

Variantes del gen CTX-M en cepas aisladas de urocultivos

Variants of the CTX-M gene in strains isolated from urine cultures

Valeria V. Torres-Occa¹, Eliana X. Urbano-Cáceres¹ y Diana P. López-Velandia^{1*}

Universidad de Boyacá, Boyacá, Tunja, Colombia

Cómo citar este artículo: Torres-Occa V.V. et al. Variantes del gen CTX-M en cepas aisladas de urocultivos. Urol. Colomb. 2026;35;1:1-6. doi: 10.24875/RUC.25000042

Resumen

Objetivo: Este estudio tuvo como objetivo detectar la presencia del gen CTX-M mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y analizar sus diferentes variantes en cepas bacterianas aisladas de urocultivos. Las infecciones del tracto urinario (ITU) son una causa común de consulta médica, especialmente entre mujeres en edad reproductiva. Enterobacteriaceae es el grupo bacteriano que se aísla con mayor frecuencia y a menudo presenta mecanismos de resistencia como la producción de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE), siendo SHV, OXA, TEM y CTX-M las más destacadas. **Método:** Se realizó un estudio observacional, descriptivo y transversal con 60 cepas de la colección del Laboratorio de Epidemiología Molecular de la Universidad de Boyacá. De estas, 29 cepas presentaron resistencia tipo BLEE y portaban el gen CTX-M, identificado mediante PCR. Posteriormente, se realizó la secuenciación Sanger para determinar las variantes específicas del gen. **Resultados:** De las 60 cepas aisladas de urocultivos, el 48,3% portaban el gen de resistencia CTX-M. Se encontró una cepa que presentaba la variante CTX-M-15, ampliamente asociada a ITU. Se identificaron otras variantes CTX-M potencialmente relacionadas con ITU mediante una revisión bibliográfica. Se determinaron sus secuencias nucleotídicas y se construyó un dendrograma que ilustra sus relaciones genéticas y filogenéticas. **Conclusiones:** Los patógenos productores de β -lactamasa CTX-M están ampliamente distribuidos en la comunidad y suelen ser resistentes a la mayoría de los agentes antibacterianos. Se deben desarrollar e implementar estrategias efectivas para prevenir y controlar la propagación de este mecanismo de resistencia.

Palabras clave: Gen CTX-M. Bacterias. Resistencia antimicrobiana. Infección del tracto urinario. Variantes.

Abstract

Objective: This study aimed to detect the presence of the CTX-M gene using polymerase chain reaction (PCR) and to analyze its different variants in bacterial strains isolated from urine cultures. Urinary tract infections (UTIs) are a common reason for medical consultation, particularly among women of reproductive age. Enterobacteriaceae is the most frequently isolated bacterial group and often exhibits resistance mechanisms such as extended-spectrum β -lactamase (ESBL) production, with SHV, OXA, TEM, and CTX-M being the most prominent. **Method:** An observational, descriptive, cross-sectional study was conducted using 60 strains from the collection of the Molecular Epidemiology Laboratory at the University of Boyacá. Among them, 29 strains exhibited ESBL-type resistance and carried the CTX-M gene, as identified by PCR. Sanger sequencing was subsequently performed to determine the specific gene variants. **Results:** Of the 60 strains isolated from urine cultures, 48.3% carried the CTX-M resistance gene. One strain was found to harbor the CTX-M-15 variant, which is widely associated with

*Correspondencia:

Diana P. López-Valencia

E-mail: dplopez@uniboyaca.edu.co

0120-789X / © 2026 Sociedad Colombiana de Urología. Publicado por Permanyer. Este es un artículo open access bajo la licencia CC BY-NC-ND (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

Fecha de recepción: 11-07-2025

Fecha de aceptación: 02-01-2026

DOI: 10.24875/RUC.25000042

Disponible en internet: 11-03-2026

Urol. Colomb. 2026;35(1):1-6

www.urologiacolombiana.com

UTIs. A literature review identified other CTX-M variants potentially linked to UTIs. Their nucleotide sequences were determined and used to construct a dendrogram illustrating their genetic and phylogenetic relationships. **Conclusions:** CTX-M-producing β -lactamase pathogens are widely distributed in the community and are typically resistant to most antibacterial agents. Effective strategies must be developed and implemented to prevent and control the spread of this resistance mechanism.

