

# AISLAMIENTO DE BACTERIAS RESISTENTES A ANTIBIÓTICOS EN AVES DE LA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN CAMPUS CIUDAD UNIVERSITARIA



/// GABRIEL RUIZ-AYMÁ<sup>1</sup>, MAYRA A. GÓMEZ-GOVEA<sup>3</sup>, IRÁM P. RODRÍGUEZ-SÁNCHEZ<sup>3</sup>, LICET VILLARREAL-TREVIÑO<sup>2</sup>, ALINA OLALLA-KERSTUPP<sup>1</sup>, GILBERTO TIJERINA MEDINA<sup>1</sup>, ANTONIO GUZMÁN-VELASCO<sup>1</sup> Y JOSÉ, I. GONZÁLEZ-ROJAS<sup>1</sup>.

*Universidad Autónoma de Nuevo León.  
Facultad de Ciencias Biológicas. Laboratorio  
de Biología de la Conservación y Desarrollo  
Sustentable<sup>1</sup>. Av. Universidad s/n Ciudad  
Universitaria San Nicolás de los Garza Nuevo  
León, C.P. 66455.*

*Universidad Autónoma de Nuevo León.  
Facultad de Ciencias Biológicas. Laboratorio  
de Microbiología<sup>2</sup>. Av. Universidad s/n Ciudad  
Universitaria San Nicolás de los Garza Nuevo  
León, C.P. 66455.*

*Universidad Autónoma de Nuevo León. Fa-  
cultad de Ciencias Biológicas. Laboratorio de  
Fisiología Molecular y Estructural<sup>3</sup>. Av. Uni-  
versidad s/n Ciudad Universitaria San Nicolás  
de los Garza Nuevo León, C.P. 66455.*

*Autor de correspondencia:  
gabriel.ruizym@uanl.edu.mx*



**Palabras clave:** Impacto antropogénico, resistencia, aves urbanas, antibióticos.

**Keywords:** Anthropogenic impact, resistance, urban birds, antibiotics.

## RESUMEN

En los últimos años ha tomado gran interés la comprensión del impacto ecológico que tienen las aves en las rutas de diseminación de genes de resistencia. Existe amplia evidencia que sugiere que las aves silvestres pueden portar bacterias resistentes a los antibióticos y que la transmisión puede ocurrir a partir de productos de desecho humano. El aumento en la actividad humana ha acrecentado los índices de contaminación y el riesgo de transmisión de enfermedades. Es por ello que el objetivo de este estudio fue determinar la presencia de bacterias resistentes antibióticos en aves capturadas en la Universidad Autónoma de Nuevo León: campus Ciudad Universitaria. Se realizó un muestreo durante el periodo noviembre 2017 - abril 2018. Una vez capturadas las aves se realizó un hisopado cloacal para el aislamiento de bacterias en medios selectivos y su posterior identificación por medio de MALDI-TOF. Para evaluar los patrones de resistencia, se realizaron antibiogramas por el método Kirby Bauer. Un total de 27 aves de 3 órdenes fueron capturadas: Passeriformes, Piciformes y Columbiformes, sobresaliendo las especies de: *Columba livia* (Paloma doméstica), *Melanerpes aurifrons* (Carpintero Cheje), *Catharus guttatus* (Zorzal cola canela) y *Passer domesticus* (Gorrión doméstico). Se obtuvieron 40 aislamientos de los cuales el 75% correspondieron a cepas de la familia *Enterobacteriaceae* y 27.5% a bacterias Gram positivas. Las bacterias mayormente encontradas en las muestras analizadas fueron *Escherichia coli* (n=17) y *Enterobacter sp.* (n=6), siendo *E. coli* la de mayor resistencia a los antibióticos. Sólo una cepa *Enterobacter sp.* proveniente de *P. domesticus* presentó resistencia a 3 de los 10 antibióticos de prueba. La especie con mayor aislamiento de bacterias resistentes a antibióticos fue *C. livia* con un 33% del total de las bacterias resistentes, seguida por *C. guttatus* con un 30% y *M. aurifrons* con un 28.57%. Estos resultados sugieren que las aves evaluadas son portadoras de bacterias resistentes a antibióticos que pueden participar en el flujo e intercambio de genes de resistencia entre diferentes especies.

