



ISSN en línea: 2550-6692  
ISSN: 2477-9172

# ENFERMERÍA INVESTIGA

<https://revistas.uta.edu.ec/erevista/index.php/enfi/index>



## ORIGEN Y PREVALENCIA DE LA COLONIZACIÓN POR BACTERIAS PORTADORAS DE B-LACTAMASAS DE ESPECTRO EXTENDIDO Y CARBAPENEMASAS DE *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* EN PACIENTES HOSPITALIZADOS

## ORIGIN AND PREVALENCE OF COLONIZATION BY BACTERIA CARRYING EXTENDED-SPECTRUM B-LACTAMASES AND *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* CARBAPENEMASES IN HOSPITALIZED PATIENTS.

Henry Molina<sup>1</sup> <https://orcid.org/0009-0000-8857-9835>, Sara Calderón<sup>2</sup> <https://orcid.org/0009-0000-6120-4371>, Gabriela, Vasco<sup>3</sup> <https://orcid.org/0000-0002-8318-2465>, Nicolás Herrera<sup>3</sup> <https://orcid.org/0009-0000-4748-5453>, Mishell Achig<sup>3</sup> <https://orcid.org/0000-0002-0034-9988>, Cristian Terán<sup>3</sup> <https://orcid.org/0009-0002-5022-5585>, Jhon Maza<sup>3</sup> <https://orcid.org/0009-0001-7934-1865>, Nicole Delgado<sup>3</sup> <https://orcid.org/0009-0000-4183-4683>, Juan Jácome<sup>3</sup> <https://orcid.org/0000-0003-3700-6222>, Carmen Salvador<sup>3</sup> <https://orcid.org/0000-0002-5011-6031>

<sup>1</sup>Carrera de Laboratorio Clínico, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Central del Ecuador, Quito, Ecuador

<sup>2</sup>Servicio de Laboratorio Clínico, Hospital San Francisco de Quito, Instituto Ecuatoriano de Seguridad Social, Quito, Ecuador

<sup>3</sup>Carrera de Medicina, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Central del Ecuador, Quito, Ecuador

2477-9172 / 2550-6692 Derechos Reservados © 2025 Universidad Técnica de Ambato, Carrera de Enfermería. Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la Licencia Creative Commons, que permite uso ilimitado, distribución y reproducción en cualquier medio, siempre que la obra original es debidamente citada.

**Autor para la correspondencia:** PhD. Carmen Amelia Salvador-Pinos. **Correo electrónico:** [casalvador@uce.edu.ec](mailto:casalvador@uce.edu.ec).

**Recibido:** 27 de abril 2025

**Aceptado:** 27 de junio 2025

## RESUMEN

**Introducción:** La colonización intestinal tiene un importante papel en la diseminación de microorganismos multirresistentes además de que podría ser una fuente endógena de bacterias capaces de producir infecciones. **Objetivo:** Determinar la prevalencia de pacientes portadores de bacterias con fenotipos positivos a  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido (BLEE) y carbapenemasas de *Klebsiella pneumoniae* (KPC) en pacientes hospitalizados, y establecer el origen de la colonización. **Métodos:** Este es un estudio observacional y descriptivo, que analizó los registros de todos los hisopados rectales positivos a bacterias con fenotipos BLEE o KPC, que fueron obtenidos de pacientes que fueron admitidos al Hospital San Francisco de Quito, Ecuador, en el periodo comprendido entre junio de 2016 y junio de 2017. **Resultados:** Se determinó que 180 de 334 pacientes incluidos (53,89%) fueron portadores de bacterias con fenotipos BLEE 44,61% y KPC 9,28%. Predominantemente, las cepas con fenotipo BLEE correspondieron a la especie *Escherichia coli* 87,25%; mientras que de las de fenotipo KPC fueron del género *Klebsiella* spp. 83,87%. La colonización estuvo presente en todos los grupos de edad particularmente en adultos mayores de 61 años, mientras que el origen

de la colonización fue principalmente nosocomial 55,7%, y comunitario 37,58%. **Conclusiones:** La presencia de colonización con bacterias con fenotipos resistentes es frecuente en la población y en diferentes grupos de edad. Los resultados indican que el origen nosocomial sigue siendo importante, pero podría haber un importante flujo de cepas desde la comunidad, lo que implicaría el cambio de las medidas de control de infecciones.

**Palabras clave:** colonización, resistencia a antibióticos, resistencia betalactámicas, enterobacteriaceae productoras de carbapenemasa.