Keywords: CTX-M gene. Bacteria. Antimicrobial resistance. Urinary tract infection. Variants.

Introducción

En la última década, el desarrollo de nuevos antibióticos ha disminuido significativamente, lo que representa un problema con consecuencias potencialmente devastadoras. La resistencia bacteriana se reconoce ahora como un problema global, que afecta a personas de todas las edades y países¹. La resistencia a los antibióticos prolonga las estancias hospitalarias, incrementa los costos médicos y eleva las tasas de mortalidad. Además, los estudios sobre resistencia bacteriana en la comunidad son significativamente menos numerosos en comparación con los realizados en hospitales, a pesar del aumento de la resistencia en todos los sectores a nivel global. Estos patrones de resistencia impactan gravemente en el tratamiento de infecciones adquiridas en la comunidad. Por ejemplo, las infecciones urinarias causadas por *Escherichia coli* o las infecciones respiratorias por *Streptococcus pneumoniae* y *Haemophilus influenzae* pueden dejar de responder a los antibióticos comúnmente usados, lo que obliga a utilizar terapias más complejas y costosas².

Entre los mecanismos utilizados por estas bacterias está la producción de una clase de enzimas conocidas como β -lactamasas, que juegan un papel clave en la resistencia antimicrobiana. Estas enzimas son capaces de hidrolizar la acción del antibiótico, permitiendo que las bacterias sobrevivan, se multipliquen y provoquen infecciones más graves³. La expresión de múltiples β -lactamasas en una sola especie bacteriana es un fenómeno alarmante, ya que puede hacer que el tratamiento de infecciones sea extremadamente difícil. Una de las subclases enzimáticas más preocupantes es la CTX-M, enzima codificada por el gen del mismo nombre, que se ha convertido en uno de los principales factores de resistencia bacteriana⁴.

Los microorganismos productores de β -lactamasas CTX-M son especialmente preocupantes, ya que han desarrollado una alarmante resistencia a una amplia gama de agentes antibacterianos, incluyendo penicilinas, cefalosporinas de amplio espectro y oximino-cefalosporinas como ceftazidima, cefotaxima,

ceftriaxona y cefepima⁵. La reciente propagación de los genes que codifican estas enzimas, localizados en plásmidos, ha supuesto una amenaza significativa para la eficacia clínica de las cefalosporinas de espectro extendido, comprometiendo la capacidad del sistema de salud para tratar eficazmente las infecciones bacterianas⁶. El objetivo de este estudio fue identificar la presencia del gen CTX-M en cepas bacterianas aisladas de urocultivos y determinar las variantes específicas de dicho gen.

Método

Se utilizó una colección bacteriana de uropatógenos compuesta por 60 cepas bacterianas gramnegativas, procedente de infecciones urinarias del ámbito comunitario que habían ido procesadas por recuento microbiológico ≥ 100.000 UFC/ml que presentaban el mecanismo de resistencia tipo β -lactamasas de espectro extendido (BLEE). Estas cepas están almacenadas a -80°C y forman parte de la colección biológica tipo cepario del Laboratorio de Epidemiología Molecular de la Universidad de Boyacá, en Colombia. Estas cepas están registradas en el Registro Único Nacional de Colecciones, administrado por el Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt, bajo el número 274.

Las cepas se reactivaron inoculándolas en caldo *Brain Heart Infusion* e incubándolas a 37°C con agitación durante 24 horas para obtener un cultivo bacteriano preenriquecido. Posteriormente, se sembraron en agar MacConkey, medio selectivo para microorganismos gramnegativos. Cada colonia aislada fue sometida a tinción de Gram para confirmar que sus características morfológicas correspondían a bacterias gramnegativas.

