

**UNIVERSIDAD CATÓLICA
DE SANTIAGO DE GUAYAQUIL
FACULTAD DE CIENCIAS MÉDICAS
CARRERA DE MEDICINA**

TEMA:

**Perfil microbiológico en las áreas de consulta externa,
hospitalización y emergencia del hospital básico IESS Duran en
el periodo 2018-2019.**

AUTORES:

**Esparza Villa David Emanuel
Carrillo Arévalo Rodrigo Andrés**

**Trabajo de titulación previo a la obtención del título de
MÉDICO**

TUTOR:

Dr. Diego Vásquez Cedeño

Guayaquil, Ecuador

9 de septiembre de 2020



UNIVERSIDAD CATÓLICA
DE SANTIAGO DE GUAYAQUIL

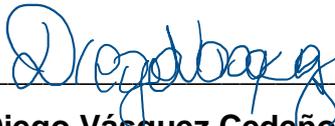
FACULTAD DE CIENCIAS MÉDICAS

CARRERA DE MEDICINA

CERTIFICACIÓN

Certificamos que el presente trabajo de titulación fue realizado en su totalidad por **ESPARZA VILLA DAVID EMANUEL Y CARRILLO AREVALO RODRIGO ANDRES** como requerimiento para la obtención del título de **MÉDICO**

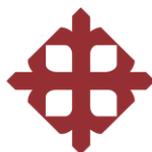
TUTOR

f. 
Dr. Diego Vásquez Cedeño.

DIRECTOR DE LA CARRERA

f. _____
Dr. Aguirre Martinez Juan Luis, Mgs

Guayaquil, 9 de septiembre de 2020



UNIVERSIDAD CATÓLICA
DE SANTIAGO DE GUAYAQUIL

FACULTAD DE CIENCIAS MÉDICAS

CARRERA DE MEDICINA

DECLARACIÓN DE RESPONSABILIDAD

Yo, Esparza Villa David Emanuel

Carrillo Arévalo Rodrigo Andrés

DECLARAMOS QUE:

El Trabajo de Titulación, **PERFIL MICROBIOLÓGICO EN LAS ÁREAS DE CONSULTA EXTERNA, HOSPITALIZACIÓN Y EMERGENCIA DEL HOSPITAL BÁSICO IESS DURAN EN EL PERÍODO 2018-2019** previo a la obtención del título de **MÉDICO** ha sido desarrollado respetando derechos intelectuales de terceros conforme las citas que constan en el documento, cuyas fuentes se incorporan en las referencias o bibliografías. Consecuentemente este trabajo es de mi total autoría.

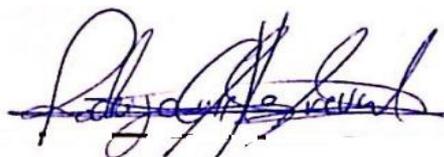
En virtud de esta declaración, me responsabilizo del contenido, veracidad y alcance del Trabajo de Titulación referido.

Guayaquil, 9 de septiembre de 2020

AUTORES

f. 

Esparza Villa David Emanuel

f. 

Carrillo Arévalo Rodrigo Andrés



UNIVERSIDAD CATÓLICA
DE SANTIAGO DE GUAYAQUIL

FACULTAD DE CIENCIAS MÉDICA

CARRERA MEDICINA

AUTORIZACIÓN

Nosotros, **David Emanuel Esparza Villa**

Carrillo Arévalo Rodrigo Andrés

Autorizamos a la Universidad Católica de Santiago de Guayaquil a la **publicación** en la biblioteca de la institución del Trabajo de Titulación, **PERFIL MICROBIOLÓGICO EN LAS ÁREAS DE CONSULTA EXTERNA, HOSPITALIZACIÓN Y EMERGENCIA DEL HOSPITAL BÁSICO IESS DURAN EN EL PERÍODO 2018-2019**, cuyo contenido, ideas y criterios son de mi exclusiva responsabilidad y total autoría.

Guayaquil, 9 de septiembre de 2020

AUTORES:

f. 

Esparza Villa David Emanuel

f. 

Carrillo Arévalo Rodrigo Andrés

REPORTE URKUND

Urkund Analysis Result

Analysed Document: ESPARZA VILLA-CARRILLO AREVALO TESIS PREGRADO
CORREGIDO 0.2.docx (D78413660)
Submitted: 8/31/2020 5:41:00 PM
Submitted By: diego.vasquez@cu.ucsg.edu.ec
Significance: 2 %

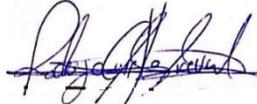
Sources included in the report:

Protocolo de tesis .docx (D25561340)
Urkund TESIS SCARLET MEZA M ICROORGANISMOS MÁS FRECUENTES, SENSIBILIDAD Y
RESISTENCIA EN UROCULTIVOS.docx (D45157233)
<https://pdfslide.tips/documents/implicancias-estructurales-y-fisiologicas-de-la-celula-las-bacterias-han.html>
https://www.salud.gob.ec/wp-content/uploads/2019/08/gaceta_ram2018.pdf
<http://pucedspace.puce.edu.ec/handle/23000/579>
<http://repositorio.uchile.cl/bitstream/handle/2250/134087/Staphylococcus-aureus.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
<https://dspace.unl.edu.ec/jspui/bitstream/123456789/21893/1/INFORME%20FINAL%20DE%20TESIS%20%20XIMENA%20PEREZ.pdf>

Instances where selected sources appear:

12

f. 
Dr. Diego Vásquez Cedeño.

f. 

Carrillo Arévalo Rodrigo Andrés

f. 

Esparza Villa David Emanuel

AGRADECIMIENTO

A Dios por iluminar el camino y permitirme la oportunidad de estar donde estoy, con esfuerzo y dedicación, alcanzando la meta que por mucho siempre ha sido lo más anhelado.

A mis padres, Rodrigo e Iliana, por el apoyo sin condiciones, el tiempo y la fuerza que me dieron durante la carrera. Siendo mi aliento en los momentos más duros.

A mis hermanas, Iliana y Jordana, por darme un motivo para el cual despertar cada mañana.

A mis abuelos, que desde mi uso de razón son el ejemplo perfecto a seguir.

Mis amigos, valioso e insustituible componente en el camino de la vida.

A mi amiga y compañera Pilar Velásquez Cevallos, quien siempre estuvo para escuchar y comprender en todo momento.

A mi tutor de tesis, Dr Diego Vásquez Cedeño, por la guía y la confianza durante este proceso.

Rodrigo Andrés Carrillo Arévalo

AGRADECIMIENTO

A Dios, por permitirme culminar una etapa de mi vida y abrirme un nuevo mundo de posibilidades, aunque este en caminos oscuros el me cuida.

Agradecido con mis padres Tito Leonel Esparza Alejandro y Nancy Mariana Villa Lucero pilares en mi formación personal, ambos tesoros de tanta experiencia que les agradezco mucho me la trasmitan. Se que no ha sido fácil pero aquí estamos.

A mis hermanos Tito y Gabriela Esparza que siempre han estado en las buenas en las malas aun cuando tenemos nuestros roces, cada uno ha dado su granito de arena.

A mis amigos más cercano que tuvieron el ánimo de levantarme cuan segado estaba, supieron cambiarme un a cara amargada a ver lo bueno de la vida.

A mi amiga y compañera Keila Vilema Herrera que supo escucharme, animarme, aguantar mi carácter y tenerme su mano para salir adelante,

A mi tutora de tesis, la Dr. Diego Vásquez Cedeño en base a su seguimiento y actitud nos brindó los puntos a escoger y poder seguir adelante en este proceso.

David Emanuel Esparza Villa

DEDICATORIA

El presente trabajo se lo dedico a mi familia que ha tenido esa convicción de apoyarme en todo este proceso.

Rodrigo Andrés Carrillo Arévalo

DEDICATORIA

Este trabajo es completamente dedicado a mi familia, quienes me ayudaron en toda mi carrera universitaria.

David Emanuel Esparza Villa



**UNIVERSIDAD CATÓLICA
DE SANTIAGO DE GUAYAQUIL
FACULTAD DE CIENCIAS MÉDICAS
CARRERA DE MEDICINA**

TRIBUNAL DE SUSTENTACIÓN

DECANO O DIRECTOR DE CARRERA

f. _____

COORDINADOR DEL ÁREA

f. _____

OPONENTE

Guayaquil, 9 de septiembre de 2020

Doctor(a)

COORDINADOR UTE B-2019
FACULTAD DE CIENCIAS MÉDICAS

En su despacho.

De mis consideraciones:

Doctor. **Diego Vásquez Cedeño** Docente de la Carrera de Medicina, designado TUTOR del proyecto de grado del Sr. **Carrillo Arévalo Rodríguez Andrés**, cúmplase informar a usted, señor coordinador, que una vez que se han realizado las revisiones al 100% del avance del proyecto **avaló** el trabajo presentado por el estudiante, titulado **Perfil microbiológico en las áreas de consulta externa, hospitalización y emergencia del hospital básico IESS Duran en el periodo 2018-2019** por haber cumplido en mi criterio con todas las formalidades que amerita el proceso. Este trabajo de titulación ha sido orientado al 100% de todo el proceso y se procedió a validarlo en el programa de URKUND dando como resultado un **2%** de plagio.

Cabe indicar que el presente informe de cumplimiento del Proyecto de Titulación del semestre B-2019 a mi cargo, en la que me encuentra (o) designada (o) y aprobado por las diferentes instancias como es la Comisión Académica y el Consejo Directivo, dejo constancia que los únicos responsables del trabajo de titulación **Perfil microbiológico en las áreas de consulta externa, hospitalización y emergencia del hospital básico IESS Duran en el periodo 2018-2019** somos el Tutor (a) **Dr. Diego Vásquez Cedeño** y del Sr. **Carrillo Arévalo Rodríguez Andrés y Esparza Villa David Emanuel**, y eximo de toda responsabilidad al coordinador de titulación y a la dirección de carrera.

La calificación final obtenida en el desarrollo del proyecto de titulación fue: **10/10**. (Diez sobre diez)

Atentamente,

Dr. Diego Vásquez Cedeño

PROFESOR TUTOR DEL PROYECTO DE TITULACIÓN

Sr. Carrillo Arévalo Rodríguez Andrés

ESTUDIANTE QUE ELABORÓ EL PROYECTO DE TITULACIÓN

Guayaquil, 9 de septiembre de 2020

Doctor(a)

COORDINADOR UTE B-2019
FACULTAD DE CIENCIAS MÉDICAS

En su despacho.

De mis consideraciones:

Doctor. **Diego Vásquez Cedeño** Docente de la Carrera de Medicina, designado TUTORA del proyecto de grado del Sr. **Esparza Villa David Emanuel**, cúmplase informar a usted, señor coordinador, que una vez que se han realizado las revisiones al 100% del avance del proyecto avalo el trabajo presentado por el estudiante, titulado **Perfil microbiológico en las áreas de consulta externa, hospitalización y emergencia del hospital básico IESS Duran en el periodo 2018-2019** por haber cumplido en mi criterio con todas las formalidades que amerita el proceso. Este trabajo de titulación ha sido orientado al 100% de todo el proceso y se procedió a validarlo en el programa de URKUND dando como resultado un **2%** de plagio.

Cabe indicar que el presente informe de cumplimiento del Proyecto de Titulación del semestre B-2019 a mi cargo, en la que me encuentra (o) designada (o) y aprobado por las diferentes instancias como es la Comisión Académica y el Consejo Directivo, dejo constancia que los únicos responsables del trabajo de titulación **Perfil microbiológico en las áreas de consulta externa, hospitalización y emergencia del hospital básico IESS Duran en el periodo 2018-2019** somos el Tutor (a) **Dr. Diego Vásquez Cedeño** y del Sr. **Carrillo Arévalo Rodríguez Andrés y Esparza Villa David Emanuel**, y eximo de toda responsabilidad al coordinador de titulación y a la dirección de carrera.