## ABSTRACT

**Introduction:** Intestinal colonization is a significant factor in disseminating multidrug-resistant bacteria and can also be the endogenous origin of bacteria that cause infections. **Objective:** To determine the prevalence of human carriers of extended-spectrum  $\beta$ -lactamase (BLEE) and *Klebsiella pneumoniae* carbapenemase (KPC) producer bacteria among hospitalized patients and to establish the colonization origin. **Methods:** This observational and descriptive study analyzed all the reports of rectal swabs positive for bacteria with phenotypes BLEE and KPC from

patients admitted to the Hospital San Francisco de Quito, Ecuador, between June 2016 and June 2017. **Results:** We found that 180 out of 334 included patients (53.89%) were carriers of bacteria with BLEE (44.61%) and KPC (9.28%) phenotypes. The predominant bacteria with phenotype BLEE were *Escherichia coli* (87.25%), whereas for the KPC phenotype, it was *Klebsiella* spp. (83.87%). Colonization was present in all age groups, mainly in adults older than 61. Meanwhile, the colonization origin was nosocomial (55.7%) and in the community (37.58%). **Conclusions:** The high frequency of colonization by bacteria with multidrug-resistant phenotypes in the population across various age groups underscores the significance of our findings. The prevalence of nosocomial acquisition remains high, but the substantial interchange of bacteria from the community suggests a pressing need for revised infection control measures.

**Keywords:** Colonization, antibiotic resistance, beta-lactamase resistance, carbapenemase-producing Enterobacteriaceae.

## INTRODUCCIÓN

La carga de enfermedad atribuible a bacterias multirresistentes representa una de las amenazas globales más graves para la salud, la economía y la sociedad según la Organización Mundial de la Salud (OMS) (1). Entre estas bacterias, destacan las del grupo ESKAPE (*Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Enterobacter* spp.), así como especies de la familia Enterobacteriaceae, conocidas por su virulencia y su capacidad para adquirir resistencia a múltiples antibióticos, lo que complica su tratamiento e incrementa la morbilidad (2).

La resistencia a los antimicrobianos puede surgir por selección natural de mutantes resistentes o por la transferencia horizontal de genes facilitada por elementos genéticos móviles (MGE), como plásmidos, transposones e integrones, que portan genes de resistencia [3]. Uno de los mecanismos más preocupantes es la producción de enzimas inactivadoras de antibióticos, como las  $\beta$ -lactamasas, que pueden hidrolizar una amplia gama de antibióticos, incluyendo penicilinas, cefalosporinas, monobactámicos y carbapenémicos (2,4).

Las  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido (BLEE) son capaces de inactivar a penicilinas y cefalosporinas de hasta cuarta generación, así como al aztreonam, sin embargo, son susceptibles a la inhibición por agentes como el ácido clavulánico, sulbactam, tazobactam y avibactam. Por otro lado, las cepas productoras de carbapenemasas, otro tipo de  $\beta$ -lactamasas, pueden resistir a estos inhibidores, y además son resistentes a los carbapenémicos, penicilinas, cefalosporinas, y pueden estar ampliamente distribuidos como la carbapenemasa de *K. pneumoniae* (KPC) (5-7).

La adquisición de bacterias con fenotipos resistentes ha sido documentada tanto en entornos hospitalarios, que incluyen pacientes y personal médico, como en la comunidad (8,9). Se estima que hasta un 69% de las infecciones asociadas al cuidado hospitalario, causadas por bacterias con fenotipos BLEE podrían tener un origen endógeno, es decir son residentes de la microbiota que se translocan a otros órganos [8]. Además, se piensa que los pacientes hospitalizados colonizados con cepas resistentes a los antibióticos podrían ser fuentes de transmisión a otros individuos (10,11). Aunque no se ha determinado completamente la importancia de los portadores comunitarios de estas cepas resistentes, podrían representar una fuente potencial de propagación de MGE portadores de genes de resistencia (8).

Por lo antes expuesto el objetivo de la actual investigación es, determinar la prevalencia de portadores intestinales de bacterias con fenotipos BLEE y KPC en pacientes hospitalizados en una institución de salud, y diferenciar entre la colonización de origen hospitalario y la adquirida en la comunidad.

## MÉTODOS

Este estudio tiene un enfoque descriptivo observacional y se realizó en el Hospital San Francisco de Quito (HSFQ), perteneciente al Instituto Ecuatoriano de Seguridad Social. Este centro de salud especializado cuenta con 170 camas hospitalarias y está ubicado en la ciudad de Quito, Ecuador. La investigación fue autorizada por la Dirección Médica y el Servicio de Laboratorio Clínico del HSFQ. En este hospital, los servicios de vigilancia permiten la solicitud de estudios de colonización intestinal de bacterias portadoras de fenotipos BLEE o KPC, que se obtienen de hisopados rectales solicitados por los médicos de cada departamento hospitalario de acuerdo con criterios clínicos propios.

Los resultados de esos estudios son añadidos a las historias clínicas y bases de datos hospitalarios que se almacenan en los sistemas Enterprise y AS-400. Los datos primarios fueron obtenidos por el Servicio de Laboratorio Clínico que estuvieron registrados en la base de datos de los sistemas informáticos mencionados. Se recogieron todos los registros de hisopados rectales obtenidos de pacientes hospitalizados en el periodo de junio de 2016 a junio de 2017. Los registros obtenidos fueron anonimizados y analizados por los investigadores de este estudio. Cada registro incluyó información sobre la presencia o ausencia de bacterias con fenotipos BLEE o KPC, la identificación del género o especie bacteriana portadora del fenotipo, la edad y el sexo (definido al nacer) de los pacientes, la fecha de recolección del hisopado, así como el departamento médico solicitante del estudio.

