

# Perfil de resistencia genotípica y fenotípica presente en bacterias aisladas a partir de fómites en Armenia, Quindío-Colombia período junio-julio 2019

Delia Piedad Recalde-Reyes<sup>1,2,\*</sup>, Natali Alfonso-Ortiz<sup>1,3</sup>, Michael Farley Fuentes-Quimbayo<sup>1,4</sup>, Valeria Ángel-Hernández<sup>1,5</sup>, Ivonne Guzmán-Ladino<sup>1,6</sup>, Jesús Fabricio Medina-Manrique<sup>7</sup>, Carlos Andrés Rodríguez-Salazar<sup>1,8</sup>

## Resumen

**Introducción:** La antibiótico-resistencia es un fenómeno por el cual las bacterias logran sobrevivir al tratamiento con antimicrobianos; con incidencia en ambientes intra y extrahospitalarios como: fuentes hídricas, sector agrario/ganadero y fómites.

**Objetivo:** Describir bacterias presentes en fómites de alta circulación en una región centro-occidental de Colombia junto a su perfil de sensibilidad fenotípica y presencia de genes para betalactamasas tipo TEM-full, OXA-3 y SHV-full.

**Metodología:** Se aislaron cepas bacterianas de billetes, pasamanos de escaleras eléctricas y botones de cajeros automáticos; se evaluó su perfil de sensibilidad fenotípica por medio de concentración mínima inhibitoria-técnica automatizada/Vitek2® y genes para betalactamasas tipo TEM-full, OXA-3 y SHV-full mediante PCR convencional.

**Resultados:** Se obtuvo 30 aislados; *Acinetobacter baumannii complex*, fue la más común; el fómite con mayor aislados y resistencia fueron los billetes; el 53% portó al menos uno de los genes estudiados. Se identificaron bacterias gramnegativas con resistencia frente a: Imipinem, Piperacilina/Tazobactam, Colistina, Ceftriaxona, Tigeciclina y Ceftriaxona; bacterias grampositivas con resistencia frente a: Quinupristina/Dalfopristina, Minociclina, Tetraciclina, Teicoplanina, Nitrofuratoína, Oxacilina, Clindamicina, Trimetropina-sulfametoxazol, y Minociclina.

**Conclusión:** Teniendo en cuenta la circulación de cepas con estas resistencias, es importante la educación en la comunidad para evitar la adquisición o propagación de infecciones por manipulación inadecuada de fómites.

**Palabras clave:** Farmacorresistencia Microbiana, Fómites, Beta-lactamasas, PCR.

## Genotypic and phenotypic resistance profile present in bacteria isolated from fomites in Armenia, Quindío-Colombia period June-July 2019

### Abstract

**Introduction:** Antibiotic-resistance is a phenomenon by which bacteria manage to survive antimicrobial treatment; with incidence in intra and extra hospital environments such as: water sources, agricultural / livestock sector and fomites.

**Aim:** To describe bacteria present in high circulation fomites in a central-western region of Colombia, with their phenotypic sensitivity profile and presence of genes beta-lactamases (TEM, OXA3 and SHV).

**Methodology:** We isolate bacterial strains from banknotes, escalator handrails and ATM buttons. We evaluated its phenotypic sensitivity profile by minimal inhibitory concentration automated technique using Vitek 2® and presence of genes for beta-lactamases type TEM-full, OXA-3 and SHV-full by conventional PCR.

**Results:** A total of 30 isolates were obtained; *Acinetobacter baumannii complex*, was the most common; banknotes were the form with the highest number of isolates and resistance. Of the total isolates, 53% carried at least one of the genes studied. Phenotypically, gram-negative bacteria were identified with resistance against: Imipinem, Piperacillin / Tazobactam, Colistin, Ceftriaxone, Tigecycline and Ceftriaxone; Gram-positive bacteria with resistance to: Quinupristin / Dalfopristin, Minocycline, Tetracycline, Teicoplanin, Nitrofuratoin, Oxacillin, Clindamycin, Trimethoprine-sulfamethoxazole, and Minocycline.

**Conclusion:** Taking into account the circulation of strains with these resistances, it is important to educate the community to avoid the acquisition or spread of infections due to the inappropriate handling of this type of inanimate elements.

**Key Words:** Fomite, Antimicrobial drug resistance, fomites, Beta-lactamases, PCR.

1 Corporación Universitaria Empresarial Alexander von Humboldt- Facultad Ciencias de la Salud-Medicina-Armenia Quindío

2 <https://orcid.org/0000-0002-7752-1221>

3 <https://orcid.org/0000-0002-4866-4637>

4 <https://orcid.org/0000-0003-3825-4367>

5 <https://orcid.org/0000-0002-5086-0602>

6 <https://orcid.org/0000-0003-1747-6462>

7 Universidad de Guadalajara - Centro Universitario de Tonalá (CUTONALÁ)- Facultad Ciencias de la Salud-Medicina-Tonalá, Jalisco, México. <https://orcid.org/0000-0002-7126-1457>

8 <https://orcid.org/0000-0002-0071-1289>

\* Autor para correspondencia.

