



UNIVERSIDAD TÉCNICA DE AMBATO

**FACULTAD DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS**



CARRERA DE MEDICINA VETERINARIA

Título de la tesis

**“Detección de genes de resistencia a antibióticos betalactámicos
(blaTEM y blaCTX-M) en *Shigella* spp. aislada de carne de pollo
que se expende en la ciudad de Ambato”**

DOCUMENTO FINAL DEL PROYECTO DE INVESTIGACIÓN COMO
REQUISITO PARA OBTENER EL GRADO DE MÉDICO VETERINARIO

AUTOR:

Gregory Matheo Rubio Obando

TUTOR:

Dra. Sandra Cruz PhD

CEVALLOS, 2025

"Detección de genes de resistencia a antibióticos betalactámicos (blaTEM y blaCTX-M) en *Shigella* spp. aislada de carne de pollo que se expende en la ciudad de Ambato"

REVISADO POR:

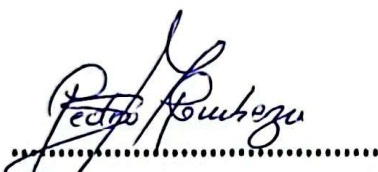


Dra. Sandra Cruz PhD.

TUTOR

APROBADO POR LOS MIEMBROS DE CALIFICACIÓN

Fecha



Ing. Pedro Pablo Pomboza, PhD.

PRESIDENTE DEL TRIBUNAL DE CALIFICACIÓN

12-02-2025



Dr. Mg. Byron Enrique Borja Caicedo

MIEMBRO DEL TRIBUNAL DE CALIFICACIÓN

12-02-2025



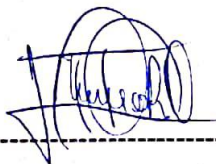
Dra. Mg. Lourdes Anita Ulloa Ulloa

MIEMBRO DEL TRIBUNAL DE CALIFICACIÓN

12-02-2025

AUTORIA DE LA INVESTIGACIÓN

El suscrito, **Gregory Matheo Rubio Obando**, portador de cédula de ciudadanía número: **1753074440**, libre y voluntariamente declaro que el Informe Final del Proyecto de investigación titulado: **“Detección de genes de resistencia a antibióticos betalactámicos (blaTEM y blaCTX-M) en *Shigella* spp. aislada de carne de pollo que se expende en la ciudad de Ambato”** es original, auténtico y personal. En tal virtud, declaro que el contenido es de mi sola responsabilidad legal y académica, excepto donde se indican las fuentes de información consultadas.



GREGORY MATHEO RUBIO OBANDO

DERECHO DE AUTOR

Al presentar este Informe Final del Proyecto de Investigación titulado “**Detección de genes de resistencia a antibióticos betalactámicos (blaTEM y blaCTX-M) en *Shigella* spp. aislada de carne de pollo que se expende en la ciudad de Ambato**” como uno de los requisitos previos para la obtención del título de grado de Médico Veterinario, en la Facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Técnica de Ambato, autorizo a la Biblioteca de la Facultad, para que este documento esté disponible para su lectura, según las normas de la Universidad.

Estoy de acuerdo en que se realice cualquier copia de este Informe Final, dentro de las regulaciones de la Universidad, siempre y cuando esta reproducción no suponga una ganancia económica potencial.

Sin perjuicio de ejercer mi derecho de autor, autorizo a la Universidad Técnica de Ambato la publicación de este Informe Final, o de parte de él.



GREGORY MATHEO RUBIO OBANDO

DEDICATORIA

Le dedico este trabajo de investigación a mis padres por el apoyo incondicional que me han dado a lo largo de mi carrera, admiro su constante lucha y sacrificio para ayudarme a llegar a donde estoy, también a mi hermana por escucharme en los momentos difíciles y apoyarme. Finalmente, a todas las personas que me dieron su ayuda cuando lo he necesitado y pusieron su granito de arena para llegar hasta este punto de mi carrera.

AGRADECIMIENTO

Agradezco primeramente a Dios por permitirme culminar mi carrera universitaria y por las bendiciones que me ha dado, también agradezco a mis padres Oswaldo y Lilian, y a mi hermana Yanela por siempre apoyarme. Además, le agradezco mucho a mi tutora Sandra Cruz por su ayuda incondicional y por ser una excelente persona, que a pesar de las dificultades que se me presentaron me ayudó de la mejor manera para poder realizar mi tesis. Además, agradezco a todas las personas que han contribuido de buena manera en mi vida y en mi carrera universitaria.

