

## RESUMEN

# Prevalencia de *Escherichia coli* resistente a colistina y cefalosporinas de tercera generación aisladas de carcasas y ciegos de pollos Broiler en Quito-Ecuador

Márquez, Andrea<sup>1</sup>; Ortega-Paredes, David<sup>1</sup>; Fernández-Moreira, Esteban<sup>2</sup>; Vinueza Burgos, Christian<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Unidad de Investigación de Enfermedades Transmitidas por Alimentos y Resistencia a los Antimicrobianos (UNIETAR), Quito, Ecuador.

<sup>2</sup> Universidad de las Américas. Facultad de Medicina, Quito, Ecuador.

e-mail: daortegap@uce.edu.ec

**Palabras clave:** *Broiler*, *cefalosporinas de tercera generación*, *colistina*, *Escherichia coli*, *mcr*.

**INTRODUCCIÓN:** La colistina se considera como última alternativa en el tratamiento de las infecciones causadas por enterobacterias resistentes a los carbapenémicos. La resistencia móvil a este antimicrobiano se encuentra mediada por los genes *mcr* (mobile colistin resistance), de los cuales se han reportado 9 tipos. Estos genes codifican fosfoetanolamina transferasas capaces de modificar el lipopolisacárido de la membrana externa de la bacteria para disminuir su afinidad por la colistina. Los genes *mcr* han sido relacionados con la producción cárnica, debido a los grandes volúmenes de antibióticos que se emplean en las explotaciones animales.

**OBJETIVO:** Determinar la prevalencia de los genes *mcr* (1 a 5) en aislados de *Escherichia coli* resistente a cefalosporinas de tercera generación (R-C3G) en granjas avícolas y carcasas de pollo en el área de influencia del Distrito Metropolitano de Quito (DMQ).

**MATERIALES Y MÉTODOS:** Se analizaron 385 aislados de *E. coli* R-C3G (2018), divididos en 263 aislados de carcasas de pollo comercializadas en Quito y 122 de granjas avícolas que abastecen la ciudad. El perfil de susceptibilidad se obtuvo mediante el sistema Vitek® 2 y las MIC de colistina por microdilución. Los genes *mcr*-1, 2, 3, 4 y 5 se analizaron mediante PCR según lo descrito por Rebelo y colaboradores. [1]

**RESULTADOS:** El gen *mcr*-1 fue el único identificado, con una prevalencia de 11,9% (46/385). Al analizar estos datos por componente se encontró un 10,9% (26/263) en carcasas y 16,4% (20/122) en granjas ( $p=0,06$ ). Los aislados *mcr*-1 positivos presentaron MIC para colistina entre 2 y 8 µg/ml. Exhibiendo, además patrones de multiresistencia (resistentes a  $\geq 3$  familias de antimicrobianos).

**CONCLUSIONES:** El incremento en la prevalencia de *mcr*-1 en granjas avícolas, de 3,4% en pool de ciegos en 2014-2015 [2] a 16,4% en 2018,  $p<0,05$ , indica el establecimiento de este determinante en la producción avícola y su posible incremento por presión selectiva y transferencia horizontal de genes en estos ambientes. Su localización en carcasas de pollo, sugieren su diseminación hacia los consumidores.

## REFERENCIAS:

[1] Rebelo AR, Bortolaia V, Kjeldgaard JS, Pedersen SK, Leekitcharoenphon P, Hansen IM, Guerra B, Malorny B, Borowiak M, Hammerl JA, Battisti A, Franco A, Alba P, Perrin-Guyomard A, Granier SA, De Frutos Escobar C, Malhotra-Kumar S, Villa L, Carattoli A, Hendriksen RS. Multiplex PCR for detection of plasmid-mediated colistin resistance determinants, *mcr*-1, *mcr*-2, *mcr*-3, *mcr*-4 and *mcr*-5 for surveillance purposes, Euro Surveill. 2018; 23(6).

[2] Vinueza-Burgos C, Ortega-Paredes D, Narváez

C, De Zutter L, Zurita J. Characterization of cefotaxime resistant *Escherichia coli* isolated from broiler farms in Ecuador. PlosOne. [Internet]. 2019. Disponible en: [doi.org/10.1371/journal.pone.0207567](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0207567).