

Caracterización por PCR- múltiple del grupo filogenético de *Escherichia coli* uropatógena aisladas de pacientes ambulatorios de Bucaramanga, Santander.

PCR-multiplex characterization of phylogenetic group uropathogenic *Escherichia coli* isolated from outpatients Bucaramanga, Santander.

Alexandra Serrano¹, Juan José Serrano¹, Diego Ayala¹, Yelisa Guerra¹, Jaddy Padilla¹,
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

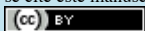
Resumen

Introducción: Las infecciones del tracto urinario son consideradas actualmente como una de las enfermedades infecciosas más comunes. En general se acepta que los agentes infecciosos con los cuales se asocia se encuentran presentes en la microbiota intestinal, por tal razón se ha descrito que *Escherichia coli* es una de las principales Enterobacterias involucradas en las manifestaciones clínicas presentes en pacientes con infecciones del tracto urinario. Las cepas de *E. coli* han sido clasificadas inicialmente en 4 grupos filogenéticos según Clermont y col. (2000), de este modo se conocen “cepas intestinales comensales, pertenecientes a los grupos A y B1, y cepas extra intestinales virulentas asociadas a los grupos B2 y D, para llevar a cabo dicha clasificación Clermont, diseñó herramientas moleculares como la PCR-triple, mediante la utilización de diferentes genes tales como *ChuA*, *yjaA* y *TSPE4.C2*”. Sin embargo debido a la complejidad estructural genética de este microorganismo, se han logrado establecer nuevos grupos filogenéticos de *E. coli*, A, B1, B2, C, D, E, F y un último grupo el cual no ha sido completamente identificado, por tal razón es importante conocer cuáles son los grupos filogenéticos que están presentes en nuestra región, mediante el uso de técnicas moleculares que permitan realizar la caracterización filogenética de dicho microorganismo y de esta manera lograr establecer los perfiles de resistencia y evaluar los posibles factores de virulencia asociados al proceso de infección. **Objetivo:** Realizar la caracterización molecular de los grupos filogenéticos de *E. coli* uropatógena aislada de pacientes ambulatorios que asisten a un laboratorio de tercer nivel de complejidad de la ciudad de Bucaramanga mediante el uso de PCR-multiplex. **Materiales y métodos:** El cálculo del tamaño muestral se realizó teniendo en cuenta la prevalencia reportada por Orduz, K y Trejos, J, (2010), se calculó el tamaño de muestra en el software estadístico STATA V.11.0, para un tamaño de 250 cepas a analizar. Se realizó la extracción de ADN de UPEC por el método de extracción de DN genómico, usando Kit comercial. Para la estandarización de la PCR multiplex se tomó como base el estudio realizado por Clermont 2000, en donde se realizaron modificaciones con el fin de poder obtener una mejor calidad de cada una de las bandas de los genes usados, mediante el análisis de sus respectivos pares de bases (*ChuaA* 279 pb, *YjaA* 211pb, *TSPE4.C2* 152 pb, *ArpA* 400 pb). La clasificación molecular de cada uno de los grupos filogenéticos de *E. coli* uropatógena, se realizó mediante la lectura del gel y la identificación final se determinó mediante el análisis del árbol dicotómico propuesto por Clermont 2000. **Resultados:** Se pudo determinar que de las 250 cepas analizadas, 114 cepas lo que equivale a un 45,6% pertenecen a los grupos filogenéticos considerados de tipo comensal. Por lo contrario las 136 cepas restantes es decir el 54.4% son consideradas cepas patógenas extraintestinales, los cuales según la literatura reportada son los que presentan los niveles más altos de distribución en la población con infecciones del tracto urinario ya que se considera que son estos grupos filogenéticos los contienen los genes que codifican factores de virulencia responsables de promover la infección en el humano, así mismo 79 cepas de UPEC presentaron multiresistencia a 3 o más familias de antibióticos. El perfil de antibiótico-resistencia demostró una alta sensibilidad a Amikacina (98%), Nitrofurantoina (94,8%) y Cefoxitina (86,8%) y resistencia a Ampicilina (80%), Amoxicilina (78,4%) y Trimetoprim/sulfametoxazole (68%). **Conclusiones:** Se logró determinar que de los aislados analizados la mayoría pertenecen a los grupos filogenéticos virulentos B2 y D, sin embargo teniendo en cuenta la relación con los perfiles de resistencia se pudo determinar que las cepas comensales A y B1 fueron resistentes a 16 de los 19 antibióticos analizados.

Palabras clave: *Escherichia coli*; PCR múltiple; uropatógeno; grupo filogenético. (Fuente: DeCS BIREME)

Citación: Serrano A, Serrano JJ, Ayala D, Guerra Y, Padilla J, Trejos-Suárez J. Caracterización por PCR-multiplex del grupo filogenético de *Escherichia coli* uropatógena aisladas de pacientes ambulatorios de Bucaramanga, Santander. Rev. Fac. Cienc. Salud UDES. 2016;3(1.S1):25. <http://dx.doi.org/10.20320/rfcsudes.v3i1.s1.p011>

© 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 Estudiantes, Programa de Bacteriología y Laboratorio Clínico, Facultad de Ciencias de la 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 la Salud, Universidad de Santander UDES, Bucaramanga-Colombia.