ÍNDICE GENERAL

CONTENIDO

RESUMEN.....	xi
ABSTRACT	xii
CAPÍTULO I.....	13
INTRODUCCIÓN.....	13
MARCO TEÓRICO	14
1.1. Antecedentes Investigativos	14
1.2. Marco teórico	17
1.2.1. Generalidades de <i>Shigella</i> spp.....	17
1.2.2. Taxonomía de <i>Shigella</i> spp.....	18
1.2.3. Especies de <i>Shigella</i> spp.....	18
1.2.4. Shigelosis	19
1.2.5. Transmisión	20
1.2.6. Carne de pollo como vehículo de transmisión	20
1.2.7. Adquisición de resistencia de las bacterias hacia los antibióticos	22
1.2.8. Mecanismos de resistencia hacia los antibióticos	22
1.2.9. Gen de resistencia blaTEM	25
1.2.10. Gen de resistencia blaCTX-M.....	26
1.2.11. Acción de los antibióticos betalactámicos	26

1.3.	Objetivos.....	27
1.3.1.	Objetivo general:.....	27
1.3.2.	Objetivos específicos:	27
CAPÍTULO II		28
METODOLOGÍA		28
2.1.	Ubicación del estudio.....	28
2.2.	Caracterización del lugar.....	28
2.3.	Equipos y materiales.....	29
2.4.	Factores de Estudio:	32
2.5.	Análisis estadístico	32
2.5.1.	Tamaño de la muestra	33
2.6.	Diseño experimental	33
2.7.	Metodología.....	33
2.7.1.	Reacción en cadena de la polimerasa (PCR)	33
2.7.2.	Electroforesis en gel de agarosa	34
2.7.3.	Observación de los resultados.....	35
2.8.	Variables respuesta.....	35
2.9.	Procesamiento de la información	35
CAPÍTULO III		36
RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....		36
3.1.	Presencia de genes de resistencia a los antibióticos betalactámicos	36
3.1.1.	Gen blaTEM	37
3.1.2.	Gen blaCTX-M.....	40

3.1.3. Relación de la presencia de genes de resistencia a betalactámicos según la especie de <i>Shigella</i> spp y procedencia de muestras	45
CAPÍTULO IV	51
CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES	51
4.1. CONCLUSIONES	51
4.2. RECOMENDACIONES	52
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	53
ANEXOS	64

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. <i>Taxonomía de Shigella spp.</i>	18
Tabla 2. <i>Condiciones meteorológicas del cantón Cevallos</i>	28
Tabla 3. <i>Cepas identificadas de Shigella spp.</i>	29
Tabla 4. <i>Genes de resistencia a betalactámicos presentes en Shigella spp.</i>	32
Tabla 5. <i>Condiciones para utilizar en la PCR para los genes blaTEM y blaCTX-M34</i>	
Tabla 6. <i>Relación de la presencia de genes de resistencia según la especie de Shigella spp y su lugar de procedencia</i>	45
Tabla 7. <i>Cantidad de muestras de Shigella spp. según el lugar de origen</i>	46
Tabla 8. <i>Cantidad de muestras de Shigella spp. positivas a los genes blaTEM y blaCTX-M según el lugar de origen</i>	47

ÍNDICE DE FIGURAS

Imagen 1. Gel de agarosa visto con un transiluminador luego de la electroforesis para el gen *blaTEM*; muestras de la S1 a la S17. 37

Imagen 2. Gel de agarosa visto con un transiluminador luego de la electroforesis para el gen *blaCTX-M*; muestras de la S1 a la S17. 40

ÍNDICE DE ANEXOS

Anexo 1. Cepario de muestras de *Shigella* spp. 64

Anexo 2. Actividades realizadas durante la fase experimental. 65

Anexo 3. Introducción de las condiciones específicas para PCR en el termociclador
..... 65

Anexo 4. Resultado de la prueba estadística de correlación de tau b de Kendall..... 66

