



**UNIVERSIDAD NACIONAL PEDRO
RUIZ GALLO**
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
DEPARTAMENTO ACADÉMICO DE
MICROBIOLOGÍA Y PARASITOLOGÍA



TESIS

Frecuencia de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido aislados de muestras fecales de niños atendidos en el centro de salud de Mórrope, 2024-2025

Presentada para optar el Título Profesional de Licenciado (a) en *Ciencias Biológicas - Microbiología- Parasitología*

Autores:

Bach. Bazán Arca, José Dario

Bach. Pizarro Santisteban, Danitza Nalu

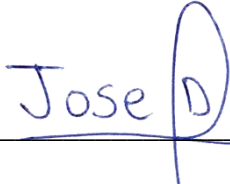
Asesor (a):

MSc. Moreno Mantilla Mario Cecilio

Lambayeque, Perú

06 de mayo del 2026

Frecuencia de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido aislados de muestras fecales de niños atendidos en el centro de salud de Mórrope, 2024-2025



Bach. Bazán Arca José Darío

Autor

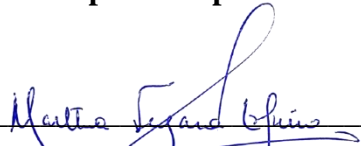


Bach. Pizarro Santisteban Danitza Nalu

Autora

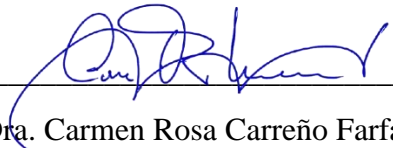
Presentada para optar el Título Profesional de Licenciado (a) en *Ciencias Biológicas - Microbiología- Parasitología*

Aprobado por:



Dra. Martha Arminda Vergara Espinoza

Presidente



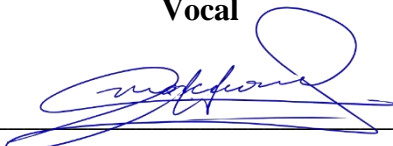
Dra. Carmen Rosa Carreño Farfán

Secretaria



Lic. Julio César Silva Estela

Vocal



MSc. Mario Cecilio Moreno Mantilla

Asesor



UNIVERSIDAD NACIONAL PEDRO RUIZ GALLO
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
UNIDAD DE INVESTIGACIÓN



ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS N° 32-2026 / FCCBB-UI

Siendo las 9:00 horas del día 06 de mayo de 2026, en el Laboratorio de Análisis Clínicos de la Facultad de Ciencias Biológicas se reunieron los miembros del Jurado designado mediante **Resolución N° 429-2024-VIRTUAL-FCCBB/D de fecha 06 de noviembre de 2024 y Resolución de aprobación de proyecto N° 137-2025-FCCBB/D, de fecha 07 de abril de 2025**, conformado por:

Dra. Martha Arminda Vergara Espinoza-Presidenta

Dra. Carmen Rosa Carreño Farfán-Secretaria

Lic. Julio César Silva Estela-Vocal

Mg. Mario Cecilio Moreno Mantilla-Asesor

con la finalidad de evaluar la sustentación de tesis titulada: **Frecuencia de enterobacterias productoras de BLEE aisladas de muestras fecales de niños atendidos en el Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025**, a cargo de los Bachilleres JOSÉ DARIO BAZÁN ARCA y DANITZA NALU PIZARRO SANTISTEBAN.

Sustentación autorizada mediante **RESOLUCIÓN N°154-2026-FCCBB-D, de fecha 04 de mayo de 2026** la misma que tuvo una duración de 30 minutos y luego de absueltas las preguntas y observaciones de los miembros del jurado; se procedió a la calificación respectiva, obteniendo 19 puntos que equivale al calificativo de MUY BUENO.

Por lo que los sustentantes quedan **APTOS** para obtener el Título Profesional de **Licenciado (a) en Ciencias Biológicas - Microbiología- Parasitología** de acuerdo con la Ley Universitaria 30220 y la normatividad vigente de la Facultad de Ciencias Biológicas y la Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo.

Siendo las 10:30 pm horas se dio por concluido el presente acto académico, dándose conformidad al presente acto, con la firma de los miembros del jurado.

Dra. Martha Arminda Vergara Espinoza
Presidenta

Dra. Carmen Rosa Carreño Farfán
Secretaria

Lic. Julio César Silva Estela
Vocal

Mg. Mario Cecilio Moreno Mantilla
Asesor

CONSTANCIA DE VERIFICACIÓN DE ORIGINALIDAD

Yo, MSc. Mario Cecilio Moreno Mantilla; Asesor de la tesis titulado: Frecuencia de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido aislados de muestras fecales de niños atendidos en el Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025. Cuyos autores son, Bach. JOSÉ DARIO BAZÁN ARCA con DNI: 71330154 y Bach. DANITZA NALU PIZARRO SANTISTEBAN con DNI: 76270022; declaro que la evaluación realizada por el Programa informático, ha arrojado un porcentaje de similitud de 15%, verificable en el Resumen de Reporte automatizado de similitudes que se acompaña.

El suscrito analizó dicho reporte y concluyó que cada una de las coincidencias detectadas dentro del porcentaje de similitud permitido no constituyen plagio y que el documento cumple con la integridad científica y con las normas para el uso de citas y referencias establecida en los protocolos respectivos.

Se cumple con adjuntar el Recibo Digital a efectos de la trazabilidad respectiva del proceso.

Lambayeque, 14 de enero del 2026



MARIO CECILIO MORENO MANTILLA
DNI: 16505740
ASESOR

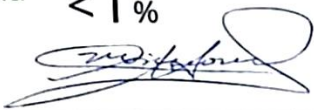
Frecuencia de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido aislados de muestras fecales de niños atendidos en el Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025.

INFORME DE ORIGINALIDAD



FUENTES PRIMARIAS

1	repositorio.xoc.uam.mx Fuente de Internet	1%
2	repositorio.uancv.edu.pe Fuente de Internet	<1%
3	repositorio.uroosevelt.edu.pe Fuente de Internet	<1%
4	repositorio.upsjb.edu.pe Fuente de Internet	<1%
5	www.sciquest.org.nz Fuente de Internet	<1%
6	marabierto.inidep.edu.ar Fuente de Internet	<1%
7	patents.google.com Fuente de Internet	<1%
8	produccioncientificaluz.org Fuente de Internet	<1%
9	Submitted to Universidad Cesar Vallejo Trabajo del estudiante	<1%
10	Submitted to Universidad Nacional Autonoma de Chota Trabajo del estudiante	<1%



MARIO CECILIO MORENO MANTILLA
DNI: 16505740
ASESOR

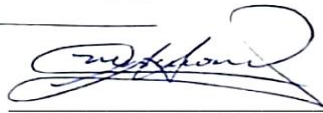
11	analesdepediatria.org Fuente de Internet	<1 %
12	repositorio.pucesa.edu.ec Fuente de Internet	<1 %
13	Submitted to Universidad Autónoma de Nuevo León Trabajo del estudiante	<1 %
14	ddd.uab.cat Fuente de Internet	<1 %
15	Avelina Victoria Troche, Marlene Martínez-Pico, Nidia Gómez, Fernando Galeano et al. "Symptomatic and asymptomatic bacteriuria in a pediatric cohort of kidney transplants from a hospital in Paraguay", Electronic Journal of General Medicine, 2019 Publicación	<1 %
16	Submitted to Kovadata Ltda Trabajo del estudiante	<1 %
17	Submitted to Universidad Nacional Federico Villarreal Trabajo del estudiante	<1 %
18	repositorio.udch.edu.pe:4000 Fuente de Internet	<1 %
19	repositorioslatinoamericanos.uchile.cl Fuente de Internet	<1 %
20	Pineda Serruto, Julio Rogelio. "Niveles de comprensión lectora y hábitos de estudio en estudiantes de la Universidad Nacional del Altiplano - Puno, 2023", Universidad Nacional del Altiplano de Puno (Peru) Publicación	<1 %



MARIO GEGILIO MORENO MANTILLA
DNI: 16505740
ASESOR

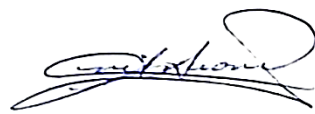
Publicación

33	go.gale.com Fuente de Internet	<1 %
34	ojs.revistacontribuciones.com Fuente de Internet	<1 %
35	sjh.umsha.ac.ir Fuente de Internet	<1 %
36	Luis Eduardo Santaella Palma, María José Bazurto Quinteros, Karina Mishelle Ramírez Sánchez. "Impacto de la resistencia bacteriana en la elección de antibióticos en odontología: una revisión de las tendencias actuales", Más Vita, 2024 Publicación	<1 %
37	dspace.utb.edu.ec Fuente de Internet	<1 %
38	repositorio.unas.edu.pe Fuente de Internet	<1 %
39	www.cambridge.org Fuente de Internet	<1 %
40	Submitted to CONACYT Trabajo del estudiante	<1 %
41	Submitted to cinvestav Trabajo del estudiante	<1 %
42	consumer.healthday.com Fuente de Internet	<1 %
43	docta.ucm.es Fuente de Internet	<1 %
44	files01.core.ac.uk Fuente de Internet	<1 %



MARIO CECILIO MORENO MANTILLA
DNI: 16505740
ASESOR

45	jicrcr.com Fuente de Internet	<1 %
46	repositorio.uma.edu.pe Fuente de Internet	<1 %
47	scholar.uprm.edu Fuente de Internet	<1 %
48	stacks.cdc.gov Fuente de Internet	<1 %
49	uapatents.com Fuente de Internet	<1 %
50	ux641a12.unicef.org Fuente de Internet	<1 %
51	www.science.gov Fuente de Internet	<1 %
52	www.unprg.edu.pe Fuente de Internet	<1 %
53	"Proceedings of the 4th Biotechnology World Symposium", Mexican Journal of Biotechnology, 2024 Publicación	<1 %
54	Abbo, L., A. Casiano-Colon, M. Tysiak, T. M. Hooton, J. Stiles, R. Fagan, N. Gualandi, Z. G. Beldavs, G. Dumyati, M. Kainer, R. Lynfield, M. Maloney, J.-Y. Min, J. Nadle, S. M. Ray, K. Richards, S. Fridkin, S. S. Magill, K. Uganski, K. Bucher, G. R. Deyoung, N. Egwuatu, A. Weise, J. Prusa, L. Dumkow, C. Andrzejewski, K. Shutt, H. Freedy, G. Galang, M. Yassin, S. Doron, N. Mcelroy, S. Salem-Schatz, P. Griswold, D. Pallin, R. Kandel, E. Mchale, N. Simmons, A.	<1 %



MARIO CECILIO MORENO MANTILLA
DNI: 16505740
ASESOR



Recibo digital

Este recibo confirma que su trabajo ha sido recibido por Turnitin. A continuación podrá ver la información del recibo con respecto a su entrega.

La primera página de tus entregas se muestra abajo.

Autor de la entrega: Jose Dario Bazan Arca, Danitza Nalu Pizarro Santisteban
Título del ejercicio: Quick Submit
Título de la entrega: Frecuencia de enterobacterias productoras de betalactamasas...
Nombre del archivo: ARCIAL_TESIS_BAZAN_Y_PIZARRO_-_FRECUENCIA_BLEE_-_MOR...
Tamaño del archivo: 2.85M
Total páginas: 53
Total de palabras: 8,372
Total de caracteres: 50,859
Fecha de entrega: 09-ene-2026 05:38p. m. (UTC-0500)
Identificador de la entrega: 2854591818



MARIO CECILIO MORENO MANTILLA
DNI: 16505740
ASESOR

DEDICATORIA

Dedico esta tesis a Dios, por su infinita bondad y misericordia, por iluminar mi camino en los momentos de incertidumbre y dotarme de la sabiduría, perseverancia y fortaleza necesarias para culminar esta etapa trascendental de mi vida. A mis padres, Walter Bazán y Maribel Arca, quienes, con su amor incondicional, sacrificio y dedicación han sido el cimiento sobre el cual se edifican mis sueños. A mi abuela Lorenza Guerrero, cuya ternura, sabiduría y ejemplo de vida han sido luz en mi sendero. A Alexandra Chepe por su cariño sincero y constante apoyo. A mis familiares y amigos, por brindarme momentos de alegría y comprensión cuando más lo necesité.