Correo electrónico: drecalde5552@cue.edu.co

Programa Medicina, Facultad Ciencias de la Salud, Corporación Universitaria Empresarial Alexander von Humboldt, Edificio Anova, Carrera 13 # 15N -46, teléfono: +(57)096 731 25 21, Sede Medicina teléfono: +57 7312521; Armenia, Quindío, Colombia. Código postal: 630003

Recibido: 26/03/2020; Aceptado: 23/06/2020

Cómo citar este artículo: D.P. Recalde-Reyes, et al. Perfil de resistencia genotípica y fenotípica presente en bacterias aisladas a partir de fómites en Armenia, Quindío-Colombia período junio-julio 2019. *Infectio* 2021; 25(1): 22-27

## Introducción

La antibiótico-resistencia es un fenómeno por el cual las bacterias son capaces de sobrevivir al tratamiento con antimicrobianos a los que previamente eran sensibles; esta resistencia puede ser intrínseca dada la naturaleza de sus estructuras (sucede en bacterias de la misma especie, no presenta cambios y no se determina por dosis de antimicrobianos), o adquirida (dada por cambios a nivel genético sean cromosómicos o extra cromosómicos)<sup>1,2</sup>.

Este fenómeno se puede presentar en microorganismos en todo el mundo lo que ha llevado a declararlo problema de salud pública<sup>3</sup>. Entre las causas que han potenciado la dispersión de bacterias con resistencia a antimicrobianos, se encuentran; la poca regulación para la adquisición de antibióticos (permitiendo el consumo indiscriminado por parte de la comunidad); la prescripción inadecuada por parte de los profesionales de la salud; el empleo sobre animales de engorda para promover su crecimiento y la circulación sobre fómites contaminados en la comunidad<sup>4-6</sup>.

Se denomina fómite, a todo elemento inanimado que aloja y sirve de superficie de crecimiento de microorganismos patógenos por medio del contacto con fluidos o aerosoles<sup>6</sup>. Los agentes infecciosos sobre estos fómites pueden diseminarse con facilidad entre personas ya que estos objetos son de uso común (billetes, monedas, puertas, cerraduras, pasamanos, entre otros)<sup>6</sup>.

Dada su alta circulación y manipulación, se considera que los fómites facilitan la transmisión de infecciones en determinadas poblaciones. En el caso particular de las bacterias se ha visto que además de diseminarse con facilidad, cuentan con una carga genética natural o adquirida como resultado de la constante exposición agentes desinfectantes, por lo que se ha descrito en estudios previos cepas de bacterias con resistencia a diferentes antibióticos, dentro de los que se destaca la resistencia a betalactámicos, dado principalmente por inactivación enzimática, siendo las betalactamasas (Bla) tipo TEM-full, OXA-3 y SHV-full, enzimas involucradas en la resistencia de gramnegativas y grampositivas<sup>3,6</sup>.

De acuerdo a lo anterior este estudio tuvo por objetivo describir bacterias presentes en fómites de alta circulación en el municipio de Armenia-Quindío Colombia junto a su perfil de sensibilidad fenotípica y presencia de genes de betalactamasas tipo TEM-full, OXA-3 y SHV-full.

## Materiales y métodos

### Obtención de muestras

Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal, a partir de tres tipos de fómites con manipulación constante en la comunidad (pasamanos de escaleras eléctricas de 3 centros comerciales, botones de 3 cajeros automáticos y 4 billetes de baja denominación circulando en diferentes puntos de la ciudad elegidos de forma aleatoria).

La toma de todas las muestras se realizó mediante frotis con un hisopo estéril previamente humedecidos en caldo cerebro-corazón (BHI OXOID®), se frotaron las superficies y se depositaron dentro de un recipiente con caldo BHI. Posteriormente las muestras se incubaron a 37° C, durante 16 horas en agitación de 200 revoluciones por minuto.

Al evidenciar crecimiento por turbidez en el medio BHI, se cultivó en agar sangre (OXOID® Agar de sangre Base2, suplementado con 10 ml de sangre) y agar MacConkey (OXOID® MacConkey No3) por técnica de agotamiento, los cuales se incubaron por 24 horas a 37°C. Para asegurar la pureza de las colonias bacterianas se realizó resiembra y se identificó género y especie; empleando técnicas automatizadas mediante el equipo Vitek 2®.