RESUMEN

La carne de pollo es un alimento ampliamente consumido que puede actuar como vehículo de transmisión de microorganismos patógenos resistentes a antibióticos. En este contexto, la presente investigación tuvo como objetivo principal determinar la presencia de los genes de resistencia a betalactámicos blaTEM y blaCTX-M en cepas de *Shigella* spp. aisladas de carne de pollo expendida en la ciudad de Ambato. Se recolectaron 17 muestras de carne de pollo de camales (9 muestras) y de puntos de venta informales (8 muestras), y se realizó la identificación fenotípica y molecular de las cepas. Las especies de *Shigella* identificadas fueron *S. sonnei* (58,82%), *S. flexneri* (29,41%) y *S. dysenteriae* (11,77%). El gen blaTEM se detectó en un 23,53% de las muestras analizadas, mientras que blaCTX-M estuvo presente en un 88,23%. Ambas cepas de resistencia se encontraron en *S. sonnei* y *S. dysenteriae*, pero no en *S. flexneri*. La mayor presencia de estos genes se evidenció en las muestras provenientes de puntos de expendio no registrados, lo que sugiere que las condiciones higiénico-sanitarias inadecuadas contribuyen a la diseminación de bacterias resistentes. Los resultados obtenidos concuerdan parcialmente con estudios previos realizados en otras regiones de Ecuador y América Latina, donde la especie *S. flexneri* ha sido históricamente la más prevalente. Sin embargo, se observa un cambio en la epidemiología, con un predominio de *S. sonnei* en las muestras analizadas, lo cual podría explicarse por la capacidad de esta especie para adquirir genes de resistencia con mayor facilidad. Este estudio resalta la importancia de implementar medidas de control y vigilancia sanitaria en la cadena de producción y comercialización de carne de pollo, con el fin de prevenir la propagación de bacterias resistentes a antibióticos betalactámicos y reducir los riesgos asociados para la salud pública.

Palabras clave: *Shigella* spp, genes de resistencia a betalactámicos, carne de pollo, antibióticos, blaTEM, blaCTX-M, salud pública.

ABSTRACT

Chicken meat is a widely consumed food that can act as a vehicle for the transmission of antibiotic-resistant pathogenic microorganisms. In this context, the main objective of this research was to determine the presence of the beta-lactam resistance genes blaTEM and blaCTX-M in *Shigella* spp. strains isolated from chicken meat sold in the city of Ambato. 17 samples of chicken meat were collected from slaughterhouses (9 samples) and informal sales points (8 samples), and phenotypic and molecular identification of the strains was performed. The *Shigella* species identified were *S. sonnei* (58.82%), *S. flexneri* (29.41%) and *S. dysenteriae* (11.77%). The blaTEM gene was detected in 23.53% of the samples analyzed, while blaCTX-M was present in 88.23%. Both resistant strains were found in *S. sonnei* and *S. dysenteriae*, but not in *S. flexneri*. The highest presence of these genes was found in samples from unregistered sales points, suggesting that inadequate hygienic-sanitary conditions contribute to the spread of resistant bacteria. The results obtained partially agree with previous studies carried out in other regions of Ecuador and Latin America, where the *S. flexneri* species has historically been the most prevalent. However, a change in epidemiology is observed, with a predominance of *S. sonnei* in the samples analyzed, which could be explained by the capacity of this species to acquire resistance genes more easily. This study highlights the importance of implementing sanitary control and surveillance measures in the chicken meat production and marketing chain, in order to prevent the spread of bacteria resistant to beta-lactam antibiotics and reduce the associated risks to public health.

Keywords: *Shigella* spp, beta-lactam resistance genes, chicken meat, antibiotics, blaTEM, blaCTX-M, public health.

CAPÍTULO I

INTRODUCCIÓN

La cría y producción de aves de corral se reconoce como una de las industrias más relevantes y prósperas a nivel global. En Ecuador, la carne de pollo ocupa el primer lugar tanto en producción como en consumo, superando incluso a la carne de cerdo. Este sector ha experimentado un rápido crecimiento en el país, lo cual se evidencia en el aumento del consumo por persona, que en el año 2022 alcanzó los 28 kg per cápita **(CONAVE, 2022)**.

La alta demanda de carne de pollo en el mercado ha generado un notable incremento tanto en su producción como en su comercialización, así como en su distribución **(Organización Panamericana de la Salud, 2023)**. Para satisfacer las expectativas de los consumidores y, a la vez, reducir los costos del producto, ha crecido la tendencia de adquirirlo en mercados informales. Esto representa un desafío en el ámbito de la salud pública, ya que la falta de regulación en la producción, el uso excesivo de antibióticos y la venta de alimentos para consumo humano sin control adecuado, están relacionados con el riesgo de contaminación por microorganismos, lo que podría desencadenar enfermedades transmitidas por alimentos u otras afecciones similares **(Organización Panamericana de la Salud, 2023)**.

