

Gonzales-Escalante Edgar¹, Gonzales-Rodríguez Arturo¹, Lifonzo-Mucha Sheyber².

¹Universidad de Piura, Facultad de Medicina Humana - Lima, Perú. ²Hospital Lima Este Vitarte - Lima, Perú

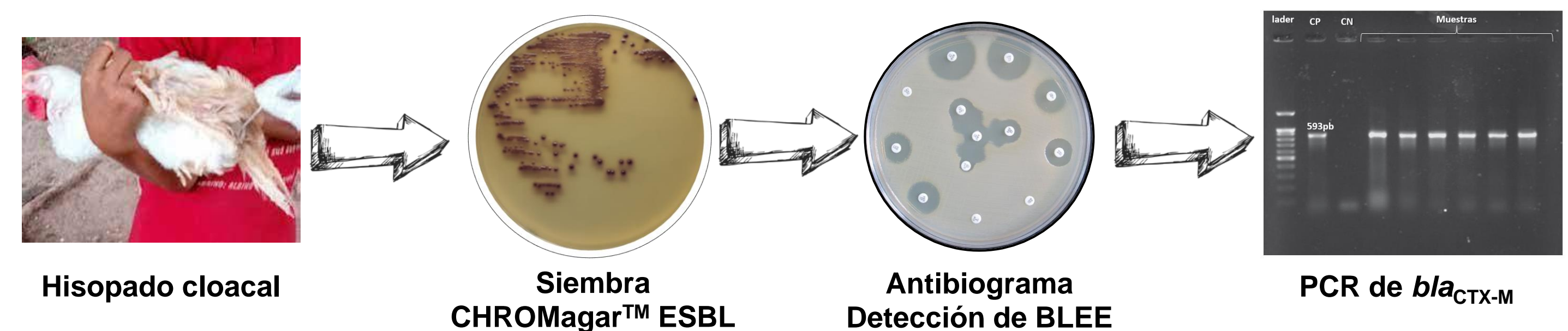
e-mail: edgar.gonzales@udep.edu.pe

Introducción

El incremento de la resistencia a los antimicrobianos constituye un problema actual para controlar las infecciones bacterianas, tanto en medicina humana como en veterinaria¹. Las betalactamasas de espectro extendido (BLEE) son el mecanismo de resistencia de mayor impacto en bacilos gramnegativos². Las instalaciones de producción animal constituyen un reservorio para bacterias resistentes, tanto los animales de consumo (aves de corral, cerdos y ganado) como las mascotas pueden diseminar microorganismos portadores de estos mecanismos de resistencia hacia la población humana, otros animales o el medio ambiente³. El objetivo del estudio fue determinar la presencia de *Escherichia coli* productoras de BLEE (Ec-BLEE) en hisopado cloacal de pollos de dos centros de crianza de Lima, Perú.

