor la resistencia en el tratamiento de *Klebsiella spp.* que para *E. coli*(23).

Actualmente, el antimicrobiano de interés a nivel mundial es colistina, de acuerdo con diversos estudios realizados puede ser útil, en muy pocos casos, puesto que se ha reflejado un gran aumento en las tasas de resistencia a microorganismos gramnegativos. Con respecto a un estudio realizado en India, colistina ha demostrado su alta eficacia tanto para *E. coli* como para *Klebsiella spp.* Siendo colistina la mejor opción para tratar enterobacterias resistentes a carbapenemasas (CRE). Del mismo modo, las tasas de sensibilidad a colistina para *estos* microorganismos fueron altas en comparación con nitrofurantoína; a este último no se ha encontrado estudios realizados en *E. coli* productora de B-lactamasa (24).

Sin embargo, en otro estudio llevado a cabo en China, expone que *Klebsiella pneumoniae* presenta resistencia a colistina, ceftazidima, fosfomicina, y aztreonam; pero es sensible a cefoxitin, levofloxacin, ciprofloxacino, amikacina, tigeciclina, meropenem, imipenem, gentamicina, trimetoprim sulfametoxazol, y ceftazidima/ avibactam. La resistencia de *K. pneumoniae* a estos antibióticos se les atribuye a los genes *fosA*, B-lactamasas (*bla_{CTX-M-55}*, *bla_{SHV-28}*) y colistina (*mcr-1*) (25).

Por otra parte, en Egipto en mujeres pre y postmenopáusicas, se aisló *E. coli*. Dicho microorganismo demostró resistencia a ceftazidima (72%) y cefotaxima (74,2%); además se detectó los genes TEM, SHV, CTX-M; donde CTX-M fue el más común con un porcentaje de 51,6%, luego le sigue TEM con 46,2% y finalmente SHV con un menor porcentaje (26).

Conclusiones

- A través de este estudio de recopilación de información se caracterizaron las infecciones vaginales a partir de diversos estudios realizados en América Latina y El Caribe. En donde, las especies más prevalentes fueron *E. coli* y *K. pneumoniae*, las cuales han adoptado mecanismos de resistencia especialmente de tipo enzimático a través de las BLEE y carbapenemasas, de estas, el gen del mayor predominio es *bla_{CTX-M}*. Los hallazgos también reflejan que el tratamiento con cefalosporinas y ciprofloxacino es cada vez menos eficiente, lo que sugiere aplicar otros antibióticos de mayor espectro, lo que significa un problema mayor debido a la falta de opciones para este tipo de infecciones. Tal es el caso; la aplicación de colistina como opción de última línea. Sin embargo, a nivel mundial se ha evidenciado poca eficiencia de medicamento, por lo que también es necesario realizar estudios de resistencia en países latinoamericanos, especialmente en Ecuador, lo que ayudará para un tratamiento oportuno y eficaz.

Conflicto de intereses

Los autores declaran que no existe conflicto de interés para la publicación del presente artículo.

Declaración de contribución de los autores

Daniela Alexandra Santacruz Carpio, y Paola Fernanda Tenesaca Otavalo diseñaron el estudio, analizaron los datos y elaboraron el borrador.

Referencias Bibliográficas

- 1) González NF, Santisteban Gómez AL, Ortiz Sánchez Y, Pérez Marin D, González Rodríguez M del R, Felipe González N, et al. Factores de riesgo asociados a infección vaginal en mujeres embarazadas. *Multimed.* junio de 2019;23(3):430–46. Disponible en: http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S1028-48182019000300430&lng=es&nrm=iso&tlng=es
- 2) Rosada Navarro Y, Álvarez Ramírez R. Comportamiento de la infección vaginal en gestantes, Consejo Popular William Soler, 2017-2018. *Multimed.* octubre de 2019;23(5):908–23. Disponible en: http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S1028-48182019000500908&lng=es&nrm=iso&tlng=es
- 3) Carriel Álvarez MG, Ortiz Tejedor JG. Prevalencia de infección del tracto urinario y perfil de susceptibilidad antimicrobiana en Enterobacterias. *Vive Revista de Salud.* agosto de 2021;4(11):104–15. Diponible en: http://www.scielo.org.bo/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S2664-32432021000200104&lng=es&nrm=iso&tlng=es
- 4) Sanín-Ramírez D, Calle-Meneses C, Jaramillo-Mesa C, Nieto-Restrepo JA, Marín-Pineda DM, Campo-Campo MN, et al. Prevalencia etiológica de infección del tracto urinario en gestantes sintomáticas, en un Hospital de alta complejidad de Medellín, Colombia, 2013-2015. *Revista Colombiana de Obstetricia y Ginecología.* diciembre de 2019;70(4):243–52. Disponible en: http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S0034-74342019000400243&lng=en&nrm=iso&tlng=es
- 5) Raraz-Vidal J, Allpas-Gomez H, Raraz-Vidal O. Resistencia antibiótica de Escherichia coli y Staphylococcus saprophyticus en la infección urinaria de un hospital público. *Bol Malariol Salud Ambient.* 2021;61(4):633–41. Disponible en: <http://iaes.edu.ve/iaespro/ojs/index.php/bmsa/article/view/371>