La calificación final obtenida en el desarrollo del proyecto de titulación fue: **10/10**. (Diez sobre diez)

Atentamente,

Dr. Diego Vásquez Cedeño

PROFESOR TUTOR DEL PROYECTO DE TITULACIÓN

Sr. Esparza Villa David Emanuel

ESTUDIANTE QUE ELABORÓ EL PROYECTO DE TITULACIÓN

INDICE

1. Introducción.....	2
2. Objetivos.....	3
2.1.- Objetivo general.....	3
2.2.- Objetivo específico.....	3
3. Marco teórico.....	3
3.1 Resistencia antimicrobiana (RAM).....	3
3.2. Epidemiología.....	4
3.3. Etiología.....	4
3.4 Patogenia.....	5
3.5. Mecanismos de resistencia bacteriana.....	6
3.5.1 Formación de biopelículas.....	6
3.5.2. Sistema quórum sensing (QS)......	6
3.5.3. Mecanismos de resistencia a nivel de envoltura.....	6
3.5.4 Mecanismos de resistencia a nivel intracelular.....	8
3.5.4.5 <i>Transcripción global</i>	10
3.6 Antibiograma.....	10
4. Método.....	10
4.1 Criterios y procedimientos de selección de la muestra.....	11
4.2 Variables.....	11
4.3 Operacionalización de las variables.....	12
5. Descripción y resultados.....	13
5.1.2. Determinar los microorganismos más frecuentes de acuerdo con el área hospitalaria.....	14
5.2 Segundo objetivo específico.....	19
5.2.1 Describir los perfiles de resistencia antimicrobiana.....	19
5.3 Tercer objetivo específico.....	23
5.3.1 Identificar los microorganismos de acuerdo con el tipo de muestra.....	23
5. Discusión.....	25
6. Conclusión.....	25
BIBLIOGRAFIA.....	25
ANEXO.....	25

ÍNDICE DE TABLAS

TABLA 1. OPERACIONALIZACIÓN DE LAS VARIABLES.....	12
TABLA 2. GÉNERO DE LOS PACIENTES.	14
TABLA 3. ÁREA DE CONSULTA EXTERNA EN RELACIÓN CON AGENTE MICROBIANO MÁS FRECIENTES.	14
TABLA 4. ÁREA DE EMERGENCIA EN RELACIÓN CON AGENTE MICROBIANO MÁS FRECIENTES.	16
TABLA 5. ÁREA DE HOSPITALIZACIÓN EN RELACIÓN CON AGENTE MICROBIANO MÁS FRECIENTES.	18
TABLA 6. AGENTE MÁS FRECUENTE SEGÚN EN LA MUESTRA DE ORINA.....	23

ÍNDICE DE GRÁFICOS

FIGURA 1. GÉNERO DE LOS PACIENTES.	14
FIGURA 2. ÁREA DE CONSULTA EXTERNA EN RELACIÓN CON AGENTE MICROBIANO MÁS FRECIENTES.	16
FIGURA 3. ÁREA DE EMERGENCIA EN RELACIÓN CON AGENTE MICROBIANO MÁS FRECIENTES.	18
FIGURA 4. ÁREA DE HOSPITALIZACIÓN EN RELACIÓN CON AGENTE MICROBIANO MÁS FRECIENTES.	19

RESUMEN

Objetivo: Identificar el agente microbiológico más frecuente, junto a su resistencia a los antimicrobianos en los pacientes de 40 a 80 años en la unidad hospitalaria en el periodo 2018-2019. **Método:** Estudio de carácter observacional, retrospectivo, y descriptivo, se revisará los antibiogramas, los cuales deben ser positivos en el área de microbiología del hospital, siendo esta consulta externa, hospitalización y emergencia. **Resultado:** se analizaron 628 muestras positivas, dando resultado que el grupo de 60-69 años presenta mayor número de muestras el microorganismo más frecuente fue la *Escherichia Coli* con un numero de 455(52.9%) con una amplia resistencia a la ampicilina y su asociación con el sulbactam 47% y 41.97%; cefepima 29,4% en la *Escherichia Coli* productora de BLEE que presento en el total de los casos 29,45% , seguido por la *Klebsiella Pneumoniae Ssp Pneumoniae* con 70(8.14%) con una resistencia a ampicilina y su asociación con sulbactam 58.74% y 38.57% respectivamente, habiendo un alta resistencia para ceftriaxona, ciprofloxacina y ceftazidima superior a 40% y del total de microorganismo presento un 40% fueron formadoras de BLEE, *Staphylococcus Coagulase negativa* con 70 (8.13%) presento una elevada resistencia para la levofloxacina y oxacilina que fueron entre 50% y 70,58% respectivamente y siguiendo el orden de frecuencia tenemos a *Proteus Mirabilis* con 34(3.9%), *Enterococcus Faecalis* con 31 (3.6%), *Staphylococcus Aureus* con 30(3.4%), *Acinetobacter Baumannii* 24(2,79%)

Palabras Clave: Resistencia a antibióticos, mecanismo de resistencia a antibióticos.

ABSTRACT

Objective: To identify the most frequent microbiological agent, together with its resistance to antimicrobials in patients aged 40 to 80 years in the hospital unit in the period 2018-2019. Method: An observational, retrospective, and descriptive study, the antibiograms will be reviewed, which must be positive in the microbiology area of the hospital, being this outpatient consultation, hospitalization and emergency. Result: 628 positive samples were analyzed, giving the result that the 60-69 year-old group presented a greater number of samples, the most frequent microorganism was *Escherichia Coli* with a number of 455 (52.9%) with a wide resistance to ampicillin and its association with sulbactam 47% and 41.97%; 29.4% cefepime in ESBL-producing *Escherichia Coli* that presented in all cases 29.45%, followed by *Klebsiella Pneumoniae Ssp Pneumoniae* with 70 (8.14%) with resistance to ampicillin and its association with sulbactam 58.74% and 38.57% respectively, having a high resistance for ceftriaxone, ciprofloxacin and ceftazidime greater than 40% and of the total microorganism presented 40% were ESBL-forming, *Staphylococcus Coagulase negative* with 70 (8.13%) presenting a high resistance for levofloxacin and oxacillin that were between 50% and 70.58% respectively and following the order of frequency we have *Proteus Mirabilis* with 34 (3.9%), *Enterococcus Faecalis* with 31 (3.6%), *Staphylococcus Aureus* with 30 (3.4%), *Acinetobacter Baumannii* 24 (2.79%)

Key Words: Antibiotic resistance, antibiotic resistance mechanism.

1. Introducción

La resistencia a los antimicrobianos poco a poco a tomado fuerza desde sus inicios con el descubrimiento de la penicilina en 1928, y su primera resistencia que formo el *Staphylococcus* a ella, marco una línea de investigación y futuras revisiones para un correcto manejo y utilización de estos fármacos (1). La resistencia a los antimicrobianos se a convertido en un problema de salud pública refiere la OMS en el año 2001 por provocar mayor morbilidad y mortalidad, sumando mayores gastos en la atención de la salud. 2). En Estados Unidos en base al cálculo de su centro de prevención y control de enfermedades calcula que al año los microorganismos resistentes a antibióticos causan 2 millones de infecciones y de los cuales producen 23 000 muertes al año y 35 millones adicionales en gastos en salud. (3).

Esta creciente ola de resistencia es en caminata por 3 factores fundamentales como son la utilización inapropiada de antimicrobianos, la falta de cultura y compromiso del paciente a la prescripción dada por el personal de salud y el uso de antibióticos en la producción de alimentos para el consumo humano generando la resistencia ante este cadena de utilización los agentes microbianos se han vuelto cada vez más resistentes, en un estudio realizado en Estados Unidos donde el 77% de las prescripciones fue inapropiada y denota que el carácter ambulatorio es donde toma un primer escalón en el uso y mal uso de los antibióticos(4).

El Ecuador cuenta con el Plan Nacional para la prevención y control de la resistencia a antimicrobianos 2019-2023, donde busca la detección, control y manejo de las infecciones y el tratamiento empleado a pacientes y el uso de los antibióticos en los productos de alimentación de las personas (5)(Anexo1). En el año 2010 de detecta un paciente masculino de 24 años de edad donde se somete a una intervención quirúrgica pasa en las unidades de UCI y luego a piso donde se descompensa, se toma muestra de cultivo encontrándose *Klebsiella Pneumoniae* productora de KPC, con este es el primer caso de resistencia a antimicrobiano reportado en el Ecuador. Posterior al primer caso se notificaron casos en ciudades de Quito, Azogues, Guayaquil y Cuenca (6)

La OMS por esta alarmante situación en corto a mediano plazo toma la necesidad de contener y retrasar la aparición de resistencia, por ello ha promovido múltiples estrategias frente a este problema de salud pública, de los cuales la vigilancia es el primer paso (7). Por ende, en el Ecuador la Dirección Nacional de Vigilancia Epidemiológica, con el

soporte del Centro Nacional de Referencia de Resistencia a los antimicrobianos del Instituto Nacional de investigación de Salud Pública- INSPI, para la vigilancia se observan en 44 hospitales centinelas que llevan la vigilancia de la resistencia a antimicrobiana. Otros países que ya presentan reporte de casos de resistencia tenemos a Cuba y Chile donde se encuentra *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina asociado a la comunidad (8)(9) y también enterobacterias resistentes a ampicilina en Colombia (10).

2. Objetivos

2.1.- Objetivo general

1. Identificar los perfiles de resistencia de los agentes microbiológicos más frecuentes en la unidad hospitalaria en el periodo 2018-2019.

2.2.- Objetivo específico

1. Determinar los microorganismos más frecuentes de acuerdo con el área hospitalaria.
2. Describir los perfiles de resistencia antimicrobiana.
3. Identificar los microorganismos presentes de acuerdo con el tipo de muestra.

3. Marco teórico

El descubrimiento de la penicilina en 1928 por Sir. Alexander Fleming, basado en la inhibición del crecimiento de *Staphylococcus Aureus* en un cultivo contaminado por el hongo *Penicillium notatum*, dio apertura a la revolución de la era antibiótica. En ese entonces el mismo Sir Fleming hizo alusión a una situación poco conocida para la época: “Pero quiero dar una advertencia, la penicilina aparece como no-toxica, de modo que no hay preocupación con sobredosis e intoxicar al paciente. Sin embargo, puede existir el peligro de sub- dosificación. No es difícil conseguir microorganismos resistentes a penicilina en el laboratorio exponiéndolos a concentraciones no letales y lo mismo puede pasar en el organismo.” Sir Alexander Fleming (discurso de recepción del premio Nobel, 1945) (11)

3.1 Resistencia antimicrobiana (RAM)

Se conoce como resistencia antimicrobiana a la capacidad de los microorganismos de sobrevivir a un ambiente el cual presenta sustancias que de forma primordial inhibirían su desarrollo natural. Esa capacidad es un fenómeno evolutivo que les permite reaccionar ante situaciones de estrés, y en consecuencia brindarle protección y la capacidad de

adaptación a los entornos adversos. Esas modificaciones pueden ser de tipo natural o adquiridas. natural cuando esa característica es propia de una especie, o adquirida cuando a través de mecanismos adaptativos adquiere esa facultad como propia; produciendo respuestas desfavorables al momento de recibir tratamiento farmacológico para mitigar las enfermedades causadas por la infección de estos microorganismos. (12)

3.2. Epidemiología

La resistencia antibiótica es una de las causas de aumento de costos médicos a nivel mundial, ocasiona una estancia hospitalaria prolongada y es un predictor positivo de mortalidad. también se ha observado que la resistencia antibiótica aumenta progresivamente con el paso del tiempo, lo que constituye un serio problema para la salud pública del país. Además, Se considera que los niveles de resistencia bacteriana son un indicador de la calidad de la prestación de salud y de la gestión de salud del paciente (13).

Todas las bacterias tienen la capacidad de desarrollar resistencia antimicrobiana, pero existen bacterias que significan una prioridad para los servicios de la salud, siendo aquellas que poseen registrada una alta capacidad adaptativa y de respuesta desfavorable a los tratamientos farmacológicos, lo que conlleva a un aumento de la mortalidad, en especial aquellos pacientes en cuidados críticos y atendidos con métodos invasivos. Entre los microorganismos tenemos: *Escherichia Coli*; *Klebsiella Pneumoniae*; *Staphylococcus Aureus* y *Pseudomona Aeruginosa*. (14)

3.3. Etiología

La *Escherichia Coli* es una bacteria gramnegativa, fermentadora de glucosa y lactosa, que pertenece a la familia de las enterobacteriáceas y forma parte del microbiota intestinal normal. Este es el patógeno más común encontrado en las infecciones del tracto urinario. presenta una marcada virulencia, que va en función a sus antígenos de superficie y a las toxinas que genera. Puede ser un patógeno infeccioso difícil de manejar debido a la incidencia de cepas resistentes a los antibióticos a través de producción de biopelículas y de betalactamasas de espectro extendido. (15, 16)

Klebsiella Pneumoniae es una bacteria gramnegativa de las familias de las enterobacteriáceas que desempeñan un papel importante en las enfermedades infecciosas oportunistas. Es la principal especie productora de KPC, una familia versátil de β -lactamasas, con un amplio espectro de hidrólisis contra antibióticos β -lactámicos. Las

enterobacterias KPC no solo se han encontrado en organismos aislados en ambiente hospitalario, también se encuentra en ambientes extrahospitalarios, debido a su alta capacidad para insertarse en diferentes plásmidos de bacterias gramnegativas, dato preocupante por el alto riesgo de diseminación. Pero por si sola no podrían causar una concentración inhibitoria mínima (CIM) ineficaz para carbapenémicos, por lo que se la asocia a otros mecanismos como a porinas de membrana, a bombas expulsivas y/o BLEE. (17)

El *Staphylococcus Aureus* es un microorganismo grampositivo saprofítico del ser humano y de varios otros animales. Esta bacteria posee características de virulencia y resistencia particulares, por lo que puede presentar infecciones leves hasta graves; el *Staphylococcus Aureus* resistente a la meticilina (SARM) puede causar desde infecciones leves de la piel y partes blandas hasta neumonía y bacteriemia. Reconociéndose tres mecanismos con los que se relaciona la resistencia a los β -lactámicos: resistencia mediada por enzimas; resistencia natural y modificación de las proteínas de unión. (18,19)

Las *pseudomonas* son bacterias gramnegativas; aeróbicas, aeróbicas facultativas; móviles; es un patógeno ubicuo; oportunista y persistente en el medio ambiente. La bacteria tiene capacidad para producir enzimas capaces de degradar múltiples proteínas inmunoregulatoras (complemento, inmunoglobulinas). Esta bacteria es considerada como uno de los principales microorganismos relacionados con infecciones multirresistentes nosocomiales, principalmente en pacientes inmunocomprometidos. Esa relación está dada por sus múltiples mecanismos de resistencia antimicrobiana como lo es la producción de metalo-B-proteasas y producción de BLEE; permeabilidad limitada a los antibióticos; posibilidad de generar bombas de expulsión y mutación de sus genes induciendo resistencias a las fluoroquinolonas y esos genes pueden ser transferidos a través de plásmidos microbianos. (20)

3.4 Patogenia

El efecto deseado de los antibióticos es inhibir o destruir a la una población de microorganismos. Paralelamente les permite a las bacterias seleccionar por mecanismos darwinianos a las mejor adaptadas, capaces de sobrevivir, multiplicarse y diseminarse. De forma temprana el predominio es de un único subgrupo sensible; los microorganismos resistentes son generados por la coacción selectiva mediada por los antibióticos que hacen desaparecer las bacterias sensibles. Por tanto, queda una población predominantemente

resistente que después es capaz de transmitir dicha resistencia a poblaciones sensibles, facilitando de esa manera la diseminación del fenómeno de resistencia. (21)