## ABSTRACT

In recent years, the ecological impact of wild birds in dissemination routes of resistance genes has taken great interest. There is evidence to suggest that wild birds can carry antibiotic-resistant bacteria and that transmission can occur from human waste products. The increase in human activity has increased pollution rates and the risk of disease transmission. Thus, the objective of this study was to determine antibiotic-resistant bacteria in birds captured at the Universidad Autónoma de Nuevo León: campus Ciudad Universitaria. Sampling was carried out during the period November 2017 - April 2018. Once the birds were captured, a cloacal swab was performed for the isolation of bacteria in selective media and their identification by MALDI-TOF. To evaluate resistance patterns, antibiograms were performed using the Kirby Bauer method. A total of 27 birds of 3 orders were captured: Passeriformes, Piciformes and Columbiformes, standing out the species of: *Columba livia* (Domestic Dove), *Melanerpes aurifrons* (Cheje Woodpecker), *Catharus guttatus* (Cinnamon-tailed Thrush) and *Passer domesticus* (Domestic Sparrow). Forty isolates were obtained, of which 75% corresponded to strains of the Enterobacteriaceae family and 27.5% to Gram-positive bacteria. The bacteria mostly found in the analyzed samples were *Escherichia coli* (n=17) and *Enterobacter sp.* (n=6) and the bacterial species with the highest resistance to antibiotics was *E. coli*. Only one *Enterobacter sp.* from *P. domesticus* showed resistance to 3 antibiotics. The species with the highest isolation of bacteria resistant to antibiotics was *C. livia* with 33% of all resistant bacteria, followed by *C. guttatus* with 30% and *M. aurifrons* with 28.57%. These results suggest that the birds tested are carriers of antibiotic-resistant bacteria that may participate in the flow and exchange of resistance genes between different species.

## INTRODUCCIÓN

La resistencia a los antibióticos es un problema mundial en la medicina humana y veterinaria con un aumento de muertes y costos para el tratamiento de enfermedades infecciosas. El uso indiscriminado de diversos antibióticos se considera uno de los factores que han influido en el incremento de la resistencia y diseminación de bacterias resistentes (Berríos, 2005). La aparición de bacterias multirresistentes ha sido resultado del incremento de la población acompañada de la contaminación ambiental, acrecentando el riesgo de transmisión de enfermedades ya conocidas y el surgimiento de nuevas (Grobbel *et al.* 2007; Medina-Vogel, 2010). Algunos reportes indican que las aves silvestres podrían ser un reservorio importante de bacterias resistentes a los antibióticos, en particular las aves silvestres migratorias por su capacidad de desplazamiento a larga distancia (Tardón *et al.* 2021). Estudios llevados a cabo para el monitoreo de la resistencia a antibióticos en aves encontraron que el 30% de las bacterias aisladas presentaron resistencia a antibióticos y la especie mayormente encontrada fue *Escherichia coli* (Hasan *et al.* 2012). Este estudio comprobó que el uso indiscriminado de antimicrobianos en los alimentos para aves domésticas y el contacto entre aves de corral, aves silvestres y humanos son factores para la propagación de genes de resistencia. Otras investigaciones han encontrado a la bacteria *E. coli* resistente a antibióticos en patos, gansos (Cole *et al.* 2005; Middleton y Ambrose, 2005), gaviotas (Camarda *et al.* 2006), palomas (Radimersky *et al.* 2010) y paseriformes (Nakamura *et al.* 1982). De igual manera, muchos factores pueden contribuir para la adquisición de bacterias resistentes en aves silvestres, sin embargo, las principales rutas de transmisión se asocian a las actividades humanas especialmente el contacto con sitios contaminados como agua, suelo y basura (Cole *et al.* 2005). El monitoreo de los patrones de resistencia a antibióticos en diferentes poblaciones de animales nos permitirá estudiar la dinámica de transferencia de bacterias o genes de resistencia de animales a humanos y viceversa. En las últimas décadas los problemas ambientales se han convertido en una preocupación con respecto a la expansión de las actividades humanas en áreas que comúnmente no eran pobladas. Áreas altamente concurridas como parques, escuelas, plazas entre otras han tomado importancia en el estudio del impacto que tienen las actividades humanas en los ecosistemas. Es por ello que en la presente investigación se determinó la presencia de bacterias resistentes a antibióticos aisladas de aves de la Universidad Autónoma de Nuevo León.