Tras la confirmación microbiológica convencional, se realizó la caracterización molecular, iniciando con la extracción de ADN de las cepas mediante el kit Wizard de purificación de ADN genómico de Promega. Luego se cuantificó el ADN utilizando un espectrofotómetro Nanodrop. Se consideraron relaciones A260/A280

aceptables entre 1.8 y 2.0, y una concentración óptima de ADN de $\geq 100 \mu\text{g}/\mu\text{l}$, asegurando una alta pureza del ácido nucleico.

La identificación del gen *CTX-M* se realizó mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) punto final, utilizando el mastermix de la marca ABM®, siguiendo el protocolo de Velandia et al.⁷ (Tabla 1). Para la visualización se empleó un marcador de peso molecular de 1 Kb (ABM®). Una muestra previamente secuenciada sirvió como control positivo, y agua grado biología molecular como control negativo.

Después de la PCR, se llevó a cabo la electroforesis. Se preparó un gel de agarosa al 1% y la corrida se programó por 60 minutos a 45 voltios (Tabla 1).

Las muestras que mostraron amplificación del gen *CTX-M* se enviaron a secuenciación mediante el método Sanger. Cada resultado incluyó tres archivos: un archivo de texto plano (.txt), un archivo FASTA con la secuencia nucleotídica y un archivo SCF, que contiene tanto la secuencia como los picos del electroferograma, lo cual permite su visualización mediante cromatogramas.

El software FinchTV versión 1.5.0 se utilizó para leer los cromatogramas y visualizar las secuencias de ADN, evaluando la calidad de estas. Una vez verificada, se realizó un alineamiento mediante BLASTn (*Basic Local Alignment Search Tool for nucleotides*) para comparar las secuencias obtenidas con las bases de datos del NCBI (National Center for Biotechnology Information) y la NDARO (National Database of Antibiotic Resistant Organisms). Finalmente, se construyó un dendrograma con los métodos *Neighbor-Joining* y *Maximum Composite Likelihood*, con 1.000 réplicas *bootstrap*, usando el software MEGA versión 12.0. Se incluyeron variantes asociadas a ITU adquiridas en la comunidad (Tabla 2) y se determinó la relación purinas/pirimidinas.

Resultados

La confirmación microbiológica identificó 56 muestras como bacterias gramnegativas, todas con fenotipo BLEE. Se observó amplificación del gen *CTX-M* en el 51% ($n = 29$) de las cepas. Los resultados de la secuenciación mostraron que solo el 2% ($n = 1$) de las cepas de origen comunitario portaban el gen, correspondiendo a la variante *CTX-M-15* de *E. coli*, con un 82,89% de similitud. La composición nucleotídica mostró un 45,8% de purinas y un 54,2% de pirimidinas.

En el árbol se identificaron los siguientes grupos monofiléticos, que incluyen todas las variantes

descendientes de un ancestro común: grupo 1 incluidos *CTX-M-25*, *CTX-M-39*, *CTX-M-26* y *CTX-M-8*; grupo 2 incluidos *CTX-M-16* y *CTX-M-27*; grupo 3 incluidos *CTX-M-2*, *CTX-M-5*, *CTX-M-14* y *CTX-M-6*, y grupo 4 incluidos *CTX-M-7*, *CTX-M-32*, *CTX-M-13* y *CTX-M-21* (Fig. 1).

A partir del dendrograma pueden hacerse inferencias sobre el proceso evolutivo en términos de agrupaciones monofiléticas, parafiléticas y polifiléticas, lo cual ayuda a comprender las relaciones evolutivas entre las variantes *CTX-M* y la posición de la muestra. El árbol muestra los siguientes grupos monofiléticos, ya que incluyen todas las variantes que descienden de un ancestro común: grupo 1, *CTX-M-25*, *CTX-M-39*, *CTX-M-26* y *CTX-M-8*; grupo 2, *CTX-M-16* y *CTX-M-27*; grupo 3, *CTX-M-2*, *CTX-M-5*, *CTX-M-14* y *CTX-M-6*, y grupo 4, *CTX-M-7*, *CTX-M-32*, *CTX-M-13* y *CTX-M-21*.