- 6) Sacsquispe-Contreras R, Bailón-Calderón H. Identificación de genes de resistencia a carbapenémicos en enterobacterias de hospitales de Perú, 2013-2017. *Rev Peru Med Exp Salud Publica*. abril de 2018;35(2):259–64. Disponible en: http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S1726-46342018000200012&lng=es&nrm=iso&tlng=es
- 7) Bedenić B, Meštrović T. Mechanisms of Resistance in Gram-Negative Urinary Pathogens: From Country-Specific Molecular Insights to Global Clinical Relevance. *Diagnostics*. el 28 de abril de 2021;11(5):800. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8146862/>
- 8) García MH, Valdez CA, Porta TV. Detección de los genes de β -lactamasas blaTEM, blaSHV y blaCTX-M en aislamientos de Escherichia coli comunitarios. *Rev Científica [Internet]*. [citado el 26 de mayo de 2023];28(2). Disponible en: <http://portal.amelica.org/ameli/jatsRepo/50/50602013/html/index.html>
- 9) Yauri MF. Caracterización molecular de genes de resistencia a β -lactámicos en aislados bacterianos clínicos de la familia Enterobacteriaceae. *Rev Ecuat Med Cienc Biológicas REMCB*. 2021;42(1 (Mayo)):63–77. Disponible en: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=8575337>
- 10) Velandia DPL, Torres Caycedo MI, Castañeda Orduz LM, Prada Quiroga CF. Determinación de genes que codifican la resistencia de betalactamasas de espectro extendido en bacilos Gram negativos aislados de urocultivos. *Revista Investig. Salud Univ. Boyacá [Internet]*. 1 de diciembre de 2016 [citado 27 de mayo de 2023];3(2):107-26. Disponible en: <https://revistasdigitales.uniboyaca.edu.co/index.php/rs/article/view/182>
- 11) Joya M, Aalemi AK, Baryali AT. Prevalence and Antibiotic Susceptibility of the Common Bacterial Uropathogen Among UTI Patients in French Medical Institute for Children. *Infect Drug Resist*. el 31 de diciembre de 2022; 15:4291–7. Disponible en: <https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.2147/IDR.S353818>
- 12) Delgado-Serrano J, Ruiz MJA, Rangel-Vera JA, Galeano-Salazar E, Niño-Vargas D, Wilches-Cuadros MA, et al. Perfil de resistencia antimicrobiana de aislamientos bacterianos en pacientes con infección urinaria de un centro de referencia en Bucaramanga. *MedUNAB*. 2020;23(3):405–13. Disponible en: <https://www.redalyc.org/journal/719/71965090004/>
- 13) Rojas MP, Fernández EM, Banguera RA, Reinozo NM, Apolo MM, Ortega JB, et al. Caracterización clínico-demográfica y resistencia bacteriana de las