## METODOLOGÍA

### ZONA DE ESTUDIO

El campus de Ciudad Universitaria de la Universidad Autónoma de Nuevo León (UANL) cuenta con una superficie de 434 Ha y se localiza en el municipio de

San Nicolás de los Garza, Nuevo León. Alberga edificios como rectoría, oficinas administrativas, facultades, centros e institutos de investigación, bibliotecas, un centro de informática, auditorios y centros deportivos. Cada día recibe en sus distintas instalaciones más de 110,000 personas entre empleados, docentes, alumnos y visitantes.

### COLECTA Y ANÁLISIS DE MUESTRAS

Durante los meses de noviembre 2017 - abril del 2018 se realizaron capturas colocando dos redes de niebla (6x3m) perpendiculares entre sí, en zonas con interacción antropogénica (caminos, plazas, zonas de descanso) en la Ciudad Universitaria (UANL), (ver Figura 2). Durante periodos de 6 am a 12 pm y de 4 pm a 6 pm, en un lapso total de 22 días. Se identificaron las especies de aves capturadas *in situ* y solo se tomaron en cuenta especies que no se encuentren en alguna categoría de riesgo de acuerdo con la NOM-059-SEMARNAT-2010 (Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales [SEMARNAT] 2010. Norma Oficial Mexicana) para evitar la captura de especies migratorias y/o algún estatus de conservación. Una vez capturadas las aves se realizó un hisopado cloacal para el aislamiento de bacterias en medios selectivos y su posterior identificación por medio de MALDI-TOF. Se colocaron en tubos con 9 mL de agua peptonada bufferada a una temperatura de  $\pm 5$  °C. Las muestras obtenidas fueron trasladadas al Laboratorio de Microbiología General de la FCB-UANL, para su posterior análisis.

### AISLAMIENTO DE BACTERIAS

El tubo de agua peptonada bufferada se colocó en incubación durante 24 hr a temperatura de  $35 \pm 2$  °C. Pasado el tiempo de incubación se procedió a la evaluación de la presencia de bacterias para su aislamiento. Para el aislamiento de las bacterias Gram negativas se tomó una asada del tubo de agua peptonada bufferada OXOIDTM y se colocó en agar Mac Conkey OXOIDTM a 35 °C por 24 h. De la misma manera para las bacterias del género *Salmonella* y *Shigella* se tomó alícuotas de 1 mL del tubo de agua peptonada bufferada que fueron colocados en tubos con 9 mL de caldo tetracionato MerckTM para incubar a 41 °C  $\pm 2$  respectivamente. Cumplido el tiempo de incubación se tomó una asada de cada uno de los caldos para sembrar en medio XLD OXOIDTM y *Salmonella-Shigella* OXOIDTM e incubar a 35 °C  $\pm 2$  por 24 horas. Las bacterias presuntivas fueron seleccionadas de acuerdo con sus características microscópicas y macroscópicas en cada uno de los medios de cultivos utilizados para proceder a su identificación.

### IDENTIFICACIÓN DE BACTERIAS

Para la identificación taxonómica se tomó una alícuota de colonia aislada y fue distribuida en el pocillo correspondiente de la placa MALDI, se mezcló con 1  $\mu$ L de ácido fórmico para la extracción de DNA, y se dejó reposar hasta secar. Posteriormente la identificación se llevó a cabo por el equipo automatizado de

espectrometría de masas MALDI-TOF (BD™ Bruker MALDI Biotyper™) en el Laboratorio de Diagnóstico Microbiológico de Alta Especialidad en el Servicio de Gastroenterología, Hospital Universitario Dr. José Eleuterio González en Monterrey, Nuevo León.