Los datos fueron analizados utilizando Microsoft Excel 2017 y los resultados se presentaron como porcentaje de positividad de los cultivos de hisopados rectales con

cepas BLEE o KPC, así como la frecuencia de las especies bacterianas con estos fenotipos. Se examinó también la frecuencia de la colonización según grupo etario, sexo y departamento médico solicitante del estudio. Además, se clasificó el origen de la colonización de acuerdo con el momento de la

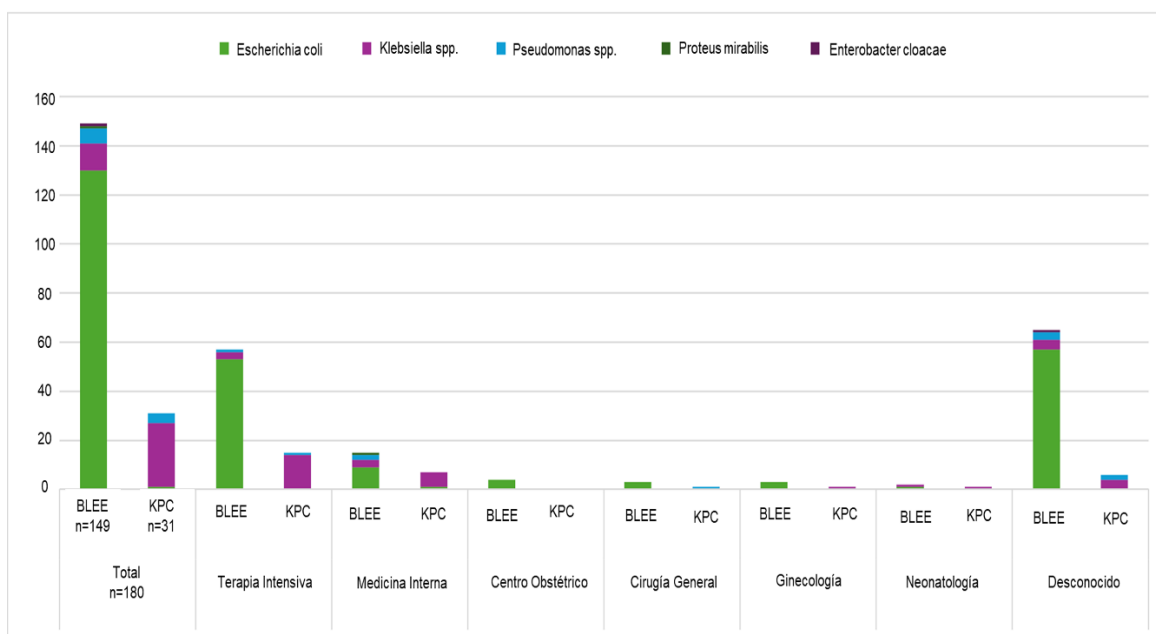
recolección de la muestra: como 'colonización adquirida en la comunidad' si el hisopado se realizó al inicio de la internación; 'colonización nosocomial' si se obtuvo durante la hospitalización; o 'colonización nosocomial asociada a la transferencia desde otra casa de salud hospitalaria'.

## RESULTADOS

Durante el periodo estudiado, se registraron un total de 334 hisopados rectales, de los que 180 (53,89%) fueron positivos a la presencia de cepas de bacterias con fenotipo BLEE (n=149 /334; 44,61%) o KPC (n=31 /334: 9,28%). Específicamente, *Escherichia coli* fue la especie con estos fenotipos más frecuentemente

aislada, representando el un 87,25% de aislamientos BLEE y un 3,23% de aislamientos KPC, seguida por *Klebsiella* spp. con un 7,38% y un 83,87%, respectivamente, y *Pseudomonas* spp. con un 4,03% y un 12,9%. También se detectó la presencia de BLEE en *Proteus mirabilis* (0,67%) y *Enterobacter cloacae* (0,67%). No se encontraron cepas que expresaran ambos fenotipos simultáneamente (Gráfico 1).