3.5. Mecanismos de resistencia bacteriana

3.5.1 Formación de biopelículas

Las biopelículas son una matriz extracelular auto sintetizada por grupos estructurados de células bacterianas, que está compuesta por múltiples macromoléculas. Esta matriz le confiere una capa protectora de las agresiones del ambiente. Con eso favorece al desarrollo de agregados sésiles de microorganismos que se unen de forma irreversible a un sustrato. El desarrollo de la biopelícula es un proceso complejo, adheridas las células al sustrato, las bacterias inician su proliferación y a secretar una matriz extracelular compuesta de polisacáridos, ácidos nucleicos y proteínas quedando protegidas de factores nocivos. (22)

3.5.2. Sistema quórum sensing (QS).

Mecanismo adoptado por comunidades bacterianas relacionado con el ambiente, produciendo impulsos simples generados por las bacterias entre si, lo que corresponde a un sistema autoinductor y es utilizado en comunicaciones célula-célula por señales producidas por bacterias en distintos estados de crecimiento, que les permite regular la expresión génica independiente de la densidad celular. Un ejemplo es el Indol producido por E. Coli en la fase estacionaria de crecimiento, el cual actúa como una señal, capaz de modificar funciones celulares, tales como patogenicidad, movilidad, atenuar adherencia y cambios de la expresión (16)

3.5.3. Mecanismos de resistencia a nivel de envoltura

En este grupo se han identificado cuatro mecanismos formadores de resistencia: impermeabilidad de membranas, hidrólisis enzimática, porinas y bombas de expulsión (22)

3.5.3.1 Impermeabilidad de membranas.

Las bacterias se encuentran cubiertas por una envoltura que confiere una eficiente barrera selectiva, cumpliendo funciones que regulan el acceso de sustancias desde el exterior al

medio interior de la célula. Para que un antibiótico sea eficaz debe alcanzar concentraciones suficientes en sus sitios diana. Y para que tengan el efecto deseado una gran variedad de antibióticos deben atravesar las barreras físicas de la envoltura celular. Las bacterias modifican estas vías de ingreso por medio de cambios conformacionales de las membranas celulares, impidiendo el ingreso del fármaco (23)

3.5.3.2 Porinas de membranas.

Es un mecanismo de respuesta inespecífico bacteriano. Debido a que las porinas son proteínas de membrana que determinan la permeabilidad de la membrana por medio de canales hídricos, facilitan el transporte pasivo de moléculas hidrofílica fuera de la célula. Permitiendo la eliminación de un alto número de moléculas. Con esto incapacita al antibiótico para ingresar a la célula reduciendo la acción del fármaco a nivel celular. (17)

3.5.3.3 Bombas de expulsión.

Las bombas de expulsión son complejos proteínicos localizados en la envoltura celular que promueven la salida de sustancias hacia el exterior de la célula. Estos sistemas cumplen una función imperativa en el mantenimiento del metabolismo y en la regulación celular, teniendo la propiedad de movilizar hacia el exterior una amplia variedad de sustratos, incluyendo antibióticos, lo que impide obtener concentraciones óptimas para su acción, generando resistencia antibiótica. Algunas otorgan selectividad específica a un tipo de sustancias o drogas y otras a varias simultáneamente. (24)

3.5.3.4 Enzimas inactivantes.

La pared celular es una de las principales barreras para mantener el ambiente interno de las células, por lo que es imperativo generar mecanismos que impidan la destrucción de esa barrera. Las bacterias producen enzimas que impiden la acción de antibióticos sobre esa barrera. En este grupo de enzimas se encuentran las β -lactamasas de espectro extendido (BLEE). Enzima que se subdivide en 4 clases según su estructura molecular y homología secuencial: en clase A; B; C; D. Las enzimas de clase A son del tipo penicilinasas y carbapenemasas, de clase B metalo- β -lactamasas, de clase C corresponde a cefalosporinas y las de clase D son oxacilinas. (25)

3.5.4 Mecanismos de resistencia a nivel intracelular.

El potencial redox, conocidos como procesos redox, son usados por las bacterias que utilizan el potencial de óxido-reducción como mecanismo de evasión del efecto antimicrobiano, como ocurre con la oxidación de la tetraciclina por la enzima TetX presente en *Streptomyces virginiae*. (26)

3.5.4.1 Sistemas de Protección Ribosomal.

Múltiples clases de antibióticos actúan inhibiendo la síntesis de proteínas bacterianas, sin embargo, las bacterias han desarrollado mecanismos evasivos de la acción de los antibióticos por medio de proteínas de protección ribosomal (RPPs, Ribosomal Protection Protein). Protegen a los ribosomas desplazando a los antibióticos por sistemas conjuntos con bombas de expulsión (27).

3.5.4.2 Modificación del sitio activo:

Este mecanismo se basa en la capacidad del microorganismo para promover modificaciones en sus receptores de membrana. Los cuales son diana terapéutica para los antibióticos. Ocurren modificaciones genéticas que codifica el receptor del antibiótico, por ejemplo, las alteraciones en las PBP de *Streptococcus Pneumoniae* que le confiere resistencia a penicilina e incluso a ceftriaxona; la agregación de genes que modifican los blancos principales, como PBP2' en *Staphylococcus spp.* metilina resistentes o el dihidrofolato reductasa alternativa en las cepas resistentes a trimetoprim. La resistencia antibiótica se genera por mutación generando aumento en la capacidad de inactivar o destruir la droga y producción de un antagonista de la droga. (28)

3.5.4.3 Modificación genética.

Se debe considerar que las características genéticas de las bacterias favorecen el desarrollo de resistencia, ellas tienen un único cromosoma de modo que cualquier alteración en la hebra del DNA puede inducir cambios en su comportamiento. El genoma bacteriano tiene plasticidad, varía entre la estabilidad e inestabilidad, permitiéndole adaptación, protección de infecciones por fagos, capacidad de sobrevivencia y resistencia a antimicrobianos.

Los mecanismos de resistencia microbiana están estrechamente ligados a la regulación génica, adaptando toda función asociada a la evasión de los efectos antibióticos, sin embargo, con el fin de dar un orden estructural y fisiológico a la resistencia a este nivel, se han agrupado estos procesos en tres categorías: mutación del gen, activación de genes reguladores específicos y de transcripción global.

3.5.4.4. Mutaciones del gen.

Las mutaciones genéticas pueden conferir protección de los efectos producidos por los antibióticos; como ejemplo se puede citar a enzimas intranucleares como la DNA girasa y la topoisomerasa IV, que forman parte del ADN y las cuales presentan varias mutaciones para no ser dañadas por fármacos como las quinolonas. Un ejemplo puede ser las variaciones en la DNA topoisomerasa donde podemos encontrar varios subtipos que le concede a la *Coxiella burnetii* resistencia a los efectos de las quinolonas. (29)

3.5.4.5. Regulación de la transcripción.

Las modificaciones del DNA también pueden modular la característica de impermeabilidad de las membranas, alterando la expresión de porinas o bombas de expulsión, proveyendo de resistencia ya sea por mutaciones específicas como al inhibir la expresión de un gen. La regulación de la multiresistencia provista por el operón MarA o gen RamA, Sox Srob, es una de las principales que controlan resistencia a múltiples compuestos estructuralmente no relacionados, incluido antibióticos, desinfectantes y solventes orgánicos. (30)

3..5.4.5 Transcripción global.

Es importante considerar entre los mecanismos de resistencias a todos los niveles moleculares, la transferencia de genes proveedores de resistencia antibiótica mediada por componentes extrínsecos, que son transmitidos entre diferentes especies de microorganismos. Podemos encontrar microestructuras compactas llamadas plásmidos las cuales llevan en su interior material genético que al incorporarse a la estructura genómica de población bacteriana receptora le provee de mecanismos transcritores que fortalecen su respuesta hacia diferentes tipos de fármacos antimicrobianos. Otro elemento móvil de diseminación a considerar son los transposones o genes saltarines que pueden moverse de posición dentro de un genoma, facilitando la transferencia de genes de resistencia entre especies (31)

3.6 Antibiograma

El análisis fenotípico in vitro (antibiograma) es el estudio de laboratorio que nos da a conocer cuál es la reacción de los microorganismos en presencia de un antibiótico. Que a través de la obtención de inóculos de una muestra, los cuales son colocadas en una placa de antibiograma, que una vez procesada, nos dará resultados cualitativos o cuantitativos de la población microbiana a estudiar. Para la interpretación clínica del antibiograma debemos hacer la diferencia en tres categorías: sensibles, intermedios o resistentes. Eso proporciona datos importantes sobre el comportamiento local de los microorganismos hacia los antibióticos disponibles. (32, 33)

4. Método

El estudio realizado es de tipo observacional. Retrospectivo y descriptivo realizado en el Hospital Básico IESS Durán en las áreas de consulta externa, hospitalización y emergencia, donde se recaba un total de 9781 muestras, provenientes de cultivos de orina, secreciones faríngeas, pie diabético, excreciones oculares, herida de abdominal postcirugía, semen y secreciones mucoides del tracto respiratorio superior, de los cuales se descartaron cultivos negativos, pacientes que no entren en el rango de 40- 80 años, o que la muestra sea insuficiente. Dejando un total de 860 pacientes para el estudio a fin. La información fue recaba del servicio de microbiología del hospital por medio del programa Datalab TS y tabulado por medio de hoja de cálculo en Excel 2019.

La información recabada incluye área del hospital que remitió la orden de examen como lo son el servicio de emergencia, hospitalización y la cartera de servicio de consulta

externa que entre en la edad establecida para el estudio, edad del paciente, numero de historia clínica, tipo de muestra, agente microbiano cultivado y el antibiograma. Toda esta esta información fue ingresa como base de dato para la tabulación de la información.

4.1 Criterios y procedimientos de selección de la muestra

La muestra de pacientes está en relación con la edad, que presente antibiograma positivo, y que sean atendidos en el Hospital Básico IESS Duran en el periodo 2018.2019, siendo un total de 9781 pruebas realizadas, siendo 860 pruebas que dieron positivo y que entren con la edad establecida para el estudio, este número de paciente representa el 8.8% del total de muestras realizadas en este periodo. Los criterios para el estudio fueron pacientes de 40 a 80, que presenten cultivo de antibiograma positivo, que hubieran sido atendido en el Hospital Básico IESS Durán en el periodo de 2018-2019.

Los criterios de exclusión establecidos fueron pacientes que presenten menos de 40 y mayores de 80 años, que no tengan cultivo de antibiograma positivo, que no entren en el intervalo de tiempo de 2018-2019, que la muestra sea insuficiente para el estudio de cultivo.

4.2 Variables

Las variables que se incluyen en este estudio van en relación con que presente un estudio de antibiograma de muestras obtenidas de los pacientes atendidos en el Hospital Básico IESS Durán en el periodo 2018-2019 y que cumplan con el rango de edad de 40- 80 años.

- **Edad:** número de años cumplidos al momento de tomar la muestra
- **Sexo:** rasgos y peculiaridades que caracterizan a los individuos de una especie en femenino y masculino
- **Microorganismo bacteriano:** patógeno capaz de provocar infecciones al huésped
- **Resistencia bacteriana:** facultativo que presentan las bacterias a general medios de sobrevivida a los efectos de los antibióticos o biocidas empleados en los tratamientos infecciosos.
- **Tipo de muestra:** material de cultivo microbiológico para investigación
- **Área hospitalaria:** divisiones encargadas de la atención de salud en el hospital

4.3 Operacionalización de las variables

Tabla 1. Operacionalización de las variables.