### Análisis de perfil de susceptibilidad antimicrobiana

Se realizó por concentración mínima inhibitoria mediante tarjetas VITEK® 2 AST de bioMérieux® con puntos de corte actualizados de normativa CLSI M100-S29(7) y EUCAST versión 9.0(8). Los antibióticos analizados en gramnegativos (tarjeta vitek AST-NO86, AST-NO82) incluyeron Ampicilina/Sulbactam, Piperacilina/Tazobactam, Ceftazidima, Ceftriaxona, Cefepima, Doripenem, Imipenem, Gentamicina, Ciprofloxacino, Tigeciclina, Meropenem, Amicacina, Colistina, Ceftoxitina, Ertapenem.

Los antibióticos analizados en grampositivos (tarjeta Vitek AST-P577) incluyeron: Ciprofloxacino, Ampicilina, Gentamicina, Estreptomocina, Levofloxacino, Eritromicina, Quinupristina/Dalfopristina, Linezolid, Teicoplanina, Vancomicina, Minociclina, Tetraciclina, Nitrofurantoina, Cefoxitina, Oxacilina, Moxifloxacino, Rifampicina, Trimetropina-sulfametoxazol, Clindamicina.

### Detección genes para betalactamasas tipo TEM-full, OXA-3 y SHV-full

Se realizó PCR en colonia; las colonias bacterianas fueron disueltas en 450µL de agua destilada estéril y calentadas a 95°C 10 minutos. De esta preparación se tomaron 10µL como plantilla para el PCR, se empleó el master mix 2X MyFi™ Mix de Bionline Cat. BIO-25049 y los primers descritos por Jamali, *et al* 2017(9). Los productos de PCR fueron corridos en gel de agarosa al 1% teñido con bromuro de etidio al 10%, buffer TBE-1X a 80 voltios durante 45min y visualizados en tras iluminador majorScience. Como marcador de peso molecular se empleó HyperLadder™I cat.No.BIO-33025.

Las condiciones de amplificación para cada gen se muestran en la Tabla 1 (todas las amplificaciones se realizaron en un termociclador BioRad T100).

### Análisis estadístico

Se realizó estadística descriptiva empleando el software GraphPad Prism® versión 8.0 (GraphPad Software. San Diego, CA-USA) las variables cualitativas se expresaron en porcentaje.

**Tabla 1.** Perfil térmico de amplificación para la detección de los genes BlaSHV-full, blaOXA-3, BlaTEM-full.

Gen	Temperatura	Tiempo	# Ciclos	Amplificación
BlaSHV-full y blaOXA-3	95°C	5 min	1	BlaSHV-full: 930pb
	94°C	1 min	35	
	50°C	1 min		
	72°C	1 min		
	72°C	10 min	1	blaOXA-3: 810pb
BlaTEM-full	95°C	5 min	1	936pb
	94°C	1 min	35	
	42°C	1 min		
	72°C	1 min		
	72°C	10 min	1	

## Resultados

### Distribución de microorganismos aislados

De los fómites ambientales estudiados el 30% fueron pasamanos de escaleras, 30% botones de cajeros y 40% billetes; recolectados de diferentes puntos concurridos de la ciudad de Armenia. Todos los fómites revelaron ser portadores de bacterias grampositivas y gramnegativas; siendo de mayor prevalencia las gramnegativas como se observa en la figura 1.

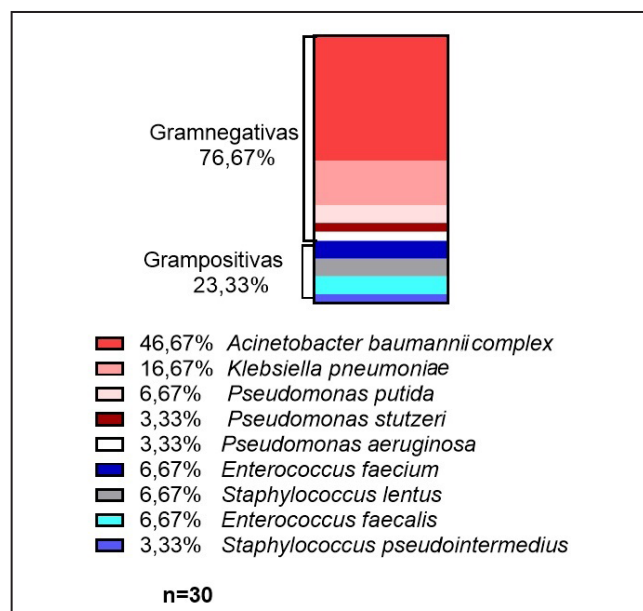
En la figura 2, se muestra la distribución de las cepas aisladas y su distribución en cada fómite.

### Identificación genotípica de betalactamasas tipo SHV-full, OXA-3 y TEM-full

Después de realizar la identificación genotípica (SHV, OXA-3 y TEM) de los 30 aislados, se encontró que 16(53%) portaron al menos uno de los genes y los 14(47%) restantes no por-

taron ninguno de los genes incluidos en este estudio. De los aislados portadores de los genes incluidos en este estudio, 4(25%) portaron un solo gen, mientras que 12(75%) portaron más de uno (Tabla 2).

