

UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN  
Dirección de Docencia



Magíster en Ciencias Mención Microbiología

Facultad de Ciencias Biológicas



**CARACTERIZACIÓN DE INTEGRONES DE RESISTENCIA Y SU DISEMINACIÓN EN  
CEPAS DE *Escherichia coli* AISLADAS DESDE RÍOS Y LAGOS DE LA XIV  
REGIÓN DE CHILE**

**YULY DE LOS ANGELES LÓPEZ CUBILLOS**

CONCEPCION – CHILE

2009

## RESUMEN

*Escherichia coli* forma parte de la microbiota comensal del intestino de mamíferos incluyendo al hombre y debido a su versatilidad metabólica, puede existir fuera de éste, encontrándose frecuentemente como microbiota asociada a ríos, lagos y suelo, por ello se le ha considerado tradicionalmente como un indicador de contaminación fecal en el control de calidad del agua destinada al consumo humano y animal.

Debido al uso intensivo de antibióticos en medicina humana y veterinaria, ha generado la selección de bacterias entéricas resistentes a estos compuestos, por lo cual es una amenaza para la salud pública, ya que estos microorganismos, además de los antibióticos, de alguna u otra manera son vertidos al medio ambiente, generando un ambiente propicio para la selección y mantención de patógenos multiresistentes, cuyos genes asociados a estructuras genéticas móviles estarían jugando un rol importante en la diseminación de genes de resistencia.

En Chile existen escasos estudios en los cuales se determine los perfiles de resistencia a variados antibióticos y las posibles estructuras genéticas móviles involucradas en la diseminación de ésta. Por ello el objetivo principal de esta investigación fue determinar la presencia de integrones de resistencia en cepas de *E. coli*, caracterizar su zona variable e investigar su capacidad de transferencia a otras cepas bacterianas.

Los resultados indicaron que las cepas de *E. coli* aisladas desde ríos de la XIV Región de los Ríos, muestra una elevada susceptibilidad, sobre el 95%, a los antibióticos, incluyendo  $\beta$ -lactámicos, aminoglicósidos, quinolonas, tetraciclinas, fenicoles, y la asociación sulfametoxazol-trimetoprim, encontrando un porcentaje menor de susceptibilidad a los antibióticos ampicilina (92,1%), estreptomycin (92,2%) y tetraciclina (92,3%).

Un escaso número de aislados presentan integrón clase 1 (3%) y un porcentaje aun menor posee integrón clase 2 (0,3%), no encontrándose integrón clase 3.

El análisis de la zona variable de los integrones clase 1, refleja la presencia de los cassettes *aadA22* y *dfrA7* presentándose como único inserto, el cual le otorga resistencia a estreptomina y trimetoprim, respectivamente, además estos genes son prevalentes entre los aislados. También dentro de la zona variable de mayor tamaño se pesquisaron los cassettes genéticos *bla<sub>oxa1</sub>-aadA1* otorgándole resistencia a ampicilina y estreptomina, respectivamente y los cassettes *dfrA12-orfF-aadA2* los cuales codifican para la resistencia a trimetoprim y kanamicina, además de encontrarse entre los cassettes un marco de lectura abierto (*orfF*) cuya función es desconocida. La zona variable del integrón clase 2, poseen la estructura clásica del integrón inserto en la transposición *Tn7* encontrándose los cassettes genéticos *dfrA1-sat-aadA1* que otorgan resistencia a trimetoprim, estreptomina y estreptomina.

La transferibilidad de estas estructuras demostró elevada frecuencia de transferencia hacia cepas susceptibles de *E. coli*, por lo tanto se infiere que estas estructuras genéticas se encuentran asociadas a plásmidos conjugativos, los cuales podrían estar jugando un rol clave en la diseminación de genes de resistencia hacia otras especies bacterianas que forman parte de la microbiota de los ríos de la XIV Región de Chile.