- José Dario Bazán Arca

Dedico esta tesis a Dios, por su guía constante y fortaleza a lo largo de todo este camino. Gracias por concederme la sabiduría, perseverancia y oportunidad de cumplir este logro académico. A mis queridos padres, Jacinto Pizarro y Digna Santisteban, por ser mi fortaleza y el pilar fundamental en todo lo que soy, por inculcarme grandes valores que me han acompañado en todos los aspectos de mi vida. Este logro es fruto de sus esfuerzos y sacrificios. A mis hermanos, por apoyarme y por ser mi mayor motivación para querer ser mejor cada día. A mis abuelos, por su cariño sincero y sabios consejos. A mis amigos, en especial a Yessica Balcazar, por su constante acompañamiento y por hacer más grato este proceso académico.

- Danitza Nalu Pizarro Santisteban

AGRADECIMIENTO

Expresamos nuestro profundo agradecimiento a Dios por su guía y fortaleza a lo largo de cada etapa de este proceso y por permitirnos culminar esta etapa con perseverancia y dedicación. Gracias por poner en nuestro camino a las personas indicadas para orientarnos con sabiduría y amor.

Asimismo, manifestamos nuestra más sincera gratitud a nuestros padres, por ser nuestros pilares inquebrantables, por su acompañamiento constante, su confianza y su amor incondicional. Gracias por enseñarnos que con esfuerzo y determinación todo es posible.

De igual manera, deseamos expresar nuestro sincero agradecimiento a nuestro asesor, MSc. Mario Moreno Mantilla, por su orientación académica, compromiso y seguimiento constante durante el desarrollo de la presente tesis.

De manera especial, extendemos nuestro reconocimiento al Lic. Jeanpierre Pimentel Carrasco, Lic. Tatiana Vásquez Vargas, Lic. Liseth Gil Alcantara, Lic. Franklin Aguilar Gamboa, y al Lic. Roberto Díaz Sipión, por su apoyo oportuno, disposición y valiosos aportes que contribuyeron significativamente a la culminación de este trabajo.

Finalmente, expresamos nuestro profundo y respetuoso agradecimiento a la Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo y a su cuerpo docente, por haber proporcionado el entorno académico adecuado para nuestra formación profesional, por la transmisión rigurosa y generosa de conocimientos, experiencias y valores que contribuyeron de manera significativa a nuestro desarrollo académico.

ÍNDICE GENERAL

DEDICATORIA	x
AGRADECIMIENTO	xi
ÍNDICE GENERAL	xii
ÍNDICE DE TABLAS	xiii
ÍNDICE DE FIGURAS	xiv
RESUMEN	xv
ABSTRACT	xvi
INTRODUCCIÓN	1
CAPITULO I. DISEÑO TEÓRICO.....	4
1.1 Antecedentes.....	4
1.2 Bases teóricas.....	7
1.3 Definición conceptual	9
CAPITULO II. DISEÑO METODOLÓGICO	11
2.1 Diseño de contrastación de hipótesis.....	11
2.2 Población y muestra.....	11
2.3 Métodos, técnicas e instrumentos de recolección de datos.....	11
CAPÍTULO III. RESULTADOS.....	18
Identificación de las especies de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido aisladas de muestras fecales de niños.	18
Determinación de la producción de BLEE en enterobacterias aisladas de muestras fecales de niños.....	23
CAPÍTULO IV. DISCUSIÓN.....	24
CONCLUSIONES	28
RECOMENDACIONES	29
REFERENCIAS.....	30
ANEXOS.....	40

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1 <i>Especies de enterobacterias aisladas identificadas en muestras de heces de niños del Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025</i>	18
Tabla 2 <i>Producción de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) según especie de enterobacteria aislada en heces de niños del Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025</i>	21
Tabla 3 <i>Enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido aisladas de muestras fecales de niños del Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025</i>	23

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1 <i>Rotulado de placas de Petri con medios selectivos (a) e Identificación de las muestras (b)</i>	13
Figura 2 <i>Siembra bacteriológica de las muestras de heces en los medios selectivos</i>	14
Figura 3 <i>Siembra del inóculo en agar Mueller Hinton</i>	16
Figura 4 <i>Colocación de los discos de susceptibilidad</i>	17
Figura 5 <i>Identificación bioquímica de Escherichia coli aislada de heces de niños del Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025</i>	19
Figura 6 <i>Identificación bioquímica de Klebsiella sp. aislada de heces de niños del Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025</i>	19
Figura 7 <i>Identificación bioquímica de Shigella sp. aislada de heces de niños del Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025</i>	20
Figura 8 <i>Identificación bioquímica de Salmonella sp. aislada de heces de niños del Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025</i>	20
Figura 9 <i>Efecto sinérgico de antibióticos en cepas de Escherichia coli (a, b) y Klebsiella spp. (c,d)</i>	22

RESUMEN

Debido a que la colonización intestinal por enterobacterias productoras de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) representa un reservorio silencioso que favorece la diseminación de la resistencia antimicrobiana y puede comprometer la eficacia de los tratamientos empíricos, el presente estudio tuvo como objetivo determinar la frecuencia de enterobacterias productoras de BLEE aisladas de muestras fecales de niños atendidos en el Centro de Salud de Mórrope. Para ello se realizaron coprocultivos en los medios MacConkey, XLD, SS y MacConkey suplementado con cefotaxima; la identificación de enterobacterias se realizó mediante pruebas bioquímicas convencionales. Además, la confirmación fenotípica del mecanismo de resistencia se realizó mediante el método de Jarlier. Los resultados demostraron que la especie identificada con mayor frecuencia fue *Escherichia coli* (89,7 %), seguida de *Klebsiella* spp. (8,3 %), y en menor proporción *Salmonella* spp. (1 %) y *Shigella* spp. (1 %). Respecto a la producción de BLEE por especie, *E. coli* BLEE presentó la mayor frecuencia (64,3 %), seguido de *E. coli* no BLEE (35,7 %), *Klebsiella* spp. BLEE (75 %) y *Klebsiella* spp. no BLEE (25 %); mientras que *Salmonella* spp. y *Shigella* spp. no presentaron producción de BLEE. Finalmente, se obtuvo una frecuencia total de 63,9 % de enterobacterias productoras de BLEE en la población estudiada.

Palabras clave: Enterobacteria, Betalactamasas, Población Pediátrica, Método de Jarlier.

ABSTRACT

Due to the fact that intestinal colonization by extended-spectrum β -lactamase (ESBL)-producing enterobacteria represents a silent reservoir that favors the dissemination of antimicrobial resistance and may compromise the effectiveness of empirical treatments, the present study aimed to determine the frequency of ESBL-producing enterobacteria isolated from fecal samples of children attended at the Mórrope Health Center. For this purpose, stool cultures were performed using MacConkey, XLD, SS, and cefotaxime-supplemented MacConkey agar media; enterobacteria identification was carried out through conventional biochemical tests. In addition, phenotypic confirmation of the resistance mechanism was performed using the Jarlier method. The results showed that the most frequently identified species was *Escherichia coli* (89.7%), followed by *Klebsiella* spp. (8.3%), while *Salmonella* spp. (1%) and *Shigella* spp. (1%) were found in lower proportions. Regarding ESBL production by species, ESBL-producing *E. coli* showed the highest frequency (64.3%), followed by non-ESBL-producing *E. coli* (35.7%), ESBL-producing *Klebsiella* spp. (75%), and non-ESBL-producing *Klebsiella* spp. (25%); whereas *Salmonella* spp. and *Shigella* spp. did not show ESBL production. Finally, an overall frequency of 63.9% ESBL-producing enterobacteria was obtained in the studied population.

Keywords: Enterobacteriaceae, Beta-lactamases, Pediatric population, Jarlier method.

INTRODUCCIÓN

La resistencia antibiótica es definida por la Organización Mundial de la Salud (OMS) como la capacidad de las bacterias para soportar los efectos de los antimicrobianos que previamente eran eficaces para tratarlas, lo que lleva a mayores estancias hospitalarias, costos médicos más altos y un aumento en la mortalidad (Organización Mundial de la Salud, 2020). Los niños, especialmente aquellos menores de cinco años constituyen una de las poblaciones más vulnerables, ya que tienen un mayor riesgo de contraer enfermedades y pueden desarrollar resistencia a los antibióticos más fácilmente en caso de automedicación (Brenis-Díaz et al., 2020). Además, debido a la aparición y propagación de organismos resistentes, las infecciones bacterianas se han vuelto más costosas y difíciles de tratar (Muteeb et al., 2023).

A nivel mundial, se estima que la resistencia a los antibióticos causa la muerte de un niño cada 3 minutos, afectando especialmente a los recién nacidos, con 200,000 muertes anuales (Romandini et al., 2021). Estudios han identificado una alta frecuencia de enterobacterias productoras de BLEE en muestras fecales, sugiriendo que los niños podrían ser reservorios de genes de resistencia altamente transmisibles (Tola et al., 2021). El tracto digestivo humano ofrece un ambiente adecuado para la colonización de estas bacterias (Saleem et al., 2020). Cuando las bacterias fecales invaden tejidos o cavidades estériles, pueden diseminarse y provocar septicemia, shock, e infecciones del tracto urinario y respiratorio (Colquechagua et al., 2015).

Las β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) son un conjunto diverso de enzimas que hidrolizan el anillo β -lactámico, causando resistencia a la mayoría de los antibióticos β -lactámicos, como penicilinas y cefalosporinas de primera a la cuarta generación, así como monobactámicos y carbapenémicos (Hu et al., 2019; Urquizo et al., 2018). Los microorganismos

más comunes que producen BLEE son los bacilos gramnegativos, predominantemente de la familia Enterobacteriaceae, como son *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli*, *Proteus* spp., *Shigella* spp., *Salmonella* spp. entre otros (Astocondor-Salazar, 2018).

En la población pediátrica, la adquisición de BLEE se ha evidenciado que puede originarse mediante la transmisión vertical de la madre al neonato durante el momento del parto o la lactancia como también a través de diseminación horizontal en entornos sanitarios o comunitario (Sánchez-Álvarez et al., 2022). La colonización de enterobacterias productoras de BLEE conlleva riesgos clínicos significativos: incremento en la incidencia de infecciones por patógenos multirresistentes, limitación de opciones terapéuticas empíricas eficaces, necesidad de antimicrobianos de amplio espectro o carbapenémicos, prolongación de estancias hospitalarias, y potencial diseminación epidemiológica (Padilla-Serrano et al., 2018).

Diversas investigaciones desarrolladas en la región Lambayeque han puesto en evidencia la incidencia de enterobacterias productoras de β -lactamasas de espectro extendido (EP-BLEE) en la población pediátrica, lo que refleja la magnitud del problema de la resistencia antimicrobiana a nivel local. Investigaciones realizadas en el Hospital Regional de Lambayeque han documentado la presencia de niños portadores de EP-BLEE (Aguilar-Gamboa et al., 2016), mientras que reportes provenientes de los servicios de microbiología de establecimientos de salud de Chiclayo señalan un incremento sostenido de aislamientos de bacterias resistentes a los antimicrobianos (Pacherres-Bustamante et al., 2019).

En la población de Mórrope se carece de estudios dirigidos a la búsqueda de resistencia a los antimicrobianos, por lo que se desconoce si los niños de dicha comunidad son portadores de Enterobacterias productoras de BLEE. Aunque el centro de salud local procesa aproximadamente 60 muestras fecales pediátricas mensuales, se desconoce la etiología

microbiológica y la resistencia antibiótica de estas muestras. Esta falta de información es preocupante, ya que la colonización intestinal por estas bacterias resistentes duplica la mortalidad en comparación con las no productoras de BLEE y es crucial en su epidemiología.