El gen con mayor prevalencia fue BlaSHV-full, presente en el 50% de los aislamientos positivos para los genes de estudio. Las combinaciones observadas fueron las siguientes: BlaSHV-full+BlaOXA-3+ Bla TEM-full, BlaSHV-full+BlaOXA-3, BlaSHV-full, BlaSHV-full+Bla TEM-full y BlaOXA-3+ Bla TEM-full observadas en el 31,25%, 31,25%, 25%, 6,25% y 6,25% de los aislados, respectivamente. La bacteria con mayor prevalencia y positiva para resistencia fue *A. baumannii*. Los fómites con mayor colonización fueron los billetes (43,33%), y en las bacterias aisladas a partir de estos se encontró mayor resistencia. El análisis genético de los microorganismos encontrados se describe en las tablas 2 y 3. En la figura 3 se observan los productos de PCR obtenidos para los genes SHV-full, OXA-3 y TEM-full.



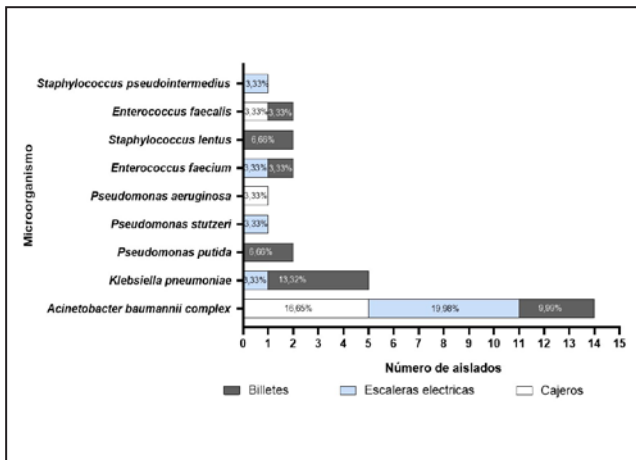
**Figura 1.** Distribución bacterias aisladas. En la figura se indica la distribución de los microorganismos aislados a partir de los fómites estudiados. En este estudio se encontró un predominio de gramnegativas sobre grampositivas.

### Perfil de resistencia fenotípica de los microorganismos aislados

En las tablas 4 y 5 se muestran únicamente el perfil de resistencia presentado por los microorganismos estudiados gramnegativos y grampositivos respectivamente.

## Discusión

Pese a que la presencia bacteriana en diversos fómites ha sido descrita con un predominio principalmente por bacterias grampositivas, como *Bacillus* sp., y *S. aureus*<sup>10,11</sup>, en este trabajo se encontró un predominio de bacterias gramnegativas con un 76,67% dado principalmente por *A. baumannii* frente a un 23,33% de grampositivas; este fenómeno puede explicarse de acuerdo a lo reportado por Angelakis, et al, 2014<sup>12</sup>, quienes indican que este grupo de patógenos gramnegativos tienen mayor capacidad de supervivencia en superficies inertes, trayendo como consecuencia una alta diseminación; en especial si se tiene en cuenta su capacidad de formación de biopelículas y transmisión de información genética por medio de plásmidos con genes de resistencia asociados a betalactamasas<sup>13</sup>; demostrando a su vez, que los



**Figura 2.** Distribución de microorganismos en fómites. *A. baumannii*, estuvo presente en todos los fómites analizados, *K. pneumoniae* en escaleras y billetes, *P. putida* en billetes, *P. stutzeri* en pasamanos de escaleras eléctricas, *P. aeruginosa* en cajeros, *E. faecium* en billetes y pasamanos de escaleras eléctricas, *S. lentus* en billetes, *E. faecalis* en billetes y cajeros y *S. pseudintermedius* en pasamanos de escaleras eléctricas.

elementos inanimados se comportan como un factor determinante en la diseminación de bacterias con resistencia en la comunidad. Adicionalmente cabe recordar que: *Acinetobacter* sp., *E. faecalis*, *K. pneumoniae* y *P. aeruginosa*, hacen parte de la lista de prioridad de la OMS, en donde se consideran como patógenos de difícil manejo, por lo que encontrarlos

en circulación en elementos de alta circulación en la comunidad debería ser considerado por las autoridades de salud pública de cada región<sup>14</sup>.

Es importante resaltar que en estudios multidisciplinarios el enfoque de detección de enterobacterias y betalactamasas se ha dirigido a animales de consumo humano, demostrando que los productos de dicha industria también contribuyen a la diseminación de este tipo de microorganismos<sup>13</sup>. Este tipo de hallazgos junto al comportamiento de la microbiota en fómites en la comunidad, contribuyen a complementar la comprensión relacionada con la circulación y prevalencia de microorganismos con resistencia antimicrobiana, fuera de los sitios de atención hospitalaria; debido a que se ha reconocido que existen grandes lagunas en el conocimiento de la dinámica de transmisión de enfermedades infecciosas; dispersión de microorganismos y agentes infecciosos en la población, por lo demás también invita a la comunidad científica al estudio interdisciplinar, no sólo de elementos inanimados sino de aerosoles de largo y corto alcance; con la finalidad de controlar este tipo de exposiciones y disminuir los potenciales riesgos para la salud humana<sup>15</sup>.

