

## **Caracterización Molecular de Aislamientos clínicos Multirresistente de Pseudomonas aeruginosa en el Servicio de Medicina Interna del Hospital General de Culiacán “Bernardo Gastélum”. 2011-2014**

Molecular characterization of multidrug-resistant clinical isolates of Pseudomonas aeruginosa in the Internal Medicine Department of the “Bernardo Gastelum” General Hospital of Culiacán, 2011–2014

**Saúl Beltrán Fernández**

beltransaul1968@gmail.com  
<https://orcid.org/0000-0002-5595-5731>  
Hospital General de Culiacán “Bernardo J. Gastelum”  
Culiacán, Sinaloa – México

**Lourdes Simental**

lourdes.simentalo@gmail.com  
<https://orcid.org/0000-0001-7365-5655>  
Inoquotech SA de CV.  
Culiacán, Sinaloa – México

**Ignacio Osuna Ramírez**

ior6510@uas.edu.mx  
<https://orcid.org/0000-0002-4419-0710>  
Facultad de Ciencias Químico Biológicas,  
Universidad Autónoma de Sinaloa  
Culiacán, Sinaloa – México

**Alberto Garfio Romero**

alberto.garfio@uas.edu.mx  
<https://orcid.org/0000-0003-1233-8220>  
Universidad Autónoma de Sinaloa. Facultad  
de Medicina Veterinaria y Zootecnia  
Culiacán, Sinaloa – México

**Kimberly Estefanía Dorantes Bernal**

ke\_db06@hotmail.com  
<https://orcid.org/0009-0004-0006-5231>  
Instituto Mexicano del Seguro Social  
Culiacán, Sinaloa – México

DOI: <https://doi.org/10.56712/latam.v6i5.4819>

**Artículo recibido:** 16 de julio de 2025  
**Aceptado para publicación:** 15 de noviembre de 2025.  
**Conflictos de Interés:** Ninguno que declarar.



# NÚMERO

DOI: <https://doi.org/10.56712/latam.v6i5.4819>

## **Caracterización Molecular de Aislamientos clínicos Multirresistente de *Pseudomonas aeruginosa* en el Servicio de Medicina Interna del Hospital General de Culiacán “Bernardo Gastélum”. 2011-2014**

Molecular characterization of multidrug-resistant clinical isolates of *Pseudomonas aeruginosa* in the Internal Medicine Department of the “Bernardo Gastelum” General Hospital of Culiacán, 2011–2014

**Saúl Beltrán Fernández**

beltransaul1968@gmail.com

<https://orcid.org/0000-0002-5595-5731>

Hospital General de Culiacán “Bernardo J. Gastelum”  
Culiacán, Sinaloa – México

**Lourdes Simental**

lourdes.simentalo@gmail.com

<https://orcid.org/0000-0001-7365-5655>

Inoquotech SA de CV.  
Culiacán, Sinaloa – México

**Ignacio Osuna Ramírez<sup>1</sup>**

ior6510@uas.edu.mx

<https://orcid.org/0000-0002-4419-0710>

Facultad de Ciencias Químico Biológicas, Universidad Autónoma de Sinaloa  
Culiacán, Sinaloa – México

**Alberto Garfio Romero**

alberto.garfio@uas.edu.mx

<https://orcid.org/0000-0003-1233-8220>

Universidad Autónoma de Sinaloa. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia  
Culiacán, Sinaloa – México

**Kimberly Estefanía Dorantes Bernal**

ke\_db06@hotmail.com

<https://orcid.org/0009-0004-0006-5231>

Instituto Mexicano del Seguro Social  
Culiacán, Sinaloa – México

Artículo recibido: 16 de julio de 2025. Aceptado para publicación: 15 de noviembre de 2025.

Conflictos de Interés: Ninguno que declarar.

### **Resumen**

*Pseudomonas aeruginosa* es un patógeno oportunista multirresistente, responsable de numerosas infecciones asociadas a la atención de la salud, constituyendo un reto para los sistemas de salud. Se analizaron 11 cepas multirresistentes de *Pseudomonas aeruginosa* aisladas entre 2011 y 2014 en pacientes del Servicio de Medicina Interna del Hospital General de Culiacán IMSS-BIENESTAR “Dr. Bernardo J. Gastélum”. Fueron identificadas fenotípicamente en el laboratorio clínico y analizadas mediante la Técnica de Electroforesis en Gel de Campo Pulsado (PFGE). Los resultados revelaron cuatro perfiles genéticos (A, B, C y D). El perfil A incluyó las cepas 6, 7 y 13; las dos primeras, aisladas del mismo paciente en 2012, mostraron una similitud del 97.4 %, mientras que la cepa 13 (2013)

---

<sup>1</sup> Autor de correspondencia.


compartió un 77.3 %, lo que sugiere persistencia clonal de al menos 16 meses. El perfil B agrupó las cepas 8 y 9 (2014), con identidad genética del 100 %, indicando posible transmisión directa o fuente común. En el perfil C, las cepas 2 y 3 (2011) presentaron una similitud del 96.8 %, mientras que la cepa 4 (2013) compartió un 80.6 %, evidenciando persistencia de hasta 31 meses. El perfil D (cepas 12 y 14) aisladas en 2011 y 2014, mostraron con un 88.9 % de similitud, indicando una posible permanencia de hasta 36 meses. Se aplicó el coeficiente de Jaccard con un umbral de corte del 75 %. Estos hallazgos evidencian una alta diversidad genética y persistencia clonal, reforzando la necesidad de vigilancia molecular continua en entornos hospitalarios.

