

REVISTA MEXICANA DE CIENCIAS FARMACÉUTICAS

Consejo Editorial

Dr. Alberto Herreros de Tejada (España)
Dra. Helgi Jung Cook (México)
Dr. Salomón Stavchansky (EUA)
Dra. Sandra Suárez (EUA)
Dr. Jean Mark Aiäche (Francia)
Dr. Tomás Arias (Panamá)
Dr. Aquiles Arancibia (Chile)
Dra. Carmen Giral Barnés (México)
† Dr. Francisco Giral (México)
Dr. Camilo Ríos (México)
Dra. Gleiby Melchor (Cuba)
Dra. Ana Isabel Torres (España)

Comité Editorial

M. en F. Ma. del Socorro Alpizar R.
Dra. Ma. Elena Campos Aldrete
Dra. Inés Fuentes Noriega
Dra. Ma. del Carmen Ramírez Medeles
Dr. Jaime Kravzov Jinich

Editora

Dra. Ma. Estela Meléndez Camargo

Asistente Editorial

QFB. Delfino Luna Bernal
rmcf@afmac.org.mx

Diseño

Emilio Alberto Villegas Jiménez



La Revista Mexicana de Ciencias Farmacéuticas está indizada a:
International Pharmaceutical Abstracts, Chemical Abstracts, EMBASE de Excerpta Medica,
Latindex, Índice de Revistas Mexicanas de Investigación Científica y Tecnológica del CONACyT
(expediente No. 66688) y a la Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal (Redalyc)

La Revista Mexicana de Ciencias Farmacéuticas
es el órgano oficial de difusión técnica-científica de la Asociación Farmacéutica Mexicana, A.C.
Se publica trimestralmente y se distribuye en forma gratuita en México y Latinoamérica.

Los conceptos que en ella aparecen son responsabilidad exclusiva de sus autores.
Toda correspondencia deberá enviarse a: Asociación Farmacéutica Mexicana, A.C.
Nicolás San Juan 1511. Col. Del Valle, 03100, México, D.F. Tel. 9183 2060.
correo electrónico: rmcf@afmac.org.mx

La reproducción parcial o total del contenido de este número podrá hacerse previa aprobación del editor y mención de la revista.

Dirección General de Derechos del Autor N° 3028-102
Certificación de Licitud de Título y Contenido N° 3222 y 2852 respectivamente. ISSN: 1870-0195

Exp. 1/431*87/5153 del 8 de febrero de 1988

leucocitos, la identificación del microorganismo y los síntomas para determinar si existe relación entre estos factores.

Resultados y discusión: los microorganismos que se identificaron con mayor frecuencia fueron las enterobacterias en un 29.49% (*E. coli* principalmente), *Candida albicans*, con un 19.0%, cultivo mixto, Enterococos del grupo D, *Gardnerella vaginalis* y *Staphylococcus* sp. Los síntomas más frecuentes en las pacientes fueron flujo con el 49.0%, prurito 18.1%, dolor 4.6% y sagrado con un 4.5%. La presencia de leucocitos en el examen microscópico en fresco de cualquier muestra clínica es un indicador de que se está desarrollando un proceso inflamatorio en el área que se está evaluando por lo que encontrar que el 70% de los exudados presentaron abundantes leucocitos es sin duda indicativo de infección. Para el caso de abundante flujo en la mayoría de los casos se aisló *Candida* sp, seguida de *Staphylococcus* sp y de *E. coli*. En el caso del prurito se aisló con mayor frecuencia *Candida* sp y *E. coli* seguidas de *Staphylococcus* sp y para el otro síntoma más destacado (ardor) *Candida* sp y *E. coli* casi con frecuencia similar y con más baja frecuencia *Staphylococcus* sp, es importante señalar que cuando hay dolor, se aisló con mayor frecuencia *E. coli* a diferencia de los otros síntomas donde se encuentre con mayor frecuencia *Candida albicans*.

Conclusiones: las infecciones vaginales sin lugar a duda estimulan fuertemente la respuesta inmunológica, lo que ocasiona el abundante flujo, síntoma muy característico de este tipo de infección, aun cuando se trate de patógenos oportunistas como *E. coli*, *Candida albicans* y los Enterococos de grupo D, que están causando sin duda infección debido a la alta y frecuente contaminación fecal, por la poca o mala limpieza de esta zona, de acuerdo a lo anterior, sin duda existe relación entre los síntomas de las infecciones vaginales y los agentes microbianos involucrados en dicha infección.