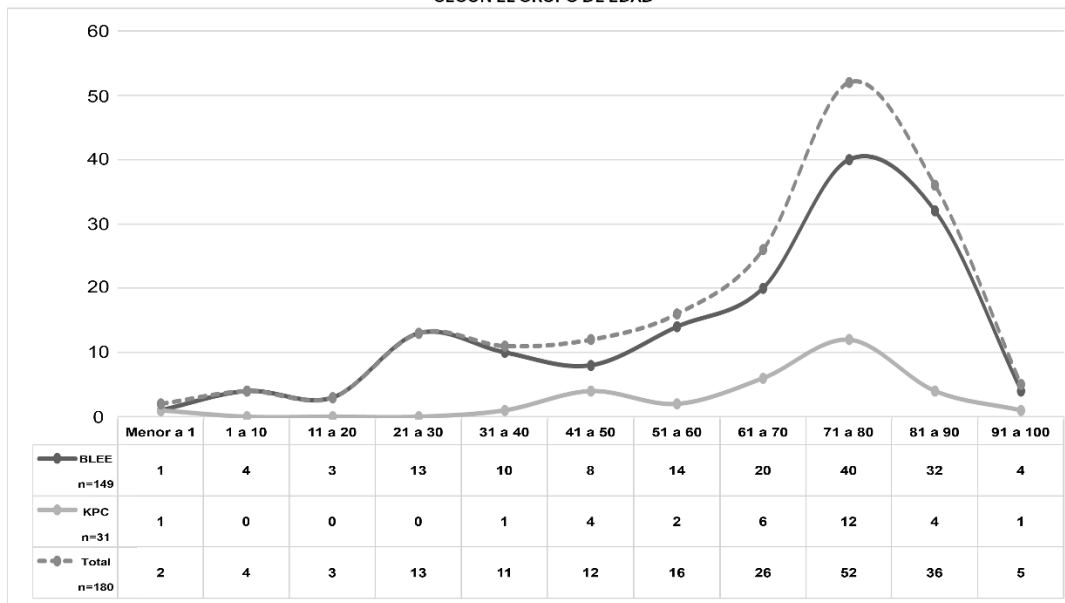
GRÁFICO 1  
FRECUENCIA ABSOLUTA DE LOS GÉNEROS Y ESPECIES BACTERIANAS CON FENOTIPOS BLEE O KC Y DISTRIBUCIÓN DE ACUERDO CON LOS SERVICIOS HOSPITALARIOS SOLICITANTES



La colonización intestinal con cepas de fenotipo BLEE o KPC fue observada en todos los grupos etarios, desde menores de 1 año hasta el grupo de 91 a 100 años, acumulándose de acuerdo con la edad, donde la mayoría de los casos se concentró en los grupos de 61 a 70 años (BLEE: 13,42% n=20 /149; KPC: 19,35% n=6 /31), de 71 a 80 años (BLEE: 26,85% n=40 /149; KPC: 38,71% n=12 /31) y de 81 a 90 años (BLEE: 21,48% n=32 /149; KPC: 12,9% n=4 /31) (Gráfico 2). No se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre hombres y mujeres con aislamientos BLEE (mujeres con aislamientos BLEE: 53,7% n=80 /149;  $\chi^2$  0,57 p 0,44), mientras que sí hubo un mayor número de aislamientos de cepas KPC en

hombres (hombres con aislamientos KPC: 61,3% n=19 /31;  $\chi^2$  3,84; p 0,049). En cuanto al origen de la colonización por bacterias con fenotipo BLEE o KPC, se clasificó como comunitario en el 37,58% y 12,9% (BLEE: n=56 /149 y KPC: n=4 /31) de los casos respectivamente, nosocomial en el 55,71% y 80,65% (BLEE: n=83 /149 y KPC: n=25 /31), asociado a transferencia desde otro centro de salud en el 5,37% y 6,45% (BLEE: n=8 /149 y KPC: n=2 /31) y desconocido en 1,34% y 0% (BLEE: n=2 /149 y KPC: n=0 /31). La mayoría de los hisopados positivos para cepas con fenotipo BLEE o KPC fueron solicitados por los servicios de Terapia Intensiva y Medicina Interna (Gráfico 2).

GRÁFICO 2  
FRECUENCIA ABSOLUTA DE LA COLONIZACIÓN CON BACTERIAS DE FENOTIPOS BLEE O KPC EN PACIENTES HOSPITALIZADOS, SEGÚN EL GRUPO DE EDAD



## DISCUSIÓN

En este estudio, uno de cada dos pacientes estaba colonizado con bacterias con fenotipo BLEE o KPC; y 5 de cada 10 portadores de cepas de fenotipo BLEE las adquirieron en el hospital, mientras que en el caso de los portadores de cepas con fenotipo KPC se elevó a 8 de cada 10 pacientes. Por el diseño de este estudio, desconocemos si todos los pacientes hospitalizados ya estuvieron colonizados al inicio de la internación, lo cual podría elevar el número de casos de colonización de origen comunitario. La transmisión intrahospitalaria podría estar relacionada al uso intensivo de antibióticos, y el empleo de dispositivos médicos, tales como catéteres venosos, urinarios o equipos de ventilación mecánica (4-7).

En cuanto al origen comunitario de las colonizaciones, hallamos que al menos 38,5% de portadores de bacterias con fenotipo BLEE y 12% de KPC, habrían sido colonizados en ese escenario. Otros estudios también han encontrado tasas similares de colonización, tanto detectados en el mismo día de la internación (7), como entre pacientes que acuden a consulta externa [8], manipuladores de alimentos [9], y residentes de casas de cuidado a largo plazo (11). Estos hallazgos sugieren que la transmisión comunitaria podría ser fundamental como reservorio o inclusive podría ser una fuente para la emergencia de cepas con fenotipos resistentes. Además, otros factores relacionados a la higiene, la contaminación de alimentos [9], el acceso a agua segura (10), las relaciones zoonóticas (8), y determinantes sociales

(10,11) podrían tener un papel importante en la transmisión comunitaria.