La presencia de bacilos gramnegativos pertenecientes a la familia *Enterobacteriaceae*, en los aislamientos obtenidos a partir de billetes de este estudio coincide con los resultados obtenidos del mismo fómite en el estudio realizado por Betancur *et. al*, 2010 en Medellín-Colombia<sup>16</sup>. En este estudio

**Tabla 2.** Genes de betalactamasas SHV-full, OXA-3 Y TEM-full en bacterias gramnegativas, identificados en fómites

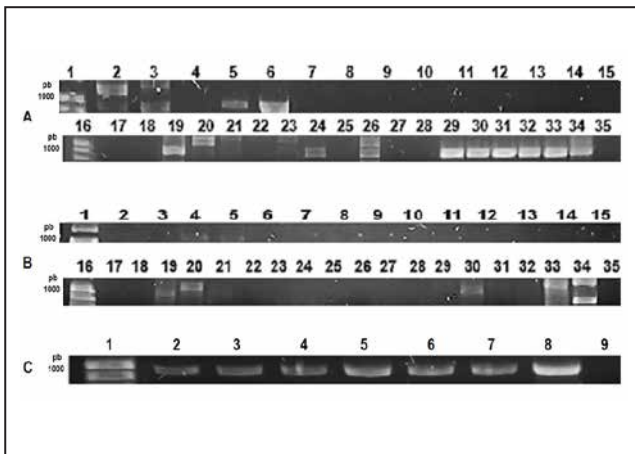
Genes	<i>A.baumannii complex</i>			<i>K. pneumoniae</i>			<i>P. putida</i>			<i>P. stutzeri</i>			<i>P. aeruginosa</i>		
	Es	Ca	Bi	Es	Ca	Bi	Es	Ca	Bi	Es	Ca	Bi	Es	Ca	Bi
Fómite Aislados	6	5	3	1	0	4	0	0	2	1	0	0	0	1	0
Bla <sub>SHV-full</sub>	3 (9,99%)	1 (3,33%)	2 (6,66%)	0	0	4 (13,32%)	0	0	2 (6,66%)	0	0	0	0	0	0
Bla <sub>OXA-3</sub>	3 (9,99%)	0	2 (6,66%)	0	0	4 (13,32%)	0	0	1 (3,33%)	0	0	0	0	0	0
Bla <sub>TEM-full</sub>	4 (13,32%)	0	2 (6,66%)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Es: Pasamanos de escaleras eléctricas. Ca: Botones de cajeros automáticos. Bi: Billetes

**Tabla 3.** Genes de betalactamasas SHV-full, OXA-3 Y TEM-full en bacterias grampositivas, identificados en fómites

Genes	<i>E. faecium</i>			<i>S. lentus</i>			<i>E. faecalis</i>			<i>S. pseudintermedius</i>		
	Es	Ca	Bi	Es	Ca	Bi	Es	Ca	Bi	Es	Ca	Bi
Fómite Aislados	1	0	1	0	0	2	0	1	1	1	0	0
Bla <sub>SHV-full</sub>	1 (3,33%)	0	1 (3,33%)	0	0	1 (3,33%)	0	0	0	0	0	0
Bla <sub>OXA-3</sub>	1 (3,33%)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Bla <sub>TEM-full</sub>	1 (3,33%)	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Es: Pasamanos de escaleras eléctricas. Ca: Botones de cajeros automáticos. Bi: Billetes



**Figura 3.** Genes asociados a betalactamasas identificados. A Gen BlaSHV-full. Pozo 1. Marcador de peso HyperLadder TM I. Cat. No. BIO-33025 BIOLINE. Pozo 2 a Pozo 10. *Acinetobacter baumannii* Pozo 16. Marcador de peso HyperLadder TM I. Cat. No. BIO-33025 BIOLINE. Pozo 19. *Enterococcus faecium* Pozo 20. *Acinetobacter baumannii* Pozo 21. *Acinetobacter baumannii* Pozo 22. *Staphylococcus lentus* Pozo 23. *Enterococcus faecium* Pozo 24. *Pseudomonas putida* Pozo 26. *Pseudomonas putida* Pozo 29 a 32. *Klebsiella pneumoniae* Pozo 33. *Escherichia coli*- control Pozo 34. Control positivo Pozo 35. Control negativo. B. Gen BlaOXA-3. Pozo 1. Marcador de peso HyperLadder TM I. Cat. No. BIO-33025 BIOLINE. Pozo 4 y 5. *Acinetobacter baumannii*. Pozo 16. Marcador de peso HyperLadder TM I. Cat. No. BIO-33025 BIOLINE. Pozo 19. *Enterococcus faecium* Pozo 20 y 21. *Acinetobacter baumannii* Pozo 30. *Klebsiella pneumoniae* Pozo 33. *Escherichia coli*- control Pozo 34. Control positivo Pozo 35. Control negativo. C. Gen BlaTEM-full. Pozo 1. Marcador de peso HyperLadder TM I. Cat. No. BIO 33025 BIOLINE. Pozo 2 a 5. *Acinetobacter baumannii* Pozo 6. *Enterococcus faecium* Pozo 7. *Acinetobacter baumannii* Pozo 8. Control positivo Pozo 9. Control negativo