(López et al., 2021) explican que la industria avícola ha recurrido durante décadas al uso de antibióticos, pero que en este contexto avicultor se han aplicado de manera profiláctica y como promotores del crecimiento. Esto ha traído beneficios como un crecimiento más rápido de las aves, menor mortalidad, y mejores condiciones de limpieza y sanidad en los galpones. No obstante, el uso inadecuado y excesivo de antimicrobianos en aves destinadas al consumo humano ha contribuido al desarrollo de resistencia a los antibióticos, lo que ha dado lugar a la aparición de patógenos resistentes a múltiples fármacos, los cuales pueden transmitirse a los humanos a través de la contaminación cruzada **(Velandia et al., 2022)**. Entre los antibióticos empleados destacan los betalactámicos, ampliamente usados en el tratamiento de infecciones por

su amplio espectro de acción. Sin embargo, la resistencia a estos medicamentos puede desarrollarse con facilidad debido a alteraciones genéticas en el ADN cromosómico y a la presencia de plásmidos, tanto conjugativos como no conjugativos, en los genes (Velandia et al., 2022).

Esta investigación se plantea debido a la escasez de estudios previos enfocados específicamente en la detección de genes de resistencia a betalactámicos en *Shigella* spp. presente en la carne de pollo comercializada en la ciudad de Ambato. La falta de datos sobre este tema resalta la importancia de llevar a cabo un análisis que permita comprender y abordar la posible amenaza que representa la resistencia a estos antimicrobianos para la seguridad alimentaria y la salud pública en la región. El objetivo de esta investigación es identificar los genes de resistencia a antibióticos betalactámicos en la bacteria *Shigella* spp. en la carne de pollo del cantón Ambato.

MARCO TEÓRICO

1.1. Antecedentes Investigativos

La presencia de *Shigella* spp. resistente a múltiples antibióticos representa una importante amenaza para la salud pública mundial. De acuerdo con Pakbin et al. (2021), los estudios que han explorado o detallado la incidencia, la susceptibilidad a antimicrobianos y la diversidad genética de *Shigella* spp. aislada de alimentos han sido bastante escasos.

En 2021, se llevó a cabo una revisión bibliográfica para recopilar información sobre los principales patógenos bacterianos transmitidos por los alimentos. El estudio analizó estimaciones de prevalencia agrupadas de patógenos bacterianos en general, tanto en heces humanas como en muestras ambientales. La prevalencia general combinada de patógenos como *Salmonella*, *Escherichia coli*, *Shigella* y *Campylobacter* spp. en alimentos fue del 8%. Se observó una mayor prevalencia en muestras ambientales (11%) en comparación con las heces humanas (6%), con

diferencias estadísticamente significativas ($P < 0,01$) (Quanping, Chengbao, Mingxiao, Guangying, y Yuguo, 2021).

Un estudio llevado a cabo por Anselmo et al. (2020) tuvo como objetivo investigar la presencia de *Shigella* spp. en ensaladas de vegetales listas para consumir y verificar la resistencia antibiótica de los aislamientos obtenidos. Se recolectaron 160 muestras de ensaladas preparadas de cinco lugares de venta en la ciudad de Luján, Buenos Aires, durante el período de enero de 2017 a diciembre de 2018. Se utilizó un análisis bioquímico y tipificación serológica para identificar la presencia de *Shigella*, encontrando que 13 de las muestras (8,12%) contenían la bacteria. De estos 13 aislamientos, cuatro correspondían a *Shigella flexneri* serotipo 2 y mostraron multirresistencia a los antibióticos ampicilina, cloranfenicol y trimetoprim-sulfametoxazol. El resto de los aislamientos presentaron resistencia a un solo antibiótico. El estudio concluye que las ensaladas preparadas y listas para consumir representan un riesgo significativo de transmisión de shigelosis, dado que estos alimentos no pasan por un tratamiento térmico antes de ser ingeridos, lo que aumenta las posibilidades de infección.