Los siguientes son grupos parafiléticos, los cuales incluyen un ancestro común pero no a todos sus descendientes. El grupo 5 está compuesto por *CTX-M-12*, *CTX-M-10*, *CTX-M-1* y *CTX-M-3*, la muestra analizada, que se encuentra dentro de este grupo. Sin embargo, su posición exacta sugiere que el grupo no incluye todas las variantes que comparten el mismo ancestro. Esta agrupación indica que la muestra comparte una relación evolutiva más cercana con estos genes y puede haberse originado a partir de un ancestro común con *CTX-M-12*⁸.

Dentro del dendrograma, no parece haber grupos polifiléticos, ya que todos los clústeres parecen derivar de un ancestro común. En otras palabras, no se incluyen organismos que compartan rasgos similares debido a evolución convergente o adaptación similar, pero que no compartan un ancestro común reciente⁹.

Discusión

Durante su evolución, las bacterias han desarrollado mecanismos cada vez más complejos para evadir los antibióticos. Uno de ellos es la resistencia adquirida, que refiere a la capacidad de algunas cepas de volverse resistentes, aunque la especie como tal sea susceptible¹⁰.

La resistencia bacteriana a los antibióticos es un problema de salud pública global, agravado por el uso inapropiado de antimicrobianos y la capacidad de las bacterias para adquirir genes de resistencia. En este contexto, las BLEE, especialmente las enzimas *CTX-M*, son importantes por su capacidad de inactivar

Tabla 1. Protocolo de amplificación del gen *CTX-M*

Gen	Secuencia (5'-3')	Tamaño (pb)	Desnaturalización Temperatura	Ciclos	Alineamiento Temperatura	Extensión Temperatura	Extensión final Temperatura
<i>CTX-M</i>	5' GACGATGTCACTGGCTGAGC3' 5' AGCCGCCGACGCTAATACA 3'	500	94 °C 30 s	35	58 °C 1 min	72 °C 1 min	72 °C 10 min

Tabla 2. Código de referencia y variantes registradas en el National Center for Biotechnology Information (NCBI)

Variante	Código de referencia
<i>blaCTX-M1</i>	NG_048897.1
<i>blaCTX-M3</i>	NG_048979.1
<i>blaCTX-M10</i>	NG_048898.1
<i>blaCTX-M12</i>	NG_048913.1
<i>blaCTX-M2</i>	NG_048968.1
<i>blaCTX-M8</i>	NG_049032.1
<i>blaCTX-M14</i>	NG_048929.1
<i>blaCTX-M4</i>	NG_048990.1
<i>blaCTX-M5</i>	NG_049000.1
<i>blaCTX-M6</i>	NG_049010.1
<i>blaCTX-M16</i>	NG_048944.1
<i>blaCTX-M27</i>	NG_048976.1
<i>blaCTX-M25</i>	NG_048974.1
<i>blaCTX-M26</i>	NG_048975.1
<i>blaCTX-M39</i>	NG_048989.1

cefalosporinas de tercera generación y diseminarse rápidamente entre distintas especies bacterianas¹¹.

Las enzimas *CTX-M*, de clase A de Ambler, se encuentran comúnmente en bacterias gramnegativas como *E. coli* y *Klebsiella* spp., y están codificadas en plásmidos móviles, lo que facilita su diseminación⁹. En América, estas enzimas son endémicas, con alta prevalencia tanto en hospitales como en la comunidad. En este estudio, el 48,3% de las cepas aisladas fueron positivas para el gen *CTX-M* y el 3,44% correspondió a la variante *CTX-M-15*, en concordancia con la literatura nacional e internacional^{12,13}.

