

Caracterización fenotípica y genotípica de cepas extraintestinales patogénicas de *Escherichia coli* aisladas en el Gran Concepción entre 2024-2025

Panel/Poster

Antimicrobianos y resistencia

Néstor Andrés Herrera Chávez ^{1, 2, 3, 4}, Javiera Torres ^{2, 5}, Javier Zenis ^{1, 5}, Nicolás Schnake ⁵, Víctor Herrera ^{1, 3}, Catalina Morán ⁴, Josefa Castillo ⁴, Francisca Lagos ⁴, Matías Lagos ⁴, Iván Rodríguez ², Roberto Vega ², Maximiliano Matus-Köhler ^{1, 3}, Gerardo González-Rocha ^{1, 3}, Andrés Opazo-Capurro ^{1, 3}.

(1) Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos (LIAA), Universidad de Concepción, Concepción, Chile..

(2) Sección Microbiología Celular y Molecular, Laboratorio Clínico Hospital Dr. Guillermo Grant Benavente, Concepción, Chile..

(3) Grupo de Estudio en Resistencia Antimicrobiana (GRAM), Universidad de Concepción, Concepción, Chile..

(4) Escuela de Tecnología Médica, Facultad de Medicina, sede Concepción, Universidad Andrés Bello, Chile..

(5) Departamento de Tecnología Médica, Facultad de Medicina, Universidad de Concepción, Concepción, Chile..

tm.nestorherrera@gmail.com

Introducción: Las infecciones causadas por *Escherichia coli* resistente a los antibióticos presentan un desafío mayor en salud pública. En 2019, *E. coli* fue responsable del mayor número de muertes asociadas a resistencia antimicrobiana a nivel global, posicionándolo como un patógeno de prioridad crítica para la OMS. En Chile, la vigilancia epidemiológica no incluye cepas extraintestinales ni aquellas resistentes a cefalosporinas de tercera generación y/o productoras de carbapenemasas, por lo que la información local es limitada. Este trabajo tiene como objetivo caracterizar fenotípica y genotípicamente cepas extraintestinales de *Escherichia coli* multidrogo-resistentes aisladas en el Gran Concepción durante

2024-2025.

Metodología: Aprobación CEC SSC (25-03-15). Se recolectaron 56 cepas de *E. coli* multidrogo-resistentes de muestras clínicas extraintestinales del Gran Concepción (2024-2025). La identificación se realizó por MALDI-ToF y susceptibilidad por Vitek2. Ante resistencia a carbapenémicos, se aplicó test inmunocromatográfico para detección de carbapenemasas. La relación filogenética se evaluó mediante ERIC-PCR, y la identificación de filogrupos por PCR múltiple mediante la detección de los genes *chuA*, *yjaA*, *tspE4.C2* y *arpA*.

Resultados: El 71% de las cepas se aislaron en entornos hospitalarios y el 29% en atención primaria; se obtuvieron principalmente desde orina (70%) y sangre (9%). Se observó resistencia a ciprofloxacino (66%), trimetoprim-sulfametoxazol (69%), gentamicina (17%), amikacina (12%), ceftazidima (30%), cefotaxima (94%), cefepime (19%), meropenem (10%) e imipenem (10%); no hubo resistencia a nitrofurantoína. Respecto a la producción de carbapenemasas, se detectó NDM en 3 cepas (5%), KPC en 2 (3%) y NDM+KPC en 1 (1,7%). Filogenéticamente, las cepas se agruparon en 5 clústeres. Los filogrupos más frecuentes fueron B2 (41%) y E (26%).

Conclusión: Los hallazgos confirman patrones descritos internacionalmente: predominio del filogrupo B2 en infecciones graves, su asociación con muestras invasivas, origen hospitalario y resistencia a los antibióticos, además de mayor diversidad genética. Esto refuerza la necesidad de vigilancia molecular y estrategias de control basadas en filogrupos.

Palabras Clave

(1) *Escherichia coli*, (2) Resistencia antimicrobiana, (3) Carbapenemasas, (4) Filogrupos, (5) Diversidad genética.