#### EVALUACIÓN DE LA SUSCEPTIBILIDAD A ANTIBIÓTICOS DE CEPAS AISLADAS

Una vez identificados los aislamientos se procedió a la evaluación de la susceptibilidad a los antibióticos siguiendo los criterios establecidos por el Clinical and Laboratory Standard Institute (CLSI, 2017). Brevemente, los aislados fueron activados en medio soya tripticaseína. Una vez cumplido el tiempo de incubación los aislados fueron ajustados a la escala de Mac Farland a 74.5% de transmitancia a 625 nm mediante un espectrofotómetro Thermo Scientific TM GENESYS TM 20. Por medio de hisopo estéril se sembró por extensión en cajas de agar Müller Hinton OXOID TM de 4 mm de altura rotando 60° la caja para una siembra uniforme pasados de 3 a 5 min para que toda humedad sea absorbida se colocaron los discos sobre la superficie del agar utilizando pinzas estériles y presionando un poco para que quede bien adherido y además quedando por lo menos una distancia de 25 mm entre cada disco y no excediendo más de 12 discos en una caja de 150 mm y no más de 6 en una de 100 mm, los antibióticos utilizados fueron amoxicilina con ácido clavulánico, cefotaxima, cloranfenicol, trimetoprim/sulfametoxazol, ciprofloxacina, imipenem, meropenem, ertapenem, amikacina y gentamicina marca OXOID TM ya colocados los antibióticos, las cajas se incubaron a  $35 \pm 2$  °C por 24 horas y pasado este tiempo se midieron los halos de inhibición y se comparó con los estándares establecidos por el CLSI.



**Figura 1. Aves capturadas** en zonas con actividad antropogénica en Ciudad Universitaria de la UANL. a) Zorzal cola canela (*Catharus guttatus*), b) Paloma doméstica (*Columba livia*), c) Carpintero Cheje (*Melanerpes aurifrons*) y Gorrión doméstico (*Passer domesticus*).



**Tabla 1. Identificación de cepas bacterianas por medio de espectrometría de masas MALDI-TOF de muestras provenientes de cloacas de aves capturadas en Ciudad Universitaria de la UANL**

Orden	Género y especie	Total cepas aisladas	Especies bacterianas
Passeriformes	Zorzal Cola Canela (n=4)	10	<i>Enterobacter asburiae</i> , Complejo <i>E. cloacae</i> <i>Enterobacter kobei</i> Complejo <i>E. cloacae</i> <i>Enterobacter cloacae</i> <i>Micrococcus luteus</i> <i>Staphylococcus sp.</i> Probable <i>S. warneri</i> <i>Enterococcus sp.</i> Probable <i>E. termitis</i> <i>Enterobacter cloacae</i> Complejo <i>E. cloacae</i> No identificable <i>Citrobacter koseri</i> <i>Moellerella wisconsensis</i>
	Gorrión domestico (n=2)	5	<i>Escherichia coli</i> (2) <i>Citrobacter braakii</i> <i>Citrobacter freundii</i> <i>Enterobacter sp.</i> Complejo <i>E. cloacae</i>
Piciformes	Carpintero cheje (n=5)	7	<i>Escherichia coli</i> (2) <i>Enterococcus faecalis</i> (3) <i>Enterobacter sp.</i> Complejo <i>E. cloacae</i> <i>Enterococcus mundtii</i>
Columbiformes	Paloma doméstica (16)	18	<i>Escherichia coli</i> (12) <i>Pseudomonas putida</i> (1) <i>Pseudomonas sp.</i> Complejo <i>P. putida</i> (2) <i>Klebsiella pneumoniae</i> (3)

