



La multirresistencia a antibióticos en *Escherichia coli* asociada a la industria porcícola

Javier Rubén Miranda-Valdés* 

Centro de Investigación en Ciencias Microbiológicas,
Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla,
México.

*Email: javier.miranda@alumno.buap.mx

29 de octubre de 2023

DOI: <http://doi.org/10.5281/zenodo.10050776>

Editado por: Verónica Quintero-Hernández (Profesora Investigadora de Cátedras CONAHCyT-Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Puebla, México).

Revisado por: Jesús Muñoz-Rojas (Instituto de Ciencias, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla).

Colección de ESMOS

Resumen

La existencia de la resistencia y multirresistencia a antibióticos presente en bacterias es un hecho actualmente muy conocido por la comunidad científica; pese a ello, la información que la vincula con la actividad

ganadera sigue siendo una minoría [1]. Una de las bacterias de mayor distribución alrededor del mundo es *Escherichia coli*, un bacilo Gram-negativo que usualmente forma parte de la microbiota intestinal de distintas clases de animales. El ingreso de cepas ajenas a las propias de un organismo puede desencadenar enfermedades de leve a moderado riesgo por la presencia de toxinas que tienen el potencial de provocar diarreas que conducen a la deshidratación y mala absorción de nutrientes en la alimentación [2]. Los grupos humanos más vulnerables son los infantes y gerontes, especialmente aquellos que radican en países en vías de desarrollo [3]. Algunas de las vías más importantes de ingreso de ésta y otras bacterias patógenas son a través de la alimentación de productos de origen animal mal cocidos o crudos, el contacto directo con los animales o sus desechos o beber agua contaminada con residuos ganaderos [3, 4]. El cerdo es el animal destinado a la alimentación humana más criado y consumido, de allí radica la importancia de sondear genéticamente la resistencia a antibióticos en bacterias ligadas a la producción porcina, como lo es *Escherichia coli*. Algunos de los métodos de reconocimiento general incluyen a los análisis bioinformáticos, que usualmente se pueden acompañar de muestreo y secuenciación dirigido a los genes de resistencia hallados [1].

Palabras clave: Resistencia a antibióticos; multiresistencia; porcinos; animales, *Escherichia coli*.

<https://sites.google.com/view/esmosbuap/esmos-2023/esmos-61>

Referencias

[1]. Peng Z, Hu Z, Li Z, Zhang X, Jia C, Li T, *et al*. Antimicrobial resistance and population genomics of multidrug-resistant *Escherichia coli* in pig farms in mainland China. *Nature Communications*. 2022; 13:1116. Disponible en: <https://www.nature.com/articles/s41467-022-28750-6>

[2]. MedlinePlus. Enteritis por *E. coli*. Biblioteca Nacional de Medicina del Gobierno de Estados Unidos. 2023. Disponible en: <https://medlineplus.gov/spanish/ency/article/000296.htm>

[3]. Organización Mundial de la Salud. *E. coli*. 2023. Disponible en: <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/e-coli>

[4]. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. Drivers, Dynamics and Epidemiology of Antimicrobial Resistance in Animal Production. 2016. Disponible en: <https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/509845/a-i6209e.pdf>

Esmos 61