*Palabras clave:* cepas multirresistentes, pseudomonas aeruginosa, PFGE

## Abstract

*Pseudomonas aeruginosa* is a multidrug-resistant opportunistic pathogen, responsible for numerous healthcare-associated infections, posing a challenge to healthcare systems. Eleven multidrug-resistant strains of *Pseudomonas aeruginosa* isolated between 2011 and 2014 from patients in the Internal Medicine Department of the Dr. Bernardo J. Gastélum General Hospital of Culiacán were analyzed. They were phenotypically identified in the clinical laboratory and analyzed using Pulsed Field Gel Electrophoresis (PFGE). The results revealed four genetic profiles (A, B, C, and D). Profile A included strain 6, 7, and 13; the first two, isolated from the same patient in 2012, showed a similarity of 97.4%, while strain 13 (2013) shared 77.3%, suggesting clonal persistence of at least 16 months. Profile B grouped strains 8 and 9 (2014), with 100% genetic identity, indicating possible direct transmission or a common source. In profile C, strains 2 and 3 (2011) showed a similarity of 96.8%, while strain 4 (2013) shared 80.6%, evidencing persistence of up to 31 months. Profile D (strains 12 and 14), isolated in 2011 and 2014, showed 88.9% similarity, indicating a potential persistence of up to 36 months. The Jaccard coefficient was applied with a cutoff threshold of 75%. These findings demonstrate high genetic diversity and clonal persistence, reinforcing the need for continuous molecular surveillance in hospital settings.

*Keywords:* multidrug-resistant strains, pseudomonas aeruginosa, PFGE

Todo el contenido de LATAM Revista Latinoamericana de Ciencias Sociales y Humanidades, publicado en este sitio está disponibles bajo Licencia Creative Commons. 

Cómo citar: Beltrán Fernández, S., Simental, L., Osuna Ramírez, I., Garfio Romero, A., & Dorantes Bernal, K. E. (2025). Caracterización Molecular de Aislamientos clínicos Multirresistente de *Pseudomonas aeruginosa* en el Servicio de Medicina Interna del Hospital General de Culiacán "Bernardo Gastélum". 2011-2014. *LATAM Revista Latinoamericana de Ciencias Sociales y Humanidades* 6 (5), 3354 – 3367. <https://doi.org/10.56712/latam.v6i5.4819>

## INTRODUCCIÓN

*Pseudomonas aeruginosa* es un bacilo gramnegativo con amplia presencia en entornos tanto naturales como antropogénicos. Esta bacteria se caracteriza por su capacidad de actuar como patógeno oportunista, siendo responsable de una variedad de infecciones severas, especialmente en personas inmunodeprimidas. Su relevancia clínica ha sido ampliamente documentada en pacientes con fibrosis quística, donde su colonización crónica de las vías respiratorias contribuye significativamente a la morbilidad y mortalidad. Asimismo, se le reconoce como uno de los principales agentes etiológicos de infecciones asociadas a la atención sanitaria, lo que representa un desafío importante para los sistemas hospitalarios, dada su elevada resistencia antimicrobiana inherente. El genoma de *Pseudomonas aeruginosa* presenta una estructura compleja, con un tamaño que varía entre 5 y 7 (Millones de pares de Bases) lo cual le confiere una notable plasticidad genética. Esta especie es capaz de generar una amplia gama de metabolitos secundarios, así como biopolímeros, y de utilizar diversos compuestos orgánicos como fuentes de energía. La conservación de numerosos genes y sistemas reguladores entre sus cepas sugiere una elevada capacidad adaptativa, permitiéndole sobrevivir y persistir en condiciones ambientales muy diversas, como han evidenciado múltiples análisis genómicos (Stover et al., 2000; Mathee et al., 2008; Frimmersdorf et al., 2010). además de ser considerado patógeno capaz de tolerar condiciones bajas de oxígeno, sobrevive con bajos niveles de nutrientes y desarrollarse en rangos de temperatura de 4 a 42°C (Crivaro et al., 2009). Las infecciones asociadas a la atención de la salud (IAAS) por *Pseudomonas aeruginosa* se atribuyen principalmente a la contaminación del microorganismo en pacientes sometidos a ventilación mecánica, antibioticoterapias, quimioterapia o cirugía. Sin embargo, una proporción de un 7% la albergan en su organismo como fuentes de infección, clasificándose portadores asintomáticos (Khan & Cerniglia, 1994). Además de ser responsable de neumonías, infecciones del tracto urinario y bacteriemias, estos microorganismos causan una alta mortalidad y morbilidad en pacientes con fibrosis quística, debido a las infecciones crónicas que eventualmente conducen a un daño a nivel pulmonar e insuficiencia respiratoria (Fonseca et al., 2008).

La Organización Mundial de la Salud (OMS) ha catalogado a *Pseudomonas aeruginosa* como la segunda bacteria más peligrosa a nivel mundial, después de *Acinetobacter baumannii*, debido a sus altos niveles de resistencia, incluyendo resistencia extendida (XDR, Extensively Drug-Resistant) y panresistencia (PDR, Pan-Drug Resistant) (Sahuanay et al., 2024; OMS, 2017).

En EEUU de acuerdo a un estudio Center for Diseases Control and Prevention (CDC) en el año 2008 la prevalencia a *Pseudomonas aeruginosa* multirresistente como causa de infecciones asociadas a la atención de la salud con aproximadamente en un 10%, además se encontró como la segunda causa de neumonía (17%), la tercera de infección del tracto urinario (7%), la 4ª de infección de herida quirúrgica (8%) y como el quinto patógeno más frecuente en muestras de cualquier procedencia (9%) (Kallen et al., 2010).