## RESULTADOS

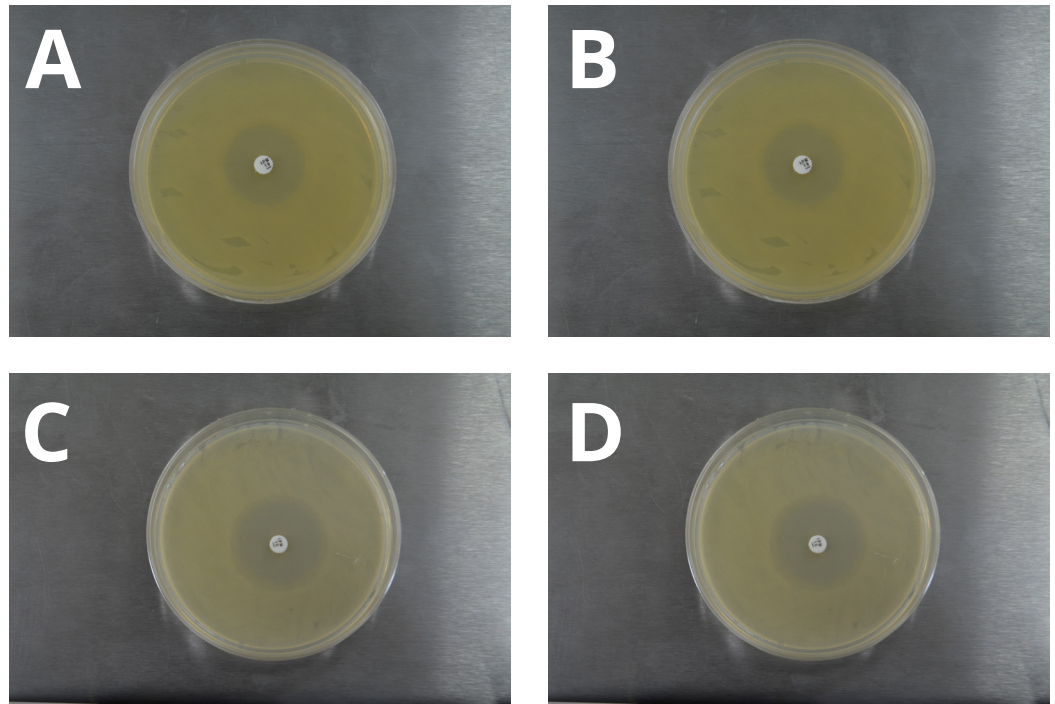
En nuestra investigación fueron capturadas 27 aves de 3 órdenes Passeriformes, Piciformes y Columbiformes; sobresaliendo las especies: *Columba livia* (Paloma doméstica) (n=16), *Melanerpes aurifrons* (Carpintero cheje) (n=5), *Catharus guttatus* (n=4) (Zorzal cola canela) y *Passer domesticus* (Gorrión doméstico) (n=2) (insertar fig. 1).

De las muestras analizadas, se obtuvieron 40 aislamientos de los cuales el 75% (n=30) correspondieron a cepas pertenecientes a la familia *Enterobacteriaceae* y 25% (n=10) a bacterias Gram positivas. Las bacterias con mayor frecuencia en las muestras analizadas fueron *E. coli* (n=17), seguida por *Enterobacter sp.* (n=6), *Klebsiella pneumoniae* (n=3), *Citrobacter sp.* (n=3) y *Moellerella wisconsensis* (n=1) (Tabla 1).

De las 30 bacterias aisladas pertenecientes a la familia *Enterobacteriaceae*, el 40% (n=12) presentaron resistencia al menos a uno de los antibióticos, siendo la Amoxicilina con ácido clavulánico (n=8) el antibiótico al cual presentaron mayor resistencia las cepas aisladas. Se detectó baja resistencia al Trimetoprim/sulfametoxazol, Gentamicina, Cloranfenicol, Cefotaxima y Ertapenem en solo el 3% de los aislados (n=1).



**Figura 2.** Captura de Carpintero cheje en zonas con actividad antropogénica en Ciudad Universitaria de la UANL.



**Figura 3.** Halos de inhibición para determinación de susceptibilidad a los antibióticos de cepas aisladas de aves de ciudad Universitaria. A. *Citrobacter koseri* sensible a amoxicilina con ácido clavulánico. B. *Enterobacter* sp. resistente a amoxicilina con ácido clavulánico.

La especie bacteriana con mayor resistencia a los antibióticos fueron las cepas de *E. coli* (n=6), presentando resistencia a Amoxicilina con ácido clavulánico, Cloranfenicol, Amikacina y Gentamicina. Solo una sola cepa *Enterobacter* sp. proveniente del Gorrión domestico presentó un patrón de resistencia a 3 antibióticos (Amoxicilina con ácido clavulánico, Cefotaxima y Ertapenem). Las especies de aves con mayor número de bacterias aisladas que presentaron resistencia a los antibióticos fueron la Paloma doméstica, Zorzal cola canela y Carpintero cheje.

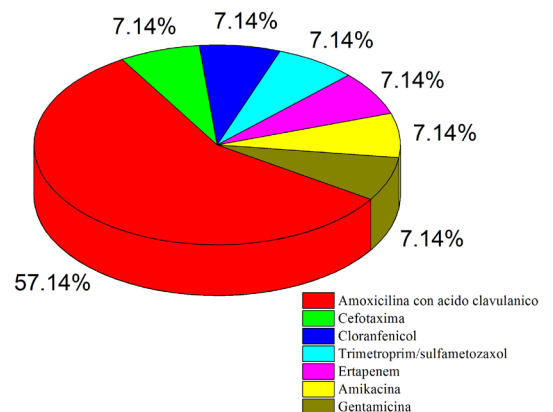
## DISCUSIONES

La resistencia a los antibióticos es un problema muy complejo que involucra especies bacterianas, reservorios, mecanismos de resistencia y transferencia de genes de resistencia. Las bacterias resistentes a antibióticos pueden ser adquiridas por los humanos a través de vías alternativas como la transmisión de persona a persona, exposición ambiental y exposición directa a los animales (Guardabassi *et al.* 2004). Hoy en día crece la atención en estudiar estos mecanismos y el impacto que estos tienen en la naturaleza.