Una revisión llevada a cabo por Libby et al. (2023) analizó el impacto a largo plazo de la infección por *Shigella* en niños menores de 5 años, buscando justificar la importancia de una vacuna. La revisión sistemática incluyó 52 estudios publicados entre 1980 y 2022, realizados en países de ingresos bajos y medios. Se evidenció que la infección por *Shigella* está asociada con diarrea persistente (en hasta un 61.1% de los casos), retraso en el crecimiento lineal y un impacto económico significativo para las familias. La diarrea persistente fue más común en niños desnutridos, con heces con sangre o con *Shigella* multirresistente. Las infecciones recurrentes por *Shigella* en los dos primeros años de vida contribuyeron a la mayor pérdida en la puntuación de talla para la edad, un indicador crucial de desnutrición crónica. El estudio subraya la necesidad de una vacuna efectiva para prevenir la infección por *Shigella* y sus consecuencias negativas en la salud y el desarrollo de los niños.

En un estudio llevado a cabo por **Elkenany et al. (2022)** se investiga la prevalencia de especies de *Shigella* multirresistentes en leche cruda de vaca y productos lácteos en Egipto. Se analizaron los fenotipos y genotipos de resistencia a antibióticos y desinfectantes, así como los perfiles de plásmidos. Se detectaron altas tasas de resistencia a múltiples antibióticos, especialmente a las betalactamasas de espectro extendido (BLEE), mediadas por genes como blaTEM y blaCTX-M. También se observó resistencia a desinfectantes como el cloruro de benzalconio. Los resultados sugieren una preocupante resistencia a antibióticos y desinfectantes en *Shigella* de origen lácteo, destacando la necesidad de un monitoreo regular y medidas de control.

En 2020, un estudio en Biratnagar, Nepal, investigó la diversidad microbiana y la resistencia a antibióticos en la carne de pollo cruda. Las bacterias más comunes fueron *Shigella* (60%), *Salmonella* (53,3%), *E. coli* (46,7%) y *Pseudomonas aeruginosa* (46,7%). Un 37,5% de las cepas de *Shigella* fueron resistentes a cefotaxima y levofloxacina, y un 12,5% a amoxicilina (**Mahato et al., 2021**).

Este estudio llevado a cabo por **Rabins (2021)** investigó la presencia de *Shigella* spp. en carne cruda vendida en Puducherry, India. De 150 muestras de carne (pollo, cabra y ternera), se recuperaron 28 aislamientos de *Shigella* (18,7%), incluyendo *S. dysenteriae* y *S. flexneri*. El pollo tuvo la mayor prevalencia de *Shigella* (50%), seguido de la cabra y la ternera (25% cada una). *S. dysenteriae* fue más común que *S. flexneri*. Todos los aislamientos de *S. dysenteriae* se confirmaron mediante PCR y la mayoría (92,8%) produjo biopelícula. La mayoría de los aislamientos de *S. flexneri* (64,2%) también produjeron biopelícula. Los aislamientos mostraron mayor sensibilidad a la cefotaxima, azitromicina y cefalexina, y resistencia completa a la amoxicilina y al metronidazol. El estudio destaca el riesgo para la salud pública que representan las bacterias que se transmiten por medio de los alimentos en y la gran necesidad de medidas de control higiénico más estrictas.

Cruz et al. (2023) analizaron la presencia de mesófilos aerobios en la carne de pollo vendida en el cantón Ambato, Ecuador. Este estudio es relevante porque el consumo

de carne de pollo ha aumentado en los últimos años y es importante garantizar su seguridad para el consumo humano. Se analizaron 90 muestras de carne de pollo, 45 de puntos de venta autorizados y 45 de puntos de venta informales. Los resultados mostraron que la contaminación por mesófilos aerobios superó los límites permitidos por la norma ecuatoriana NTE INEN 2346 tanto en los puntos de venta autorizados como en los informales. Los locales informales presentaron una mayor contaminación, lo que indica la necesidad de mejorar las prácticas de higiene en estos lugares. Además, se encontró una relación significativa entre la calidad microbiológica de la carne de pollo y factores como la higiene del local, la conservación de la carne y las medidas de protección del vendedor. El estudio destaca la importancia de controlar estos factores para garantizar la seguridad de la carne de pollo.