En este contexto, la presencia de enterobacterias productoras de BLEE en niños constituye un reservorio silencioso que favorece la diseminación de resistencia antimicrobiana y condiciona el fracaso de tratamientos empíricos habituales. Considerando lo anterior, se planteó el siguiente problema ¿Cuál es la frecuencia de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido aisladas de muestras fecales de niños atendidos en el Centro de Salud de Mórrope?

El objetivo general del trabajo de investigación fue: Determinar la frecuencia de enterobacterias productoras de BLEE aisladas de muestras fecales de niños atendidos en el Centro de Salud de Mórrope. Para alcanzar este propósito, se establecieron los siguientes objetivos específicos: Identificar las especies de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido aisladas de muestras fecales de niños, así como también comprobar la producción de BLEE en enterobacterias aisladas de muestras fecales de niños.

CAPITULO I. DISEÑO TEÓRICO

1.1 Antecedentes

López-Siles et al. (2023) realizaron un estudio focalizado a determinar la presencia de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido en muestras de heces de 887 niños de 3-13 años, mediante la detección del gen ESBL y el perfil de resistencia antibiótica. Obtuvieron como resultado que de las 24 muestras positivas para EP-BLEE, la única especie aislada fue *E. coli*; siendo resistente a trimetoprim/sulfametoxazol (46,0 %), ciprofloxacino (33,0 %), levofloxacino (33,0 %), tobramicina (21,0 %) y gentamicina (8,0 %).

Alcedo et al. (2022) desarrollaron un estudio cuyo objetivo fue detectar la presencia del gen *blaCTX-M* en *E. coli* aislada de muestras fecales de 41 niños sanos provenientes de una comunidad rural de Moyobamba. Para ello, se realizaron coprocultivos en agar MacConkey en presencia de un disco de ceftriaxona, confirmándose la producción de BLEE mediante la prueba de sinergia de doble disco. Los resultados evidenciaron resistencia a ceftriaxona en 22 de 41 niños (53,7 %), recuperándose principalmente cepas de *E.coli* productoras de BLEE.

Gonzales-Rodríguez et al. (2022) realizaron un estudio cuya finalidad fue la detección de genes de resistencia a medicamentos betalactámicos y quinolonas presentes en enterobacterias aisladas de muestras de fecales de 41 lactantes. Para la identificación bacteriana y perfil de susceptibilidad se utilizaron equipos automatizados, además mediante técnicas moleculares como la PCR se realizó la búsqueda de los genes de interés; obteniendo como resultado que la bacteria aislada con mayor frecuencia fue *E. coli* productora de BLEE en un 83.3 %.

Hurtado (2022) realizó un estudio documental durante el periodo de julio de 2021 a marzo de 2022, con el objetivo de determinar el perfil microbiológico y la susceptibilidad

antimicrobiana en 140 muestras fecales de niños menores de 15 años atendidos en un hospital de Nasca. Para ello, se analizaron coprocultivos y antibiogramas registrados en historias clínicas, encontrándose que el principal agente etiológico fue *Escherichia coli* (90,7 %), seguido de *S. sonnei* (11.4 %), *Campylobacter* spp. (6.4 %), *Salmonella* spp. (5,7 %) y *Shigella* spp. (51-0 %).

Medina (2019) realizó una investigación en el periodo de enero - setiembre del 2018 cuyo objetivo fue determinar la incidencia de bacterias enteropatógenos presentes en 150 pacientes de centros de salud de Lambayeque y Chiclayo. Para ello analizó muestras de heces frescas y de hisopado rectal para posteriormente realizar aislamiento en medios diferenciales (Agar Mac Conkey, Agar XLD, Agar SS, Agar TCBS) obteniendo como agentes etiológicos bacterianos a *E. coli* en mayor frecuencia (77,0 %), además *Aeromonas* spp. (13.8 %), *Salmonella* spp. (6,9 %) y *Shigella* spp. (2,3 %).

Hazirolan et al. (2018) realizaron un estudio cuyo objetivo fue identificar enterobacterias productoras de BLEE y AmpC en heces de pacientes ambulatorios en una comunidad de Turquía. Se analizaron 1402 muestras fecales mediante pruebas de detección de BLEE y AmpC, y evaluación de sensibilidad antibiótica por difusión en disco. Se aislaron 490 cepas, predominando *Escherichia coli* (94,1 %), seguida de *Klebsiella pneumoniae* (5,1 %) y *Enterobacter cloacae* (0,8 %). Además, del total de enterobacterias aisladas, el 34,3 % fueron productoras de BLEE.

Kaarme et al. (2018) realizaron un trabajo de investigación cuyo objetivo planteado fue examinar el estado de EP-BLEE en 50 niños de 1-5 años en Suecia. Para ello, se realizó cultivo bacteriológico en el medio MacConkey suplementado con disco de cefotaxima y se analizó la secuencia genómica mediante PCR para detectar la especie bacteriana. Se obtuvo como

resultado que la tasa de detección de EP-BLEE fue mayor de 14,0 %, teniendo como especies aisladas a *E. coli*, *E. cloacae*, *C. freundii* y *C. brakii*.

García et al. (2017) desarrollaron una investigación con el objetivo de determinar las bacterias responsables de diarrea aguda en 823 niños atendidos en un hospital pediátrico de Argentina. Para ello, realizaron coprocultivos en medios selectivos como EMB, MacConkey y Skirrow. Los resultados mostraron que la bacteria aislada con mayor frecuencia fue *Shigella* spp. (82,8 %), seguida de *Salmonella* spp. (9,7 %), *Campylobacter* spp. (6,5 %) y *Escherichia coli* O157:H7 (1 %). Dentro del género *Shigella* predominó *S. flexneri*, siendo el agente etiológico más frecuente en la región.

Silva-Díaz et al. (2017) realizaron una investigación en el Hospital Regional de Lambayeque con el objetivo de identificar agentes enteropatógenos causantes de enfermedades diarreicas. La población estuvo conformada por 70 niños menores de 10 años. La metodología incluyó cultivo bacteriológico en medios diferenciales e identificación serológica para reconocer serotipos de *Salmonella* sp., *Shigella* sp. y *E. coli*. Los agentes identificados fueron *Salmonella enteritidis* (10,0 %), *Campylobacter* spp. (4,3 %), *E. coli* enteropatógena (1,4 %) y *Shigella* spp. (1,4 %).

Aguilar-Gamboa et al. (2016) realizaron un estudio cuyo objetivo fue determinar la portación de enterobacterias productoras de BLEE en pacientes atendidos en el Hospital Regional de Lambayeque y mascotas admitidas en una clínica veterinaria. Para ello se realizó cultivo bacteriológico de muestras fecales en medio MacConkey suplementado con cefotaxima y posteriormente se efectuó el estudio fenotípico mediante el método de Jarlier. El estudio obtuvo como resultado que el 61,0 % de humanos analizados eran portadores de enterobacterias BLEE.

1.2 Bases teóricas

La resistencia antimicrobiana es la capacidad de los microorganismos para sobrevivir a la acción de los antibióticos, disminuyendo así la eficacia de los tratamientos disponibles (Ara Montojo et al., 2023). En las bacterias, esta resistencia puede ser intrínseca, propia de la especie, o adquirida, cuando se producen modificaciones en el material genético mediante mutaciones o por transferencia horizontal de genes, a través de procesos como la conjugación, transformación o la transducción (Camacho Silvas, 2023). Su aparición y propagación se han intensificado debido al uso sostenido e indiscriminado de antibióticos, lo que contribuye al fracaso terapéutico y al aumento de la mortalidad (Yauri Condor, 2023). Esta situación se ve además agravada por la inadecuada terapia empírica inicial y la variabilidad de los perfiles de sensibilidad entre regiones y establecimientos de salud (Lipari et al., 2020).

La resistencia bacteriana puede generarse mediante diversos mecanismos, como la disminución de la permeabilidad de la membrana externa, la activación de bombas de eflujo que expulsan el antibiótico, la alteración de los sitios de unión del fármaco o la producción de enzimas capaces de inactivarlo (Astocondor-Salazar, 2018). La convergencia de estos mecanismos en un mismo microorganismo representa un desafío terapéutico de considerable magnitud, razón por la cual la Organización Mundial de la Salud ha establecido una lista de patógenos con alta resistencia antimicrobiana y necesidad urgente de nuevos tratamientos. Entre ellos se encuentran *Acinetobacter baumannii* resistente a carbapenémicos y las Enterobacterales resistentes a carbapenémicos y a cefalosporinas de tercera generación, todos clasificados dentro de la categoría de prioridad crítica (World Health Organization, 2024).

Los Enterobacterales corresponden a un orden de bacilos gramnegativos que se caracterizan por la fermentación de glucosa, la reducción de nitratos a nitritos y la ausencia de

esporulación (Teklu et al., 2019). Incluyen géneros de importancia clínica como *Escherichia*, *Klebsiella*, *Shigella*, *Enterobacter* y *Salmonella*, asociados a infecciones gastrointestinales, nosocomiales, oportunistas y, en algunos casos, sistémicas (Rodríguez-García & Rodríguez-Silva, 2020). Su hábitat natural es el tracto intestinal de humanos y animales, y su transmisión ocurre principalmente por alimentos y agua contaminados (Rojas et al., 2021). Algunas cepas producen betalactamasas de espectro extendido (BLEE), el mecanismo de resistencia más frecuente y clínicamente importante en bacterias gramnegativas.

Las betalactamasas son enzimas bacterianas que confieren resistencia a los antibióticos β -lactámicos mediante la hidrólisis de su anillo β -lactámico, lo que inactiva su efecto antimicrobiano; sin embargo, pueden ser inhibidas por compuestos como el ácido clavulánico (Lepe & Martínez-Martínez, 2022). Dentro de este grupo, las betalactamasas de espectro extendido (BLEE) catalizan la ruptura del enlace amídico del anillo betalactámico tras unirse al grupo carboxilo del antibiótico, impidiendo su interacción con las proteínas ligadoras de penicilina (PBP) y anulando su acción bactericida (Urquiza Ayala et al., 2018). Estas enzimas se localizan en el espacio periplásmico, donde ejercen su función inactivadora.

Las BLEE se caracterizan por su capacidad de hidrolizar penicilinas, cefalosporinas de primera a cuarta generación y monobactámicos como el aztreonam, aunque no afectan a carbapenémicos, cefamicinas ni a inhibidores de betalactamasas como tazobactam o sulbactam (Astocondor-Salazar, 2018). Los genes que las codifican pueden encontrarse en el cromosoma o, con mayor frecuencia, en plásmidos, integrones y transposones, lo que facilita su diseminación entre bacterias de la misma o de distintas especies. Se clasifican principalmente en TEM, SHV y CTX-M, muchas de las cuales derivan de mutaciones que amplían el espectro

de acción de betalactamasas de espectro reducido (Correa Bermúdez & De la Cadena Vivas, 2020).

Por otro lado, los antibióticos β -lactámicos constituyen la familia más amplia de antimicrobianos y se caracterizan por la presencia de un anillo β -lactámico cuya estructura, junto con sus cadenas laterales, determina su actividad antimicrobiana, comportamiento farmacocinético y perfil de toxicidad (Yauri Condor, 2023). Su mecanismo de acción consiste en inhibir la síntesis de la pared celular bacteriana al bloquear la transpeptidación del peptidoglicano, además de inducir la activación de autolisinas que contribuyen a la degradación de dicha estructura, lo que finalmente conduce a la muerte bacteriana (Suárez & Gudiol, 2009).