A partir de los hisopados cloacales se identificaron enterobacterias de *E. coli*, *Enterobacter* sp., *K. pneumoniae*, *Citrobacter* sp. y *M. wisconsensis*. Estas bacterias están presentes comúnmente dentro de la microbiota intestinal de las aves. Estudios realizados en el tracto gastrointestinal de aves han determinado que las bacterias más comunes que se pueden encontrar pertenecen al grupo de los lactobacilos, enterococos, *E. coli* y clostridios. Estas especies que conforman la microbiota del ave juegan un papel esencial en la protección del intestino de los animales frente a la colonización de patógenos (Bailey *et al.* 2013). De la misma manera la presencia de estas enterobacterias ha sido reportada en otros estudios como el realizado por Braconaro (2012) donde caracterizó la microbiota

de *Passeriformes* evidenciando la presencia de *E. coli*, *Enterobacter* sp., *K. pneumoniae* entre otras, que fueron de las bacterias mayormente aisladas en este estudio.

En el caso de nuestro estudio se encontraron bacterias que no se aíslan frecuentemente de las microbiotas de aves como *Pseudomonas* sp., *Citrobacter braakii* y *M. wisconsensis*; las cuales son potencialmente patógenas para el ser humano. La bacteria *C. braakii* ha sido reportada por comprometer la salud de pacientes inmunocomprometidos (Hirai *et al.* 2016). Otro ejemplo es la cepa de *M. wisconsensis* encontrada en el ave Zorzal cola canela, la cual se ha reportado en pacientes enfermos provocando diarreas, además puede encontrarse en suministros de aguas no cloradas (Hickman *et al.* 1984). En nuestros resultados este microorganismo no presentó resistencia a alguno de los antibióticos probados y esto concuerda con lo reportado por Koneman (2008) que describe que esta especie regularmente presenta sensibilidad a la mayoría de los antibióticos.



**Figura 4.** Porcentaje de resistencia a antibióticos de cepas aisladas de cloacas de aves provenientes de Ciudad Universitaria de la UANL.

Recientemente se ha demostrado que especies silvestres entre ellas aves y en especial aquellas que tienen contacto con el hombre y el ganado pueden ser reservorios de bacterias resistentes (Sacristán, 2012). En nuestra investigación la especie de bacteria que presentó mayor resistencia a los antibióticos fue *E. coli*. Se encontró mayor resistencia al antibiótico amoxicilina con ácido clavulánico (2), trimetoprim/sulfametoxazol (1), gentamicina (1), cloranfenicol (1) y amikacina (1). En el caso de los antibióticos betalactámicos de acuerdo a la SEFH (2008), son muy pocas las cepas de enterobacterias que presentan sensibilidad a este tipo de antibiótico por lo que es común encontrar cepas resistentes. *E. coli* es parte de la flora intestinal normal en humanos, esta bacteria ha sido usada como indicador de contaminación fecal de aguas y con ello la posible presencia de patógenos intestinales (Vittecoq *et al.* 2016). Se conoce que constituyen un reservorio de genes de resistencia que puede utilizarse como indicadores de cambios en la resistencia a los antimicrobianos (Radhouani *et al.* 2012). Se ha puesto en evidencia la importancia de la vida silvestre como reservorio y parte de la ruta de transmisión de genes de resistencia clínicamente relevantes. En las aves silvestres existen factores ecológicos que pueden aumentar la probabilidad de encontrar bacterias resistentes como la migración comportamiento y altas densidades de población (Carattoli, 2008). Algunos autores han señalado que bacterias como *E. coli* es fácil de diseminarse y transmitir genes de resistencia del ganado y los seres humanos a la vida silvestre, siendo poco conocidos los mecanismos que estos tienen en la diseminación en el medio ambiente (Wellington *et al.* 2013). Es por ello que el aislar a esta especie de bacteria

en aves es común ya que las rutas de transmisión pueden estar asociadas a las actividades humanas especialmente en nuestro caso al contacto con basura.