se describe la presencia de *Klebsiella* sp., en los aislamientos obtenidos a partir de cajeros automáticos, lo que difiere de lo descrito en un estudio realizado en la ciudad de Hamadán-Irán, donde además se describió la presencia de *P. aeruginosa* en el mismo sitio de aislamiento<sup>17</sup>.

Por otra parte, se identificó que *A. baumannii* complex expresó SHV-full, TEM-full y OXA-3 hallazgo relevante si se tiene presente que son microorganismos que han mostrado tener una variedad amplia de resistencia y se han asociado a infecciones severas<sup>18</sup>. A su vez se ha determinado que *K. pneumoniae* presenta resistencia intrínseca a ampicilina por SHV codificada en el cromosoma de la bacteria, lo que sustenta estos hallazgos, también se encontró expresión de OXA-3, correspondientes a las β-lactamasas de las clases D, sin embargo, fenotípicamente no se observó resistencia por parte de estas cepas a antibióticos como cefalosporinas que pudiera indicar la relación genotípica y fenotípica.

En el presente trabajo no se encontró resistencia a antibióticos por parte de *P. stutzeri*, característica que se ha mantenido en varios reportes<sup>19</sup>; mientras que las cepas de *P. aeruginosa* (usualmente con múltiples mecanismos de resistencia<sup>19</sup>), presentaron resistencia fenotípica frente a ceftazidima (cefalosporina de 3 generación), polipéptidos y gliciliclinas<sup>17,19,20</sup> aunque no se identificaron los genes asociados a betalactamasas (TEM, OXA-3, SHV).

La presencia de genes asociados a betalactamasas en grampositivos como *E. faecium* y *S. lentus* puede tomarse como un indicador de la dispersión de resistencia bacteriana inter especie, dada principalmente por plásmidos, lo cual contribuye a la problemática emergente de antibioticorresistencia<sup>21</sup>.

La resistencia fenotípica encontrada en este estudio indica que los aislados obtenidos, no solamente presentan genes de resistencia asociados a inactivación enzimática de betalactámicos (las cepas aisladas presentan resistencia desde cefalosporinas hasta carbapenémicos e inhibidores de betalactamasas); sino que también se encontró resistencia fenotípica frente a otros grupos terapéuticos como los polipéptidos (colistina), gliciliclinas (tigeciclina); en el grupo de los grampositivos frente a glucopéptidos (vancomicina), rifamicinas (rifampicina), macrólidos (eritromicina) y agentes que actúan en sinergia frente a la resistencia del último grupo (quinupristina y dalfopristina)<sup>22-24</sup>.

**Tabla 4.** Resistencia fenotípica en gramnegativas

Microorganismo	Resistencia	Resistencia intermedia**	Fómite
<i>A. baumannii</i> complex	Imipenem*		Es
<i>A.baumannii</i> complex	Piperacilina/Tazobactam*	Ceftriaxona	Es
<i>A.baumannii</i> complex	Colistina	Ceftriaxona	Ca
<i>P. aeruginosa</i>	Ceftazidima*, Tigeciclina, Colistina		Ca
<i>P. putida</i>		Ceftriaxona	Bi
<i>P. putida</i>	Ceftriaxona *	Piperacilina / Tazobactam	Bi

Es: Pasamanos de escaleras eléctricas. Ca: Botones de cajeros automáticos. Bi: Billetes. \*la resistencia fenotípica a betalactámicos en estos microorganismos coincide con el hallazgo de BlaSHV-full, BlaTEM-full y BlaOXA-3 \*\*Se adopta el término de resistencia intermedia de acuerdo a los puntos de corte de normativa CLSI- M100 Ed. 29(7) y EUCAST Versión 9.0<sup>o</sup>, Categoría resistencia intermedia.