En el actual estudio se documentó la presencia de colonización desde niños menores de un año hasta de 91 a 100 años, siendo más frecuente entre los adultos mayores de 61 a 90 años. Desta et al., en Etiopía (12), detectaron una tasa global de colonización con bacterias de fenotipo por BLEE de 52%, de los que la tasa de colonización en pacientes adultos fue de 46%, en pacientes pediátricos del 59% y en neonatos del 74%; sin embargo, las especies portadoras del fenotipo BLEE fueron *E. coli* en la mayoría de los casos de los pacientes adultos, mientras que en el grupo de neonatos fue *K. pneumoniae* (12).

En otro estudio llevado a cabo en niños menores de 5 años en Etiopía por Tola et al., (13) encontraron que la tasa de colonización con bacterias BLEE fue de 17,1% y no encontraron asociación con el uso previo de antibióticos, u hospitalización previa, pero sí con el uso de agua corriente para beber o en quienes eran hijos de madres que solamente habían alcanzado la educación primaria. Además, un estudio iraní por Habibzadeh et al., (14) en niños de 12 a 15 años encontró que el 21,5%; el 1,5% y el 1,2% de los participantes portaban bacterias con fenotipo BLEE, AmpC, y ambas respectivamente; mientras no encontraron asociaciones significativas con relación al estado de colonización.

En el otro extremo de edad, un estudio llevado a cabo en Japón por Nakai et al., (15) en adultos mayores residentes de una casa de cuidado de adultos, encontraron una tasa de colonización y persistencia de colonización de alrededor del 36%, con un mayor

riesgo de colonización en los adultos mayores de 87 años. La transmisión de bacterias con fenotipo BLEE o KPC ocurre en diferentes grupos de edad, sin embargo, los adultos podrían ser más susceptibles a la colonización que los niños o los infantes, probablemente relacionado con comorbilidades, la estancia hospitalaria o vivir en casas de cuidado de adultos (10,12,14,16).

*Escherichia coli* fue la especie portadora de fenotipo BLEE mayoritariamente aislada en este estudio, *Klebsiella* spp. y *Pseudomonas* spp. para el fenotipo KPC. En un amplio estudio realizado en Alemania por Denkel et al., (17) se midió el impacto clínico de la colonización intestinal por especies de bacterias con fenotipo BLEE, en pacientes hospitalizados. Aunque ellos encontraron que la mayoría de los pacientes colonizados no presentaron una infección asociada al cuidado de la salud durante su estancia hospitalaria (91%), sí encontraron un 1,5% de incremento en el riesgo de adquirir una infección durante la hospitalización cuando la especie colonizante de fenotipo BLEE fue *K. pneumoniae*. Además, el 3,9% de los pacientes colonizados sufrió una infección con el mismo genotipo encontrado en el intestino, mientras que el 5,6% adquirió una infección con una bacteria de un genotipo diferente. También documentaron que los pacientes colonizados por *K. pneumoniae* BLEE, tuvieron peores desenlaces clínicos que los colonizados por *E. coli* BLEE (18).

En un estudio realizado por Li J et al., (19) en China, determinaron que el riesgo de sufrir una infección de sitio quirúrgico en cirugías de tratamiento de hemorroides fue del 41,57% en portadores de bacterias multirresistentes, mientras que fue de 1,81% en los no portadores. Gómez-Zorrilla et al., (20) en un estudio realizado en España, determinó que 39% de los pacientes que presentaron una colonización intestinal por *P. aeruginosa* previa, desarrolló una infección fuera del intestino por el mismo clon de *P. aeruginosa*, mientras que en los pacientes sin colonización previa la frecuencia de infección fue del 3,4%; con una diferencia estadísticamente significativa. En Ecuador, Vasco et al., (21) determinaron que aproximadamente 72% de los pacientes que tenían una infección por *P. aeruginosa*, portaban el mismo clon de la bacteria en su intestino, cuyo origen pudo haber sido nosocomial o comunitario. La colonización intestinal constituye un riesgo importante para el desarrollo de infecciones fuera del intestino, y probablemente este riesgo es diferenciado de acuerdo con la especie bacteriana estudiada y no solamente dependiente del perfil fenotípico de resistencia (17, 19-21).

Una preocupación adicional con respecto al estado de portador de bacterias resistentes a los antibióticos es la posibilidad de que sean una fuente adicional de MGE que podrían entregar estos genes a otras cepas intestinales durante la colonización. Al Naiemi et al., (22) describieron un estudio donde cuatro pacientes relacionados epidemiológicamente, que recibieron

antibióticos, estuvieron colonizados con *E. coli* que compartían los mismos perfiles fenotípicos de resistencia (BLEE positivas, intermedio a polimixina E y resistentes a tobramicina, gentamicina y ciprofloxacina). Sin embargo, los análisis genotípicos demostraron que las cepas no pertenecían al mismo clon, pero que los plásmidos portadores de los genes de resistencia que conferían el fenotipo descrito sí eran idénticos (22).