Estudios de Cornejo et al.¹⁴, Bali et al.¹⁵ y Pulido et al.¹⁶ muestran alta prevalencia del gen *CTX-M* en *K. pneumoniae* y *E. coli*, superando el 90% en algunos hospitales. Se destaca también su presencia en

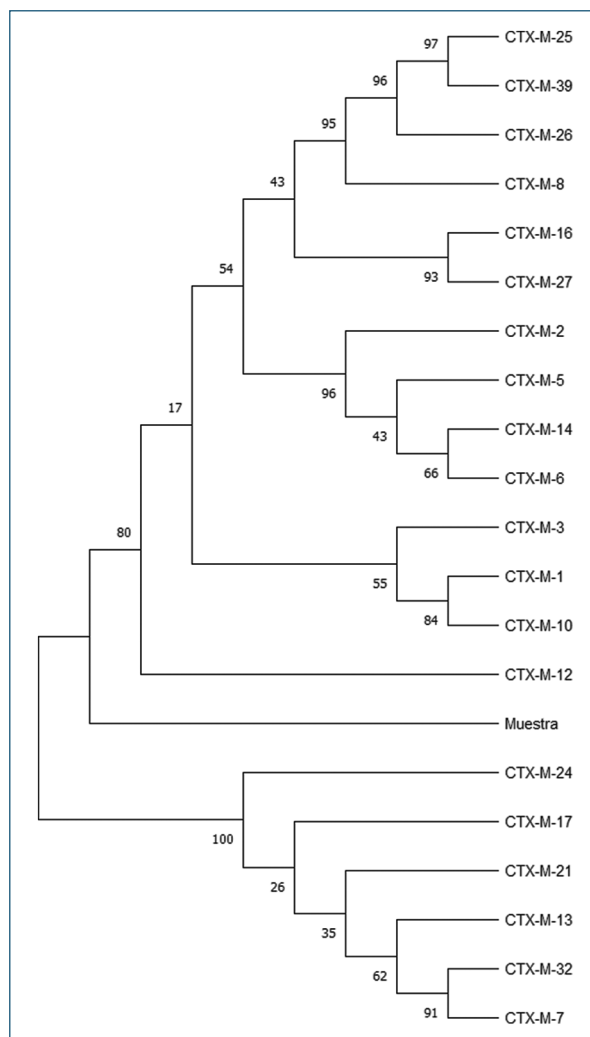


Figura 1. Dendrograma de variantes del gen *CTX-M*. El dendrograma permite hacer inferencias sobre el proceso evolutivo en términos de agrupaciones monofiléticas, parafiléticas y polifiléticas, ayudando a entender las relaciones evolutivas entre variantes de *CTX-M* y la posición de la muestra.

infecciones comunitarias, incluso en pacientes sin antecedentes de hospitalización. También se resalta la importancia de las infecciones adquiridas en la comunidad, donde se han identificado cepas portadoras del

gen *CTX-M* en pacientes sin antecedentes de hospitalización, lo que demuestra que la resistencia no es exclusiva de los entornos clínicos.

Las variantes de *CTX-M* se agrupan en seis grupos principales con distribución global. *CTX-M-15* es la más prevalente, sobre todo en *E. coli* asociada a ITU. Otras variantes como *CTX-M-1*, *CTX-M-2* y *CTX-M-14* también se han detectado, con patrones geográficos distintos, compartiendo similitudes estructurales en aminoácidos conservados, lo que permite su clasificación filogenética¹¹.

Estudios de Ruppé et al.¹⁷ y Woodford et al.¹⁸ reportan alta prevalencia de *CTX-M-15* en ITU comunitarias y su asociación con clones epidémicos como ST131 en *E. coli*. En Colombia, trabajos de Leal et al.¹⁹ y Velandia et al.⁷ confirman la circulación de estas variantes, incluyendo Boyacá.

Aunque los estudios comparados usaron más cepas, principalmente hospitalarias, los hallazgos de este trabajo reflejan la misma tendencia de diseminación de genes como *CTX-M* tanto en entornos comunitarios como clínicos. La automedicación, prescripción inadecuada y posible mala calidad de medicamentos contribuyen al problema¹⁸.