**Tabla 5.** Resistencia fenotípica en grampositivas

Microorganismo	Resistencia	Resistencia intermedia**	Fómite
<i>E. faecalis</i>	Quinupristina / Dalfopristina, Minociclina Tetraciclina	Eritromicina	Ca
<i>S. pseudintermedius</i>	Oxacilina*	Eritromicina	Es
<i>E. faecium</i>		Eritromicina	Es
<i>S. lentus</i>	Teicoplanina, Nitrofurantoina, Oxacilina* Clindamicina, Trimetoprim-sulfametoxazol,	Vancomicina, Rifampicina	Bi
<i>E. faecium</i>		Eritromicina	Bi
<i>E. faecalis</i>	Quinupristina / Dalfopristina, Minociclina, Tetraciclina		Bi
<i>S. lentus</i>	Oxacilina*	Clindamicina	Bi

Es: Pasamanos de escaleras eléctricas. Ca: Botones de cajeros automáticos. Bi: Billetes. \*la resistencia fenotípica a betalactámicos en estos microorganismos coincide con el hallazgo de BlaSHV-full, BlaOXA-3. \*\*Se adopta el término de resistencia intermedia de acuerdo a los puntos de corte de normativa CLSI- M100 Ed. 29<sup>o</sup> y EUCAST Versión 9.0<sup>o</sup>, Categoría resistencia intermedia.

Cepas gramnegativas y positivas aisladas en este estudio, presentaron resistencia frente a uno o dos grupos de antimicrobianos, lo cual debe considerarse como un hallazgo significativo para intervención en la comunidad; en especial si se tiene en cuenta que son microorganismos oportunistas con alta capacidad de supervivencia en superficies y formación de biopelículas de difícil manejo terapéutico<sup>24,25</sup>.

## Conclusión

Los fómites de amplio contacto con la comunidad presentan colonizaciones de grupos bacterianos que han sufrido presión selectiva por el uso constante de geles anti-bacteriales o exposición a desinfectantes sin rotación cíclica; por lo que la circulación de estos grupos bacterianos con resistencias no solamente debe estudiarse en el entorno intrahospitalario sino que también deben tomarse medidas de salud pública que busquen educar a la comunidad (sin generar alarma), del potencial peligro de contraer infecciones bacterianas con resistencia a fármacos, y reforzar medidas de prevención como el adecuado lavado de manos. Es importante reconocer la circulación de las cepas bacterianas con su perfil de resistencia en nuestra región y las tomar medidas sanitarias pertinentes.

## Responsabilidades éticas

Este proyecto fue aprobado por el comité de ética e investigación de la Corporación Universitaria Empresarial Alexander von Humboldt

**Protección de personas y animales.** Los autores declaran que para esta investigación no se han realizado experimentos en seres humanos ni en animales.

**Confidencialidad de los datos.** Los autores declaran que ha seguido los protocolos de su centro de trabajo sobre la publicación de datos de pacientes.

**Derecho a la privacidad y consentimiento informado.** Los autores declaran que en este artículo no aparecen datos de pacientes

**Conflictos de interés.** Los autores declaran que no existen conflictos de interés de ninguna índole

**Financiación.** Este proyecto fue financiado por la Corporación Universitaria Empresarial Alexander von Humboldt.

## Referencias bibliográficas

- Sagar S, Kaistha S, Das AJ, Kumar R. Antibiotic Resistant Bacteria: A Challenge to Modern Medicine. *Antibiotic Resistant Bacteria: A Challenge to Modern Medicine*. 2019.
- Blair JMA, Webber MA, Baylay AJ, Ogbolu DO, Piddock LJV. Molecular mechanisms of antibiotic resistance. *Nat Rev Microbiol* [Internet]. 2015;13(1):42–51. Available from: <http://dx.doi.org/10.1038/nrmicro3380>
- Pires D, De Kraker MEA, Tartari E, Abbas M, Pittet D. Fight Antibiotic Resistance - It's in Your Hands': Call from the world health organization for 5th May 2017. *Clin Infect Dis*. 2017;64(12):1780–3.