MATRIZ DE VARIABLES						
VARIABLES DE ESTUDIO		TIPO	ESCALA	INDICADOR	FUENTE DE VERIFICACIÓN	CODIFICACION
VARIABLE DE INTERÉS	RESISTENCIA BACTERIANA	CUALITATIVA	NOMINAL DICOTONICA	SENSIBLE	RESULTADO DE ANTIBIOGRAMA	SENSIBLE(S)
				RESISTENTE		RESISTENTE (R)
VARIABLE DE CARACTERIZACIÓN	EDAD	CUANTITATIVA DISCRETA	RAZÓN	AÑOS CUMPLIDOS AL MOMENTO DE LA TOMA	SISTEMA DEL ÁREA DE MICROBIOLOGÍA "DATALAB"	NÚMERO DE AÑOS
	GÉNERO	CUALITATIVA	NOMINAL DICOTOMICA	FEMENINO	HISTORIA CLÍNICA	FEMENINO
				MASCULINO		MASCULINO
	ÁREA HOSPITALARIA	CUALITATIVA	NOMINAL POLITOMICA	CIRUGÍA GENERAL	REPORTE DE EXAMEN	CIRUGÍA GENERAL
				CIRUGÍA VASCULAR		CIRUGÍA VASCULAR
				UROLOGÍA		UROLOGÍA
				GINECOLOGÍA		GINECOLOGÍA
				MEDICINA INTERNA		MEDICINA INTERNA
				MEDICINA GENERAL		MEDICINA GENERAL
				NEFROLOGÍA		NEFROLOGÍA
				OFTALMOLOGÍA		OFTALMOLOGÍA
				GASTROENTEROLOGÍA		GASTROENTEROLOGÍA
				NEFROLOGÍA		NEFROLOGÍA
				MEDICINA FAMILIAR		MEDICINA FAMILIAR
				ENDOCRINOLOGÍA		ENDOCRINOLOGÍA
NEUMOLOGÍA				NEUMOLOGÍA		
NEUROLOGÍA	NEUROLOGÍA					
HOSPITALIZACIÓN	HOSPITALIZACIÓN					

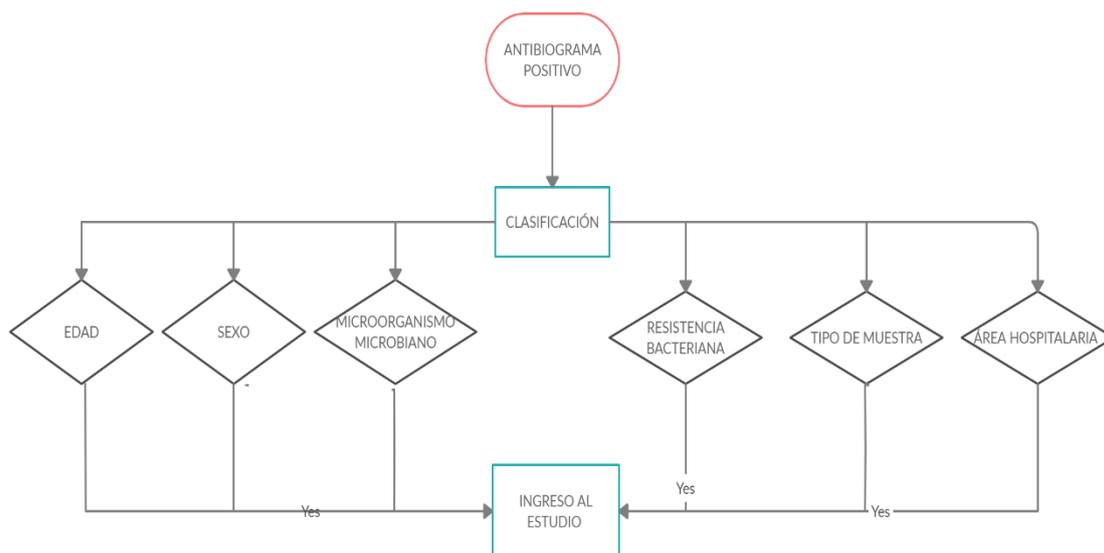


Figura. Flujograma de variables. 1Fuente: Carrillo R, Esparza D. 2020

5. Descripción y resultados

En nuestra investigación de acuerdo a la metodología empleada para la recolección de la información proporcionado por el servicio de microbiología del hospital básico IESS Durán se van a analizar los datos cuantitativos en frecuencia y promedio, de los cultivos realizados en el periodo del 2018 al 2019, de las áreas de hospitalización, consulta externa en lo refiere al servicio de urología, ginecología, medicina interna, nefrología, cirugía general, cirugía vascular, medicina general, medicina familiar, oftalmología, gastroenterología y dispensarios anexos; y el área de emergencia, para lo cual se recabaron un total de 8976 muestras que se tomaron en los respectivos períodos.

Se excluyeron pacientes que no cumplían con el rango edad, que no presentaron antibiograma positivo, que la muestra fue insuficiente para el cultivo, dejando un total de 860 pacientes que cumplen con los criterios de inclusión, para el estudio según el sexo tenemos 628 pacientes femeninos distribuidos en 288 en el año 2018 y 340 en el 2019 y un total de 232 pacientes masculinos distribuidos en 107 y 125 respectivamente, siendo el sexo femenino el de mayor prevalencia en el total de los casos.(tabl 1) .

Se analizan los datos por medio del programa Excel encontrándose

Tabla 2. Género de los pacientes.

SEXO	N DE CASOS	PORCENTAJE
FEMENINO	628	73%
MASCULINO	232	27%
TOTAL	860	

Table 1Fuente: Carrillo R, Esparza D. IESS "Duran", 2018-2019.

Nota: Los datos pertenecen a 860 pacientes que ha recibido atención en las áreas de consulta externa, hospitalización y emergencia.

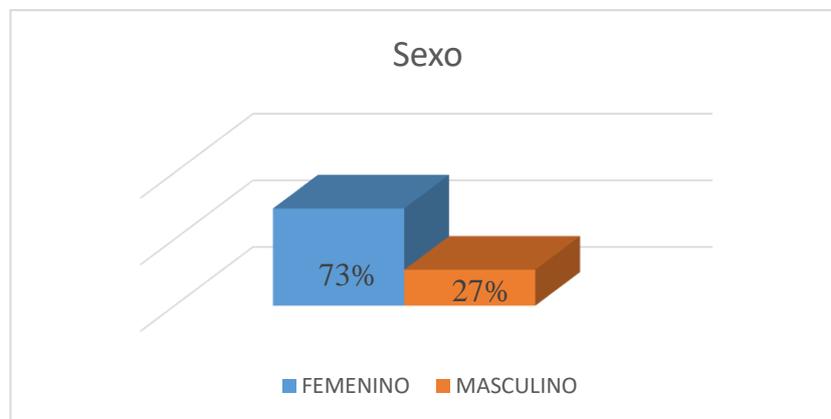


Figura 2. Género de los pacientes. Fuente: Carrillo R, Esparza D. IESS "Duran", 2018-2019.

5.1 Primer objetivo específico

5.1.2. Determinar los microorganismos más frecuentes de acuerdo con el área hospitalaria.

El hospital cuenta con tres áreas para el servicio de atención de la salud, que son consulta externa, emergencia y hospitalización, para efecto de nuestra investigación el área de consulta externa cuenta con las especialidades de cardiología, urología, ginecología, medicina general, medicina interna, medicina domiciliaria, neumología, neurología, nefrología, gastroenterología, endocrinología, traumatología, medicina del personal, cirugía vascular, áreas que fueron ingresadas al estudio con pacientes que cumplan con los criterios de inclusión.

Tabla 3. Área de consulta externa en relación con agente microbiano más frecuentes.

CONSULTA EXTERNA	N de casos	PORCENTAJE DE PRESENTACION
ESCHERICHIA COLI	416	54,24%
KLEBSIELLA PNEUMONIAE SSP PNEUMONIAE	62	8,08%
COAGULASE NEGATIVE STAPHYLOCOCCUS	31	4,04%
ENTEROCOCCUS FAECALIS	28	3,65%
PROTEUS MIRABILIS	26	3,39%
ACINETOBACTER BAUMANNII	23	3,00%
STAPHYLOCOCCUS AUREUS	22	2,87%
KLEBSIELLA PNEUMONIAE	17	2,22%
MORGANELLA MORGANII SSP MORGANII	15	1,96%
CITROBACTER FREUNDII	13	1,69%
STREPTOCOCCUS AGALACTIAE	13	1,69%
STAPHYLOCOCCUS HAEMOLYTICUS	12	1,56%
ENTEROBACTER AEROGENES	9	1,17%
ENTEROBACTER CLOACAE	9	1,17%
ESCHERICHIA COLI CEPA PRODUCTORA DE BLEE	6	0,78%
PSEUDOMONA AURIGONASA	6	0,78%
ENTEROBACTER CLOACAE SSP CLOACAE	6	0,78%
BACILOS ÁCIDO-ALCOHOL RESISTENTES	6	0,78%
ENTEROBACTER CLOACAE COMPLEX	4	0,52%
PROVIDENCIA RETTGERI	4	0,52%
STAPHYLOCOCCUS EPIDERMIDIS	4	0,52%
CANDIDA ALBICANS	4	0,52%
STAPHYLOCOCCUS SAPROPHYTICUS	3	0,39%
KLEBSIELLA OXYTOCA	2	0,26%
ACINETOBACTER BAUMANNII COMPLEX	2	0,26%
CRITOBACTER KOSERI	2	0,26%
ACINETOBACTER JUNII	2	0,26%
PROTEUS MIRABILIS	2	0,26%
STREPTOCOCCUS AGALACTIAE (GRUPO B)	2	0,26%
MORGANELLA NORGANII	2	0,26%
STAPHYLOCOCCUS AGALACTIAE	1	0,13%
KLEBSIELLA PNEUMONIAE SSP OZAENAE	1	0,13%
MRS	1	0,13%
ACINETOBACTER IWOFFII	1	0,13%
PROTEUS SPP.	1	0,13%
PROVIDENCIA STUARTII	1	0,13%
CRITOBACTER FREUNDII	1	0,13%
CITROBACTER KOSERI	1	0,13%
ENTEROCOCCUS FAECIUM	1	0,13%
PSEUDOMONA STUTZERI	1	0,13%
PROTEUS PENNERI	1	0,13%
PSEUDOMONAS PUTIVA	1	0,13%

SERRATIA MARCESCENS	1	0,13%
KLEBSIELLA PNEUMONIAE CEPA PRODUCTORA DE BLEE	1	0,13%
Total general	767	100,00%

Table 2 Fuente: Carrillo R, Esparza D. IESS "Duran", 2018-2019.

Nota: Los datos pertenecen a 860 pacientes perteneciente al área de consulta externa en relación con agente microbiano más frecuentes.

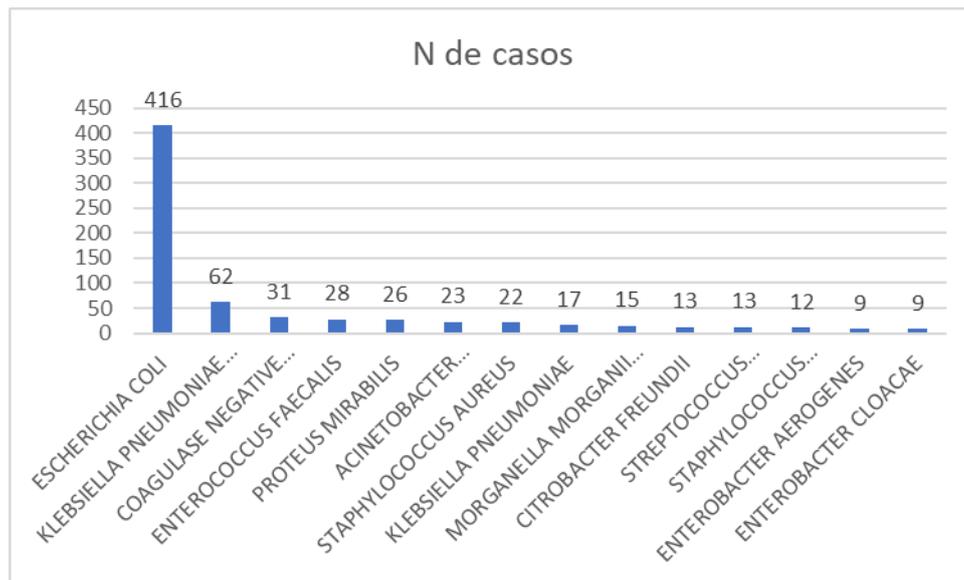


Figure 3 Fuente: Carrillo R, Esparza D. IESS "Duran", 2018-2019.

Figura 3. Área de consulta externa en relación con agente microbiano más frecuentes.

El área de consulta externa se lograron cultivar un número de 44 agentes microbianos; el microorganismo más frecuente (fig. 1), se identificó en primer lugar a la Escherichia coli con un total de 416 casos, en segundo lugar encontramos a la Klebsiella pneumoniae Ssp pneumoniae con un total de 62 casos, tercer ubicado esta Staphylococcus coagulase negativa con un total de 31 casos y el Enterococcus faecalis con un total de 28 casos se encuentra en el cuarto lugar, los demás microorganismos se encuentran detallado en la tabla 2.

Tabla 4. Área de emergencia en relación con agente microbiano más frecuentes.

EMERGENCIA	N DE CASOS	PORCENTAJE DE PRESENTACIÓN
ESCHERICHIA COLI	29	45,31%
STAPHYLOCOCCUS AUREUS	6	9,38%
KLEBSIELLA PNEUMONIAE SSP PNEUMONIAE	6	9,38%
PROTEUS MIRABILIS	4	6,25%
ESCHERICHIA COLI CEPA PRODUCTORA DE BLEE	3	4,69%
PSEUDOMONA AURIGONASA	2	3,13%
MORGANELLA MORGANII SSP MORGANII	2	3,13%
COAGULASE NEGATIVE STAPHYLOCOCCUS	2	3,13%
CITROBACTER KOSERI	1	1,56%
ENTEROBACTER CLOACAE SSP CLOACAE	1	1,56%
CANDIDA GLABRAT	1	1,56%
ACINETOBACTER BAUMANNIICOMPLEX	1	1,56%
MORGANELLA NORGANII	1	1,56%
ENTEROBACTER CLOACAE COMPLEX	1	1,56%
ACINETOBACTER BAUMANNII	1	1,56%
CRITOBACTER FREUNDII	1	1,56%
KLEBSIELLA PNEUMONIAE	1	1,56%
KLEBSIELLA PNEUMONIAE SSP OZAENAE	1	1,56%
Total general	64	100,00%

Table 3Fuente: Carrillo R, Esparza D. IESS "Duran", 2018-2019.

Nota: Los datos pertenecen a 860 pacientes perteneciente al área de emergencia en relación con agente microbiano más frecuentes.