Soto (2024) realizó un estudio, donde el objetivo fue evaluar la resistencia a los antibióticos de 17 cepas de *Shigella* spp. aisladas de carne de pollo en Ambato, Tungurahua. En una primera fase, utilizando el método de Kirby Bauer (disco-placa), se evaluó la resistencia a Azitromicina (AZM), Gentamicina (CN), Ceftriaxona (CRO), Amoxicilina + ácido clavulánico (AMC) y Ciprofloxacina (CIP). Los resultados mostraron una alta resistencia: 82.4% a CIP, 64.7% a AMC, 29.4% a CRO, 23.5% a CN y 5.9% a AZM. En la segunda fase, se determinó la Concentración Mínima Inhibitoria (CMI) de las cepas sensibles, obteniendo valores de AZM 160 µg/ml, CN 10 µg/ml, AMC 160 µg/ml, CRO 1.25 µg/ml y CIP 20 µg/ml.

1.2. Marco teórico

1.2.1. Generalidades de *Shigella* spp.

Shigella spp. es un género bacteriano perteneciente a la familia *Enterobacteriaceae*. Estas bacterias son bacilos gram-negativos, no móviles y no esporulados con un tamaño de 1 a 6 µm de largo y 0,3 a 1,0 µm de diámetro (**Terragno et al., 2007; Villacrés et al., 2017**).

Estas bacterias no forman esporas, poseen un metabolismo anaerobio facultativo y no fermentan la lactosa (**Andino y Hanning, 2015; Rabins, 2021**). El género *Shigella* es el agente causal de la shigelosis o disentería bacilar en humanos, una enfermedad diarreica aguda que puede ser grave, especialmente en niños y en países en desarrollo (**Kahsay y Muthupandian, 2016**).

1.2.2. Taxonomía de *Shigella* spp.

Tabla 1. Taxonomía de *Shigella* spp.

Superreino	Bacteria
Filo	<i>Pseudomonadota</i>
Clase	<i>Gammaproteobacteria</i>
Orden	<i>Enterobacterales</i>
Familia	<i>Enterobacteriaceae</i>
Género	<i>Shigella</i>
Especies	<i>Shigella dysenteriae</i>
	<i>Shigella boydii</i>
	<i>Shigella sonnei</i>
	<i>Shigella flexneri</i>

Fuente: (NCBI, 2024)

1.2.3. Especies de *Shigella* spp.

Filogenéticamente el género *Shigella* se compone de 4 especies, cada una representando un serogrupo distinto. Dentro de cada serogrupo, existen varios serotipos que poseen características bioquímicas y de virulencia específicas, lo que permite diferenciarlas y entender mejor su comportamiento patogénico (**Aslam et al., 2024; Pakbin et al., 2021**).

Estas especies son:

- Serogrupo A (*S. dysenteriae*, 12 serotipos)
- Serogrupo B (*S. flexneri*, 6 serotipos)
- Serogrupo C (*S. boydii*, 23 serotipos)
- Serogrupo D (*S. sonnei*, 1 serotipo)

Shigella es la principal causa de enfermedades diarreicas y sigue siendo un patógeno significativo, contribuyendo al aumento de las tasas de morbilidad y mortalidad a nivel mundial (**Mims et al., 2007**). Aunque estos serotipos comparten características genómicas y fenotípicas similares, presentan diferencias en cuanto a su distribución geográfica y patogenicidad. *S. sonnei* es la especie más prevalente en países desarrollados, mientras que *S. flexneri* predomina en países en desarrollo (**Kahsay y Muthupandian, 2016**).

Además, la gravedad de la enfermedad varía según la especie y el estado inmunológico del hospedador, desde cuadros leves autolimitados hasta formas graves con complicaciones sistémicas, de tal manera que *S. dysenteriae* y *S. boydii* están asociadas a cuadros clínicos más severos en comparación con *S. sonnei* y *S. flexneri* que están asociadas a cuadros clínicos leves y menos duraderos (**Mims et al., 2007**).

Entre los serotipos de las cuatro especies de *Shigella*, el tipo 1 *S. dysenteriae* es el más virulento, ya que presenta genes que codifican para una potente citotoxina conocida como toxina “Shiga”, la cual puede causar el síndrome hemolítico-urémico y tiene una tasa de mortalidad del 20%. Este serotipo se encuentra con alta frecuencia en países de bajos recursos y con condiciones de higiene deficientes, y está asociado con brotes epidémicos que presentan una elevada mortalidad (**Ministerio de Salud, 2014**).