Reyes et al., (20) describieron un brote de bacterias de la especie *K. pneumoniae* portadoras del gen *bla*<sub>KPC-2</sub> en 62 pacientes hospitalizados en Ecuador. Los análisis genómicos demostraron la presencia de los mismos clones resistentes en 45 pacientes, pero además se demostró la presencia del transposón Tn4401a, portador del gen *bla*<sub>KPC-2</sub>, en los casos relacionados epidemiológicamente, inclusive en las bacterias que no pertenecían al mismo clon, y que dicho MGE podría haber estado asociado o al menos dos plásmidos diferentes. Esta evidencia, demostraría el papel fundamental de los MGE en la transferencia de genes resistentes, e inclusive en la posibilidad de que puedan constituirse en verdaderos brotes de plásmidos portadores de genes relacionados a resistencias a antibióticos (19,20).

Prado-Vivar et al. (2019) describieron un brote nosocomial de *Klebsiella pneumoniae* productora de carbapenemasas en el hospital de tercer nivel más grande de Quito, en el cual se identificaron múltiples clones mediante MLST, siendo ST25 y ST258 los más frecuentes. Aunque no se realizó un análisis detallado de los elementos genéticos móviles (EGM), la presencia del mismo alelo de resistencia *bla*<sub>KPC-5</sub> en diferentes ST sugiere un probable evento de transferencia horizontal mediado por plásmidos (23). Esta evidencia resalta el papel clave que pueden desempeñar los EGM, como plásmidos y transposones, en la diseminación de genes de resistencia entre diferentes linajes clonales, incluso en ausencia de relación genética directa entre los aislamientos, lo cual podría reflejar brotes impulsados no solo por clones bacterianos, sino también por plásmidos portadores de genes de resistencia.

Se han propuesto diferentes estrategias para la erradicación de bacterias resistentes en pacientes colonizados para reducir el riesgo de infecciones de origen endógeno. Sin embargo, la descolonización rutinaria de bacterias resistentes a cefalosporinas de tercera generación (por ejemplo, bacterias portadoras de BLEE o KPC) no cuenta con evidencia concluyente, por lo que organizaciones como el European Committee on Infection Control no lo recomiendan (8,24,25). Una de las terapias de descolonización es el trasplante de microbiota fecal o "RePOOPulating" que, según la revisión sistemática de Saha et al., (24) podría presentar una amplia gama de resultados (en los mejores casos de 37,5% a 87,5%) dependiendo de la bacteria objetivo de erradicación y de los tipos de infección. Por otro lado, el uso de bacteriófagos para la descolonización de cepas específicas también

presenta resultados no concluyentes en relación con su eficacia, y uno de los riesgos adicionales es la rápida emergencia de cepas resistentes a los bacteriófagos (8).

Otros métodos prometedores son el uso de probióticos, microcinas, edición del microbioma, aunque aún faltan modelos *in-vivo* más convincentes que analicen su eficacia (8). Uno de los factores por los que estos estudios no pudieron demostrar una ventaja de la descolonización sobre la no intervención, fue que la descolonización espontánea puede ocurrir en al menos la mitad de los pacientes portadores de bacterias multirresistentes (8). A pesar de que se conocen las ventajas y desventajas de diferentes terapias propuestas para la descolonización de bacterias multirresistentes, aún existen incógnitas sobre el tiempo para que ocurra una descolonización espontánea y en qué condiciones podría ocurrir (8,24,25).

Por el diseño de este estudio no se pudo asociar el estado de portador de bacterias BLEE o KPC con: desenlaces clínicos de los pacientes, detectar la tasa de descolonización espontánea, o la asociación con factores de riesgo. También se pensó que la muestra pudo sufrir sesgo de selección, toda vez que la mayoría de las muestras fueron solicitadas por los médicos del servicio de Terapia Intensiva, donde su población tiene un riesgo muy alto de tener comorbilidades que alteren su estado inmunológico y por lo tanto de presentar infecciones asociadas al cuidado hospitalario. Sin embargo, a diferencia de otros enfoques de investigación, en este estudio se concluye registros de pacientes de diferentes servicios hospitalarios, de todas las edades, y no limitamos las especies bacterianas portadoras de resistencias. Futuros ensayos deberían tener en cuenta estas características y, además, podrían ampliar la gama de microorganismos y fenotipos resistentes, así como profundizar en su análisis genómico o incluso de MGE portadores de genes de resistencias, con la finalidad de poder medir si el impacto de estrategias de descolonización podría brindar beneficio en la

población, especialmente para evitar casos de infecciones de origen endógeno y de la diseminación de MGE y cepas multirresistentes.