En un estudio realizado en el 2011 por Sociedad Española de Medicina Preventiva, Salud Pública e Higiene (EPINE) sobre la prevalencia de Infecciones Nosocomiales en España, revelaron que la mayoría de las infecciones bacterianas tanto en el ámbito nosocomial como en el comunitario fueron causadas por bacterias Gram negativas en un 53.73% y 46.19% respectivamente. De acuerdo a las bacterias aislada, *Pseudomonas aeruginosa* fue la 2ª causa de infección global (7.6%), y la tercera en infección urinaria nosocomial (8.7%), además de ser la principal causa de infección respiratoria nosocomial (17.9%) (EPINE, 2011).

De mayo de 1997 hasta octubre del 1999, se realizó un estudio sobre un brote en el hospital de la Universidad de Besancon en Francia, donde 55 pacientes fueron infectados por un solo clon de *Pseudomonas aeruginosa* en una unidad de cuidados intensivos (UCI). El análisis de PFGE mostró que los aislamientos de diferentes pacientes eran genéticamente idénticos o muy similares. No fue posible

identificar un reservorio ambiental, pero cultivos de muestras de mano de 2 trabajadores de la salud fueron positivos. No estaba claro si esto fue el origen de la epidemia o una consecuencia de la misma. Sin embargo, la propagación de la epidemia fue probablemente vinculada a su transmisión por el personal de paciente a paciente (Bertrand et al., 2000).

En México de febrero del 2007 a enero del 2008, se llevó a cabo un estudio donde obtuvieron 92 de cepas de *Pseudomonas aeruginosa* aisladas de pacientes pediátricos de diferentes salas de servicio en el Hospital Infantil de México Federico Gómez, Los resultados mostraron que las cepas presentaron más del 50% de resistencia a 10 antibióticos. El análisis del PFGE mostró la presencia de cuatro patrones (A, B, C y D) de acuerdo a su porcentaje de similitud, el patrón A agrupó el mayor número de cepas con 68.7% (11/16); el patrón B 18.7% (3/16); el patrón C 6.2% (1/16); y el patrón D 6.2% (1/16). Indicando la existencia de por lo menos 4 puntos de origen (Ochoa et al., 2013).

Las infecciones asociadas a la atención de la salud por *Pseudomonas aeruginosa* en pacientes hospitalizados suelen asociarse con factores como ventilación mecánica, antibióticos, quimioterapia o cirugía. Aunque menos frecuente, algunos portadores asintomáticos pueden introducir la bacteria al hospital, representando una fuente potencial de infección grave. Hasta un 7% de individuos sanos la portan en garganta, piel o mucosas, y un 24% en heces (Berthelot et al., 2001). Por ello, conocer las poblaciones circulantes en la región es clave para identificar rutas de transmisión, vías de introducción y su relación con la resistencia antimicrobiana. Este estudio tiene como objetivo caracterizar molecularmente los aislamientos de *Pseudomonas aeruginosa* reportado en el servicio de Medicina Interna en el Culiacán Hospital General de Culiacán "Bernardo J. Gastelum" entre 2011 y 2014.

## METODOLOGÍA

El estudio desarrollado fue de tipo retrospectivo y descriptivo, observacional y corte transversal, sobre un total de once (11) cepas de *Pseudomonas aeruginosa* Multidrogorresistentes, específicamente del área de Medicina Interna (MI) y aisladas e identificadas en el área de Bacteriología del Laboratorio de Análisis Clínicos del Hospital General de Culiacán "Bernardo J. Gastelum" durante el periodo 2011-2014. Las cepas fueron enviadas al Centro de Investigación Epidemiológica de Sinaloa (CIES) ya identificadas con un antibiograma de antibióticos realizado mediante el sistema el equipo semiautomatizado VITEK2, bajo los lineamientos CLSI (Clinical Laboratory Standards Institute) y EUCAST (Comité Europeo de Pruebas de Susceptibilidad a los Antimicrobianos, siguiendo la metodología de dilución por disco para la identificación de género y especie del microorganismo en una muestra clínica, adjuntando datos bioquímicos y CMI de antibióticos para tratar la infección provocada

por dichos patógenos. Las cepas fueron enviadas para su análisis y conservación de las cepas al Centro de Investigación Epidemiológica de Sinaloa (CIES), donde se procedió a verificar la pureza mediante en un medio de enriquecimiento (BHI o TSA) durante 24hrs a 37°C, para ser finalmente guardadas en crio vial en un Ultracongelador a -80°C. Posteriormente se reactivaron utilizando un asa desechable estéril, tomando una muestra de cada criovial (cepa) e inoculando en 5 ml de Caldo de Soya Trypticaseína (TSB, por sus siglas en inglés) contenido en un tubo de cultivo, y se incubaron en agar TSA (Agar de Soya Trypticaseína) 37°C por 24 hrs. (Microbank, ProLab Diagnostics, U.S.A). Para la realización de este estudio las cepas reestablecidas se analizaron mediante la metodología del CDC-USA (Modified Pulse-Net Procedure for Pulsed-field Gel Electrophoresis of Select Gram Negative Bacilli 2014) (CDC, 2014). Dado que la Técnica de Electroforesis de Campos Pulsantes se considera el método de referencia, se utilizó para la caracterización molecular de los organismos, con el fin de analizar la relación genética entre los aislamientos y poder establecer similitudes genéticas que serán empleadas para asignar asociaciones epidemiológicas. Además, esta técnica puede diferenciar a los organismos no relacionados, independientemente sean de la misma especie o no, lo cual nos permitirá establecer

una relación entre los aislados de *Pseudomonas aeruginosa* presentes en el Hospital General de Culiacán y poder determinar su origen y rastreo de la contaminación.