CARTEL 245

Resistencia a antibióticos y metales pesados en bacterias aisladas de ambientes contaminados

Mondragón Jaimes Verónica A.¹, Pacheco González Guadalupe², Rodríguez Calderón Liliana³, Segura Bransford Claudia⁴

Universidad Autónoma de Nayarit, UAN

Introducción: el río Mololoa pertenece al estado de Nayarit y es el principal afluente del río Santiago, atraviesa la ciudad de Tepic y recibe descargas de aguas negras y lixiviados provenientes del basurero municipal, lo que constituye un riesgo en salud. La CNA ha demostrado la presencia de niveles altos de coliformes y metales pesados (MP) por lo que su uso se restringe a actividades agrícola e industrial. La presencia de bacterias de importancia médica con elementos genéticos móviles responsables de la resistencia antimicrobiana y a MP constituye uno de los factores responsables en la dispersión y adquisición de nuevas características. Ambientes contaminados con MP, determinan la selección de microorganismos que comparten estas dos características de resistencia cuando ambas se encuentran en el mismo elemento genético móvil. Una vez que los microorganismos

han sido seleccionados, podrán llegar nuevamente a la población humana, constituyendo con esto un riesgo en salud y tratamiento de infecciones.

Objetivo: determinar los perfiles de resistencia a MP, beta-lactámicos y quinolonas en aislamientos ambientales de importancia médica que impactan el río Mololoa.

Material y métodos: se tomaron muestras de las descargas municipales y lixiviados del basurero municipal en dos estaciones anuales. Las muestras se filtraron en membranas millipore y se sembraron en agar MacConkey y KF adicionados con las sales de $HgCl_2$, $AsH-Na_2O_4$, K_2CrO_4 , $NaAsO_2$ y K_2TeO_4 . La identificación y la concentración mínima inhibitoria (CMI) a antibióticos se determinaron con el sistema de Microscan. La CMI y las pruebas de susceptibilidad a MP se realizaron en placa y caldo respectivamente. La presencia de beta-lactamasas se determinó por inhibición en disco con los antibióticos; *Ceftazidima*, *Cefotaxima*, y los mismos en combinación con *Ac. Clavulánico*. A las cepas positivas a beta-lactamasas y quinolonas, se les aisló el DNA plasmídico y cromosomal y se determinó la presencia de los genes *shv*, *ctx-M*, *gyr-A* y *qnr-A* por PCR.

Resultados y discusión: la especie mayormente identificada para Gram negativos, fue *Klebsiella* spp (47%) y *A. viridans* (21%), a diferencia de lo reportado por Matyar (2008). Para Gram positivos se determinó la presencia de *E. faecalis* con una frecuencia de aislamiento del 83% y *E. gallinarum* con un 16.66%. El patrón de resistencia a MP fue de $As(V) > As(III) > Cr > Te > Hg$, con un rango de CMI de 700mM para $As(V)$ y un mínimo de 200 μM para Hg . La resistencia a antibióticos mostró el siguiente patrón de frecuencia: *Ampicilina* > *Cefazolina* > *Piperacilina* = *Trimetropim/Sulfametoxazol* = *Synercid* = *Ciprofloxacina*. Los datos de resistencia a antibióticos concuerdan con otros reportados (Matyar, 2008; Torres, 2008). A diferencia de lo publicado por Bogs Jensen (1998), no se encontraron *Enterococcus* spp, resistentes a vancomicina, solo uno de los aislamientos de esta especie fue resistente a *Ceftazidima*. De igual manera, no se encontraron los determinantes genéticos para *shv* y *ctx-M*. Solo 3 de los aislamientos totales correspondientes a *K. pneumoniae*, presentaron resistencia a quinolonas, los mismos que fueron positivos para *gyr-A*; de estos solo un aislamiento fue positivo para el gen *qnr-A*. La secuenciación de este fragmento permitirá discernir la presencia de mutaciones de significancia en resistencia. Las cepas analizadas que presentaron resistencia a Hg , mostraron además resistencia a *Ampicilina* y no se determinó otra asociación de resistencia común entre MP y antibióticos.

Conclusiones: los resultados obtenidos muestran una resistencia mayoritaria a $As(V)$ y $As(III)$, lo cual podría reflejar el estado de contaminación ambiental de origen. No se encontró la presencia de los determinantes genéticos codificantes de resistencia a b-lactámicos *shv* y *ctx-M*.