Conclusión

La resistencia tipo BLEE representa un gran desafío sanitario. Por tanto, es urgente entender sus patrones de diseminación y trayectoria evolutiva. La presencia del gen *CTX-M* y sus variantes, especialmente *CTX-M-15*, supone una amenaza creciente por su rápida propagación e impacto en infecciones comunes como las ITU. Su detección y caracterización molecular son esenciales para implementar estrategias de vigilancia y control eficaces, tanto en hospitales como en la comunidad.

Agradecimientos

Los autores agradecen a los laboratorios de la Universidad de Boyacá por la infraestructura y apoyo brindado durante la investigación. También expresan su gratitud al Semillero de Investigación en Resistencia Antimicrobiana por su valiosa colaboración y compromiso.

Financiamiento

Los autores declaran que esta investigación fue financiada por la Universidad de Boyacá.

Conflicto de intereses

Los autores declaran que no existe conflicto de intereses.

Consideraciones éticas

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

Confidencialidad, consentimiento informado y aprobación ética. El estudio no involucra datos personales, historias clínicas ni muestras biológicas humanas, por lo que no requiere aprobación ética. No se aplican las guías SAGER.

Declaración sobre el uso de inteligencia artificial (IA). Los autores declaran que se utilizó una herramienta de inteligencia artificial para la redacción o soporte del manuscrito.

- ChatGPT.
- Ajuste de redacción de texto y estilo, así como en la traducción del resumen.

Referencias

1. Aggarwal R, Mahajan P, Pandiya S, Bajaj A, Verma SK, Yadav P, et al. Antibiotic resistance: a global crisis, problems and solutions. *Crit Rev Microbiol*. 2024;50(5):896-921. doi: 10.1080/1040841X.2024.2313024
2. Ha JH, Shin JI, Kim KM, Choi JG, Trinh MP, Anh WJ, et al. Prevalence and virulence profiles of ESBL-producing *Escherichia coli* in urinary and blood infections in South Korea. *Folia Microbiol (Praha)*. 2025; 70(3):589-600. doi: 10.1007/s12223-024-01205-9
3. Manandhar S, Zellweger RM, Maharjan N, Dongol S, Prajapati KG, Thwaites G, et al. A high prevalence of multi-drug resistant Gram-negative bacilli in a Nepali tertiary care hospital and associated widespread distribution of Extended-Spectrum Beta-Lactamase (ESBL) and carbapenemase-encoding genes. *Ann Clin Microbiol Antimicrob*. 2020;19(1):48. doi: 10.1186/s12941-020-00390-y
4. Bush K, Bradford PA. Epidemiology of β -lactamase-producing pathogens. *Clin Microbiol Rev*. 2020;33(2):e00047-19. doi: 10.1128/CMR.00047-19
5. Amati F, Restrepo MI. Emerging resistance of gram negative pathogens in community-acquired pneumonia. *Semin Respir Crit Care Med*. 2020;41(4):480-95. doi: 10.1055/s-0040-1709137
6. Ibrahim DR, Dodd CER, Stekel DJ, Meshioye RT, Diggle M, Lister M, et al. Multidrug-resistant ESBL-producing *E. coli* in clinical samples from the UK. *Antibiotics (Basel)*. 2023;12(1):169. doi: 10.3390/antibiotics12010169
7. Velandia DPL, Torres Caycedo MI, Castañeda Orduz LM, Prada Quiroga CF. Determinación de genes que codifican la resistencia de betalactamasas de espectro extendido en bacilos Gram negativos aislados de urocultivos. *Rev Investig Salud Univ Boyacá [Internet]*. 2016;3(2):107-26. <https://doi.org/10.24267/23897325.182>
8. Cantón R, González-Alba JM, Galán JC. *CTX-M* enzymes: origin and diffusion. *Front Microbiol*. 2012;3:110. doi: 10.3389/fmicb.2012.00110
9. Zhao WH, Hu ZQ. Epidemiology and genetics of *CTX-M* extended-spectrum β -lactamases in Gram-negative bacteria. *Crit Rev Microbiol*. 2013;39(1):79-101. doi: 10.3109/1040841X.2012.691460
10. Okeke IN, de Kraker MEA, van Boeckel TP, Kumar CK, Schmitt H, Gales AC, et al. The scope of the antimicrobial resistance challenge. *Lancet*. 2024;403(10442):2426-38. doi: 10.1016/S0140-6736(24)00876-6. Erratum in: *Lancet*. 2024;404(10457):1018. doi: 10.1016/S0140-6736(24)01879-8
11. Uddin TM, Chakraborty AJ, Khuroo A, Zidan BRM, Mitra S, Emran TB, et al. Antibiotic resistance in microbes: history, mechanisms, therapeutic strategies and future prospects. *J Infect Public Health*. 2021;14(12):1750-66. doi: 10.1016/j.jiph.2021.10.020