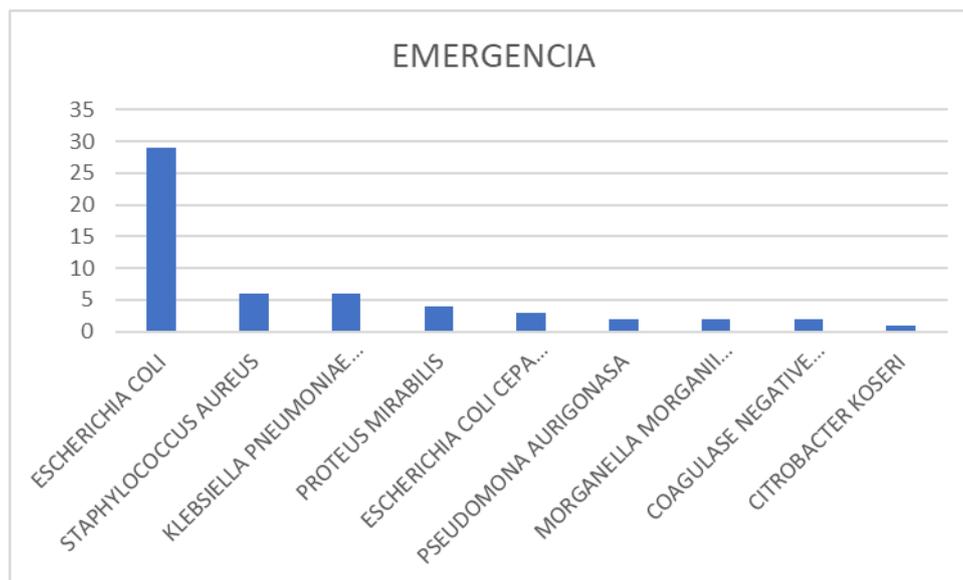


Figure 4Fuente: Carrillo R, Esparza D. IESS "Duran", 2018-2019.

Figura 4.Área de emergencia en relación con agente microbiano más frecuentes.

El área de emergencia del hospital cuenta con dos servicios, el triage y observación. El número de nuestras reportadas fueron en un total de 64 que lo podemos observar en la (tabla 3); el agente más frecuente es la Escherichia Coli en un total de 29 cultivos, seguido por la Klebsiella Pneumoniae Ssp Pneumoniae y el Staphylococcus Aureus con 6 cultivos cada uno y el Proteus Mirabilis en numero de 4 representados en la fig.2.

Tabla 5.Área de hospitalización en relación con agente microbiano más frecuentes.

HOSPITALIZACION	N DE CASOS	PORCENTAJE DE PRESENTACIÓN
ESCHERICHIA COLI	10	34,48%
ENTEROCOCCUS FAECALIS	3	10,34%
STAPHYLOCOCCUS AUREUS	2	6,90%
ESCHERICHIA COLI CEPA PRODUCTORA DE BLEE	2	6,90%
CITROBACTER FREUNDII	2	6,90%
PROTEUS MIRABILIS	2	6,90%
STREPTOCOCCUS AGALACTIAE	2	6,90%
KLEBSIELLA PNEUMONIAE SSP PNEUMONIAE	2	6,90%
PSEUDOMONA AURIGONASA	1	3,45%
COAGULASE NEGATIVE STAPHYLOCOCCUS	1	3,45%
SERRATIA MARCESCENS	1	3,45%
ENTEROBACTER CLOACAE	1	3,45%
Total general	29	100,00%

Table 4Fuente: Carrillo R, Esparza D. IESS "Duran", 2018-2019.

Nota: Los datos pertenecen a 860 pacientes perteneciente al área de hospitalización en relación con agente microbiano más frecuentes.

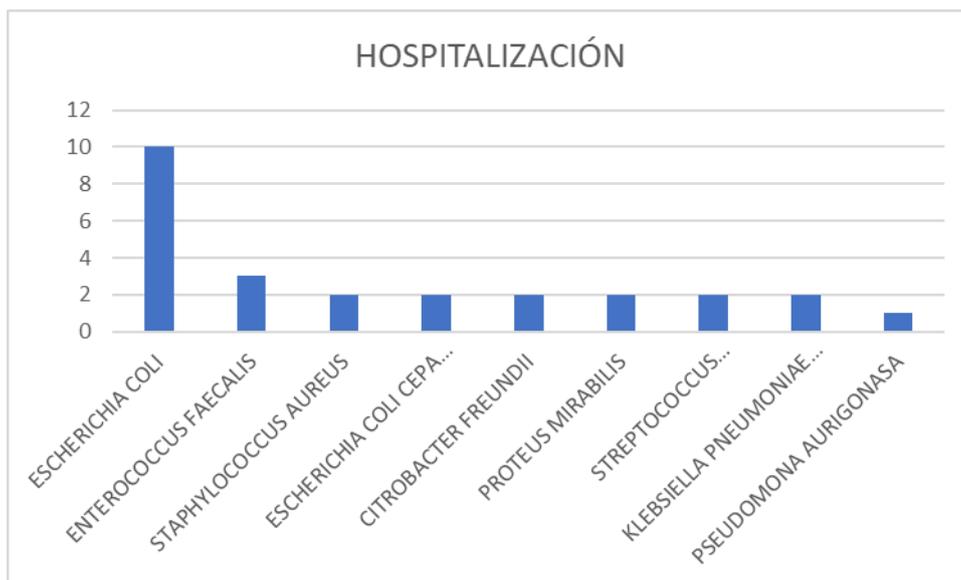


Figure 5 Fuente: Carrillo R, Esparza D. IESS "Duran", 2018-2019.

Figura 5. Área de hospitalización en relación con agente microbiano más frecuentes.

El área de hospitalización se reportaron un total de 29 cultivos en el periodo 2018 al 2019 tabla 4, el agente microbiano más frecuente fue la Escherichia Coli con un total de 10 casos reportados, seguido por el Enterococcus Faecalis en un total de 3 casos, citrobacter freundii, Escherichia Coli Productora de BLEE y la Klebsiella Pneumoniae Ssp Pneumoniae cada una con 2 casos fueron reportados en este periodo. Se puede evidenciar los demás agentes mediante la figura 3.

5.2 Segundo objetivo específico

5.2.1 Describir los perfiles de resistencia antimicrobiana

El agente microbiano más frecuente aislado fue Escherichia Coli, con 455 pacientes(52,9%); seguido por el Klebsiella Pneumoniae Ssp Pneumoniae con 70 pacientes(8,14%), Staphylococcus Coagulase negativo con 70(8,13%); Proteus Mirabilis con 34 pacientes(3,9%), Enterococcus Faecalis con 31 pacientes(3.6%), Staphylococcus Aureus con 30(3.4%), Acinetobacter Baumannii con 24 (2.79%), Klebsiella Pneumoniae con 18(2.09%), Morganella Morganii Ssp morganii con 17(1.97%), Citrobacter Freundii con 17(1.97%), Streptococcus Agalactiae con 15(1.74%), Staphylococcus Haemolyticus con 12(1.39%), Escherichia Coli Cepa Productora de Blee con 11(1.27%), Enterobacter Cloacae con 10(1.16%), Enterobacter Aerogenes con 9(1.04%), Pseudomona Aeruginosa con 9(1.04%), Enterobacter Cloacae Ssp Cloacae con 7(0.8%), Bacilo Ácido Alcohol Resistente con 6(0.69%), Enterobacter Cloacae Complex con 5(0.58%), Candida

Albicans con 4(0.46%), Citrobacter Koseri con 4(0.46%), Providencia Rettgeri con 4(0.46%), Staphylococcus Epidermidis con 4(0.46%), Morganella Morganii con 3(0.34%), Staphylococcus Saprophyticus 3(0.34%), Acinetobacter Baumannii Complex con 3(0.34%), Klebsiella Oxytoca con 2(0.23%), Klebsiella Pneumoniae Ssp Ozaenae con 2(0.23%), Streptococcus Agalactiae del grupo B con 2(0.23%), Acinetobacter Junii con 2(0.23%), Serratia Marcescens con 2(0.23%), Acinetobacter iwoffii con 1(0.11%), Candida Glabrata con 1(0.11%), Klebsiella Pneumoniae Cepa Productora de Blee con 1(0.11%), MRSA con 1 (0.11%), Proteus Penneri con 1 (0.11%), Proteus Spp con 1(0.11%), Pseudomona Stutzeri con 1 (0,11%), Staphylococcus Agalactiae con 1(0.11%), Enterococcus Faecium con 1(0.11%), Providencia Stuartii con 1(0.11%) y Pseudomona Putida con 1(0.11%). Reflejados en la tabla de frecuencia y resistencia bacteriana.

En lo que respecta en resistencia ante los antimicrobianos tenemos del total de 455 de acuerdo al orden de frecuencia tenemos a la Escherichia Coli que presentó 47% de resistencia a ampicilina, ampicilina + sulbactam en 41,97%, cefepima en 29.4%, ciprofloxacina en 60.88%, trimetoprim en 30.99% y 29.45% dieron positivo para BLEE.

La Klebsiella Pneumoniae SSP Pneumoniae presenta del total de 70 cultivos, 58,47% para la ampicilina, 38,57% para la ampicilina más sulbactam, cefepima en 44.28%, ceftazidima y ciprofloxacina en un 47%, ceftriaxona en un 45,71%, trimetoprim y cefalotina 21.42% y dieron positivo 40% para BLEE.

La Staphylococcus Coagulase negativo presenta 61.76% para la ciprofloxacina, 50% para levofloxacina, 70.58% para oxacilina, 17.64% para trimetoprim, 11.76% para gentamicina, 20,58% para tetraciclina, 17.64% para eritromicina.

El Proteus Mirabilis presenta 41,17% para nitrofurantoina, 38.23% para ciprofloxacina, 35.29% para trimetoprim, 32.35% para ampicilina, 29.41% para cefepima-ceftazidima y ceftriaxona, 20.58% para cefalotina, 17.65% para ampicilina+sulbactam. fosfomicina, norfloxacina, cefotaxima y cefuroxima.

La Enterococcus Faecalis presenta 38.70% para gentamicina, 35.48% para tetraciclina, 29.03% para ciprofloxacina, 22.58% para levofloxacina, 9.68% para nitrofurantoína y 3.22% para ampicilina, trimetoprim, eritromicina y linezolid.

El Staphylococcus Aureus presenta 100% de resistencia a clindamicina, 60% para oxifloxacina, 33.33% para ciprofloxacina, 20% para eritromicina, 6.67% para

levofloxacin. ampicilina + sulbactam, tetraciclina y vancomicina y en conjunto para la amikacina, gentamicina, trimetoprim, linezolid, ceftazidima, ceftriaxona representa el 3.33% cada uno.

La *Acinetobacter Baumannii* presentó 33.33% a la fosfomicina, 29.16% para ampicilina+sulbactam, 12.5% para gentamicina, trimetoprim, cefepima, meropenem, 8.33% para ampicilina, cefotaxima, ceftazidima, ciprofloxacina, nitrofurantoína y cefuroxima, 4.16% para ceftazidima, ceftriaxona, cefuroxima y norfloxacina.

La *Klebsiella Pneumoniae* presenta 44.44% para ampicilina, 33% a ampicilina + sulbactam, cefepima, ceftazidima, ceftriaxona y presentó BLEE positivo; 27.77% para ciprofloxacina, 16.67% para gentamicina, 11,11% para amoxicilina+ac. clavulánico, trimetoprim, fosfomicina, cefalotina, cefotaxima, cefuroxima,

La *Morganella morganii Ssp morganii* presenta 58.82 para ciprofloxacina, 52.94% para ampicilina + sulbactam, 47.05% para ampicilina y cefalexina; 41.17% para nitrofurantoína y fosfomicina; 35,29% para trimetoprima, cefuroxima; 17.65% para gentamicina y imipenem; 11.76% para cefepima, norfloxacina, ceftazidima y ceftriaxona; 5.88% para piperacilina.

Para la *Citrobacter Freundii* para la ciprofloxacina 47.06%, para la cefalotina y cefuroxima; para gentamicina, trimetoprima, cefoxitina en un 29,41%; nitrofurantoína, ceftazidima y ceftriaxona en un 23, 52% respectivamente; norfloxacina en un 17.64%; para cefepima, cefotaxima y levofloxacin con un 11.76%, para amikacina, ampicilina y el meropenem con un 5.88%.

El *Streptococcus Agalactiae* presenta 20% para levofloxacin y tetraciclina; 11.76% para moxifloxacino y 5.88% para clindamicina.

El *Staphylococcus Haemolyticus* presentan 66.67% para ciprofloxacina, oxacilina y levofloxacin; 41.66% para trimetoprim, 33.33% para tetraciclina y eritromicina; 25% para gentamicina; 16.67% para moxifloxacino.

La *Escherichia Coli* productora de BLEE presentó: 100% para ceftazidima, ceftriaxona, ciprofloxacina; 72.72% para cefepima; 54.54% para ampicilina; 45.45% para amoxicilina, norfloxacina, levofloxacin; 36.36% para cefuroxima; 27.27% para ampicilina + sulbactam, trimetoprim y gentamicina; 18.18% ácido nalidíxico, cefazolina más ceftizoxima presentan 9.09%. presentaron 81.81% positividad para BLEE.

La *Enterobacter Cloacae* presenta: 50% para ciprofloxacina; 40% para cefuroxima; 30% para cefalotina, 20% para ceftaxima y trimetoprim; 10% para gentamicina, norfloxacina, ceftriaxona y levofloxacina.

Con respecto al *Enterobacter Aerogenes* presenta: 44.44% para ceftaxima; 22.22% trimetoprim sulfametoxazol, cefalotina y cefuroxima; 11.11% para fosfomicina, ciprofloxacina y levofloxacina.

La *Pseudomonas Aeruginosa* presentó: 44.44% para fosfomicina, ceftaxima y ceftriaxona; 33.33% para ciprofloxacina, norfloxacina; 22.22% para ampicilina, ampicilina + sulbactam, trimetoprim + sulfametoxazol y cefuroxima; 11.11% para amikacina, ceftazidima y nitrofurantoína.

Para la *Enterobacter Cloacae Ssp Cloacae* presenta 28.57% para ceftaxima; para la *Enterobacter Cloacae Complex* presento: 80% para cefuroxima, 60% para cefalotina, 40% para fosfomicina y ciprofloxacina; y 20% para gentamicina, nitrofurantoína y ceftriaxona.