La colonización intestinal por enterobacterias productoras de BLEE en niños representa un problema de salud pública relevante, dado que la microbiota intestinal constituye una fuente potencial de infección del tracto urinario, respiratorio y sanguíneo, y facilita la transferencia horizontal de genes de resistencia entre bacterias (Lukac et al., 2015). En población pediátrica, los principales factores de riesgo asociados a esta colonización incluyen el uso previo de antibióticos, la hospitalización y la transmisión materno-infantil (Denkel et al., 2014). En el contexto comunitario, la portación es frecuentemente asintomática, lo que dificulta su detección y favorece la diseminación silenciosa de cepas resistentes, constituyendo los niños un reservorio comunitario de considerable importancia epidemiológica (Fernández, 2025).

1.3 Definición conceptual

Sensible (S): “Categoría utilizada en pruebas de susceptibilidad in vitro para describir que la cepa bacteriana estudiada puede ser tratada con la dosis del antibiótico adecuada” (INS, 2002)

Resistente (R): “Categoría utilizada en pruebas de susceptibilidad in vitro para describir que la cepa bacteriana estudiada no es inhibida por concentraciones séricas del antibiótico, debido a que han desarrollado mecanismos de resistencia antimicrobiana” (INS, 2002)

Betalactamasas: “Enzimas que poseen la capacidad de neutralizar los antibióticos betalactámicos mediante un proceso de hidrólisis que rompe su estructura química característica, el anillo betalactámico.” (Cavalieri et al., 2005)

Enterobacteria: “Bacteria Gram negativa de la familia Enterobacteriaceae que suelen formar parte de la flora normal del intestino humano y animal.” (Agencia Catalana de Seguridad Alimentaria, 2020)

CAPITULO II. DISEÑO METODOLÓGICO

2.1 Diseño de contrastación de hipótesis

2.1.1 Tipo de investigación

Por su enfoque, la investigación fue de tipo básica y descriptiva (Hernández Sampieri & Mendoza Torres, 2018)

2.1.2 Diseño de investigación

El diseño de investigación corresponde al de una sola casilla y transversal (Manterola et al., 2019).

2.2 Población y muestra

2.2.1 Población y Muestra

Estuvo constituido por todas las muestras de heces correspondientes a niños de 0 a 12 años obtenidas del laboratorio del Centro de Salud de Mórrope durante el periodo noviembre 2024 - febrero 2025, alcanzando 95 muestras evaluadas en su totalidad, es decir se realizó un censo (Hernández Sampieri & Mendoza Torres, 2018). Se incluyeron muestras únicas por niño que tuvieron solicitud de examen coproparasitológico con un volumen de heces suficiente (≥ 2 gramos) y tiempo de recolección menor a 24 horas.

2.3 Métodos, técnicas e instrumentos de recolección de datos

Técnica

La técnica empleada en este proyecto de investigación fue la observación (Arias & Covinos, 2021).

Instrumentos

Se usaron reglas mili mitradas para la medición de halos de inhibición, cámara, laptop y ficha de recolección de datos (Anexo 2).

Procedimiento

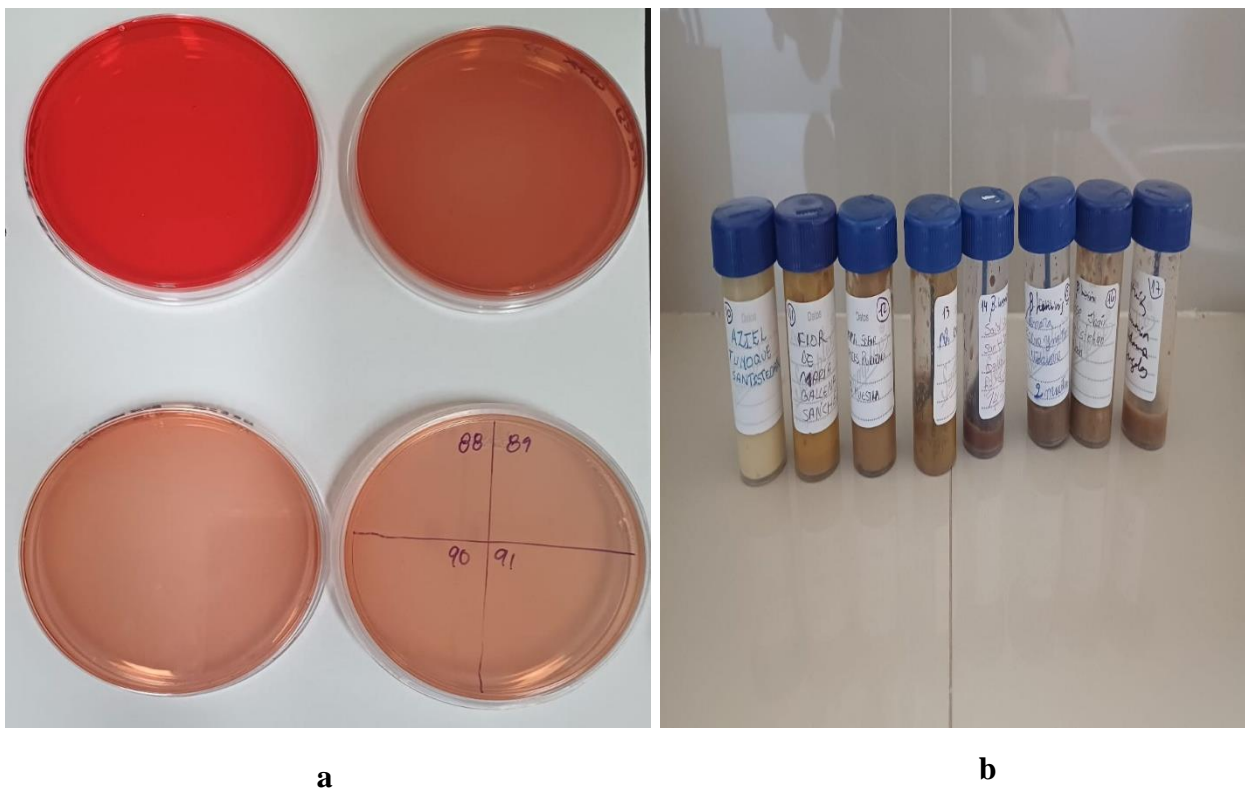
a. Identificar las especies de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido aisladas de muestras fecales de niños

Toma y transporte de la muestra

La muestra de heces se obtuvo en un envase de plástico esterilizado de boca ancha y con tapa rosca, el cual presentó el nombre de la paciente, edad y fecha de obtención de la muestra (MINSA, 2017); dichas muestras fueron obtenidas tras la aprobación de la Solicitud de permiso para el uso de datos y muestras (Anexo 1). Posteriormente, las muestras fueron transportadas al laboratorio de Microbiología–Parasitología de la FCCBB–UNPRG en una caja de tecnopor, garantizando así la preservación de la cadena de frío. Una vez en el laboratorio, se verificó la idoneidad de las muestras y se asignó un código numérico de identificación tanto a las muestras como a las placas destinadas para la siembra (Figura 1).

Figura 1

Rotulado de placas de Petri con medios selectivos (a) e Identificación de las muestras (b).



Aislamiento e identificación bacteriana

El primer paso para realizar el aislamiento consistió en emulsionar aproximadamente de 1 a 2 gramos de la muestra de heces en solución salina fisiológica estéril, a partir de la cual se inocularon y se sembraron por agotamiento en medios de cultivo selectivos convencionales como MacConkey, XLD y SS, y adicionalmente en agar MacConkey suplementado con cefotaxima a una concentración de 30 mg/L (INS, 2017) (Figura 2).

Figura 2

Siembra bacteriológica de las muestras de heces en los medios selectivos.



Después de realizada la siembra, se procedió a incubar las placas a 35 °C en condiciones aerobias y la lectura se realizó a las 24 horas; posteriormente, se seleccionaron las colonias sospechosas y se sembraron en crioviales con agar TSA para su posterior identificación (INS, 2017).

La identificación se realizó mediante la inoculación en medios diferenciales como agar TSI (Agar Hierro Triple Azúcar), agar LIA (Agar Lisina Hierro), agar MIO (Motilidad–Indol–Ornitina) y Citrato de Simmons, cuyos resultados se verificaron con las tablas de Pruebas Bioquímicas de Identificación de Bacterias de Importancia Clínica de Faddin (Macfaddin, 2003).

b. Comprobación de la producción de BLEE en enterobacterias aisladas de muestras fecales de niños

La comprobación de la producción de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) se realizó siguiendo el método de Jarlier (Jarlier et al., 1988) descrito en el manual de sensibilidad del Instituto Nacional de Salud (INS, 2002).

Preparación de Agar Mueller Hinton

El medio se preparó siguiendo las instrucciones proporcionadas por el fabricante. Una vez esterilizado, el medio se distribuyó en placas Petri esterilizadas, asegurando que el espesor del agar fuera de 4 mm. Para comprobar la esterilidad, se incubaron dos placas a 37 °C durante 24 horas, las cuales fueron desechadas después de este período.

Preparación de Inóculo

La inoculación se llevó a cabo utilizando el método directo a partir de colonias aisladas; este procedimiento implicó la selección de dichas colonias y su suspensión en 4–5 mL de solución salina, cuya turbidez se ajustó hasta alcanzar el equivalente al estándar 0,5 de la escala de McFarland.

Siembra

Se procedió a sembrar en la superficie de la placa de Mueller Hinton con un hisopo estéril que previamente se introdujo en la suspensión, con el fin de garantizar la distribución homogénea del inóculo (Figura 3). Antes de aplicar los discos, se dejó secar la placa en la cabina de bioseguridad durante 3 a 5 minutos, permitiendo que se absorbiera cualquier exceso de humedad en la superficie.

Figura 3

Siembra del inóculo en agar Mueller Hinton



Colocación de Discos

Utilizando una pinza esterilizada, se colocaron los discos de susceptibilidad sobre la superficie del medio de cultivo (Figura 4), la aplicación se realizó mediante una leve presión sobre cada disco para garantizar que haga contacto pleno con la superficie del agar.

Figura 4

Colocación de los discos de susceptibilidad



Método de Jarlier

Para determinar la producción de betalactamasas de espectro extendido (BLEE), se llevó a cabo el método de doble difusión con discos conocido también como método de Jarlier. Este consistió en la utilización de discos de susceptibilidad antimicrobiana: Ceftazidima (30 μg), Cefotaxima (30 μg), Aztreonam (30 μg), Cefepime (30 μg) y Amoxicilina/ácido clavulánico (20/10 μg). En cuanto a la disposición de los discos, el disco de amoxicilina/ácido clavulánico se ubicó al centro de la placa Mueller Hinton previamente inoculada y a una distancia de 25 mm de los discos de Ceftazidima, Cefotaxima, Aztreonam y Cefepime. Finalmente, la placa se incubó por un tiempo de 24 horas a 35 C° (Jarlier et al., 1988).

La prueba se consideró positiva cuando se evidenció efecto sinérgico (también llamado cola de pez o efecto huevo) entre el inhibidor (amoxicilina/ácido clavulánico) y los discos de cefalosporinas; por el contrario, se consideró negativa ante la ausencia de dicho efecto.

CAPÍTULO III. RESULTADOS

Especies de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido identificadas de muestras fecales de niños 2024-2025

En 95 muestras de heces de niños del Centro de Salud de Mórrope, colectadas durante 2024 - 2025, se obtuvo 97 aislamientos bacterianos entre las cuales se identificaron *Escherichia coli*, *Klebsiella* spp., *Salmonella* spp. y *Shigella* spp. La enterobacteria con mayor frecuencia fue *E. coli* (89,7 %), además de *Klebsiella* spp. (8,3 %), *Salmonella* spp. (1 %) y *Shigella* spp. (1 %) (Tabla 1, figuras 5 a 8, anexo 2).

