



GENES *BLAGIM*, *BLASIM* Y *BLASPM* EN CEPAS DE *SALMONELLA ENTERICA* AISLADAS DE ALIMENTOS EN MICHOACÁN DURANTE 2008-2015.

Elda Araceli Hernández Díaz¹, Gerardo Vázquez Marrufo², Gloria Alicia Figueroa Aguilar³ y Ma. Soledad Vázquez Garcidueñas⁴

1 Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, 2 Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la UMSNH, 3 Laboratorio Estatal de Salud Pública de Michoacán, 4 Fac. de Ciencias Médicas y Biológicas "Dr. Ignacio Chávez".
cupdam@hotmail.com

La salmonelosis es una enfermedad causada principalmente por la infección de *Salmonella enterica* subespecie *enterica* mediante transmisión alimentaria, para la cual solo se recomienda tratamiento con tetraciclinas, sulfonamidas, quinolonas en el caso de complicaciones en niños menores de tres años, ancianos y pacientes inmunocomprometidos. En caso de resistencia bacteriana se usan los β -lactámicos, que son compuestos con un anillo β -lactámico. El principal mecanismo en la resistencia a β -lactámicos es la producción de β -lactamasas, que hidrolizan el anillo β -lactámico. Las Metalobetalactamasas (MBL) representan una amenaza clínica porque además de degradar carbapenémicos, hidrolizan prácticamente todos los betalactámicos. La producción de MBL está controlada por un gen cromosómico o adquirido. IMP es de las más diseminadas en el mundo en diversas variantes: SPM en Brasil y GIM en Alemania. En el laboratorio de Genética Molecular Microbiana de la UMSNH, se cuenta con una colección de cepas de *Salmonella enterica*, aisladas de alimentos del estado de Michoacán durante el periodo 2008-2015. Se conoce su genotipo y resistencia a β -lactámicos, pero se desconocen los determinantes genéticos relacionados a dicha resistencia. En el presente trabajo se analizó la presencia de los genes *bla*_{GIM}, *bla*_{SIM} y *bla*_{SPM}. A partir de cultivos líquidos en LB de las cepas, se realizó la extracción de ADN por lisis térmica para la posterior amplificación de los genes por PCR y visualización en geles de agarosa. De un total de 253 cepas analizadas, el gen *bla*_{GIM} está presente en 26 cepas; el gen *bla*_{SIM} en 43 cepas y el gen *bla*_{SPM} en 52. En cuanto a la resistencia fenotípica, 6, 17 y 19 cepas presentaron resistencia sólo a β -lactámicos respectivamente: 1 cepa presentó *bla*_{SPM} + *bla*_{SIM}, 4 cepas *bla*_{SPM} + *bla*_{GIM} y 7 cepas *bla*_{SIM} + *bla*_{GIM}. Concluimos que existe correlación parcial entre la presencia del gen y la resistencia fenotípica.