## CONCLUSIONES

Al menos la mitad de los pacientes admitidos en el hospital eran portadores de bacterias con fenotipos BLEE o KPC, y el origen de la colonización estuvo relacionado tanto a la adquisición comunitaria como nosocomial para ambos fenotipos. Además, aunque la diseminación de fenotipos resistentes está presente en todos los grupos de edad, los adultos mayores estarían en mayor riesgo de adquirirla. A pesar de la implementación de medidas de control de infecciones tales como el correcto lavado de manos, la limpieza intrahospitalaria, el uso de protocolos de aislamiento, etc., los hospitales podrían estar enfrentando otra dificultad debida al constante flujo de cepas resistentes a los antibióticos que llegan en los pacientes portadores y que se diseminan rápidamente entre los hospitalizados; lo cual requeriría un replanteamiento en las medidas de prevención. A la correcta implementación de las medidas estándar y la vigilancia hospitalaria se deberían sumar el tamizaje de pacientes portadores de cepas con resistencias e inclusive la práctica de medidas de descolonización, aunque sus ventajas aún requieren de investigaciones complementarias.

## AGRADECIMIENTOS

Todos los autores agradecen a los docentes, técnicos docentes y estudiantes de la Facultad de Ciencias Médicas y al Servicio de Laboratorio Clínico del Hospital San Francisco de Quito.

## FINANCIAMIENTO

Sin financiamiento

## CONFLICTOS DE INTERÉS

No existe conflicto de interés.

## REFERENCIAS

1. World Health Organization. Prioritization of pathogens to guide discovery, research and development of new antibiotics for drug-resistant bacterial infections, including tuberculosis. Disponible en: <https://www.who.int/publications/i/item/WHO-EMP-IAU-2017.12>
2. De Oliveira, D.M.P., Forde, B.M., Kidd, T.J., Harris, P.N.A., Schembri, M.A., Beatson, S.A., et al. Antimicrobial Resistance in ESKAPE Pathogens. Clin Microbiol Rev. 2020; 33(3):e00181-19. DOI: <https://doi.org/10.1128/CMR.00181-19>
3. Pérez-Cano, J., Robles-Contreras, A. Aspectos básicos de los mecanismos de resistencia bacteriana. Rev Med MD. 2013; 4(3):186–191. Disponible en: <https://www.medigraphic.com/cgi-bin/new/resumen.cgi?IDARTICULO=41421>
4. Correa Bermúdez, A.M., De La Cadena Vivas, E., Rojas Serrano, R.A., Falco Restrepo, A.D., Aranaga Arias, C.A. Estudios en resistencia a los antibióticos beta-lactámicos en bacterias Gram negativas. Primera ed. Editorial Universidad Santiago de Cali. 2020. DOI: <https://doi.org/10.35985/9789585583924>