Estudios previos de resistencia a antibióticos han demostrado que en aves como el Gorrión doméstico se han identificado bacterias con genes de resistencia a tetraciclinas, fluoroquinolonas y meticilinas (Moreno, 2013). En comparación con este estudio no se encontró resistencia a estos grupos, sin embargo, se encontró resistencia a ertapenem (*Enterobacter sp.*) perteneciente al grupo de los carbapenémicos los cuales son antibióticos de relevancia en la salud ya que son altamente utilizados en el tratamiento de infecciones por bacterias Gram negativas (Moreno, 2013).

En México existen pocos estudios que evalúen la presencia de bacterias resistente a antibióticos en aves, además existe poca información de los perfiles de susceptibilidad. En el presente estudio demostramos, que algunas especies de bacterias Gram negativas resistentes a antibióticos están presentes en aves de Ciudad Universitaria en San Nicolás de los Garza, Nuevo León exhibiendo el papel que pueden tener las aves en la diseminación de bacterias resistentes. Esta investigación puede ayudar a evaluar los riesgos potenciales o existentes de propagación de genes de resistencia entre aves silvestres y humanos.

## AGRADECIMIENTOS

Agradecemos a la Universidad Autónoma de Nuevo León por las facilidades para llevar a cabo esta investigación.





## LITERATURA CITADA

- Bailey Richard A. 2013. Salud Intestinal en Aves Domésticas- El Mundo Interno [Online]. En: [http://eu.aviagen.com/assets/Tech\\_Center/BB\\_Foreign\\_Language\\_Docs/Spanish\\_TechDocs/AviagenBriefGutHealth2013-ES.pdf](http://eu.aviagen.com/assets/Tech_Center/BB_Foreign_Language_Docs/Spanish_TechDocs/AviagenBriefGutHealth2013-ES.pdf) (Consultado el 15/05/2020)
- Berrios, F. Z. K. 2005. Resistencia antimicrobiana de enterobacterias y uso antimicrobiano en pacientes de la Unidad de Cuidados Intensivos del Hospital Dos de Mayo. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima, Perú, 6-9pp.
- Braconaro P. 2012. Caracterización de microbiota bacteriana y fúngica presente en cloaca de passeriformes silvestres confiscados de tráfico que será sometido a programas de soltura. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de San Paulo. San Paulo, Brasil, 22-43pp.
- Camarda, A., E. Circella, D. Pennelli, A. Madio. 2006. Wild birds as biological indicators of environmental pollution: biotyping and antimicrobial resistance patterns of *Escherichia coli* isolated from Audouin's gulls (*Larus Audouinii*) living in the Bay of Gallipoli (Italy). *Ital J Anim Sci.* 5: 287-90.
- Carattoli, A. 2008. Animal reservoirs for extended spectrum  $\beta$ -lactamase producers. *Clinical Microbiology and Infection.* 14(1): 117-123.
- Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI). 2017. Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing. 27th ed. CLSI supplement M100 Wayne, PA: Clinical and Laboratory Standards Institute. USA.
- Cole, D., D.J. Drum, D.E. Stalknecht, D.G. White, M.D. Lee, S. Ayers. 2005 Free-living Canada geese and antimicrobial resistance. *Emerg Infect Dis.* 11: 935-948.
- Grobbe, M., A. Lübke-Becker, E. Alesik, S. Schwarz, J. Wallmann, C. Werckenthin, L. H. Wieler. 2007. Antimicrobial susceptibility of *Escherichia coli* from swine, horses, dogs and cats as determined in the BfT-GermVet monitoring program 2004-2006. *Berliner und Münchener tierärztliche Wochenschrift.* 120(9-10): 391-401.
- Guardabassi, L., S. Schwarz, D.H. Lloyd. 2004. Pet animals as reservoirs of antimicrobial-resistant bacteria. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy.* 54(2): 321- 332.