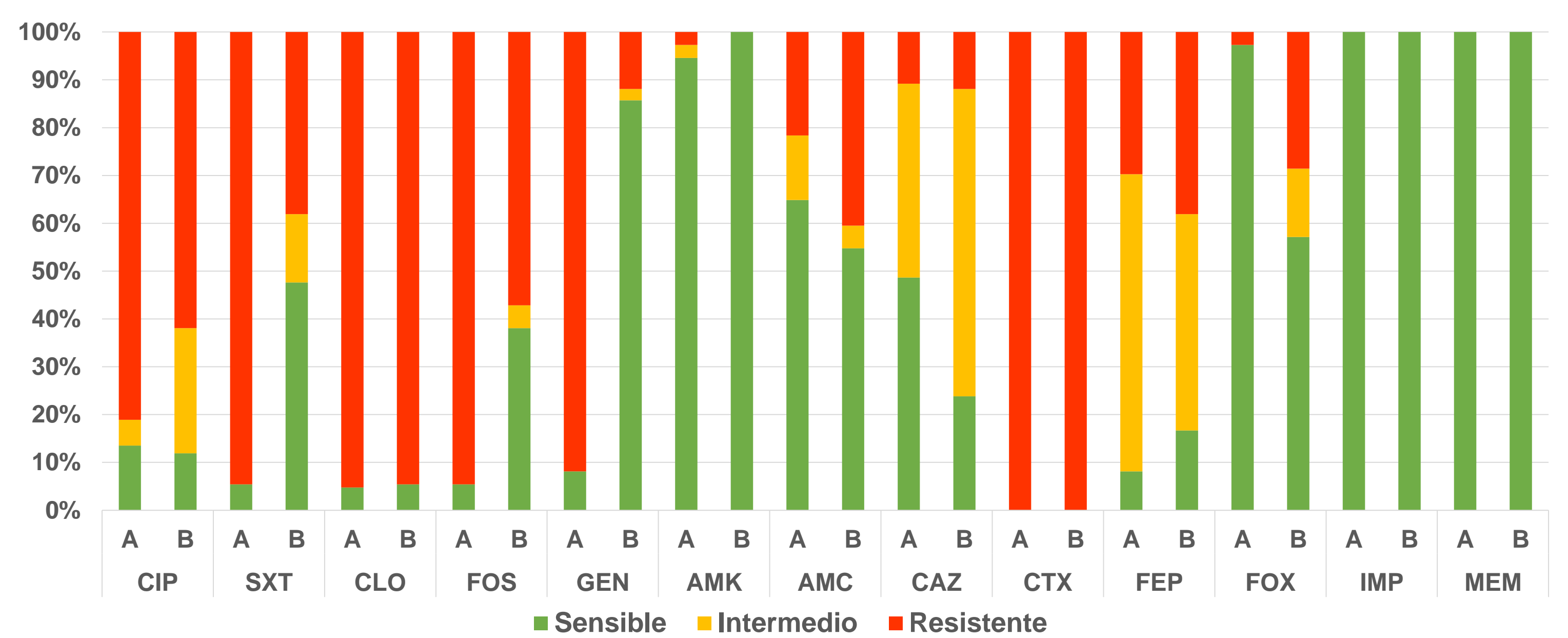
Materiales y métodos

Se analizaron 300 hisopados cloacales de pollos de dos granjas avícolas de Lima, Perú, recolectados en noviembre de 2022. Se seleccionaron *E. coli* resistentes a cefalosporinas de tercera generación en CHROMagarTM ESBL (colonias rojas). La identificación presuntiva del medio cromogénico se confirmó por métodos convencionales, el perfil de sensibilidad y confirmación fenotípica de BLEE según las recomendaciones del CLSI⁴. En todos los aislamientos confirmados como Ec-BLEE se buscaron genes de *bla*_{CTX-M} por PCR convencional. Además, se secuenciaron 9 aislamientos por Illumina NextSeq 2000.



Resultados

De cada placa se aisló una colonia, recuperando 79/300 (26,3%) Ec-BLEE en los hisopados cloacales de pollos, todas portadoras del gen *bla*_{CTX-M}. Además, el perfil de sensibilidad mostró altos niveles de resistencia. Sin embargo, hubo diferencias entre los dos centros de crianza (A y B) (Figura 1). En todas las *E. coli* secuenciadas, se identificó el ST, grupo filogenético y serotipo. Además de *bla*_{CTX-M}, se identificó una gran cantidad de genes potencialmente transferibles que confieren resistencia (Tabla 1).



CIP: ciprofloxacina, SXT: trimetoprima/sulfametoxazol, CLO: cloranfenicol, FOS: fosfomicina, GEN: gentamicina, AMK: amikacina, AMC: amoxicilina/ácido clavulánico, CAZ: ceftazidima, CTX: cefotaxima, FEP: cefepime, FOX: ceftioxitina, IMP: imipenem, MEM: meropenem. A: centro de acopio del cono este, B: centro de acopio del cono norte

Figura 1. Perfil de sensibilidad de los 79 aislamientos de *E. coli* productores de BLEE recuperados de hisopados cloacales de pollos.

Tabla 1. Determinantes de resistencia a los antimicrobianos

ST	Grupo filogenético	Serotipo	Aminoglucósidos									Betalactámicos					Quinolonas				Fenicol		Tetra		Sulfa		Trimetoprim			Fosfo				
			<i>aph(3'')-Ia</i>	<i>ant(3'')-Ia</i>	<i>aph(3'')-Ib</i>	<i>aph(4)-Ia</i>	<i>aac(3)-Ia</i>	<i>aph(3'')-Ia</i>	<i>aac(3)-Iva</i>	<i>aph(6)-Id</i>	<i>aadA2</i>	<i>aadA17</i>	<i>aadA1</i>	<i>bla</i> _{CTX-M-3}	<i>bla</i> _{CTX-M-55}	<i>bla</i> _{CTX-M-65}	<i>bla</i> _{TEM-1B}	<i>bla</i> _{CMY-2}	<i>parC_S80I</i>	<i>gyrA_D87N</i>	<i>gyrA_S83L</i>	<i>qnrB19</i>	<i>cmiA1</i>	<i>floR</i>	<i>tet(A)</i>	<i>tet(B)</i>	<i>sul2</i>	<i>sul3</i>	<i>dfrA1</i>	<i>dfrA12</i>	<i>dfrA17</i>	<i>fosA3</i>		
A57	4243	D	O17:H45																															
A80	354	F	O153:H34																															
A95	189	A	O80:H26																															
A132	3489	A	H34																															
N30	624	F	O25:H17																															
N44	2847	E	O2/O50:H51																															
N58	624	F	O25:H17																															
N71	2847	E	O2/O50:H51																															
N92	624	F	O25:H17																															

Conclusiones

En conclusión, este estudio muestra la presencia de aislamientos de *E. coli* comensales recuperadas de animales de consumo sanos donde coexisten diferentes genes de resistencia. Aunque nuestros resultados muestran la situación de dos granjas avícolas en un tiempo determinado, los mismos deben despertar la alerta a los equipos de vigilancia para promover el control de su diseminación. Además, la diseminación de estos microorganismos resistentes en las granjas de pollos, pueden representar una gran amenaza a la salud pública en Perú.

Referencias bibliográficas

- Huemer, M., Mairpady Shambat, S., Brugger, S. D., & Zinkernagel, A. S. (2020). Antibiotic resistance and persistence-implications for human health and treatment perspectives. EMBO reports, 21(12), e51034. <https://doi.org/10.15252/embr.202051034>
- Partridge, S. R., Kwong, S. M., Firth, N., & Jensen, S. O. (2018). Mobile Genetic Elements Associated with Antimicrobial Resistance. Clinical microbiology reviews, 31(4), e00088-17. <https://doi.org/10.1128/CMR.00088-17>
- Mehdi, Y., Létourneau-Montminy, M. P., Gaucher, M. L., Chorfi, Y., Suresh, G., Rouissi, T., Brar, S. K., Côté, C., Ramirez, A. A., & Godbout, S. (2018). Use of antibiotics in broiler production: Global impacts and alternatives. Animal nutrition (Zhongguo xue mu shou yi xue hui), 4(2), 170-178. <https://doi.org/10.1016/j.aninu.2018.03.002>
- Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). 2023. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing: 30th informational supplement M100-S33. CLSI, Wayne, PA.