Tabla 1

Especies de enterobacterias identificadas en muestras de heces de niños del Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025

Especies	n	%
<i>Escherichia coli</i>	87	89,7
<i>Klebsiella</i> sp.	8	8,3
<i>Salmonella</i> sp.	1	1,0
<i>Shigella</i> sp.	1	1,0
Total	97	100

Figura 5

Identificación bioquímica de Escherichia coli aislada de heces de niños del Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025.

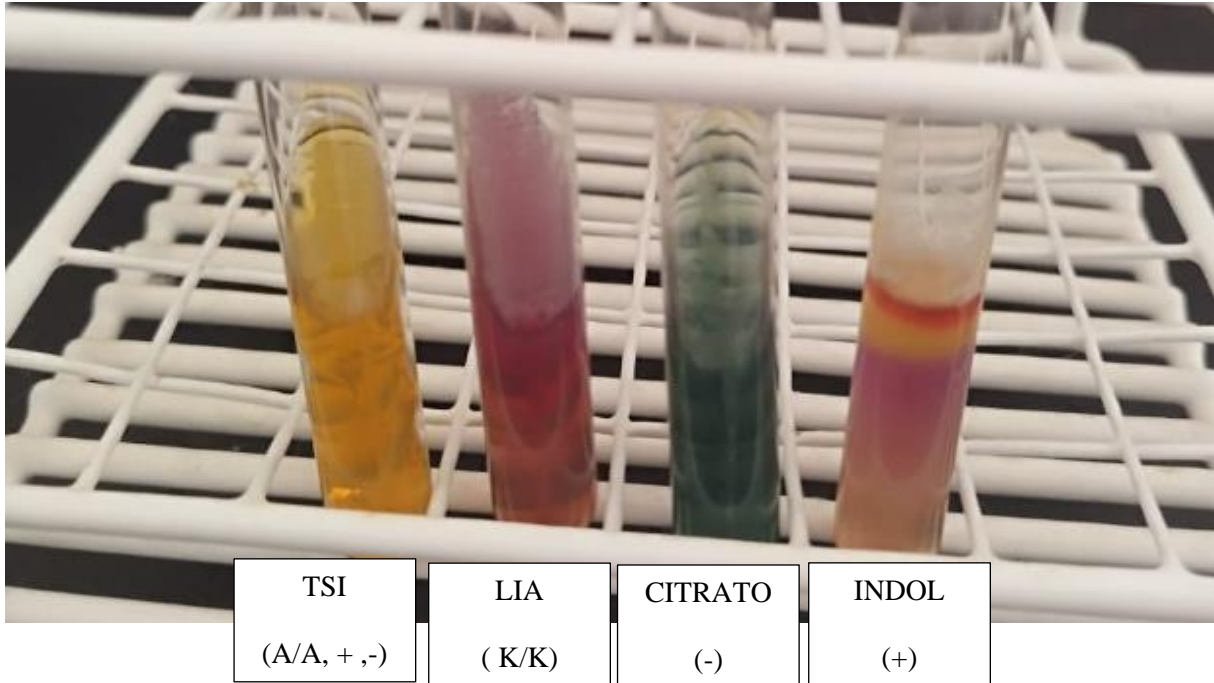


Figura 6

Identificación bioquímica de Klebsiella sp. aislada de heces de niños del Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025.

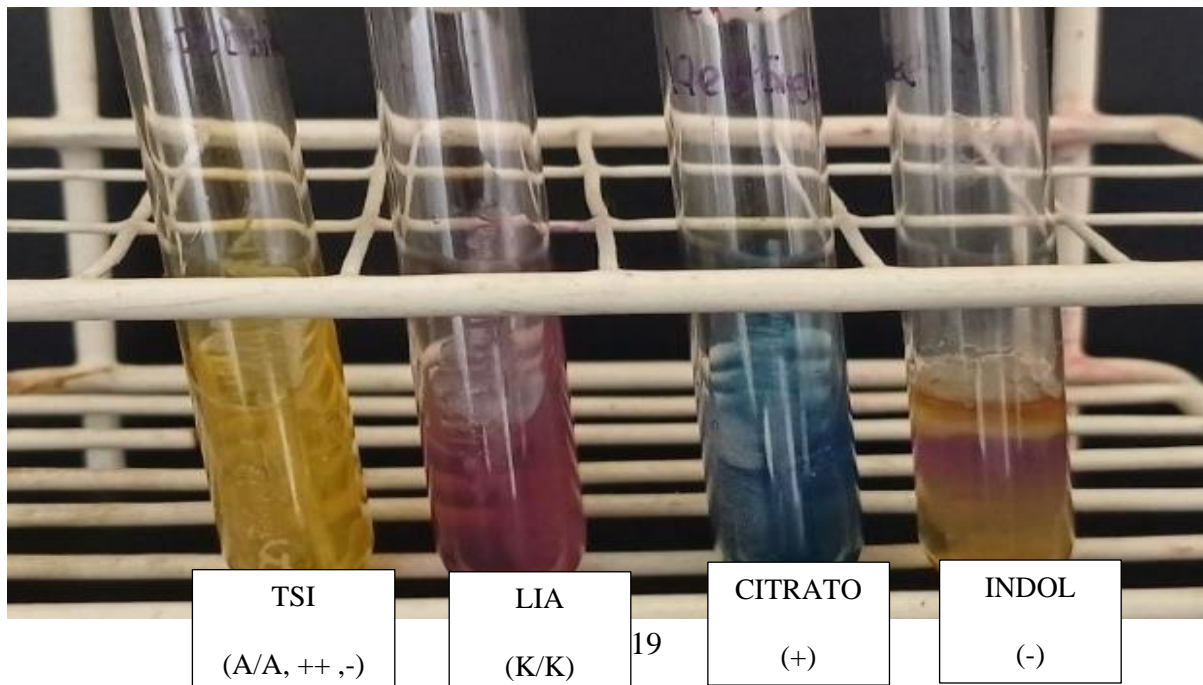


Figura 7

Identificación bioquímica de Shigella sp. aislada de heces de niños del Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025.

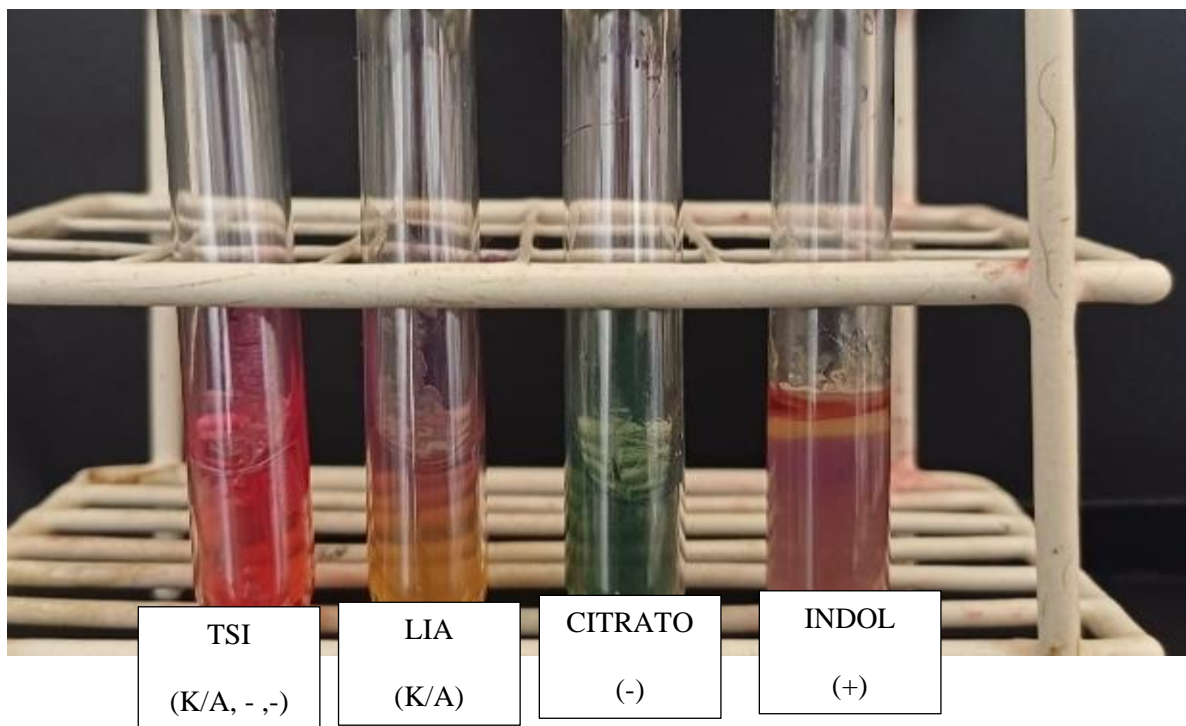
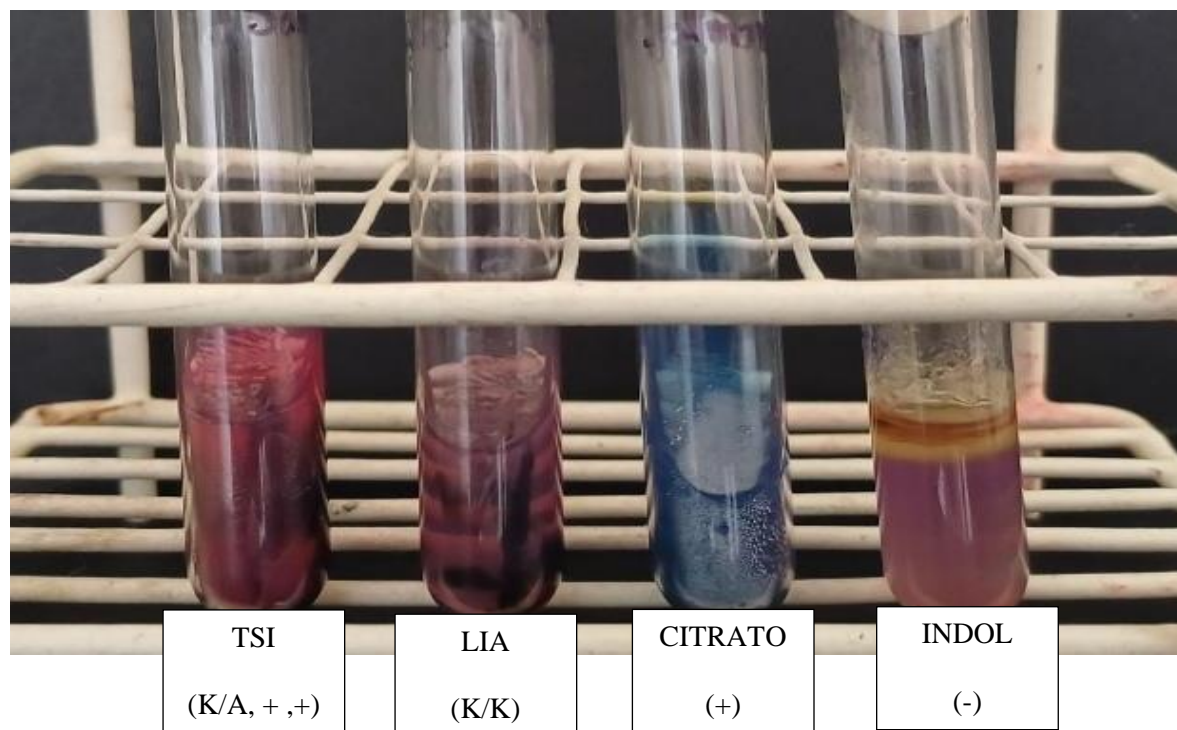


Figura 8

Identificación bioquímica de Salmonella sp. aislada de heces de niños del Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025.



La producción de BLEE en las enterobacterias aisladas fue determinada mediante el método fenotípico de Jarlier, observándose el efecto sinérgico característico entre los discos antibióticos en los aislamientos positivos (Figura 9). La especie con mayor frecuencia de producción de BLEE fue *Escherichia coli*, ya que, de 87 cepas obtenidas, 56 (64,3 %) fueron productoras de BLEE. En contraste, *Salmonella* spp. y *Shigella* spp. no presentaron producción de BLEE (Tabla 2).