1.2.4. Shigelosis

La enfermedad causada por *Shigella* se caracteriza por una colitis inflamatoria aguda y diarrea con sangre (**Killackey et al., 2016**). Los síntomas de la shigelosis

generalmente comienzan a manifestarse entre 1 y 4 días después de la exposición **(Aslam et al., 2024)**. Esta bacteria puede sobrevivir en ambientes ácidos, o sea con un pH bajo, esta característica le permite atravesar fácilmente la barrera ácida que posee el estómago **(Rabins, 2021)**.

Posteriormente se multiplica en el intestino delgado al ingresar a las células del epitelio del colon (células presentadoras de antígenos) y se disemina de manera local, siendo la mucosa colónica el principal sitio de desarrollo de la enfermedad **(Aslam et al., 2024)**. Después de multiplicarse en el interior de las células, provoca daños que llevan a la muerte celular, procesos que están mediados por un plásmido presente en todas las cepas de *E. coli* y *Shigella* **(Rabins, 2021)**.

1.2.5. Transmisión

Shigella spp. es una bacteria zoonótica que se transmite a los humanos a través de la cadena alimentaria **(Kaur et al., 2024)**. Los brotes de *Shigella* spp. relacionados con los alimentos suelen ocurrir cuando estos son preparados o procesados con manos contaminadas, se someten a un tratamiento térmico inadecuado, o se sirven crudos a los consumidores **(Pakbin et al., 2021)**.

Es importante señalar que los portadores asintomáticos de shigelosis también pueden transmitir la enfermedad, principalmente a través de la vía fecal-oral, el contacto directo entre personas y el contacto con heces infectadas. Además, la transmisión puede ocurrir de manera indirecta a través de moscas, fómites, o mediante el consumo de alimentos o agua contaminada **(OMS, 2022)**.

1.2.6. Carne de pollo como vehículo de transmisión

En Ecuador, la carne de pollo ocupa el primer lugar tanto en producción como en consumo, superando incluso a la carne de cerdo. Este sector ha experimentado un rápido crecimiento en el país, lo cual se evidencia en el aumento del consumo por persona, que en el año 2022 alcanzó los 28 kg per cápita **(CONAVE, 2022)**. Es por

ello que debido a la abundancia de este alimento es muy probable que este expuesta a contaminaciones tanto en el proceso de faenamiento como en su comercialización.

La carne de pollo, debido a su alto contenido proteico y a un pH cercano a la neutralidad, constituye un medio de cultivo ideal para una amplia variedad de microorganismos. Además, factores como la temperatura de almacenamiento, la humedad relativa y la presencia de nutrientes en la carne favorecen el crecimiento bacteriano. La carne de pollo, en particular, presenta una mayor susceptibilidad a la contaminación debido a la presencia de microbiota en el intestino y a las prácticas de sacrificio y procesamiento. Estos factores, en conjunto, convierten a la carne de pollo en uno de los principales vehículos de transmisión de enfermedades de transmisión alimentaria (ETA) **(Cruz et al., 2023)**.

Al ser de origen animal, la carne de pollo alberga una microbiota propia que coloniza principalmente el tracto gastrointestinal y la piel de las aves. Durante el proceso de faenado, aunque se eliminan muchos de estos microorganismos, existe un riesgo significativo de contaminación cruzada a través del contacto con plumas, heces, equipos y superficies. Factores como la edad de las aves, las condiciones de crianza y el estrés durante el transporte y el sacrificio pueden influir en la carga microbiana y la susceptibilidad a la contaminación. Además, la anatomía de las aves, con la cloaca ubicada cerca de la abertura cloacal, facilita la contaminación fecal de la carcasa durante el procesamiento **(Skarp et al., 2016)**.

Peñafiel et al. (2023) ha demostrado que la carne pollo es un es un vehículo frecuente de transmisión de enfermedades como la shigelosis. La contaminación puede ocurrir en diversas etapas de la cadena alimentaria, desde la producción hasta el consumo, poniendo en riesgo la salud pública, especialmente en grupos poblacionales vulnerables.

1.2.7. Adquisición de resistencia de las bacterias hacia los antibióticos

Las bacterias pueden adquirir o desarrollar resistencia a los antimicrobianos de dos formas: de manera intrínseca, cuando los genes de resistencia están en su genoma, o de forma extrínseca, al adquirir genes desde el exterior **(Lorenzo et al., 2017)**. Existen dos vías principales de transferencia de genes: la transferencia vertical, donde los genes se transmiten de las bacterias madre a sus descendientes durante la replicación; y la transferencia horizontal, que implica el intercambio de genes entre bacterias diferentes mediante elementos móviles **(Lorenzo et al., 2017)**. Dentro de la transferencia horizontal, hay tres mecanismos principales: transformación, transducción y conjugación **(Fang Wu et al., 2023)**.