El Gel obtenido por el método de Electroforesis en Gel de Campo pulsado (PFGE) fue analizado en las instalaciones Departamento de Microbiología y Parasitología de la Facultad de Medicina de la Universidad Autónoma de México (UNAM) utilizando el software GelCompar II (Applied Maths, Sint-Martens-Latem, Bélgica). Los patrones de bandas se compararon utilizando el coeficiente de Jaccard, considerando el límite de corte del 75 % de similitud (Espinoza, 2022). Para el análisis de agrupación, se empleó este mismo coeficiente en conjunto con el método UPGMA (agrupación no ponderada por pares con promedio aritmético), lo cual permitió establecer la posible asociación entre las cepas, basadas en la paridad de sus patrones de restricción.

## RESULTADOS

De las 11 cepas mutidrorresistente de *Pseudomonas aeruginosa* aisladas en el área de Medicina interna, 10 corresponden al sexo masculino entre 17- 63 años de edad y 1 femenina de 23 años de edad.

Las cepas del perfil genético A (cepas 6, 7 y 13) incluyen a las cepas 6 y 7, las cuales fueron aisladas de un mismo paciente masculino de 77 años, ambas cepas, obtenidas a partir de muestras de expectoración y sangre el día 27 de agosto de 2012 respectivamente, las cuales presentaron una similitud genética del 97.4% y mostraron una resistencia antimicrobiana del 96% y 90%, respectivamente, frente a 22 antibióticos utilizados, mientras que la cepa 13 fue aislada de una muestra de orina el 6 de diciembre de 2013, presentando una similitud genética del 77.3% con respecto a las cepas 6 y 7, con una resistencia antimicrobiana 60% en 25 antibióticos aplicados, lo que sugiere un posible evento de contaminación cruzada, de acuerdo a los resultados del análisis por PFGE. En perfil genético B (cepas 8 y 9) revelaron una similitud genética del 100%. Ambas fueron aisladas del mismo paciente a partir de muestras de orina y punta de catéter el día 6 de mayo de 2014. Estas cepas presentaron una resistencia antimicrobiana del 36% frente a 25 antibióticos aplicados. El perfil Genético C (cepas 2, 3 y 4), las cepas 2 y 3 fueron obtenidos de un mismo paciente, a partir de muestras de expectoración recolectadas los días 2 y 27 de abril de 2011, respectivamente. Ambas cepas presentaron un perfil de resistencia antimicrobiana del 86% frente a 21 antibióticos aplicados y compartieron una similitud genética del 96.8%, mientras la cepa 4, aislada de una muestra de Expectoración el 29 de noviembre de 2013, presentó una similitud del 80.6% respecto a las cepas 2 y 3, con una resistencia antimicrobiana de 91% en 21 antibióticos aplicados, revelando que el análisis por Electroforesis en Gel de Campo Pulsado (PFGE) evidenció una estrecha relación filogenética entre ellos. Estos hallazgos sugieren la posible persistencia del microorganismo en el entorno hospitalario o en el equipo médico durante un periodo aproximado de 16 meses, lo cual pudo haber favorecido un brote prolongado de infección nosocomial en dicha área. La detección recurrente de esta cepa en distintos momentos también plantea la posibilidad de un tratamiento médico ineficaz, lo que habría contribuido a una infección prolongada en el paciente. Finalmente, el perfil genético D (Cepas 12 y 14), aisladas de muestras de orina los días 20 de abril de 2011 y el 20 de febrero de 2014 respectivamente, manifestaron

una similitud genética del 88.9%. con una resistencia antimicrobiana de 100 y 96% en 25 antibióticos aplicados respectivamente. Toda la información previamente descrita se presenta en las Tablas 1 y 2, así como en las Figuras 1 y 2, ubicadas en los Anexos.

## DISCUSIÓN

La persistencia y diseminación de *Pseudomonas aeruginosa* en entornos hospitalarios representan un desafío significativo para el control de infecciones nosocomiales. En este estudio, la alta similitud

genética entre las cepas aisladas en diferentes momentos y de distintos pacientes sugiere una transmisión clonal y una persistencia del patógeno en el ambiente hospitalario.

En un estudio realizado entre abril de 2018 y septiembre de 2020 en un hospital suizo de tercer nivel, se investigó un brote de *Pseudomonas aeruginosa* productora de carbapenemasa (PA-VIM) en una unidad de cuidados intensivos (UCI) para adultos. Se analizaron 21 pacientes infectados o colonizados con cepas de PA-VIM, de los cuales en 16 se sospechó adquisición nosocomial dentro de la UCI. De las 131 muestras ambientales recolectadas, 13 resultaron positivas para PA-VIM, principalmente en sifones y desagües de lavabos. La secuenciación genómica completa (WGS) confirmó una relación clonal entre las cepas clínicas y ambientales. Tras la retirada de los lavabos en las habitaciones e implementación de un modelo de atención sin agua, no se reportaron nuevos casos en los ocho meses posteriores, demostrando la eficacia de esta intervención ambiental en la contención del brote (Catho et al., 2021).

En una revisión narrativa sobre los biofilm de *Pseudomonas aeruginosa* encontraron que representan un mecanismo clave de resistencia y tolerancia a antibióticos en infecciones nosocomiales. Dentro del biofilm, las bacterias se protegen mediante una matriz de exopolisacáridos, lo que limita la penetración de los antimicrobianos. Además, mecanismos como las células persistentes, el quorum sensing (QS) y la regulación de bombas de eflujo y porinas contribuyen a la tolerancia antimicrobiana. La liberación de ADN extracelular y vesículas de membrana también refuerza la resistencia, dificultando aún más el tratamiento. Aunque se han identificado varios de estos mecanismos, persisten vacíos en la comprensión de su interacción, lo que resalta la necesidad de estrategias terapéuticas más efectivas contra las infecciones biofilm-dependientes (Bolívar et al., 2021).