- Hasan, B., L. Sandegren, Å. Melhus, M. Drobni, J. Hernandez, J. Waldenström, M. Alam, B. Olsen. 2012. Antimicrobial Drug-Resistant *Escherichia coli* in Wild Birds and Free-range Poultry, Bangladesh. *Emerging Infectious Diseases.* 18(12).
- Hirai, J., K. Uechi, M. Hagihara, D. Sakanashi, T. Kinjo, S. Haranaga, J. Fujita. 2016. Bacteremia due to *Citrobacter braakii*: a case report and literature review. *Journal of infection and chemotherapy.* 22(12): 819-821.
- Hickman-Brenner, F. W., G. P. Huntley-Carter, Saitoh Yoshihiko, A. G. Steigerwalt, J. J. Farmer, J. Brenner. 1984. *Moellerella wisconsensis*, a new Genus and Species of Enterobacteriaceae Found in Human Stool Specimens. *Journal of Clinical Microbiology.* 34: 460-463.
- Koneman, E. W. 2008. Diagnostico Microbiológico: texto y atlas a color. Editorial Médica Panamericana: Buenos Aires, Argentina. 269pp.
- Medina-Vogel, G. 2010. Ecología de enfermedades infecciosas emergentes y conservación de especies silvestres. *Archivos de medicina veterinaria.* 42(1): 11-24.
- Middleton, J.H., A. Ambrose. 2005. Enumeration and antibiotic resistance patterns of fecal indicator organisms isolated from migratory Canada geese (*Branta canadensis*). *Journal of Wildlife Diseases.* 41: 334-41.
- Moreno, M. K. M. 2013. Carbapenémicos: tipos y mecanismos de resistencia bacterianos. *Revista médica de Costa Rica y Centroamérica.* 70(608): 599-605.
- Nakamura, M., H. Yoshimura, T. Koeda. 1982. Drug resistance and R plasmids of *Escherichia coli* strains isolated from six species of wild birds. *Nippon Juigaku Zasshi.* 44: 465-71.
- Radhouani, H., P. Poeta, A. Goncalves, Pacheco, R. Sargo, G. Igrejas. 2012. Wild birds as biological indicators of environmental pollution: antimicrobial resistance patterns of *Escherichia coli* and enterococci isolated from common buzzards (*Buteo buteo*). *Journal of medical microbiology.* 61(6): 837-843.
- Radimsky, T., P. Frolkova, D. Janoszowska, M. Dolejska, P. Svec, E. Roubalova. 2010. Antibiotic resistance in faecal bacteria (*Escherichia coli*, *Enterococcus* spp.) in feral pigeons. *Journal of Applied Microbiology.* 109: 1687-95.
- Sacristán Y. C. 2012. Estudio de las antibiorresistencias bacterianas presentes en aves sinantrópicas de la Comunidad de Madrid. Facultad de Veterinaria, Universidad Complutense de Madrid. Madrid, España. 16-26pp.
- SEFH. 2008. Informe técnico de evaluación ertapenem. Hospital Universitario Virgen de la Arrixaca. [Online]. En: [http://gruposedetrabajo.sefh.es/genesis/informes- genesis/INFO\\_EVAL\\_ERTAPENEM.pdf](http://gruposedetrabajo.sefh.es/genesis/informes- genesis/INFO_EVAL_ERTAPENEM.pdf) (consultado 23/03/2019).
- Secretaria de Medio Ambiente y Recursos Naturales. 2010.



Norma Oficial Mexicana. NOM-059- ECOL-2010. Protección Ambiental Especies Nativas de México de Flora y Fauna Silvestre Categorías de Riesgo y Especificaciones para Su Inclusión Exclusión o Cambio Lista de Especies en Riesgo. México: Diario Oficial de la Federación.

Tardón, A., E. Bataller, L. Llobat, E. Jiménez-Trigos. 2021. Bacteria and antibiotic resistance detection in fractures of wild birds from wildlife rehabilitation centres in Spain. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*. 74: 101-575.

Vittecoq, M. S. Godreuil, F. Prugnolle, P. Durand, L. Brazier, N. Renaud, F. Renaud, 2016. Antimicrobial resistance in wildlife. *Journal of Applied Ecology*. 53(2): 519-529.

Wellington, E. M., A.B. Boxall, P. Cross, J. E. Feil, W.H. Gaze, P.M. Hawkey, P. C.M. Thomas. 2013. The role of the natural environment in the emergence of antibiotic resistance in Gram-negative bacteria. *The Lancet infectious diseases*. 13(2):155-165