Tabla 2

Producción de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) según especie de enterobacteria aislada en heces de niños del Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025

Especie	BLEE n (%)	No BLEE n (%)	Total
<i>Escherichia coli</i>	56 (64,3)	31 (35,7)	87
<i>Klebsiella</i> spp.	6 (75,0)	2 (25,0)	8
<i>Salmonella</i> spp.	0 (0,0)	1 (100,0)	1
<i>Shigella</i> spp.	0 (0,0)	1 (100,0)	1
Total	62	35	97

Figura 9

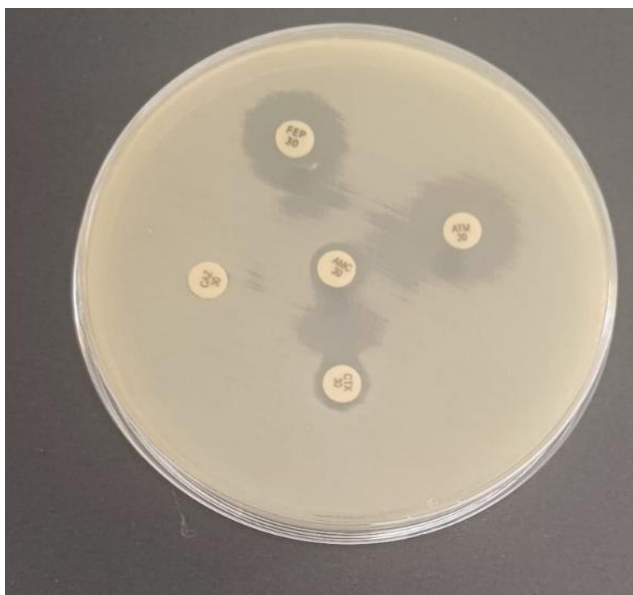
Efecto sinérgico de antibióticos en cepas de Escherichia coli (a, b) y Klebsiella spp. (c,d), 2024 – 2025.



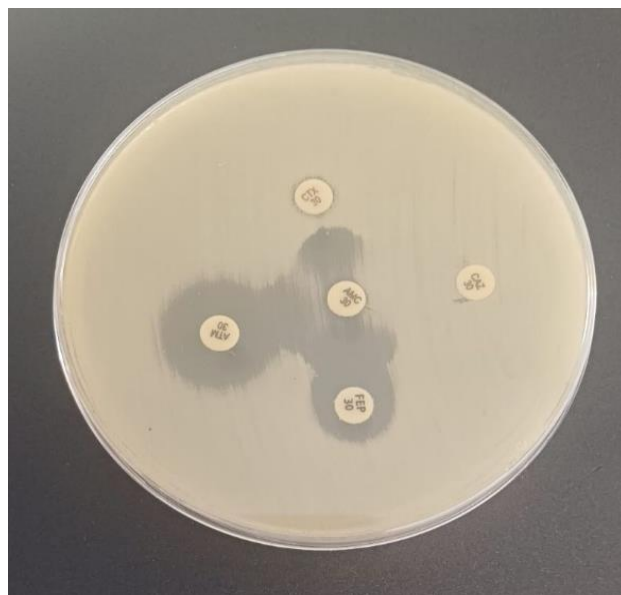
a



b



c



d

Producción de BLEE en enterobacterias aisladas de muestras fecales de niños 2024-2025

De las 97 cepas de bacterias aisladas de muestras fecales de niños el 63,9 %, fueron productoras de BLEE, evidenciando resistencia a al menos uno de los antibióticos evaluados (Ceftazidima, Cefotaxima ,Aztreonam, Cefepime y Amoxicilina/ácido clavulánico). El 36,1 % no presentó resistencia a los antibióticos utilizados (Tabla 3).

Tabla 3

Frecuencia de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido aisladas en heces de niños del Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025

Enterobacterias BLEE/no	n	%
BLEE		
Enterobacterias BLEE	62	63,9
Enterobacterias No BLEE	35	36, 1

CAPÍTULO IV. DISCUSIÓN

La presente investigación tuvo como propósito determinar la frecuencia de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) en muestras fecales de niños atendidos en el Centro de Salud de Mórrope, evidenciándose una considerable frecuencia de portadores en la población pediátrica. Estos resultados se asemejan a lo reportado por Aguilar-Gamboa et al. (2016), quienes hallaron que el 68,4 % de los niños evaluados en el Hospital Regional de Lambayeque presentaban colonización intestinal por enterobacterias productoras de BLEE. Dicha similitud de prevalencias podría vincularse a la creciente diseminación comunitaria de enterobacterias productoras de BLEE, favorecida por el uso inadecuado de antibióticos, la exposición indirecta a servicios de salud y/o la transmisión intrafamiliar. En este contexto, la población pediátrica constituye un importante reservorio intestinal de enterobacterias resistentes, representando un riesgo potencial para el desarrollo de infecciones comunitarias y para la diseminación de la resistencia antimicrobiana en la región.

En relación con la etiología bacteriana y la producción de BLEE, en el presente estudio se aislaron exclusivamente cepas productoras de este mecanismo de resistencia correspondientes a *Escherichia coli* y *Klebsiella* spp.. Este hallazgo es consistente con lo reportado por Hazirolan et al. (2018) quienes evidenciaron una marcada predominancia de *E. coli* (94,1 %) entre las enterobacterias productoras de BLEE aisladas en muestras fecales de la comunidad, seguida en menor proporción por *Klebsiella* spp (5,1 %). Esta concordancia en los resultados podría explicarse a que dichas bacterias forman parte de la microbiota intestinal habitual, lo que les permite colonizar de manera persistente el tracto gastrointestinal, a su vez facilitar la adquisición y diseminación de genes de resistencia, como las β -lactamasas de

espectro extendido, incrementado la probabilidad de ser detectadas como portadoras de BLEE en estudios de colonización.

Del mismo modo, en el presente estudio se detectó ausencia de fenotipo BLEE en las cepas aisladas de *Salmonella* spp. (0 %) y *Shigella* spp. (0 %), dichos resultados se asemejan con lo reportado por Gonzales-Rodríguez et al. (2022), quienes describen una menor frecuencia de este mecanismo de resistencia en dichos enteropatógenos en comparación con enterobacterias comensales como *E. coli*. Esta diferencia podría explicarse por el carácter transitorio de estas bacterias en el tracto intestinal y su menor exposición a la presión selectiva ejercida por antibióticos, a diferencia de las especies comensales que mantienen una colonización persistente. En este sentido, su limitada interacción prolongada con otras bacterias portadoras de genes de resistencia podría reducir las oportunidades de intercambio genético.

Respecto a la población estudiada, la presente investigación evalúa la colonización intestinal y no necesariamente procesos infecciosos activos, este criterio influye en la interpretación de las diferencias en la etiología bacteriana y los mecanismos de resistencias que estas presentan. Al respecto, García et al. (2017) difiere de nuestros resultados al reportar una mayor proporción de aislamiento de *Shigella* spp (82,8 %) y *Salmonella* spp (9,7 %), en contraste a nuestros resultados donde se encontró a *Shigella* spp. (1 %) y *Salmonella* spp. (1 %) en menor frecuencia. Esta diferencia podría explicarse, por el tipo de muestra y la condición clínica de la población evaluada, debido a que los estudios enfocados en pacientes con sintomatología gastrointestinal tienden a evidenciar una mayor prevalencia de enteropatógenos, debido a su rol directo en cuadros diarreicos.

Para la confirmación fenotípica de la producción de betalactamasas de espectro extendido (BLEE), en el presente estudio se empleó el método de sinergia de doble disco o método de Jarlier, mediante el cual se identificó una frecuencia de 63,9 % de enterobacterias productoras de BLEE. Al contrastar estos resultados con lo reportado por Kaarme J et al. (2018), quienes encontraron una frecuencia menor (14,0 %) de enterobacterias productoras de BLEE en niños de 1 a 5 años, se evidencia una diferencia notable que podría atribuirse a variaciones geográficas, epidemiológicas y sanitarias entre ambas poblaciones. Los países desarrollados suelen presentar menores tasas de resistencia antimicrobiana debido al uso más regulado de antibióticos, programas estrictos de vigilancia y mejores condiciones higiénico-sanitarias. En contraste, en zonas rurales como Mórrope existen limitaciones en infraestructura y equipamiento microbiológico, ya que los establecimientos de salud realizan principalmente análisis básicos y no cuentan con laboratorios especializados para coprocultivos y vigilancia microbiológica continua, lo que podría favorecer la circulación silenciosa de enterobacterias resistentes en la comunidad.

La mayor frecuencia de enterobacterias productoras de BLEE se presentó en niños de 0 a 3 años con 62,8 % (n=39) de los 62 aislamientos positivos, lo cual podría explicarse debido a que en esta etapa el sistema inmunológico y la microbiota intestinal aún se encuentran en desarrollo, favoreciendo la colonización por *Escherichia coli* resistente. Asimismo, los niños pequeños presentan mayor exposición a antibióticos, tanto por tratamientos frecuentes como indirectamente durante la lactancia cuando la madre consume antimicrobianos, lo que puede alterar la microbiota intestinal y favorecer la selección de cepas resistentes. En zonas rurales como Mórrope, también influyen factores ambientales como el contacto cercano con animales domésticos, agua contaminada y deficientes condiciones higiénico-sanitarias. Estos resultados

concuerdan con Hartinger et al. (2021), quienes señalaron que las condiciones ambientales rurales y la convivencia entre humanos, animales y fuentes de agua contaminadas favorecen la circulación y diseminación de bacterias resistentes en comunidades infantiles peruanas.

Con respecto a la distribución según sexo, en el presente estudio se observó una mayor frecuencia de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) en el sexo masculino, con 54,80% (34 casos), mientras que el sexo femenino representó el 45,20% (28 casos). Estos resultados difieren de lo reportado por Fonseca (2017), quien encontró una mayor frecuencia de enterobacterias productoras de BLEE en el sexo femenino, con 70%, en comparación con el sexo masculino, que representó el 30%. Estos hallazgos evidencian que no existe un patrón uniforme respecto al sexo y la presencia de enterobacterias productoras de BLEE en población pediátrica. Por ello, diversos autores coinciden en que el sexo no constituye un factor determinante para la colonización intestinal por estas bacterias resistentes.

Finalmente, la frecuencia de enterobacterias productoras de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) en la población pediátrica evaluada representa un importante reservorio de resistencia antimicrobiana. Aunque los niños colonizados por estas enterobacterias se suelen presentar de manera asintomática, dicha condición dista de ser clínicamente inocua, dado que la colonización intestinal se considera una etapa previa en la progresión hacia infecciones. Dicho planteamiento es respaldado por Fernández (2025), quien señala que la presencia de enterobacterias productoras de BLEE en el tracto gastrointestinal incrementa la probabilidad de infecciones difíciles de tratar e incluso se asocia a una mortalidad significativamente mayor en comparación con aquellas producidas por cepas no productoras de este mecanismo de resistencia.

CONCLUSIONES

- La frecuencia de enterobacterias productoras de BLEE aisladas de muestras fecales de niños atendidos en el Centro de Salud de Mórrope fue del 63,9 %.
- Se identificaron 97 especies de enterobacterias procedentes de 95 muestras fecales de niños de 0 a 12 años de edad. Se identificó *Escherichia coli* (87), *Klebsiella* spp. (8), *Salmonella* spp. (1) y *Shigella* spp. (1).
- Se determinó la producción de BLEE de las enterobacterias aisladas obteniéndose *E. coli* BLEE (64,3 %), *E. coli* No BLEE (35,7 %), *Klebsiella* spp. BLEE (75 %), *Klebsiella* spp. No BLEE (25 %), *Salmonella* spp. No BLEE (100 %) y *Shigella* spp. No BLEE (100 %).