5. European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST). EUCAST guidelines for detection of resistance mechanisms and specific resistances of clinical and/or epidemiological importance – Version 1.0 (2017-07-11). Disponible en: [https://www.eucast.org/resistance\\_mechanisms](https://www.eucast.org/resistance_mechanisms)
6. Guzmán, M., Alonso, G. Caracterización de  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido (BLEE) en cepas nosocomiales de *K. pneumoniae*. *Sucre-Venezuela. Investig Clin.* 2009; 50(4):419–431. Disponible en: [https://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0535-51332009000400002](https://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0535-51332009000400002)
7. Urquiza-Ayala, G., Arce-Chuquimia, J., Alanoca-Mamani, G. Resistencia bacteriana por beta lactamasas de espectro extendido: un problema creciente. *Rev Méd La Paz.* 2018; 24(2):77–83. Disponible en: [http://www.scielo.org.bo/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1726-89582018000200012](http://www.scielo.org.bo/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1726-89582018000200012)
8. Campos-Madueno, E.I., Moradi, M., Eddoubaji, Y., Shahi, F., Moradi, S., Bernasconi, O.J., et al. Intestinal colonization with multidrug-resistant Enterobacterales: screening, epidemiology, clinical impact, and strategies to decolonize carriers. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis.* 2023; 42(3):229–254. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10096-023-04548-2>
9. Lupión, C., López-Cortés, L.E., Rodríguez-Baño, J. Medidas de prevención de la transmisión de microorganismos entre pacientes hospitalizados. *Higiene de manos. Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica.* 2014; 32(9):603–609. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2014.02.003>
10. Estrada-Cherres, J.P., Ulloa-Castro, A.F., Donoso-Tobar, W.E. Origen Hospitalario de Cepas de *Staphylococcus aureus* Resistentes a Metilicina. *Dom Cien.* 2022; 8(2):1519–1529. Disponible en: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=8638011>
11. Perozo, A., Castellano González, M.J., Gómez Gamboa, L.P. Infecciones asociadas a la atención en salud. *Enferm investig.* 2020; 5(2):48. DOI: <https://doi.org/10.31243/ei.uta.v5i2.877.2020>
12. Jiménez, A., Carrero Forero, G. Factores de riesgo en infección y colonización por *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* productoras de betalactamasas de espectro extendido. *Repert Med Cir.* 2013; 22(1):10–20. DOI: <https://doi.org/10.31260/RepertMedCir.v22.n1.2013.843>
13. Tola, M.A., Abera, N.A., Gebeyehu, Y.M., Dinku, S.F., Tullu, K.D. High prevalence of extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* fecal carriage among children under five years in Addis Ababa, Ethiopia. *PLoS ONE.* 2021; 16(10):e0258117. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0258117>
14. Kizilates, F., Yakupogullari, Y., Berk, H., Oztoprak, N., Otlu, B. Risk factors for fecal carriage of extended-spectrum beta-lactamase-producing and carbapenem-resistant *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* strains among patients at hospital admission. *American Journal of Infection Control.* 2021; 49(3):333–339. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ajic.2020.07.035>
15. Nakai, M., Oka, K., Watanabe, G., Kamei, K., Tsukada, N., Mori, R., et al. Epidemiology and molecular characterization of fecal carriage of third-generation cephalosporin-resistant Enterobacterales among elderly residents in Japan. *Journal of Infection and Chemotherapy.* 2022; 28(4):569–575. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jiac.2021.12.033>
16. Ríos, E., López, M.C., Rodríguez-Avial, I., Culebras, E., Picazo, J.J. Detection of *Escherichia coli* ST131 clonal complex (ST705) and *Klebsiella pneumoniae* ST15 among faecal carriage of extended-spectrum  $\beta$ -lactamase- and carbapenemase-producing Enterobacteriaceae. *Journal of Medical Microbiology.* 2017; 66(2):169–174. DOI: <https://doi.org/10.1099/jmm.0.000399>
17. Denkel, L.A., Maechler, F., Schwab, F., Kola, A., Weber, A., Gastmeier, P., et al. Infections caused by extended-spectrum  $\beta$ -lactamase-producing Enterobacterales after rectal colonization with ESBL-producing *Escherichia coli* or *Klebsiella pneumoniae*. *Clinical Microbiology and Infection.* 2020; 26(8):1046–1051. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2019.11.025>
18. Aguilar-Martínez, S.L., Suclupe-Campos, D.O., Guevara-Vásquez, G.M., Failoc-Rojas, V.E., Aguilar-Gamboa, F.R. Factores asociados a la colonización rectal por Enterobacteriaceae productoras de betalactamasas de espectro extendido en pacientes de consulta externa de un hospital al norte del Perú. *Rev Cuerpo Med HNAAA.* 2022; 15(1):46–52. DOI: <https://doi.org/10.35434/rmhnaaa.2022.151.965>
19. Li, J., Gao, L., Wang, C., Tu, J., Chen, W., Wu, X., et al. Colonization of multidrug-resistant Gram-negative bacteria increases risk of surgical site infection after hemorrhoidectomy: a cross-sectional study of two centers in southern China. *Int J Colorectal Dis.* 2023; 38(1):243. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00384-023-04535-1>
20. Gómez-Zorrilla, S., Camoez, M., Tubau, F., Cañizares, R., Periche, E., Domínguez, M.A., et al. Prospective Observational Study of Prior Rectal Colonization Status as a Predictor for Subsequent Development of *Pseudomonas aeruginosa* Clinical Infections. *Antimicrob Agents Chemother.* 2015; 59(9):5213–5219. DOI: <https://doi.org/10.1128/AAC.04636-14>
21. Vasco, G., Achig, M., Prado-Vivar, B., Páez, M., Espinosa, F., Espinoza, E., et al. Endogenous origin of *Pseudomonas aeruginosa* infecting hospitalized patients in Ecuador. *Infection Prevention in Practice.* 2024; 6(1):100331. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.infpip.2023.100331>
22. Al Naiemi, N. Emergence of multidrug-resistant Gram-negative bacteria during selective decontamination of the digestive tract on an intensive care unit. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy.* 2006; 58(4):853–856. DOI: <https://doi.org/10.1093/jac/dkl316>

23. Prado-Vivar, M.B., Ortiz, L., Reyes, J., Villacis, E., Fornasini, M., Baldeon, M.E., et al. Molecular typing of a large nosocomial outbreak of KPC-producing bacteria in the biggest tertiary-care hospital of Quito, Ecuador. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*. 2019; 19:328–332. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2019.05.014>
24. Saha, S., Tariq, R., Tosh, P.K., Pardi, D.S., Khanna, S. Faecal microbiota transplantation for eradicating carriage of multidrug-resistant organisms: a systematic review. *Clinical Microbiology and Infection*. 2019; 25(8):958–963. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2019.04.006>
25. Tacconelli, E., Mazzaferri, F., De Smet, A.M., Bragantini, D., Eggimann, P., Huttner, B.D., et al. ESCMID-EUCIC clinical guidelines on decolonization of multidrug-resistant Gram-negative bacteria carriers. *Clinical Microbiology and Infection*. 2019; 25(7):807–817. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2019.01.005>