Mientras que los antibióticos convencionales siguen siendo efectivos en algunos casos, la resistencia bacteriana está limitando su eficacia. En este contexto, alternativas no antibióticas, como la inhibición de quorum sensing (QS), la terapia con fagos y los tratamientos con nanopartículas, han mostrado potencial. No obstante, su implementación clínica enfrenta desafíos relacionados con costos, efectos secundarios y preocupaciones de seguridad. La lucha contra *Pseudomonas aeruginosa* requiere una investigación continua y avances en el desarrollo de tratamientos que comprendan mejor las interacciones entre el huésped y el patógeno (Elfadadny et al., 2024).

En nuestro estudio, el análisis genético mediante PFGE mostró una alta similitud entre los aislados clínicos, los cuales fueron clasificados en cuatro grupos (A, B, C y D). De acuerdo con investigaciones previas relacionadas, nuestros hallazgos indican que la transmisión cruzada entre paciente y paciente, así como entre paciente y medio ambiente, la cual desempeña un papel evidente en la epidemiología de la colonización nosocomial y las infecciones provocadas por *Pseudomonas aeruginosa* (Maroui et al., 2017; Salimi et al., 2010). Los resultados revelaron una transmisión dinámica.

La implementación de medidas de control de infecciones, como el aislamiento de pacientes colonizados o infectados, la higiene de manos rigurosa y la desinfección adecuada del entorno hospitalario, es fundamental para prevenir brotes. La formación continua del personal de salud en prácticas de control de infecciones y la vigilancia epidemiológica activa son estrategias efectivas para reducir la incidencia de infecciones nosocomiales por *Pseudomonas aeruginosa* multirresistente. La resistencia antimicrobiana en *Pseudomonas aeruginosa* es un problema creciente que requiere estrategias integrales de prevención y control en entornos hospitalarios.

## CONCLUSIONES

La técnica de electroforesis en campo pulsado (PFGE), es herramienta útil para caracterización de clonas de *Pseudomonas aeruginosa* aisladas en pacientes hospitalizados en diferentes unidades de servicio, permitiendo identificar el posible origen y la ruta de transmisión de las infecciones asociadas

a la atención de la salud (IAAS), así como comprobando la existencia de una posible contaminación cruzada ó un brote epidemiológico.

Los resultados obtenidos en este estudio indican que *Pseudomonas aeruginosa* puede persistir en el ambiente hospitalario durante períodos prolongados, facilitando su transmisión entre pacientes y causando infecciones nosocomiales recurrentes. La alta similitud genética entre las cepas aisladas en diferentes momentos y pacientes sugiere la existencia de una fuente común o de una diseminación clonal dentro del hospital. Estos hallazgos subrayan la necesidad de implementar y mantener estrictas medidas de control de infecciones, así como programas de vigilancia epidemiológica, para prevenir brotes y reducir la incidencia de infecciones por patógenos multirresistentes en entornos hospitalarios.

Además, la identificación de cepas con alta resistencia antimicrobiana y similitud genética en diferentes pacientes y momentos sugiere que *Pseudomonas aeruginosa* puede sobrevivir en superficies y equipos médicos durante largos períodos, actuando como reservorio y fuente de nuevas infecciones. Esto enfatiza la importancia de una desinfección y esterilización adecuadas del entorno hospitalario y del equipo médico para prevenir la propagación de este patógeno. Estudios previos han demostrado que *Pseudomonas aeruginosa* puede colonizar desagües y superficies de lavabos, lo que contribuye a su persistencia y diseminación en el ambiente hospitalario.

Asimismo, la detección de clones multirresistentes en diferentes hospitales y unidades de cuidados intensivos indica una posible diseminación clonal de *Pseudomonas aeruginosa*, lo que representa un desafío adicional para el control de infecciones nosocomiales. La implementación de técnicas de tipificación molecular, como la electroforesis en campo pulsado (PFGE), es esencial para identificar y monitorear la propagación de estos clones y desarrollar estrategias efectivas de prevención y control.

La persistencia y diseminación de *Pseudomonas aeruginosa* en el ambiente hospitalario resaltan la necesidad de fortalecer las políticas de control de infecciones, mejorar las prácticas de higiene y desinfección, y utilizar herramientas de vigilancia molecular para prevenir y controlar eficazmente las infecciones nosocomiales causadas por este patógeno multirresistente

En conclusión, la vigilancia molecular y la identificación precisa de los mecanismos de resistencia son esenciales para el manejo efectivo de las infecciones por *Pseudomonas aeruginosa* en entornos hospitalarios. Una combinación de medidas preventivas, terapias dirigidas y educación continua del personal de salud puede contribuir a reducir la carga de estas infecciones y mejorar los resultados clínicos en los pacientes afectados.