- infecciones del tracto urinario en el Hospital Básico de Paute, Azuay - Ecuador. 2018. Disponible en: <https://www.redalyc.org/journal/719/71965090004/>
- 14) Pereyra M, Ruiz R, Baez J, Valenzuela N, Araya J, Silva J, et al. Caracterización molecular de β -lactamasas de espectro extendido en cepas de *Escherichia coli* causantes de infección urinaria en pacientes inmunocomprometidos. *Rev Médica Paz*. 2019;25(2):10–8. Disponible en: http://www.scielo.org.bo/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S1726-89582019000200002&lng=es&nrm=iso&tlng=es
- 15) Álvarez J, Rojas Á, Carvajal C, Revello J, Meza P, Guggiana P, et al. Evaluation of susceptibility and response to therapy with piperacillin-tazobactam in patients with infections caused by *Escherichia coli* with extended-spectrum β -lactamase (ESBL) CTX-M. *Rev Chil Infectol*. Agosto de 2018;35(4):343–50. Disponible en: http://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S0716-10182018000400343&lng=en&nrm=iso&tlng=en
- 16) Guzmán M, Salazar E, Cordero V, Castro A, Villanueva A, Rodolfo H, et al. Multidrug resistance, and risk factors associated with community-acquired urinary tract infections caused by *Escherichia coli* in Venezuela. *Biomédica*. 39(1):96–107. Disponible en: <https://www.redalyc.org/journal/843/84359814009/>
- 17) Carrasco-Anabalón S, Vera-Leiva A, Quezada-Aguiluz M, Morales-Rivera MF, Lima CA, Fernández J, et al. Genetic Platforms of blaCTX-M in Carbapenemase-Producing Strains of *K. pneumoniae* Isolated in Chile. *Front Microbiol*. el 6 de marzo de 2018; 9:324. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5857710/>
- 18) Azevedo PAA, Furlan JPR, Gonçalves GB, Gomes CN, Goulart R da S, Stehling EG, et al. Molecular characterization of multidrug-resistant *Klebsiella pneumoniae* belonging to CC258 isolated from outpatients with urinary tract infection in Brazil. *J Glob Antimicrob Resist*. el 1 de septiembre de 2019; 18:74–9. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2213716519300323>
- 19) Faccione D, Rapoport M, Albornoz E, Celaya F, De Mendieta J, De Belder D, et al. Plasmidic resistance to colistin mediated by mcr-1 gene in *Escherichia coli* clinical isolates in Argentina: A retrospective study, 2012–2018. *Rev Panam Salud Pública*. el 23 de septiembre de 2020;44: e55. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7498280/>

- 20) De La Cadena E, Mojica MF, Castillo N, Correa A, Appel TM, García-Betancur JC, et al. Genomic Analysis of CTX-M-Group-1-Producing Extraintestinal Pathogenic *E. coli* (ExPEc) from Patients with Urinary Tract Infections (UTI) from Colombia. *Antibiotics*. el 13 de diciembre de 2020;9(12):899. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7763464/>
- 21) Oliva A, Carmona Y, de La C. López E, Álvarez R, Aung MS, Kobayashi N, et al. Characterization of Neonatal Infections by Gram-Negative Bacilli and Associated Risk Factors, Havana, Cuba. *Infect Dis Rep*. el 9 de marzo de 2021;13(1):219–29. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC8005978/>
- 22) Gonzales-Rodriguez AO, Infante Varillas SF, Reyes-Farias CI, Ladines Fajardo CE, Gonzales Escalante E, Gonzales-Rodriguez AO, et al. B-lactamasas de espectro extendido y factores de virulencia en *Escherichia coli* uropatógenas en asilos de ancianos en Lima, Perú. *Rev Peru Med Exp Salud Publica*. marzo de 2022;39(1):98–103. Disponible en: http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S1726-46342022000100098&lng=es&nrm=iso&tlng=es
- 23) Ho HJ, Tan MX, Chen MI, Tan TY, Koo SH, Koong AYL, et al. Interaction between Antibiotic Resistance, Resistance Genes, and Treatment Response for Urinary Tract Infections in Primary Care. *J Clin Microbiol*. el 26 de Agosto de 2019;57(9):10.1128/jcm.00143-19. Disponible en: <https://journals.asm.org/doi/10.1128/JCM.00143-19>
- 24) Amladi AU, Abirami B, Devi SM, Sudarsanam TD, Kandasamy S, Kekre N, et al. Susceptibility profile, resistance mechanisms & efficacy ratios of fosfomicin, nitrofurantoin & colistin for carbapenem-resistant Enterobacteriaceae causing urinary tract infections. *Indian J Med Res*. febrero de 2019;149(2):185–91. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC6563748/>
- 25) Chen H, Jiang T, Wu J, Sun Q, Zha Q, Jin S, et al. Genomic and phylogenetic analysis of a multidrug-resistant mcr-1-carrying *Klebsiella pneumoniae* recovered from a urinary tract infection in China. *J Glob Antimicrob Resist*. el 1 de diciembre de 2021; 27:222–4. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2213716521002174>
- 26) Ali GH, Yakout MA. Comparative Study of ESBL Production Among Uropathogenic *Escherichia coli* Clinical Isolates from Pre- and Post-menopausal

Women in Egypt. *Curr Microbiol.* el 1 de septiembre de 2021;78(9):3516–25
Disponibile en: <https://doi.org/10.1007/s00284-021-02599-2>

El artículo que se publica es de exclusiva responsabilidad de los autores y no necesariamente refleja el pensamiento de la **Revista Anatomía Digital**.



El artículo queda en propiedad de la revista y, por tanto, su publicación parcial y/o total en otro medio tiene que ser autorizado por el director de la **Revista Anatomía Digital**.



Indexaciones

