

## **2.3 Dinámicas de transmisión de carbapenemasas en bacilos Gram negativos: experiencia en un área de alta endemicidad en Colombia**

**Ana Mercedes Rada Bravo, MSc, PhD.**

Facultad de Ciencias de la Salud, Grupo Biociencias, Institución Universitaria  
Colegio Mayor de Antioquia, Medellín, Colombia.

email: ana.rada@colmayor.edu.co

Las infecciones causadas por bacterias Gram negativas productoras de carbapenemasas son una de las principales causas de morbilidad y mortalidad en las unidades de cuidados intensivos, así como estancias hospitalarias prolongadas y altos costos de atención médica, convirtiéndose así en una importante amenaza para la salud pública a nivel mundial. Estos patógenos están asociados con infecciones tanto adquiridas en la comunidad como en los hospitales, así mismo, con colonización en pacientes que ocupan centros hospitalarios a largo plazo, lo cual se relaciona con mayor riesgo de infección, convirtiendo a estos pacientes en reservorios y fuente importante de propagación de estas bacterias en los hospitales.

Específicamente Colombia, es un país endémico para organismos productores de carbapenemasas y se han informado mecanismos complejos de diseminación del gen *bla<sub>KPC</sub>*. Identificamos las características genómicas de bacterias Gram negativas productoras de carbapenemasas recuperadas de pacientes infectados/colonizados de tres instituciones hospitalarias de tercer nivel ubicados en Medellín y municipios cercanos de Antioquia, Colombia, reconstruyendo la dinámica de diseminación del gen *bla<sub>KPC-2</sub>* utilizando secuenciación de lectura corta y larga. Se detectó que la propagación de *bla<sub>KPC-2</sub>* entre Enterobacterales en los hospitales participantes se debió a la transferencia horizontal de genes (THG) intra e interespecies mediada por plásmidos promiscuos, asociados con elementos transponibles, originando un brote multiespecie de Enterobacterales productores de

KPC en una unidad de cuidados intensivos neonatales. Asimismo, la diseminación de *bla*<sub>VIM-2</sub> y *bla*<sub>KPC-2</sub> en *P. aeruginosa* en esta área de Colombia ha estado fuertemente influenciada por clones internacionales exitosos, que portan estos genes y determinantes adicionales de resistencia en elementos genéticos móviles, acompañados de un reordenamiento genético bajo presión de selección antimicrobiana. Esto enfatiza la necesidad de implementar estrategias de control basadas en el uso racional de antibióticos y convierte la interrupción de la transmisión de plásmidos en un desafío para las intervenciones de salud pública en los países en desarrollo.