## REFERENCIAS

Berthelot, P., Grattard, F., Mahul, P., Pain, P., Jospé, R., Venet, C., Carricajo, A., Aubert, G., Ros, A., Dumont, A., Lucht, F., Zéni, F., Auboyer, C., Bertrand, J. C., & Pozzetto, B. (2001). Prospective study of nosocomial colonization and infection due to *Pseudomonas aeruginosa* in mechanically ventilated patients. *Intensive care medicine*, 27(3), 503–512. <https://doi.org/10.1007/s001340100870>

Bertrand, X., Bailly, P., Blasco, G., Balvay, P., Boillot, A., & Talon, D. (2000). Large outbreak in a surgical intensive care unit of colonization or infection with *Pseudomonas aeruginosa* that overexpressed an active efflux pump. *Clinical infectious diseases: an official publication of the Infectious Diseases Society of America*, 31(4), E9–E14. <https://doi.org/10.1086/318117>

Bolívar-Vargas, A.F., Torres-Caycedo, M.I., & Sánchez-Neira, Y. (2021). Biofilms de *Pseudomonas aeruginosa* como mecanismos de resistencia y tolerancia a antibióticos. Revisión narrativa. *Revista de la Facultad de Ciencias de la Salud Universidad del Cauca*. <https://doi.org/10.47373/rfcs.2021.v232.1780>

Catho, G., Martischang, R., Boroli, F., Chraïti, M. N., Martin, Y., Koyluk Tomsuk, Z., Renzi, G., Schrenzel, J., Pugin, J., Nordmann, P., Blanc, D. S., & Harbarth, S. (2021). Outbreak of *Pseudomonas aeruginosa* producing VIM carbapenemase in an intensive care unit and its termination by implementation of waterless patient care. *Critical care (London, England)*, 25(1), 301. <https://doi.org/10.1186/s13054-021-03726-y>

Centers for Disease Control and Prevention. Modified Pulse-Net Procedure for Pulsed-Field Gel Electrophoresis of Select Gram Negative Bacilli (2014). <https://www.cdc.gov/hai/pdfs/labsettings/Modified-PulsedNet-procedure-GNB.pdf>

Crivaro, V., Di Popolo, A., Caprio, A., Lambiase, A., Di Resta, M., Borriello, T., Scarcella, A., Triassi, M., & Zarrilli, R. (2009). *Pseudomonas aeruginosa* in a neonatal intensive care unit: molecular epidemiology and infection control measures. *BMC infectious diseases*, 9, 70. <https://doi.org/10.1186/1471-2334-9-70>

Elfadadny, A., Ragab, R. F., AlHarbi, M., Badshah, F., Ibáñez-Arancibia, E., Farag, A., Hendawy, A. O., De Los Ríos-Escalante, P. R., Aboubakr, M., Zakai, S. A., & Nageeb, W. M. (2024). Antimicrobial resistance of *Pseudomonas aeruginosa*: navigating clinical impacts, current resistance trends, and innovations in breaking therapies. *Frontiers in microbiology*, 15, 1374466. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2024.1374466>

EPINE. INFORME GLOBAL."ESTUDIO DE PREVALENCIA DE LAS INFECCIONES NOSOCOMIALES EN ESPAÑA,2011."  
<https://www.higieneambiental.com/sites/default/files/images/pdf/EPINE%202011%20ESPA%C3%91A%20Resumen.pdf>

Espinosa, C. I. (2022). Capítulo 3 Índices de Similitud | Similitud de Comunidades biológicas. Recuperado el 17 de junio de 2025, de <https://ciespinosa.github.io/Similitud/%C3%ADndices-de-similitud.html>

Fonseca, A. P., Correia, P., Extremina, C. I., Sousa, J. C., Tenreiro, R., & Barros, H. (2008). Molecular epidemiology of *Pseudomonas aeruginosa* clinical isolates from Portuguese Central Hospital. *Folia microbiológica*, 53(6), 540–546. <https://doi.org/10.1007/s12223-008-0086-y>

Frimmersdorf, E., Horatzek, S., Pelnikevich, A., Wiehlmann, L., & Schomburg, D. (2010). How *Pseudomonas aeruginosa* adapts to various environments: a metabolomic approach. *Environmental microbiology*, 12(6), 1734–1747.

<https://doi.org/10.1111/j.1462-2920.2010.02253.x>

K. Mathee, G. Narasimhan, C. Valdes, X. Qiu, J. M. Mawish, M. Koehrsen, A. Rokas, C. N. Yandava, R. Engels, E. Zeng, R. Olavarietta, M. Doud, R. S. Smith, P. Montgomery, J. R. White, P. A. Godfrey, C. Kodira, B. Birren, J. E. Galagan, & S. Lory, Dynamics of *Pseudomonas aeruginosa* genome evolution, *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 105 (8) 3100-3105,

Kallen, A. J., Hidron, A. I., Patel, J., & Srinivasan, A. (2010). Multidrug resistance among gram-negative pathogens that caused healthcare-associated infections reported to the National Healthcare Safety Network, 2006-2008. *Infection control and hospital epidemiology*, 31(5), 528–531. <https://doi.org/10.1086/652152>

Khan, A. A., & Cerniglia, C. E. (1994). Detection of *Pseudomonas aeruginosa* from clinical and environmental samples by amplification of the exotoxin A gene using PCR. *Applied and environmental microbiology*, 60(10), 3739–3745. <https://doi.org/10.1128/aem.60.10.3739-3745.1994>

Maroui, I., Barguigua, A., Aboukacem, A., Elhafa, H., Ouarrak, K., Sbiti, M., Louzi, L., Timinouni, M., & Belhaj, A. (2017). Clonal Analysis of Clinical and Environmental *Pseudomonas aeruginosa* Isolates from Meknes Region, Morocco. *Polish journal of microbiology*, 66(3), 397–400. <https://doi.org/10.5604/01.3001.0010.4882>