12. Gaitán SL, Espinal PA. Molecular characterization of extended spectrum β -lactamases producing *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* in hospitals of the Caribbean Region, Colombia. *Rev Chil Infectol* [Internet]. 2009;26(3):239-46. <http://dx.doi.org/10.4067/S0716-10182009000400006>
13. Vargas Alzate C, Higuera Gutiérrez L, Jiménez Quiceno J. Direct medical costs of urinary tract infections by Gram negative bacilli resistant to beta-lactams in a tertiary care hospital in Medellín, Colombia. *Rev Biomedica* [Internet]. 2019;39(s1):35-49. <https://doi.org/10.7705/biomedica.v39i1.3981>
14. Cornejo VL, Hilario J. Genotipificación por PCR convencional de genes de resistencia en *Klebsiella pneumoniae* productora de BLEE aisladas de muestras clínicas del servicio de UCI de dos hospitales de Cajamarca. *Revista Ciencia y Tecnología* [Internet]. 2021;17(3):11-21. <http://dx.doi.org/10.17268/rev.cyt.2021.03.01>
15. Bali EB, Açık L, Sultan N. Phenotypic and molecular characterization of SHV, TEM, CTX-M and extended spectrum β -lactamase produced by *Escherichia coli*, *Acinobacter baumannii* and *Klebsiella* isolates in a Turkish hospital. *Afr J Microbiol Res* [Internet]. 2010;4(8):650-4. <https://academicjournals.org/journal/AJMR/article-full-text-pdf/1FC9DE412489>
16. Pulido IY, Mantilla JR, Valenzuela EM, Reguero MT, Gonzalez EB. Distribución de genes codificadores de β -lactamasas de espectro extendido en aislamientos de *Klebsiella pneumoniae* de hospitales de Bogotá, D.C., Colombia. *Biomédica* [Internet]. 2011;31(1):15-20. <https://www.re-dalyc.org/articulo.oa?id=84322444003>
17. Ruppé E, Hem S, Lath S, Gautier V, Arieu F, Sarthou JL, et al. CTX-M β -lactamases in *Escherichia coli* from community acquired urinary tract infections, Cambodia. *Emerg Infect Dis* [Internet]. 2009;15(5):741-8. <https://doi.org/10.3201/eid1505.071299>
18. Woodford N, Ward ME, Kaufmann ME, Turton J, Fagan EJ, James D, et al. Community and hospital spread of *Escherichia coli* producing CTX-M extended-spectrum β -lactamases in the UK. *J Antimicrob Chemother* [Internet]. 2004;54(4):735-43. <https://doi.org/10.1093/jac/dkh424>
19. Leal AL, Cortés JA, Arias G, Ovalle MV, Saavedra SY, Buitrago G, et al. Emergencia de fenotipos resistentes a cefalosporinas de tercera generación en *Enterobacteriaceae* causantes de infección del tracto urinario de inicio comunitario en hospitales de Colombia. *Enferm Infecc Microbiol Clin*. 2013;31(5):298-303. doi: 10.1016/j.eimc.2012.04.007