

## Patrones de resistencia antimicrobiana en cepas de *Escherichia coli* procedentes de muestras fecales y de aguas

Grenys Batista<sup>1</sup>, Yarabeth Yee<sup>2</sup>, Fermín Mejía<sup>3</sup>, Humberto Cornejo<sup>4</sup> y Alex Martínez<sup>5</sup>

<sup>1</sup> Licenciatura en Biología con Orientación en Microbiología y Parasitología.

<sup>2</sup> Licenciatura en Biología con Orientación en Microbiología y Parasitología; yarabethyee@gmail.com.

<sup>3</sup> M.Sc. Microbiología. Profesor, Departamento de Microbiología y Parasitología, Facultad de Ciencias Naturales, Exactas y Tecnología, Universidad de Panamá; fermeja25@gmail.com.es.

<sup>4</sup> M.Sc. Microbiología. Profesor, Departamento de Microbiología y Parasitología Facultad de Ciencias Naturales, Exactas y Tecnología, Universidad de Panamá; cornejorh@gmail.com.

<sup>5</sup> M.Sc. Microbiología. Profesor, Departamento de Microbiología y Parasitología Facultad de Ciencias Naturales, Exactas y Tecnología, Universidad de Panamá; amartinet13@gmail.com.

Los antibióticos se han usado de forma regular en veterinaria, tanto para el tratamiento de infecciones como para su prevención e incluso para facilitar el engorde de ganado; sin embargo, se ha demostrado que el uso excesivo de antibióticos favorece la aparición de fenómenos de resistencia, lo que conlleva a un impacto negativo en el tratamiento de enfermedades bacterianas. En la presente investigación se realizó el aislamiento de 50 cepas de *Escherichia coli* provenientes de la localidad de Ciudad del Niño en el distrito de La Chorrera, provincia de Panamá. Las cepas obtenidas provenían de fuentes de agua y heces de vacas, gallinas, cerdos y humanos. El objetivo de este trabajo fue determinar la correlación entre el patrón de resistencia antimicrobiana de las cepas de *E. coli* y la fuente de aislamiento; para esto se empleó el método de difusión de discos en placa de agar Kirby-Bauer, utilizando 10 antibióticos. Los aislamientos obtenidos de cuerpos de agua exhibieron el siguiente patrón de resistencia: a tetraciclina (100%), a trimetro-

pin-sulfametaxol (90%), y a cloranfenicol (30%). Los aislamientos procedentes de heces de gallina son los que presentan un patrón de resistencia a un mayor número de antibióticos (8), donde un 100% de las cepas presentaron resistencia a tetraciclina, levofloxacin y ciprofloxacina; además de trimetropin-sulfametaxol (90%), amikacina (10%), cloranfenicol (40%) y ceftazidima (70%). Referente a los aislamientos procedentes de heces de vaca, estos presentan un patrón de resistencia semejante al de agua, donde un 50% de los aislamientos fueron resistentes a tetraciclina y trimetropin-sulfametaxol, a excepción de cloranfenicol (40%). Los aislamientos procedentes de heces de cerdo presentaron un patrón de resistencia similar, donde el 100% de los aislamientos presentó resistencia a tetraciclina, trimetropin-sulfametaxol (90%) y cloranfenicol (80%). Aparte, un 10% de las cepas presentaron resistencia a ciprofloxacina. Por último, los aislamientos provenientes de heces humanas exhiben un patrón de resistencia semejante al

de cerdo, con porcentajes de resistencia más bajos, donde un 40% de aislamientos fueron resistentes a tetraciclina, trimetropin-sulfametaxol (20%), ceftazidima (20%), ciprofloxacina y cloranfenicol (10%). Con los resultados obtenidos, se determinó que las cepas en general presentaron mayor resistencia a la penicilina; luego a tetraciclina; después a trimetropin sulfametaxol; siguiendo cloranfenicol, amikacina, ceftazidima, levofloxacina, ciprofloxacina; y, por último, hubo menos resistencia con gentamicina e imipenem. Al comparar los

patrones de resistencia, se pudo observar que las cepas aisladas de heces de gallina fueron las que presentaron mayor resistencia, seguidas de las de cerdo, agua y de heces humanas. De estos resultados, podemos concluir que no existe una correlación entre el patrón de resistencia y la fuente de aislamiento, ya que el patrón de resistencia es similar para todas las fuentes.

**Palabras claves:** Antibiótico, resistencia, antibiograma, *Escherichia coli*.