Ochoa, Sara A., López-Montiel, Fernanda, Escalona, Gerardo, Cruz-Córdova, Ariadna, Dávila, Leticia B., López-Martínez, Briseida, Jiménez-Tapia, Yolanda, Giono, Silvia, Eslava, Carlos, Hernández-Castro, Rigoberto, & Xicoténcatl-Cortes, Juan. (2013). Características patogénicas de cepas de *Pseudomonas aeruginosa* resistentes a carbapenémicos, asociadas con la formación de biopelículas. *Boletín médico del Hospital Infantil de México*, 70(2), 136-150. Recuperado en 26 de mayo de 2025, de [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1665-11462013000200010&lng=es&tlng=es](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1665-11462013000200010&lng=es&tlng=es)

OMS, Organización Mundial de la Salud. (2017). La OMS actualiza la Lista de Medicamentos Esenciales con nuevas recomendaciones sobre el uso de antibióticos. Organización Mundial de la Salud. <https://www.who.int/es/news/item/06-06-2017-who-54updates-essential-medicines-list-with-new-advice-on-use-of-antibiotics-and-adds-medicines-for-hepatitis-c-hiv-tuberculosis-and-cáncer>


Sahuanay Blácido, Zaida, Ugarte Silva, Ruth Giovanna, Quispe Manco, María del Carmen, Cruzado Risso, Norka Beatriz, & Patiño Gabriel, Lilian. (2024). *Pseudomonas aeruginosa* con doble carbapenemasa tipo IMP y KPC en un hospital pediátrico de Lima, Perú. *Anales de la Facultad de Medicina*, 85(1), 97-98. Epub 31 de marzo de 2024. <https://doi.org/10.15381/anales.v85i1.26735>

Salimi, H., Yakhchali, B., Owlia, P. y Lari, AR (2010). Epidemiología molecular y fármaco sensibilidad de cepas de *Pseudomonas aeruginosa* aisladas de pacientes con quemaduras. *Laboratory Medicine*, 41 (9), 540–544. <https://doi.org/10.1309/LMNIJE31EDC1WAMP>

Stover, C., Pham, X., Erwin, A. et al. Secuencia completa del genoma de *Pseudomonas aeruginosa* PAO1, un patógeno oportunista. *Nature* 406, 959–964 (2000). <https://doi.org/10.1038/35023079>

Tenover, F. C., Arbeit, R. D., Goering, R. V., Mickelsen, P. A., Murray, B. E., Persing, D. H., & Swaminathan, B. (1995). Interpreting chromosomal DNA restriction patterns produced by pulsed-field gel

electrophoresis: Criteria for bacterial strain typing. *Journal of Clinical Microbiology*, 33(9), 2233–2239.  
<https://doi.org/10.1128/jcm.33.9.2233-2239.1995>

Todo el contenido de **LATAM Revista Latinoamericana de Ciencias Sociales y Humanidades**, publicados en este sitio está disponibles bajo Licencia Creative Commons .

**ANEXOS**

**Tabla 1**

*Datos de Identificación, aislamiento y resistencia antimicrobiana de cepas Pseudomonas aeruginosa en el área de Medicina Interna*

Cepas PFGE	Clave de Origen	Clave del CIES	Tipo Muestra	Sexo	Edad	Fecha de Muestreo	% Resistencia Anticarbiana	Num. de Antibióticos Aplicados
2	S-5965	11-CIES-0216	Expectoración	M	63	02-Abr-11	86	21
3	S-5948	11-CIES-0199	Expectoración	M	63	27-Abr-11	86	21
4	S-3083	13-CIES-0697	Expectoración	F	23	29-Nov-13	91	21
6	S-1399	12-CIES-0701	Expectoración	M	34	27-Ago-12	96	22
7	H-0874	12-CIES-0705	Sangre	M	34	27-Ago-12	90	22
8	U-3681	14-CIES-0337	Orina	M	17	06-May-14	36	25
9	S-4011	14-CIES-0342	Punta de Catéter	M	17	06-May-14	36	25
11	S-1903	13-CIES-0092	Expectoración	M	56	20-Feb-13	95	19
12	U-5828	11-CIES-0196	Orina	M	26	20-Abr-11	100	22
13	U-2995	13-CIES-0709	Orina	M	66	06-Dic-13	60	25
14	U-3271	14-CIES-0126	Orina	M	44	20-Feb-14	96	25

**Nota:** CIES: Centro de Investigación Epidemiológica de Sinaloa, PFGE: Electroforesis en Gel de Campo Pulsado.

**Fuente:** elaboración propia.

**Tabla 2**

*Análisis de la Resistencia antimicrobiana de las 11 de Cepas de Pseudomonas aeruginosa*