RECOMENDACIONES

- Evaluar la relación entre la presencia de enterobacterias productoras de BLEE y variables como edad, sexo, antecedentes de uso de antibióticos y condiciones sanitarias, con la finalidad de identificar factores de riesgo en niños.
- Realizar estudios de susceptibilidad antimicrobiana en *Escherichia coli* y *Klebsiella spp.* productoras de BLEE aisladas de muestras fecales, a fin de contribuir a la elección adecuada del tratamiento empírico en la población infantil.
- Desarrollar investigaciones en biología molecular orientadas a la identificación de genes de resistencia asociados a BLEE (bla_TEM, bla_SHV, bla_CTX-M) en enterobacterias aisladas de muestras fecales.
- Implementar programas de uso racional de antibióticos en el Centro de Salud de Mórrope y en la comunidad, con el objetivo de reducir la diseminación de enterobacterias resistentes.

REFERENCIAS

- Agencia Catalana de Seguridad Alimentaria. (2020). *Enterobacteria*.
<https://acsa.gencat.cat/es/detall/article/Bacterias-entericas>
- Aguilar-Gamboa, F. R., Aguilar Martinez, S. L., Cubas Alarcón, D. M., Coaguila Cusicanqui, L., Fernández Valverde, D. A., Moreno Mantilla, M. C., Román Campos, N., Guevara-Vásquez, G., & Díaz Sipión, R. S. (2016). Portadores de bacterias multirresistentes de importancia clínica en áreas críticas (UCI-UCIN) de un hospital al norte del Perú. *Horizonte Médico (Lima)*, 16(3), 50–57. <https://doi.org/10.24265/horizmed.2016.v16n3.08>
- Aguilar-Gamboa, F. R., Santamaría-Veliz, O., Machuca-Acevedo, N. E. V., & Silva-Díaz, H. (2016). Enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido en muestras fecales de humanos y mascotas. Chiclayo, Perú. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Publica*, 33(2), 375-377.
<https://doi.org/10.17843/rpmesp.2016.332.2201>
- Alcedo, K., Ruiz, J., Ochoa, T. J., & Riveros, M. (2022). High Prevalence of blaCTX-Min Fecal Commensal Escherichia coli from Healthy Children. *Infection and Chemotherapy*, 54(1), 59–69. <https://doi.org/10.3947/ic.2021.0102>
- Ara Montojo, M. F., Escosa García, L., & Aguilera Alonso, D. (2023). Resistencias bacterianas en Pediatría. *Sociedad Española de Infectología Pediátrica*, 2, 13–31.
https://static.aeped.es/2_resistencias_bacterianas_eed54e6dfe.pdf
- Arias, J., & Covinos, M. (2021). *Diseño y metodología de la investigación (1.ª ed.)*. Enfoques Consulting EIRL. https://gc.scalahed.com/recursos/files/r161r/w26022w/Arias_S2.pdf

- Astocondor-Salazar, L. (2018). Betalactamasas: la evolución del problema. *Revista Peruana de Investigación En Salud*, 2(2), 42–49.
<https://www.redalyc.org/journal/6357/635767693007/html/>
- Brenis-Díaz, C.M, Marcelo De los Santos, M. S., Rojas-rioja, A. B., Iglesias-Osores, S., & Arcegil, Z. (2020). Administración de medicamentos sin indicación médica en menores de cinco años de una ciudad del norte del Perú. *Revista Experiencia en Medicina Del Hospital Regional Lambayeque*, 6(1), 5–9. <https://doi.org/10.37065/rem.v6i1.418>
- Camacho Silvas, L. A. (2023). Resistencia bacteriana, una crisis actual. *Revista Española de Salud Pública*, 97. https://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1135-57272023000100307
- Cavalieri, S. J., Harbeck, R. J., McCarter, Y. S., Ortez, J. H., Rankin, I. D., Sautter, R. L., Sharp, S. E., & Spiegel, C. A. (2005). *Manual de pruebas de susceptibilidad antimicrobiana*. <https://www3.paho.org/hq/dmdocuments/2005/susceptibilidad-antimicrobiana-manual-pruebas-2005.pdf>
- Colquechagua, F., Sevilla, C., & Gonzales, E. (2015). Enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido en muestras fecales en el Instituto Nacional de Salud de Perú. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 32(1), 26–32.
<https://rpmesp.ins.gob.pe/index.php/rpmesp/article/download/1571/1835?inline=1>
- Correa Bermúdez, A. M., & De la Cadena Vivas, E. (2021). Resistencia bacteriana a los antibióticos beta-lactámicos. En A. Correa Bermúdez, E. de la Cadena Vivas, R. Rojas, A. Falco, C. Aranaga, G. Alonso, & M. Perengues Verdugo (Eds.), *Estudios en resistencia a*

los antibióticos beta-lactámicos en bacterias Gram negativas (pp. 11–34). Editorial Santiago de Cali.

Denkel, L. A., Schwab, F., Kola, A., Leistner, R., Garten, L., von Weizsacker, K., Geffers, C., Gastmeier, P., & Piening, B. (2014). The mother as most important risk factor for colonization of very low birth weight (VLBW) infants with extended-spectrum β -lactamase-producing Enterobacteriaceae (ESBL-E). *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 69(8), 2230–2237. <https://doi.org/10.1093/jac/dku097>

Fernández Pérez, C. (2025). Estudio de bacterias resistentes a antibióticos en tracto intestinal de individuos sanos. [Universidad de Cantabria] <https://repositorio.unican.es/xmlui/handle/10902/37029>

Fonseca Taipe, F. (2017). *Perfil de sensibilidad en enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido aislados de urocultivo de pacientes pediátricos con infecciones urinarias. Hospital Nacional Hipólito Unanue. 2015* [Tesis de licenciatura, Universidad Norbert Wiener]. <https://repositorio.uwiener.edu.pe/server/api/core/bitstreams/2a058c54-5aa7-4ea9-9472-f889575a7664/content>

García Saito, V. I., Gariboglio Vázquez, M. L., Zaloff Dakoff, A. M., Álvarez Estigarribia, M., Sucin, M. G., Moreira, G., Lösch, L. S., & Merino, L. A. (2017). Prevalencia de bacterias enteropatógenas en niños que asisten a un hospital pediátrico en Resistencia, Chaco, Argentina. *Revista de La Facultad de Medicina de La Universidad Nacional Del Nordeste*, 37(1), 15–20. <https://repositorio.unne.edu.ar/handle/123456789/47878>

- Gonzales-Rodríguez, A. O., Castillo Horna, J. I., & Gonzales Escalante, E. (2022). Identificación de enterobacterias multirresistentes a antibióticos en muestras de heces de lactantes residentes en Talara, Piura, Perú. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Publica*, 39(4), 456–462. <https://doi.org/10.17843/rpmesp.2022.394.11870>
- Hartinger, S. M., Medina-Pizzali, M. L., Salmón-Mulanovich, G., Larson, A. J., Pinedo-Bardales, M., Verástegui, H., Riveros, M., & Mäusezahl, D. (2021). Antimicrobial resistance in humans, animals, water and household environs in rural Andean Peru: Exploring dissemination pathways through the One Health lens. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 18(9), 4604. <https://doi.org/10.3390/ijerph18094604>
- Hazirolan, G., Mumcuoglu, I., Altan, G., Özmen, B. B., Aksu, N., & Karahan, Z. C. (2018). Fecal carriage of extended-spectrum beta-lactamase and ampc beta-lactamase-producing enterobacteriaceae in a Turkish community. *Nigerian Journal of Clinical Practice*, 21(1), 81–86. https://doi.org/10.4103/njcp.njcp_79_17
- Hernández Sampieri, R., & Mendoza Torres, C. P. (2018). *Metodología de la investigación: Las rutas cuantitativa, cualitativa y mixta* (1.^a ed.). McGraw-Hill Interamericana. <https://doi.org/10.22201/fesc.20072236e.2019.10.18.6>
- Hu, Y. J., Ogyu, A., Cowling, B. J., Fukudaa, K., & Panga, H. (2019). Available evidence of antibiotic resistance from extended-spectrum β -lactamase-producing enterobacteriaceae in paediatric patients in 20 countries: A systematic review and meta-analysis. *Bulletin of the World Health Organization*, 97(7), 486-501B. <https://doi.org/10.2471/BLT.18.225698>

- Hurtado Ccorahua, M. (2022). *Perfil microbiológico y susceptibilidad antimicrobiana de infecciones gastrointestinales en menores de 15 años atendidos en el Hospital “Ricardo Cruzado Rivarola” de Nasca julio 2021 a marzo 2022* [Universidad Privada San Juan Bautista]. <https://repositorio.upsjb.edu.pe/backend/api/core/bitstreams/cda3a3a2-906e-4019-a611-66a2b97f91af/content>
- INS. (2002). *Manual de procedimientos para la prueba de sensibilidad antimicrobiana por el método de disco de difusión.* <https://cdn.www.gob.pe/uploads/document/file/417394/439893732843877347520191106-32001-1v6txak.pdf>
- INS. (2017). *Guía para la vigilancia por laboratorio de enfermedad diarreica aguda (EDA) y enfermedad transmitida por alimentos (ETA) de origen bacteriano.* <https://www.ins.gov.co/BibliotecaDigital/gu%C3%ADa-para-la-vigilancia-por-laboratorio-de-eda-y-eta-de-origen-bacteriano.pdf>
- Jarlier, V., Nicolas, M.-H., Fournier, G., & Philippon, A. (1988). Extended broad-spectrum betalactamases conferring transferable resistance to newer beta-lactam agents in Enterobacteriaceae: hospital prevalence and susceptibility patterns. *Reviews of Infectious Diseases*, 10(4), 867–878. <https://doi.org/10.1093/clinids/10.4.867>
- Kaarne, J., Riedel, H., Schaal, W., Yin, H., Nevés, T., & Melhus, Å. (2018). Rapid increase in carriage rates of enterobacteriaceae producing extended-spectrum β -Lactamases in healthy preschool children, Sweden. *Emerging Infectious Diseases*, 24(10), 1874–1881. <https://doi.org/10.3201/eid2410.171842>

- Lepe, J. A., & Martínez-Martínez, L. (2022). Mecanismos de resistencia en bacterias gramnegativas. *Medicina Intensiva*, *46*(7), 359–422. <https://www.medintensiva.org/es-pdf-S0210569122000341>
- Lipari, F., Hernández, D., Vilaró, M., Caeiro, J., & Saka, H. (2020). Caracterización clínica, epidemiológica y microbiológica de bacteriemias producidas por enterobacterias resistentes a carbapenems en un hospital universitario de Córdoba, Argentina. *Revista Chilena de Infectología*, *37*(4), 362–370. <https://www.scielo.cl/pdf/rci/v37n4/0716-1018-rci-37-04-0362.pdf>
- López-Siles, M., Moure, Z., Muadica, A. S., Sánchez, S., Cruces, R., Ávila, A., Lara, N., Köster, P. C., Dashti, A., Oteo-Iglesias, J., Carmena, D., & McConnell, M. J. (2023). Fecal carriage of extended-spectrum beta-lactamase-producing Enterobacterales in healthy Spanish schoolchildren. *Frontiers in Microbiology*, *14*. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1035291>
- Lukac, P. J., Bonomo, R. A., & Logan, L. K. (2015). Extended-Spectrum β -Lactamase–Producing Enterobacteriaceae in Children: Old Foe, Emerging Threat. *Clinical Infectious Diseases*, *60*(9), 1389–1397. <https://doi.org/10.1093/cid/civ020>
- Macfaddin, J. F. (2003). *Pruebas bioquímicas para la identificación de bacterias de importancia clínica* (3rd ed.). Editorial Panamericana.
- Manterola, C., Quiroz, G., Salazar, P., & García, N. (2019). Metodología de los tipos y diseños de estudio más frecuentemente utilizados en investigación clínica. *Revista Médica Clínica Las Condes*, *30*(1), 36–49. <https://doi.org/10.1016/j.rmcl.2018.11.005>