- Mobarki N, Almerabi B, Hattan A. Antibiotic Resistance Crisis. *Int J Med Dev Ctries*. 2019;40(4):561–4.
- Friedman ND, Temkin E, Carmeli Y. The negative impact of antibiotic resistance. *Clin Microbiol Infect* [Internet]. 2016;22(5):416–22. Available from: <http://dx.doi.org/10.1016/j.cmi.2015.12.002>
- Shah J, Shah J, Agarwal M, Gore S, Rathod S, Rathod MS. Study of Drug Resistance Organisms from Fomites. 2019;(October):0–6. Available from: <https://www.researchgate.net/publication/336924423>
- CLSI. M100 Standards, Performance Testing, Antimicrobial Susceptibility, 29th ed. M100, 29th Edition. 2019.
- EUCAST. The European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing. Breakpoint tables for interpretation of MICs and zone diameters. Version 9.0 2019. 2019;4(1).
- Jamali S, Shahid M, Sobia F, Singh A, Khan H. Phenotypic and molecular characterization of cefotaximases, temoniera, and sulfhydryl variable  $\beta$ -lactamases in *Pseudomonas* and *Acinetobacter* isolates in an Indian tertiary health-care center. *Indian J Pathol Microbiol*. 2017;60(2):196–201.
- Lizarazo-Medina PX, Cabarcas Jaramillo F, Alzate JF. Microbiota bacteriana asociada al papel moneda de circulación en Colombia. *Infectio* [Internet]. 2016;20(4):218–24. Available from: <http://dx.doi.org/10.1016/j.infect.2015.10.010>
- Anderson A. Evaluation of Microbial Contamination in Frequently Used Fomites in Kuwait. *Biodivers Int J*. 2017;1(3):80–6.
- Angelakis E, Azhar El, Bibi F, Yasir M, Al-Ghamdi AK, Ashshi AM, et al. Paper money and coins as potential vectors of transmissible disease. *Future Microbiol*. 2014;9(2):249–61.
- Marrero-Moreno CM, Mora-Llanes M, Hernández-Fillor RE, Báez-Arias M, García-Morey T, Espinosa-Castaño I. Identificación de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido (BLEEs) en instalaciones porcinas de la provincia Matanzas. *Rev Salud Anim*. 2017;39(3):00–00.
- Asokan G V., Ramadhan T, Ahmed E, Sanad H. WHO global priority pathogens list: A bibliometric analysis of medline-pubmed for knowledge mobilization to infection prevention and control practices in Bahrain. *Oman Med J*. 2019;34(3):184–93.
- Stephens B, Azimi P, Thoemmes MS, Heidarinejad M, Allen JG, Gilbert JA. Microbial Exchange via Fomites and Implications for Human Health. *Curr Pollut Reports*. 2019;5(4):198–213.
- Betancur CA, Estrada S, Ceballos MT, Sánchez E, Abad AM, Vanegas C, et al. Billetes como fómites de bacterias con potencial patógeno para el hombre. *Infectio*. 2010;14(2):120–6.
- Mahmoudi H, Arabestani MR, Alikhani MY, Sedighi I, Kohan HF, Molavi M. Antibigram of bacteria isolated from automated teller machines in Hamadan, West Iran. *GMS Hyg Infect Control*. 2017;12:Doc03.
- Chuang YC, Sheng WH, Li SY, Lin YC, Wang JT, Chen YC, et al. Influence of genospecies of *Acinetobacter baumannii* complex on clinical outcomes of patients with acinetobacter bacteremia. *Clin Infect Dis*. 2011;52(3):352–60.
- Park SW, Back JH, Lee SW, Song JH, Shin CH, Kim GE, et al. Successful antibiotic treatment of *Pseudomonas stutzeri*-induced peritonitis without peritoneal dialysis catheter removal in continuous ambulatory peritoneal dialysis. *Kidney Res Clin Pract* [Internet]. 2013;32(2):81–3. Available from: <http://dx.doi.org/10.1016/j.krcp.2013.04.004>
- Devarajan N, Köhler T, Sivalingam P, van Delden C, Mulaji CK, Mpiana PT, et al. Antibiotic resistant *Pseudomonas* spp. in the aquatic environment: A prevalence study under tropical and temperate climate conditions. *Water Res* [Internet]. 2017;115:256–65. Available from: <http://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0043135417301562>
- Hegstad K, Mikalsen T, Coque TM, Werner G, Sundsfjord A. Mobile genetic elements and their contribution to the emergence of antimicrobial resistant *Enterococcus faecalis* and *Enterococcus faecium*. *Clin Microbiol Infect*. 2010;16(6):541–54.
- Navarro F, Calvo J, Cantón R, Fernández-Cuenca F, Mirelis B. Detección fenotípica de mecanismos de resistencia en microorganismos gramnegativos. *Enferm Infecc Microbiol Clin*. 2011;29(7):524–34.
- Wellington EMH, Boxall ABA, Cross P, Feil EJ, Gaze WH, Hawkey PM, et al. The role of the natural environment in the emergence of antibiotic resistance in Gram-negative bacteria. *Lancet Infect Dis* [Internet]. 2013;13(2):155–65. Available from: [http://dx.doi.org/10.1016/S1473-3099\(12\)70317-1](http://dx.doi.org/10.1016/S1473-3099(12)70317-1)
- Esteves DC, Pereira VC, Souza JM, Keller R, Simões RD, Winkelstroter Eller LK, et al. Influence of biological fluids in bacterial viability on different hospital surfaces and fomites. *Am J Infect Control*. 2016;44(3):311–4.
- Erin C. Dowd, M.D.a, Michael J. Frank, Ph.D.b, Anne Collins, Ph.D.c, James M. Gold, and Deanna M. Barch Ph.D. The impact of biofilm formation and multidrug resistance on environmental survival of clinical and environmental isolates of *Acinetobacter baumannii*. *Physiol Behav*. 2017;176(12):139–48.