Clave de CIES	12-CIES-701	12-CIES-705	13-CIES-709	14-CIES-337	14-CIES-342	13-CIES-092	11-CIES-216	11-CIES-199	13-CIES-697	11-CIES-196	14-CIES-126
Núm. de Cepa en el PFGE	6	7	13	8	9	11	2	3	4	12	14
Tipo de Muestra	Expectoración	Sangre	Orina	Orina	Punta de Catéter	Expectoración	Expectoración	Expectoración	Expectoración	Expectoración	Expectoración
Nombre del Antibiótico											
Amikacina	R	R	S	S	S	R	I	I	R	R	R
Ampicilina	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
Aztreonam	R	I	R	S	S	R	R	R	R	R	R
Cefepime	R	R	S	S	S	R	R	R	R	R	R
Cefotaxima	R	R	R	I	I	R	R	R	R	R	R
Ceftazidima	R	R	S	S	S	R	R	R	R	R	R
Ceftriaxona	R	R	R	I	I	R	R	R	R	R	R
Ciprofloxacino	R	R	S	S	S	R	R	R	S	R	R
Gentamicina	R	R	S	S	S	R	R	R	R	R	R
Imipenem	R	R	S	S	S	R	I	I	R	R	R
Levofloxacina	R	R	S	S	S	R	R	R	S	R	R
Meropenem	R	R	S	S	S	R	R	R	R	R	R
Ticarcilina	NA	NA	NA	NA	NA	NA	R	R	NA	R	NA
Tobramicina	R	R	S	S	S	R	I	I	R	R	R
Piperacilina/Tazobactam	S	S	S	S	S	S	NA	NA	S	NA	S
Ticarcilina/Acido Clavulánico	R	R	NA	NA	NA	NA	NA	NA	R	NA	NA
Cefotaxima/Acido Clavulánico	R	R	R	R	R	R	NA	NA	R	NA	R
Cefotetan	R	R	R	R	R	NA	NA	NA	R	NA	R
Ceftazidima/ Acido Clavulánico	R	R	R	S	S	NA	NA	NA	R	NA	R
Chloramphenicol	NA	NA	NA	NA	NA	NA	R	R	NA	R	NA
Trimetoprima/Sulphamethoxazol	R	R	R	R	R	R	NA	NA	R	R	R
Ampicilina /Sulbactam	R	R	R	R	R	R	NA	NA	R	NA	R
Amoxicilina/ Acido Clavulánico	NA	NA	NA	NA	NA	NA	R	R	NA	R	NA
Cefuroxima (sodium)	NA	NA	NA	NA	NA	NA	R	R	NA	R	NA
Nitrofurantoina	NA	NA	R	R	R	NA	R	R	NA	R	R
Norfloxacino	NA	NA	NA	NA	NA	NA	R	R	NA	R	NA
Ofloxacino	NA	NA	NA	NA	NA	NA	R	R	NA	R	NA
Cefalotina	NA	NA	R	R	R	NA	R	R	NA	R	R
Cefazolina	R	R	NA	NA	NA	R	NA	NA	R	NA	NA
Cefuroxima	R	R	R	R	R	R	NA	NA	R	NA	R
Ertapenem	NA	NA	R	S	S	NA	NA	NA	NA	NA	R
Piperacilina	NA	NA	R	S	S	NA	NA	NA	NA	NA	S
Tetraciclina	NA	NA	R	R	R	NA	NA	NA	NA	NA	R
Total de Antibióticos	22	22	25	25	25	19	21	21	21	22	25
% Resistencia (R)	96	90	60	36	36	95	86	86	91	100	96
% Sensibilidad (S)	4	5	40	56	56	5	0	0	9	0	4
% Intermedio (I)	0	5	0	8	8	0	14	14	0	0	0

**Nota:** R: Resistencia S: Sensibilidad I: Intermedio, NA: No Aplica, CIES: Centro de Investigación Epidemiológica de Sinaloa, PFGE: Electroforesis en Gel de Campo Pulsado

**Fuente:** elaboración propia.

### Figura 1

Perfiles de plásmidos/patrones de Huellas dactilares de Electroforesis en Gel de Campo Pulsado (PFGE) de las 11 Cepas de *Pseudomonas aeruginosa*. Cepas 1,5,10 y 15 son Cepas estándar: CDC H9812 *Salmonella Branderoup*

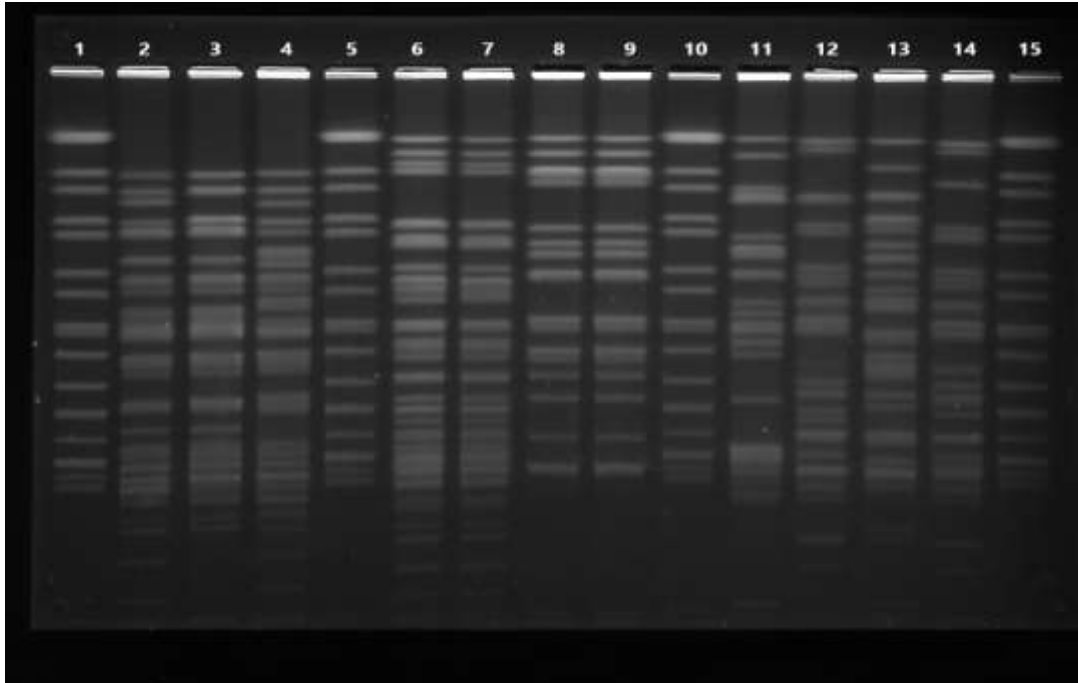


Figura 2

Análisis del Dendograma de Electroforesis en Gel de Campo Pulsado (PFGE) para las 11 cepas de *Pseudomonas aeruginosa*