- Medina Huancas, M. E. (2019). *Incidencia de Bacterias Enteropatógenas aisladas de pacientes de los Establecimientos de Salud de la Red Chiclayo, Lambayeque y su sensibilidad a los antimicrobianos. Enero – Setiembre 2018* [Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo]. <https://repositorio.unprg.edu.pe/bitstream/handle/20.500.12893/5927/BC-4261%20MEDINA%20HUANCAS.pdf?sequence=3&isAllowed=y>
- MINSA. (2017). *Manual de procesos y procedimientos en microbiología*. <https://www.hospitalhualar.gob.pe/wp-content/uploads/2022/03/MANUAL-DE-MICROBIOLOGIA.pdf>
- Muteeb, G., Rehman, M. T., Shahwan, M., & Aatif, M. (2023). Origin of antibiotics and antibiotic resistance, and their impacts on drug development: a narrative review. *Pharmaceuticals*, 16(11), 1–54. <https://doi.org/10.3390/ph16111615>
- Organización Mundial de la Salud. (2020). *Resistencia a los antimicrobianos*. <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/antimicrobial-resistance>
- Pacherres-Bustamante, L. E., Aguilar-Gamboa, F. R., & Silva-Díaz, H. (2019). Frecuencia y características epidemiológicas de las bacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido en la unidad de cuidados intensivos de un hospital del norte del Perú. *Revista Experiencia En Medicina Del Hospital Regional Lambayeque*, 5(2), 70–75. <https://dialnet.unirioja.es/metricas/documentos/ARTREV/7032558>
- Padilla-Serrano, A., Serrano-Castañeda, J. J., Carranza-González, R., & María Pilar García-Bonillo. (2018). Clinical significance and risk factors for multidrug resistant Enterobacteriaceae colonization. *Revista Española de Quimioterapia*, 31(3), 257-262. <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC6166264/>

- Rodríguez-García, R., & Rodríguez-Silva, R. (2020). Epidemiología de la diarrea aguda en niños. *Boletín Clínico Hospital Infantil Del Estado de Sonora*, 37(2), 94–102. <https://www.medigraphic.com/pdfs/bolclinhosinfson/bis-2020/bis202e.pdf>
- Rojas, G., Vásquez, Y., Rodríguez, M., García, P., & Rojas-Faraco, T. (2021). Mecanismos de resistencia a antibióticos betalactámicos en Enterobacteriales aislados en hemocultivos, Maracay, estado Aragua, Venezuela. *Kasmera*, 49(2). <https://www.produccioncientificaluz.org/index.php/kasmera/article/view/35057/39515>
- Romandini, A., Pani, A., Schenardi, P. A., Pattarino, G. A. C., De Giacomo, C., & Scaglione, F. (2021). Antibiotic resistance in pediatric infections: Global emerging threats, predicting the near future. *Antibiotics*, 10(4), 1–12. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10040393>
- Sánchez-Álvarez, B. P., Joaquín Rincón-Zuno, Mejía-Caballero, L., Hernández-Castellanos, C. A., Diaz-Conde, M., Ixchel Magaña-Matienzo, & Terrazas-Peraza, A. A. (2022). Current status of antimicrobial resistance in pediatric population in a Mexican hospital. *Revista Médica Del Instituto Mexicano Del Seguro Social*, 60(4), 371-378. <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10396037/>
- Saleem, A. F., Allana, A., Hale, L., Diaz, A., Salinas, R., Salinas, C., Qureshi, S. M., Hotwani, A., Rahman, N., Khan, A., Zaidi, A. K., Seed, P. C., & Arshad, M. (2020). The gut of healthy infants in the community as a reservoir of esbl and carbapenemase- producing bacteria. *Antibiotics*, 9(6), 286. <https://doi.org/10.3390/antibiotics9060286>
- Silva-Díaz, H., Bustamante-Canelo, O., Aguilar-Gamboa, F.-R., Mera-Villasis, K., Ipanaque-Chozo, J., Seclen-Bernabe, E., & Vergara-Espinoza, M. (2017). Enteropatógenos predominantes en diarreas agudas y variables asociadas en niños atendidos en el Hospital

- Regional Lambayeque, Perú. *Horizonte Médico (Lima)*, 17(1), 38–44.
<https://doi.org/10.24265/horizmed.2017.v17n1.07>
- Suárez, C., & Gudiol, F. (2009). Antibióticos betalactámicos. *Enfermedades Infecciosas Y Microbiología Clínica*, 27(2), 116–129. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2008.12.001>
- Teklu, D. S., Negeri, A. A., Legese, M. H., Bedada, T. L., Woldemariam, H. K., & Tullu, K. D. (2019). Extended-spectrum beta-lactamase production and multidrug resistance among Enterobacteriaceae isolated in Addis Ababa, Ethiopia. *Antimicrobial Resistance & Infection Control*, 8, 39. <https://doi.org/10.1186/s13756-019-0488-4>
- Tola, M. A., Abera, N. A., Yonas Mekonnen Gebeyehu, Surafel Fentaw Dinku, & Kassu Desta Tullu. (2021). High prevalence of extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* fecal carriage among children under five years in Addis Ababa, Ethiopia. *PLoS ONE*, 16(10), e0258117–e0258117. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0258117>
- Urquiza Ayala, G., Arce Chuquimia, J., & Alanoca Mamani, G. (2018). Resistencia Bacteriana Por Beta Lactamasas De Espectro Extendido: Un Problema Creciente Bacterial Resistance By Extended Spectrum Beta Lactamase: a Growing Problem. *Rev Med La Paz*, 24(2), 77–83. http://www.scielo.org.bo/scielo.php?pid=S1726-89582018000200012&script=sci_arttext
- World Health Organization. (2024). *WHO Bacterial Priority Pathogens List, 2024*. <https://iris.who.int/server/api/core/bitstreams/1a41ef7e-dd24-4ce6-a9a6-1573562e7f37/content>

Yauri Condor, J. P. (2023). *Resistencia bacteriana de Escherichia coli a los antibióticos*
[Universidad Peruana Los andes].

<https://repositorio.upla.edu.pe/handle/20.500.12848/6711>

ANEXOS

Anexo 1

Solicitud de permiso para el uso de datos y muestras



UNIVERSIDAD NACIONAL PEDRO RUIZ GALLO
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS



“Año del Bicentenario, de la consolidación de nuestra Independencia, y de la conmemoración de las heroicas batallas de Junín y Ayacucho”

ASUNTO: Permiso para recolección de muestras fecales en el Centro de Salud de Mórrope para tesis de investigación

Dr. Custodio Ballena Spencer
Jefe del Centro de Salud de Mórrope
Presente.

DANITZA NALU PIZARRO SANTISTEBAN, con DNI N°76270022, correo danixzapizarro@gmail.com y **JOSE DARIO BAZAN ARCA**, con DNI N°71330154, correo josedariobazana@hotmail.com, estudiantes de la Facultad de ciencias Biológicas de la Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo, asesorados por el **MSc. MARIO CECILIO MORENO MANTILLA**; ante usted nos dirigimos con el debido respeto y exponemos lo siguiente:

Solicitamos, respetuosamente su autorización para poder realizar una investigación de tesis titulado **“Frecuencia de enterobacterias productoras de BLEE aislados de muestras fecales de niños atendidos en el Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025”** como parte de requisitos académicos y de responsabilidad social. La investigación tiene como objetivo en determinar la frecuencia de enterobacterias productoras de BLEE aislados de muestras fecales de niños atendidos en el Centro de Salud de Mórrope, lo cual contribuirá a una mejor comprensión de la resistencia bacteriana en la población pediátrica de la localidad.

Nos comprometemos a seguir estrictamente todos los protocolos éticos y de bioseguridad vigentes, así como a mantener la confidencialidad de los datos obtenidos durante la investigación. Las muestras serán recolectadas bajo las normas de buenas prácticas clínicas y serán utilizadas exclusivamente para los fines de la investigación.

Por lo expuesto:

Agradezco de antemano su atención y solicito a usted, tenga en bien acceder a nuestra solicitud por ser de justicia.

Lambayeque, 7 de Octubre del 2024

ATENTAMENTE

José Darío Bazán Arca
DNI N°71330154

Danitza Nalu Pizarro Santisteban
DNI N°76270022



MINISTERIO DE SALUD
DIRECCIÓN DE SALUD LAMBAYEQUE
GERENCIA DE MICRORED MÓRROPE

Dr. Spencer Custodio Ballena
GERENTE DE MICRORED
C.M.P. 093297

Anexo 2*Ficha de recolección de datos*

N° DE MUESTRA	EDAD	SEXO	ESPECIES	PRUEBA BLEE (+/-)
1	3 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
2	1 año y 3 meses	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
			<i>Shigella</i> spp.	No BLEE
3	4 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
4	1 año y 1 mes	Femenino	<i>Klebsiella</i> spp.	BLEE
			<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
5	7 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
6	10 meses	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
7	6 años	Femenino	<i>Klebsiella</i> spp.	No BLEE
8	2 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
9	1 año y 5 meses	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
10	2 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
11	1 año y 11 meses	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
12	3 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
13	3 años	Femenino	<i>Klebsiella</i> spp.	No BLEE
14	7 meses	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
15	4 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
16	2 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE

17	8 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
18	11 meses	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
19	5 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
20	1 año y 2 meses	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
21	4 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
22	3 años	Masculino	<i>Klebsiella spp.</i>	BLEE
23	1 año 6 meses	Masculino	<i>Klebsiella spp.</i>	BLEE
24	9 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
25	1 año 1 mes	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
26	1 año 9 meses	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
27	2 años y 1 mes	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
28	8 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
29	1 año y 6 meses	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
30	4 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
31	1 año	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
32	6 años	Masculino	<i>Salmonella spp.</i>	No BLEE
33	3 años	Masculino	<i>Klebsiella spp.</i>	BLEE
34	6 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
35	1 año y 1 mes	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
36	2 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
37	2 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
38	1 años y 2 meses	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE

39	11 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
40	1 año y 9 meses	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
41	3 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
42	5 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
43	4 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
44	2 años y 1 mes	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
45	3 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
46	6 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
47	5 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
48	4 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
49	11 meses	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
50	10 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
51	7 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
52	3 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
53	1 año y 5 meses	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
54	6 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
55	5 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
56	2 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
57	1 año 10 meses	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
58	2 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
59	9 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
60	10 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE

61	2 años y 6 meses	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
62	7 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
63	4 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
64	11 meses	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
65	1 año y 2 meses	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
66	3 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
67	1 año y 3 meses	Masculino	<i>Klebsiella spp.</i>	BLEE
68	7 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
69	9 meses	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
70	2 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
71	5 años	Femenino	<i>Klebsiella spp.</i>	BLEE
72	11 meses	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
73	3 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
74	6 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
75	8 meses	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
76	1 año y 5 meses	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
77	1 año y 2 meses	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
78	1 año y 1 mese	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
79	8 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
80	3 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
81	2 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
82	7 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE

83	1 año y 11 meses	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
84	4 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
85	10 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
86	11 meses	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
87	8 meses	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
88	2 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
89	1 año y 3 meses	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
90	5 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
91	10 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
92	2 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
93	1 año y 1 mes	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE
94	4 años	Masculino	<i>Escherichia coli</i>	No BLEE
95	7 años	Femenino	<i>Escherichia coli</i>	BLEE

Anexo 3

Distribución etaria de las cepas de enterobacterias productoras de BLEE aisladas de muestras fecales de niños atendidos en el Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025

EDAD	n	%
0-3	39	62,80
4-6	11	17,70
7-9	8	13,00
10-12	4	6,50
Total	62	100

Anexo 4

Distribución de las cepas de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido según sexo de los niños atendidos en el Centro de Salud de Mórrope, 2024-2025

SEXO	n	%
Masculino	34	54,80
Femenino	28	45,20
Total	62	100