Para el *Providencia Rettgeri* presentó 50% de resistencia a ampicilina, ampicilina + sulbactam, cefalotina y a la ciprofloxacina; 25% para gentamicina, trimetoprim + sulfametoxazol y para norfloxacina; el *Staphylococcus Epidermidis* presentó 75% para oxacilina, 50% para trimetoprim + sulfametoxazol, y 25% para gentamicina y tetraciclina; para *Morganella morganii* presentó resistencia del 10% para la ampicilina+sulfametizol, y 33% para gentamicina, ampicilina, cefepima, ceftazidima, cefuroxima, ciprofloxacina y 33% presento BLEE positivo. Para el *Staphylococcus Saprophyticus* presentó 33.33% para ampicilina+sulbactam, cefepima, ceftazidima, ceftriaxona, ciprofloxacina y oxacilina. para el *Acinetobacter Baumannii Complex* presentó 66.66% para fosfomicina, 33.33% para ampicilina y cefuroxima; *Klebsiella Oxytoca* presentó resistencia para ampicilina, ciprofloxacina y levofloxacina en un 100%. La *Klebsiella Pneumoniae Ssp Ozaenae* presentó un caso de eritromicina y clindamicina de resistencia.

Para la *Serratia Marcescens* presentó resistencia gentamicina, trimetoprim, cefalotina, cefotaxima, ceftazidima, ceftriaxona, cefuroxima y intermedio para ciprofloxacina y meropenem. se presentó *Klebsiella Pneumoniae* cepa productora de Blee presentó resistencia a amoxicilina ac. clavulánico, ampicilina, cefepima, ceftazidima, ceftriaxona, cefuroxima, ciprofloxacina y al imipenem. *Proteus Penneri* para ampicilina + sulbactam, ciprofloxacina; *Proteus Spp* resistente a la ampicilina, cefepima, ceftazidima, ceftriaxona,

ciprofloxacina.; El *Staphylococcus Agalactiae* presentó resistencia a cefoxitina; La *Enterococcus Faecium* presento resistencia para ampicilina, ciprofloxacina, levofloxacina, tetraciclina; *Providencia Stuartii* presentó resistencia gentamicina, ampicilina, trimetoprim + sulfametoxazol, cefuroxima y ciprofloxacina; *Pseudomonas putida* presentó resistencia para ampicilina, ampicilina `sulbactam, trimetoprim sulfametoxazol, nitrofurantoína, fosfomicina, ceftriaxona, cefuroxima.

5.3 Tercer objetivo específico

5.3.1 Identificar los microorganismos de acuerdo con el tipo de muestra

Se realizaron 860 cultivos de los cuales 738 pertenecen a cultivo de orina, de secreciones de pie diabético con un total de 64 muestras y de esputo con un total de 16 muestras; para la orina los agentes antimicrobianos mas frecuente fueron la *Escherichia Coli*, seguida de la *Klebsiella neumonía Ssp Pneumoniae* y la *Enterococcus Faecalis*, con prevalencia a los microorganismos Gram negativos. Para la muestra de pie diabético encontramos con mayor frecuencia al *Staphylococcus Aureus*, el *Proteus Mirabilis* y la *Escherichia Coli* y para el cultivo de esputo tenemos al *Bacilo Acido-Alcohol resistente*, *Staphylococcus Aureus* y a la *Klebsiella Pneumoniae Ssp ozaenae* como las más frecuentes. Tabla 7.

Tabla 6. Agente más frecuente según en la muestra de orina.

ORINA

AGENTE MICROBIANO	N DE CASOS	PORCENAJE DE PRESENTACIÓN
ESCHERICHIA COLI	440	59,62%
KLEBSIELLA PNEUMONIAE SSP PNEUMONIAE	59	7,99%
ENTEROCOCCUS FAECALIS	29	3,93%
COAGULASE NEGATIVE STAPHYLOCOCCUS	28	3,79%
ACINETOBACTER BAUMANNII	23	3,12%
PROTEUS MIRABILIS	21	2,85%
KLEBSIELLA PNEUMONIAE	17	2,30%
STREPTOCOCCUS AGALACTIAE	13	1,76%
MORGANELLA MORGANII SSP MORGANII	12	1,63%
CITROBACTER FREUNDII	11	1,49%
STAPHYLOCOCCUS AUREUS	10	1,36%
STAPHYLOCOCCUS HAEMOLYTICUS	9	1,22%
ESCHERICHIA COLI CEPA PRODUCTORA DE BLEE	9	1,22%
ENTEROBACTER AEROGENES	8	1,08%

ENTEROBACTER CLOACAE SSP CLOACAE	6	0,81%
ENTEROBACTER CLOACAE	5	0,68%
PSEUDOMONA AURIGONASA	4	0,54%
STAPHYLOCOCCUS SAPROPHYTICUS	3	0,41%
ENTEROBACTER CLOACAE COMPLEX	3	0,41%
STAPHYLOCOCCUS EPIDERMIDIS	3	0,41%
PROVIDENCIA RETTGERI	3	0,41%
MORGANELLA NORGANII	2	0,27%
ACINETOBACTER BAUMANNII COMPLEX	2	0,27%
STREPTOCOCCUS AGALACTIAE (GRUPO B)	2	0,27%
ACINETOBACTER JUNII	2	0,27%
CITROBACTER KOSERI	2	0,27%
CRITOBACTER FREUNDII	2	0,27%
CRITOBACTER KOSERI	2	0,27%
ENTEROCOCCUS FAECIUM	1	0,14%
PROTEUS MIRABILIS	1	0,14%
KLEBSIELLA PNEUMONIAE CEPA PRODUCTORA DE BLEE	1	0,14%
STAPHYLOCOCCUS AGALACTIAE	1	0,14%
ACINETOBACTER IWOFFII	1	0,14%
CANDIDA ALBICANS	1	0,14%
PSEUDOMONA STUTZERI	1	0,14%
MRS	1	0,14%
Total general	738	100,00%

Table 5 Fuente: Carrillo R, Esparza D. IESS "Duran", 2018-2019.

Nota: Los datos pertenecen a los 860 pacientes de los agentes más frecuentes según en la muestra de orina.

PIE DIABÉTICO

AGENTE MICROBIANO	N DE CASOS	PORCENTAJE DE PRESENTACIÓN
STAPHYLOCOCCUS AUREUS	12	18,75%
PROTEUS MIRABILIS	11	17,19%
ESCHERICHIA COLI	8	12,50%
KLEBSIELLA PNEUMONIAE SSP PNEUMONIAE	6	9,38%
MORGANELLA MORGANII SSP MORGANII	5	7,81%
COAGULASE NEGATIVE STAPHYLOCOCCUS	3	4,69%
ENTEROCOCCUS FAECALIS	2	3,13%
PSEUDOMONA AURIGONASA	2	3,13%
ENTEROBACTER CLOACAE	2	3,13%
PROVIDENCIA RETTGERI	1	1,56%
PROTEUS PENNERI	1	1,56%
KLEBSIELLA PNEUMONIAE	1	1,56%
ACINETOBACTER BAUMANNII COMPLEX	1	1,56%
PROTEUS SPP.	1	1,56%
MORGANELLA NORGANII	1	1,56%

PROVIDENCIA STUARTII	1	1,56%
SERRATIA MARCESCENS	1	1,56%
CITROBACTER FREUNDII	1	1,56%
CANDIDA ALBICANS	1	1,56%
STREPTOCOCCUS AGALACTIAE	1	1,56%
ENTEROBACTER CLOACAE SSP CLOACAE	1	1,56%
PROTEUS MIRABILIS	1	1,56%
Total general	64	100,00%

Table 6 Fuente: Carrillo R, Esparza D. IESS "Duran", 2018-2019.

Nota: Los datos pertenecen a los 860 pacientes de los agentes más frecuentes según en la muestra de pie diabético.

ESPUTO

AGENTE MICROBIANO	N DE CASOS	PORCENTAJE DE PRESENTACIÓN
BACILOS ÁCIDO-ALCOHOL RESISTENTES	4	25,00%
STAPHYLOCOCCUS AUREUS	4	25,00%
KLEBSIELLA PNEUMONIAE SSP OZAENAE	2	12,50%
ENTEROBACTER CLOACAE	1	6,25%
KLEBSIELLA PNEUMONIAE SSP PNEUMONIAE	1	6,25%
PSEUDOMONA AURIGONASA	1	6,25%
CITROBACTER FREUNDII	1	6,25%
ENTEROBACTER CLOACAE COMPLEX	1	6,25%
KLEBSIELLA OXYTOCA	1	6,25%
Total general	16	100,00%

Table 7 Fuente: Carrillo R, Esparza D. IESS "Duran", 2018-2019.

Nota: los datos pertenecen a los 860 pacientes de los agentes mas frecuentes según en la muestra de esputo.

AGENTE MICROBIANO	# CASOS	AMIKAC	GENTA	AMPICI	AMPICILINA+	TRIMETROPIM	NITROFURA	FOSFO	CEFALO	CEFEP	NORFLO	CEFOTA	CEFTAZ	CEFTRI	CEFUR	CIPROFL	CEFOXIT	IMPEN	MEROP	CLINDAM	ERITROMI	LEVOFLO	LINEZOL	OXCACILI	TETRACI	VANCO	MOXIFL	GENTAMICIN		EXTRECTO	PIRERACILINA	RINFAPI	
		INA	MICINA	LINA	SULFACTAN	+SULFAMETAZ	NTOINA	MICINA	TINA	MA	XACINA	XIMA	DINA	AZONA	OXIME	OXACINA	NA	EM	ENEM	CINA	CINA	XACINA	INA	NA	CLINA	MICINA	OXACIN	A SINERGIA	BLEE	MICINA	+TAZOBACTA	NCINA	
		RESISTENTE																															
ESCHERICHIA COLI	220	0,5%	27,7%	77,3%	61,8%	62,7%	13,2%	5,0%	13,6%	32,3%	58,6%	29,5%	32,7%	32,3%	32,3%	66,4%	1,8%	0,5%	0,0%	0,0%	0,0%	4,5%	0,0%	0,5%	0,5%	0,5%	0,0%	0,0%	31,8%	0,0%	0,9%	0,0%	
KLEBSIELLA PNEUMONIAE SSP PNEUMONIAE	34	0,0%	35,3%	94,1%	52,9%	44,1%	32,4%	8,8%	44,1%	41,2%	29,4%	38,2%	41,2%	41,2%	41,2%	35,3%	2,9%	0,0%	11,8%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	35,3%	0,0%	2,9%	0,0%	
ENTEROCOCCUS FAECALIS	20	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	5,0%	5,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	20,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	5,0%	20,0%	5,0%	0,0%	35,0%	5,0%	0,0%	35,0%	0,0%	5,0%	0,0%	0,0%	
PROTEUS MIRABILIS	18	0,0%	33,3%	66,7%	33,3%	72,2%	83,3%	33,3%	38,9%	38,9%	33,3%	33,3%	38,9%	38,9%	33,3%	44,4%	0,0%	5,6%	5,6%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	
COAGULASE NEGATIVE STAPHYLOCOCCUS	14	0,0%	28,6%	0,0%	0,0%	35,7%	14,3%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	50,0%	0,0%	0,0%	0,0%	14,3%	21,4%	50,0%	0,0%	85,7%	35,7%	14,3%	21,4%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	14,3%	
STAPHYLOCOCCUS HAEMOLYTICUS	11	0,0%	27,3%	0,0%	0,0%	45,5%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	63,6%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	36,4%	63,6%	0,0%	63,6%	36,4%	0,0%	18,2%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	
ACINETOBACTER BAUMANNII	10	0,0%	20,0%	20,0%	40,0%	30,0%	20,0%	80,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	20,0%	50,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	
CITROBACTER FREUNDII	9	11,1%	33,3%	0,0%	0,0%	55,6%	44,4%	33,3%	77,8%	22,2%	33,3%	22,2%	33,3%	33,3%	77,8%	44,4%	22,2%	0,0%	11,1%	0,0%	0,0%	11,1%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	
MORGANELLA MORGANII SSP MORGANII	8	0,0%	12,5%	87,5%	75,0%	75,0%	87,5%	75,0%	87,5%	25,0%	25,0%	37,5%	25,0%	25,0%	75,0%	50,0%	0,0%	12,5%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	
STAPHYLOCOCCUS AUREUS	7	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	14,3%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	42,9%	28,6%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	
STREPTOCOCCUS AGALACTIAE	6	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	16,7%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	16,7%	0,0%	33,3%	0,0%	0,0%	33,3%	0,0%	33,3%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	
ENTEROBACTER CLOACAE	5	0,0%	20,0%	0,0%	0,0%	40,0%	0,0%	0,0%	60,0%	0,0%	20,0%	0,0%	0,0%	20,0%	0,0%	0,0%	40,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	
ENTEROBACTER CLOACAE COMPLEX	4	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	25,0%	50,0%	75,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	100,0%	25,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	
PSEUDOMONAS AERUGINOSA	4	25,0%	0,0%	50,0%	50,0%	50,0%	50,0%	100,0%	0,0%	0,0%	75,0%	100,0%	25,0%	100,0%	50,0%	75,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	
ACINETOBACTER BAUMANNII COMPLEX	3	0,0%	0,0%	33,3%	0,0%	0,0%	0,0%	66,7%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	33,3%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	
ENTEROBACTER AEROGENES	3	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	66,7%	0,0%	33,3%	66,7%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	66,7%	33,3%	33,3%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	
STAPHYLOCOCCUS EPIDERMIDIS	3	0,0%	33,3%	0,0%	0,0%	66,7%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	100,0%	33,3%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%		
KLEBSIELLA PNEUMONIAE	2	0,0%	0,0%	100,0%	100,0%	100,0%	50,0%	50,0%	100,0%	100,0%	50,0%	100,0%	100,0%	100,0%	100,0%	50,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	100,0%	0,0%	0,0%	
PROVIDENCIA RETTGERI	2	0,0%	0,0%	100,0%	50,0%	50,0%	100,0%	0,0%	100,0%	0,0%	50,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	50,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	
ACINETOBACTER JUNII	1	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	100,0%	100,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	
ENTEROCOCCUS FAECIUM	1	0,0%	0,0%	100,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	100,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	100,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	
ESCHERICHIA COLI CEPA PRODUCTORA DE BLEE	1	0,0%	100,0%	100,0%	100,0%	100,0%	0,0%	0,0%	0,0%	100,0%	0,0%	0,0%	100,0%	100,0%	0,0%	100,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	100,0%	0,0%	0,0%	0,0%
PROVIDENCIA STUARTII	1	0,0%	100,0%	100,0%	0,0%	100,0%	0,0%	0,0%	100,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	100,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	
PSEUDOMONAS PUTIVA	1	0,0%	0,0%	100,0%	100,0%	100,0%	100,0%	100,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	
CEPHEIDIA MADRIPPENSIS	1	0,0%	100,0%	0,0%	0,0%	100,0%	0,0%	0,0%	100,0%	100,0%	0,0%	100,0%	100,0%	100,0%	100,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	

Table 8 Fuente: Carrillo R, Esparza D. IESS "Duran", 2018-2019.

AGENTE MICROBIANO	# CASOS	AMOXICLIN	AMIKACI	GENTAMI	AMPICIL	AMPICILIN	TRIMETROP	NITROFUR	FOSFOMIC	CEFALOT	CEFEPIN	NORFLO	CEFTAZID	CEFTRIAZ	CEFUROXI	CIPROFLOXA	MEROPE	BLEE	IMPENE	LEVOFLOXA	PIPERACILINA-	OXYFLOXACI	TETRACICL	MOXIFLOXA	CEFOXITIN	GENTAMICINA DE	ERITROMI	OXACILI	VANCOMI	CLINDAMIC	DORIPEN	CEFAZOL	ACIDO	GREPFLOR		
		A+ AC	NA	CINA	INA	A+SULFAC	RIM+SULFA	ANTONINA	INA	INA	A	XACINA	IMA	ONA	ME	CINA	NEM		M	CINA	TAZOBACTON	NA	INA	CINA	A	ALTO NIVEL	CINA	NA	CINA	INA	EM	INA	NALIDIXICO	ACIN		
Resistencia																																				
ESCHERICHIA COLI	235	2%	0%	12%	19%	12%	1%	0%	0%	1%	27%	1%	29%	29%	0%	56%	1%	27%	0%	17%	2%	0%	0%	0%	1%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	1%	0%
KLEBSIELLA PNEUMONIAE SSP PNEUMONIAE	36	3%	6%	11%	25%	25%	0%	0%	0%	0%	47%	0%	53%	50%	0%	58%	6%	44%	3%	14%	8%	0%	3%	0%	6%	3%	0%	0%	0%	0%	0%	3%	0%	0%	0%	
STAPHYLOCOCCUS AUREUS	23	0%	4%	4%	4%	9%	0%	0%	0%	0%	4%	0%	4%	4%	0%	39%	0%	0%	0%	9%	0%	4%	0%	17%	0%	0%	26%	65%	9%	13%	0%	0%	0%	0%	0%	
COAGULASE NEGATIVE STAPHYLOCOCCUS	20	0%	5%	0%	0%	5%	5%	0%	0%	0%	0%	0%	5%	5%	0%	70%	0%	0%	0%	50%	0%	30%	10%	0%	0%	0%	15%	55%	0%	5%	0%	0%	0%	0%		
KLEBSIELLA PNEUMONIAE	16	13%	0%	13%	38%	25%	0%	0%	6%	0%	25%	0%	25%	25%	0%	25%	0%	25%	0%	6%	0%	0%	0%	6%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	6%	0%	
PROTEUS MIRABILIS	16	0%	0%	13%	13%	13%	0%	0%	0%	0%	38%	0%	44%	38%	0%	63%	0%	6%	44%	0%	13%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
ACINETOBACTER BAUMANNII	14	0%	0%	7%	0%	21%	0%	0%	0%	0%	7%	0%	7%	7%	0%	7%	0%	0%	0%	0%	21%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
ENTEROCOCCUS FAECALIS	11	0%	0%	0%	9%	0%	0%	18%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	45%	0%	0%	0%	27%	0%	0%	36%	0%	0%	55%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
ESCHERICHIA COLI CEPA PRODUCTORA DE BLEE	10	50%	0%	20%	50%	20%	20%	0%	0%	0%	70%	50%	100%	100%	40%	90%	0%	90%	0%	50%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	10%	20%	0%	0%	
MORGANELLA MORGANII SSP MORGANII	9	0%	0%	22%	11%	33%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	67%	0%	0%	22%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
STREPTOCOCCUS AGALACTIAE	9	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	11%	0%	0%	11%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
CITROBACTER FREUNDII	8	0%	0%	25%	13%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	13%	13%	0%	50%	0%	0%	0%	13%	0%	0%	0%	0%	38%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
ENTEROBACTER CLOACAE SSP CLOACAE	6	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	17%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
ENTEROBACTER CLOACAE	5	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	40%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
PSEUDOMONA AURIGONASA	5	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
CANDIDA ALBICANS	4	0%	0%	0%	25%	0%	0%	0%	0%	0%	25%	0%	25%	25%	0%	25%	0%	25%	0%	25%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
CITROBACTER KOSERI	4	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	
MORGANELLA MORGANII	3	0%	0%	33%	33%	100%	0%	0%	0%	0%	33%	0%	33%	33%	33%	33%	0%	33%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
KLEBSIELLA OXYTOCA	2	0%	0%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	0%	0%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
KLEBSIELLA PNEUMONIAE SSP OZAENAE	2	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	50%	50%	0%	50%	0%	0%	0%	0%	0%	
PROVIDENCIA RETTGERI	2	0%	0%	50%	0%	50%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	50%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
STAPHYLOCOCCUS SAPROPHYTICUS	2	0%	0%	0%	0%	50%	0%	0%	0%	0%	50%	0%	50%	50%	0%	50%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
ENTEROBACTER CLOACAE COMPLEX	1	0%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
KLEBSIELLA PNEUMONIAE CEPA PRODUCTORA DE BLEE	1	100%	0%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	0%	100%	100%	100%	100%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
MRS	1	0%	0%	0%	100%	100%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
PROTEUS PENNERI	1	0%	0%	0%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
PROTEUS SPP.	1	0%	0%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	0%	100%	100%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
SERRATIA MARCESCENS	1	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	0%	100%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%
STAPHYLOCOCCUS AGALACTIAE	1	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	100%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%	0%

Table 9 Fuente: Carrillo R, Esparza D. IESS "Duran", 2018-2019.

5. Discusión

Las muestras analizadas por el área de microbiología del hospital básico IESS Duran en el periodo 2018-2019 muestran el crecimiento bacteriano de *Escherichia Coli*, *Klebsiella Pneumoniae* y el *Staphylococcus coagulase negativa* como los patógenos más frecuentes cultivados, representado un 52.9%, 8.14% y 8.13%, reporte que concuerda en los dos primeros patógenos con el estudio realizado en 13 clínicas y hospitales de Santiago de Cali- Colombia encontrándose un 52.7% de las muestras para la *Escherichia Coli* y para la *Klebsiella Pneumoniae* en un 12.8%; según el reporte de un estudio realizado en el hospital nacional de Paraguay por ET Gloria G. reporto que el *Staphylococcus coagulase negativa* en un 17% comparándolo con nuestro estudio que presento el 8.13% del total de los cultivos estudiados.

Podemos ver en los agentes antimicrobianos gran negativos como la *Escherichia Coli* ha presentado una amplia resistencia ante a ampicilina y con su asociación con la sulbactam con 47% y 41.97% respectivamente, y con la ciprofloxacina presento un alarmante 60.88% y que en un 29.45% prestaron BLEE positivo con la respectiva resistencia de un 29.4% de resistencia para cefepima, relevante porque les permiten hidrolizar a las penicilinas, amino penicilinas, aztreonam, ureidopenicilinas y cefalosporina de primera generación, segunda y tercera y dejando como último recurso el empleo de carbapenémicos y relativamente a la piperacilina-tazobactam y a la cefepima. Se reporto en América latina la prevalencia para BLEE en todo el mundo fue de un 28% siendo en Asia y Europa donde reporta un porcentaje que va de un 36% y 13% respectivamente comparado con el estudio SMART y el reporte de Aland BIsso- Andrade.

Klebsiella Pneumoniae presento resistencia a ampicilina y su asociación con la sulbactam en un 58.47% y 38.57%, ceftriaxona, ciprofloxacina y ceftazidima un perfil de resistencia superior a 44% y presento 40% positividad para BLEE y con ello resistencia a la cefepima en 44.28% que se lo puede comparar con lo que reporto María C. en Colombia donde reporta porcentajes comparables al estudio a fin. El *Staphylococcus coagulase negativa* representa el tercer patógeno encontrado en el área hospitalaria del hospital , asociado a infecciones por dispositivos de cateterización urinaria presento una presento una elevada resistencia a la ciprofloxacina, 50% para la levofloxacina, 70.58% para la oxacilina, siendo su elevada resistencia provoco mayor tiempo de estancia hospitalaria además que el rango de edad donde más se presento fue en un 59% en los menos de 60 años siendo una importante punto de referencia al tener que descartar un agente microbiano y para un

manejo empírico de tratamiento, en especial en las mujeres que padecen infecciones urinarias a repetición. Castellano Maribel refiere en su estudio que la amenaza emergente de la resistencia de las bacterias Gram positivas implica un mayor costo en los países en vía de desarrollo donde al no poseer un protocolo establecido para la administración de antibióticos provocando la multiresistencia a los antimicrobianos siendo estas cepas altamente transmisibles y de prestar mucha atención en el control y prevención en las unidades hospitalarias.

6. Conclusión

Debido a la posible generación de resistencia microbiana a los antibióticos usados en la unidad de salud, tanto para patógenos gram positivos y gram negativos, evidencia la necesidad de forma imperativa de reforzar los controles epidemiológicos a nivel local, para que la institución pueda llevar a cabo políticas y medidas de control para reducir la coacción selectiva ejercida sobre las bacterias, debido al uso indistinto de los antibióticos, principal causa de la resistencia antimicrobiana. Debido a eso la tipificación fenotípica de los diferentes microorganismos permitirá fortalecer la vigilancia de salud. Siendo así, el laboratorio de microbiología conforma un papel fundamental al momento de ofrecer información necesaria para dar al paciente un tratamiento oportuno y personalizado, y disminuir el uso inapropiado de antibióticos de espectro ampliado, lo que a su vez reduce la posibilidad de desarrollar microorganismos resistentes a nivel hospitalario.

El empleo de realizar estos estudios anualmente permite observar los cambios que toman cada microorganismo ante la terapia empleada en los pacientes en el año y permite evidenciar los resultados, tanto para poder realizar tratamiento empírico donde se trata de formar alguna resistencia y a su vez tener una capacitación al paciente para que tome las medidas necesarias a la hora de tomar los antibióticos.

BIBLIOGRAFIA

1. Rocha C, Reynolds ND, Simons MP. Resistencia emergente a los antibióticos: una amenaza global y un problema crítico en el cuidado de la salud. *Rev Perú Med Exp Salud Publica*. 2015;32(1):139-45.
2. Giovanetti M, Parra G, Quintero C. [Internet]. Docs.bvsalud.org. 2017 [consultado el 16 de septiembre de 2019]. Disponible en: <http://docs.bvsalud.org/biblioref/2018/05/883698/resistencia-bacteriana.pdf>
3. Holubar M, Deresinski S. [Internet]. A hoy. 2019 [consultado el 18 de septiembre de 2019]. Disponible en: https://www21.ucsg.edu.ec:2065/contents/antimicrobial-stewardship-in-outpatient-settings?search=resistencia%20a%20antibi%C3%B3ticos&source=search_result&selectedTitle=3~150&usage_type=default&display_tyrank=default&display_tyrank=default&display_
4. Silva, Jaime & Montalvo, Alexandra & Delgado-Ron, Andres & Martínez, Ruth & Palma, Rosa. (2012). Resistencia bacteriana en infecciones hospitalarias y adquiridas y su relación con hábitos de prescripción de antibióticos. Tsafiqui (Quito). 1. 7-19. 10.29019/tsafiqui.v0i3.217. 5. Salud.gob.ec. 2019 [cited 10 August 2019]. Available from: https://www.salud.gob.ec/wp-content/uploads/2019/08/gaceta_ram2018.pdf
6. Zurita Salinas L. Klebsiella Pneumoniae productora de carbapenemasas tipo KPC-2: primer reporte en el Ecuador. [Internet]. Pucedspace.puce.edu.ec. 2012 [cited 27 August 2019]. Available from: <http://pucedspace.puce.edu.ec/handle/23000/579>
7. Gómez, José & Sanchez-Duque, Jorge. (2018). Perfil microbiológico y resistencia bacteriana en una unidad de cuidados intensivos de Pereira, Colombia, 2015. 31. 9-15. 10.18273/revmed.v31n2-2018001.
8. Acuña, M., Benadof, D., C.Hormazabal, J., Alarcon, P., Contreras, J., Torres, R., Mülchi, C., Aguayo, C., Fernández, J. and Araya, P., 2015. *Staphylococcus Aureus Resistente A Meticilina Asociado A La Comunidad (SARM-AC): Comunicación De Los Primeros Cuatro Casos Pediátricos Descritos En Hospital*

De Niños Roberto Del Río. [ebook] Santiago De Chile. Available at: <<http://repositorio.uchile.cl/bitstream/handle/2250/134087/Staphylococcus-aureus.pdf?sequence=1&isAllowed=y>> [Accessed 1 October 2019].

9. 1. Acuña M, Benadof D, C.Hormazabal J, Alarcon P, Contreras J, Torres R et al. Staphylococcus Aureus resistente a meticilina asociado a la comunidad (SARM-AC): comunicación de los primeros cuatro casos pediátricos descritos en Hospital de Niños Roberto del Río [Internet]. Santiago De Chile; 2015 [cited 1 October 2019]. Available from: <http://repositorio.uchile.cl/bitstream/handle/2250/134087/Staphylococcus-aureus.pdf?sequence=1&isAllowed=y>

10. Gómez, José & Sánchez-Duque, Jorge. (2018). Perfil microbiológico y resistencia bacteriana en una unidad de cuidados intensivos de Pereira, Colombia, 2015. 31. 9-15. 10.18273/revmed.v31n2-2018001.

11. Acuña G. evolution of antimicrobial agents therapy: what it was, what it is and will be. Revista chilena infectologia. 2003; 20: 7 – 10

12. Quiñones D. antimicrobial resistance: evolution and current perspectives in the context of the “one health” approach. Revista Cubana de medicina tropical. 2017; 69.

13. Pacheco R. Hospital epidemiology: De semmelweis to the post-antibiotic era. Interdisciplinary journal of epidemiology & public health. 2019; 2.

14. Ministerio de salud pública del Ecuador. Reporte de datos de resistencia a los antimicrobianos en el ecuador 2014-2018. 2019

15. Betrán Ana, Cortes A, López C. Evaluación de la resistencia antibiótica de Escherichia Coli en infecciones urinarias adquiridas en la comunidad del sector de Barbastro. Revista española de quimioterapia. 2015; 5: 263- 3

16. Miranda L, Ruiz M, Molina J, Parra I, Gonzales E, Castro N. Relación entre factores de virulencia, resistencia a antibióticos y los grupos filogenéticos de Escherichia Coli uropatogena en dos localidades de México. Enfermedades infecciosas y microbiología clínica. 2016; 35: 426 – 43

17. Vera A, Barria C, Carrasco S, Lima C, Aguayo A, Mariana D, Bello H, Gonzales G. KPC: Klebsiella Pneumoniae carbapenemasas, main carbapenemase in enterobacteriaceae. *Revista chilena de infectologia*. 2017; 5: 476 - 484
18. Vindel A, Cercenado E. Methicillin-resistant staphylococcus aureus carrying the mecC gene: an emerging problema? *Enfermedades infecciosas y microbiología clínica*. 2016; 5: 277-279
- 19 Castellano M, Perozo A. Mechanisms of resistance to B-lactam antibiotics in staphylococcus aureus. *Kasmera*. 2010; 1: 18-35
20. Paz V, Mangwani S, Martinez A, Alvarez D, Solano S, Vasquez R. Pseudomona aeruginosa: Pathogenicity and antimicrobial resistance in urinary tract infection. *Revista chilena de infectologia*. 2019; 36: 180- 21. Alós J. Resistencia bacteriana a los antibióticos: una crisis global. *Enfermedades infecciosas microbiología clínica*. 2015; 33: 692-699.
22. Troncoso C, Monca P, Santos A, Salazar R, Barrientos L. Structural and Physiological implication of bacterial cell in antibiotic resistance mechanisms. *Internal Journal of Morphology*. 2017; 35: 1214 – 1223.
23. Tafur J, Torres J, Villegas M. Mechanisms of antibiotic resistance in gram negative bacteria. *Centro internacional de investigaciones médicas*. 2008; 12: 223-233.
24. Calderón G, Aguilar L. Resistencia antimicrobiana: microorganismos más resistentes y antibióticos con menor actividad. *Revista médica de costa rica y Centroamérica*. 2016; 621: 757 – 763.
25. De la fuente N, Villareal J, Diaz M, García A. evaluation of the activity of antimicrobial agents against the challenge of bacterial resistance. *Revista mexicana de ciencias farmacéuticas*. 2015; 2: 7-16.
26. Gómez V, Gómez A, Robledo J, Hernández J. Drug resistance in mycobacterium tuberculosis: contribution of constituent and acquired mechanisms. *Revista de salud pública*. 2018; 4: 491-497

27. Rodríguez R, Bustillo D, Caicedo D, Cadena D, castellanos C. Acinetobacter Baumannii: emerging multidrug-resistant pathogen. *Medicas UIS*. 2016; 2: 113-135.
28. Barletta R, Pérez L, Castro G, Pujol M, Barletta J ,Pérez Y. Multidrug-resistant Acinetobacter Baumannii: a challenge for current therapeutic. *Medisur*. 2018; 16.
29. Gómez O, Garro G, Peraza J, Núñez K, Meneses K, Guerrero M. Agrobacterium tumefaciens-mediated genetic transformation of chlorella sorokiniana. *Tecnología en marcha*. 2018; 31: 161-166.
30. Camacho M, Georgellis D, Álvarez A. Ther BarA/UvrY-CsrA regulatory circuitry in Escherichia Coli and others y-proteobacteria. *Revista especializada en ciencias químico-biológicas*. 2016; 19.
31. Celis Y, Rubio Camacho C. Evolutionary origin of antibiotic resistance a historical perspective. *Revista conlonbiana de biotecnología*. 2017; 19:105-107
32. Cercenado E, Saavedra J. El antibiograma. interpretación del antibiograma: conceptos generales. *Anales de pediatría continuada*. 2009 ; 7: 214-217.
33. Analysis of the use of antibiotics in antibiograms of urine carried out by a clinical laboratory of the central western regional of Colombia. *Universidad y Salud*. 2017; 19: 378-
34. Gómez G, Buena S, Vega M. perfil de resistencia de microorganismos aislados en el servicio de microbiología del hospital nacional en el año 2017. *Revista nacional*. 2018; 10: 21-38.
- 35 Yaneth M, Morales G, Quintero C. Bacetrial resistance profile and clinical hospital department of Cesar. *Medicina y laboratorio*. 2017; 23: 387-308
- 36 Castellano M, Perozo A, Devis R. Resistance to oxacillin, erythromycin and gentamycin in coagulase negative staphylococcus strains isolated from blood cultures. *Kasmera*. 2016; 44: 97-110.
37. Bisso A. Resistance to antimicrobials. *Revista sociedad peruana de medicina interna*. 2018; 31:50-59.

ANEXO

Gráfico 2. Diseminación y evolución de genes de resistencia en Ecuador



Fuente: CRN-RAM (2018), elaborado por: DNVE

Tabla 3. Frecuencia de los microorganismos sujetos a vigilancia mayormente reportados anualmente en el sistema Whonet

Microorganismo	Número de aislados							
	2014	%	2015	%	2016	%	2017	%
<i>Escherichia coli</i>	13.620	58	21.457	64	25.020	63	33.554	61
<i>Klebsiella pneumoniae</i> ss. <i>pneumoniae</i>	4.752	20	6.001	18	6.922	17	11.791	21
<i>Staphylococcus aureus</i>	2.940	12	3.820	11	4.585	12	5.518	10
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	2.289	10	2.433	7	3.111	8	4.243	8
Número total	23.601		33.711		39.638		55.106	

Fuente: CRN-RAM (2018) elaborado por: DNVE



Presidencia
de la República
del Ecuador



Plan Nacional
de Ciencia, Tecnología,
Innovación y Saberes



SENESCYT
Secretaría Nacional de Educación Superior,
Ciencia, Tecnología e Innovación

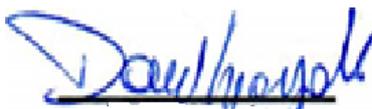
DECLARACIÓN Y AUTORIZACIÓN

Yo, **Esparza Villa David Emanuel**, con C.C: # **0921737524** autor/a del trabajo de titulación: **PERFIL MICROBIOLÓGICO EN LAS ÁREAS DE CONSULTA EXTERNA, HOSPITALIZACIÓN Y EMERGENCIA DEL HOSPITAL BÁSICO IESS DURAN EN EL PERÍODO 2018-2019**: previo a la obtención del título de **Medico** en la Universidad Católica de Santiago de Guayaquil.

1.- Declaro tener pleno conocimiento de la obligación que tienen las instituciones de educación superior, de conformidad con el Artículo 144 de la Ley Orgánica de Educación Superior, de entregar a la SENESCYT en formato digital una copia del referido trabajo de titulación para que sea integrado al Sistema Nacional de Información de la Educación Superior del Ecuador para su difusión pública respetando los derechos de autor.

2.- Autorizo a la SENESCYT a tener una copia del referido trabajo de titulación, con el propósito de generar un repositorio que democratice la información, respetando las políticas de propiedad intelectual vigentes.

Guayaquil, **9 de septiembre de 2020**

f. 

Nombre: **David Emanuel Esparza Villa**

C.C.:**0921737524**



Presidencia
de la República
del Ecuador



Plan Nacional
de Ciencia, Tecnología,
Innovación y Saberes



SENESCYT
Secretaría Nacional de Educación Superior,
Ciencia, Tecnología e Innovación

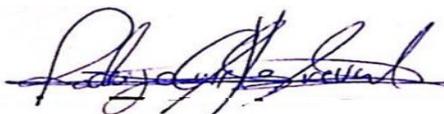
DECLARACIÓN Y AUTORIZACIÓN

Yo, **Carrillo Arévalo Rodrigo Andrés**, con C.C: # **0928901669** autor/a del trabajo de titulación: **PERFIL MICROBIOLÓGICO EN LAS ÁREAS DE CONSULTA EXTERNA, HOSPITALIZACIÓN Y EMERGENCIA DEL HOSPITAL BÁSICO IESS DURÁN EN EL PERÍODO 2018-2019** previo a la obtención del título de **Médico** en la Universidad Católica de Santiago de Guayaquil.

1.- Declaro tener pleno conocimiento de la obligación que tienen las instituciones de educación superior, de conformidad con el Artículo 144 de la Ley Orgánica de Educación Superior, de entregar a la SENESCYT en formato digital una copia del referido trabajo de titulación para que sea integrado al Sistema Nacional de Información de la Educación Superior del Ecuador para su difusión pública respetando los derechos de autor.

2.- Autorizo a la SENESCYT a tener una copia del referido trabajo de titulación, con el propósito de generar un repositorio que democratice la información, respetando las políticas de propiedad intelectual vigentes.

Guayaquil, **9 de septiembre de 2020**

f. 

Nombre: **Carrillo Arévalo Rodrigo Andrés**

C.C: **0928901669**



Presidencia
de la República
del Ecuador



Plan Nacional
de Ciencia, Tecnología,
Innovación y Saberes



SENESCYT
Secretaría Nacional de Educación Superior,
Ciencia, Tecnología e Innovación

REPOSITORIO NACIONAL EN CIENCIA Y TECNOLOGÍA

FICHA DE REGISTRO DE TESIS/TRABAJO DE TITULACIÓN

TEMA Y SUBTEMA:	Perfil microbiológico en las áreas de consulta externa, hospitalización y emergencia del hospital básico IESS duran en el periodo 2018-2019		
AUTOR(ES)	Esparza Villa David Emanuel Carrillo Arévalo Rodrigo Andrés		
REVISOR(ES)/TUTOR(ES)	Dr. Diego Vásquez Cedeño		
INSTITUCIÓN:	Universidad Católica de Santiago de Guayaquil		
FACULTAD:	Facultad de Ciencias Medicas		
CARRERA:	Medicina		
TITULO OBTENIDO:	Medico		
FECHA DE PUBLICACIÓN:	9 de septiembre del 2020	No. DE PÁGINAS:	34
ÁREAS TEMÁTICAS:	Perfil microbiológico en las áreas de consulta externa, hospitalización y emergencia del Hospital Básico IESS Durán en el periodo 2018-2019.		
PALABRAS CLAVES/ KEYWORDS:	Resistencia a antibióticos, mecanismo de resistencia a antibióticos.		
<p>Objetivo: Identificar el agente microbiológico más frecuente, junto a su resistencia a los antimicrobianos en los pacientes de 40 a 80 años en la unidad hospitalaria en el periodo 2018-2019. Método: Estudio de carácter observacional, retrospectivo, y descriptivo, se revisará los antibiogramas, los cuales deben ser positivos en el área de microbiología del hospital, siendo esta consulta externa, hospitalización y emergencia. Resultado: se analizaron 628 muestras positivas, dando resultado que el grupo de 60-69 años presenta mayor número de muestras el microorganismo más frecuente fue la Escherichia Coli con un numero de 455(52.9%) con una amplia resistencia a la ampicilina y su asociación con el sulbactam 47% y 41.97%; cefepima 29,4% en la Escherichia Coli productora de BLEE que presento en el total de los casos 29,45% , seguido por la Klebsiella Penumoniae Ssp Pneumoniae con 70(8.14%) con una resistencia a ampicilina y su asociación con sulbactam 58.74%.</p>			
ADJUNTO PDF:	<input checked="" type="checkbox"/> SI	<input type="checkbox"/> NO	
CONTACTO CON AUTOR/ES:	Teléfono: +593-4-0996135933 +593-4-0969570340	E-mail: david0851_@hotmail.com E-mail: rodrigocarrillo.993@gmail.com	
CONTACTO CON LA INSTITUCIÓN (COORDINADOR DEL PROCESO UTE):	Nombre: Ayón Genkuong Andrés Mauricio Teléfono: +593997572784 E-mail: andres.ayon@cu.ucsg.edu.ec		
SECCIÓN PARA USO DE BIBLIOTECA			
Nº. DE REGISTRO (en base a datos):			
Nº. DE CLASIFICACIÓN:			
DIRECCIÓN URL (tesis en la web):			