La transformación ocurre cuando una bacteria toma fragmentos de ADN libres del ambiente y los integra en su genoma. Este proceso depende de que la bacteria sea “competente”, es decir, que tenga la capacidad de absorber ADN externo **(Ochman et al., 2000)**.

La transducción, por otro lado, implica que un virus bacteriófago actúe como vehículo para transferir genes. Esto puede suceder de manera generalizada, cuando el ADN del fago se incorpora de forma aleatoria en el cromosoma bacteriano, o de manera especializada, cuando el ADN se inserta en un lugar específico **(Croucher et al., 2016)**.

Finalmente, la conjugación es el mecanismo más efectivo y común de transferencia horizontal. Requiere contacto directo entre la bacteria donante y la receptora, y un plásmido que permita la transferencia del ADN. A diferencia de los otros mecanismos, la conjugación permite el paso de grandes fragmentos de ADN y es el principal proceso responsable de la transmisión de genes de resistencia hacia los antibióticos **(Chiang et al., 2019)**.

1.2.8. Mecanismos de resistencia hacia los antibióticos

Según manifiestan **Fang Wu et al. (2023)** se conocen cuatro mecanismos principales de resistencia bacteriana a los antibióticos, los cuales son los siguientes:

Limitación de la absorción del fármaco (alteración de la permeabilidad)

La resistencia bacteriana a los antibióticos está relacionada con la estructura de las células bacterianas, especialmente con su membrana. En algunas bacterias, la membrana puede volverse menos permeable a los antibióticos, lo que dificulta su entrada y reduce su efectividad. Esto ocurre principalmente en bacterias gramnegativas, cuya membrana externa está compuesta por fosfolípidos y polisacáridos que forman una barrera muy efectiva contra los fármacos (**Prajapati et al., 2021**).

El lipopolisacárido (LPS) y el lipooligosacárido (LOS) presentes en esta membrana externa son los responsables de su naturaleza hidrofóbica, lo que impide la entrada de ciertas sustancias como antibióticos y sales biliares. Sin embargo, esta membrana sí permite el paso de compuestos hidrofílicos, como la ampicilina y la amoxicilina, a través de unas proteínas específicas llamadas porinas, que funcionan como canales por los cuales estos fármacos pueden ingresar a la célula (**Bertani y Ruiz, 2018; Fang Wu et al., 2023**).

Modificación del objetivo diana farmacológico por mutación

Una de las formas más comunes en las que las bacterias desarrollan resistencia a los antibióticos es a través de la modificación de las dianas o estructuras específicas a las que estos medicamentos atacan. Los antibióticos están diseñados para unirse a ciertas partes de la célula bacteriana y al hacerlo inhiben su crecimiento o destruyen sus componentes. Sin embargo, si la bacteria sufre mutaciones y altera estas estructuras, el antibiótico pierde efectividad porque ya no puede reconocer su objetivo (**Hall, 2007; Ranjbar y Farahani, 2019**).

Un ejemplo claro de este mecanismo es la resistencia a los antibióticos glicopéptidos, ya que estos medicamentos bloquean la formación de la pared celular bacteriana al

unirse a un compuesto llamado lípido II. Pero cuando la bacteria modifica el lípido II cambiando su estructura química, el antibiótico no puede adherirse correctamente, lo que genera una repulsión electrostática que impide que el fármaco haga efecto, lo cual permite que la bacteria siga creciendo y sobreviva al tratamiento (**Van Bambeke et al., 2000**).

Inactivación enzimática del fármaco

Las bacterias tienen dos formas principales de inactivar los antibióticos: degradándolos directamente o modificando su estructura química para que pierdan su efectividad (**Blair et al., 2014**). En el primer caso, muchas bacterias, especialmente las gramnegativas, producen unas enzimas llamadas betalactamasas, que destruyen el anillo betalactámico presente en antibióticos como las penicilinas y cefalosporinas y de esta manera bloquean su mecanismo de acción. La más destacada de estas enzimas es la Betalactamasa de Espectro Extendido (BLEE), que genera resistencia a cefalosporinas de 1º, 2º, 3º y 4º generación. Sin embargo, esta resistencia puede ser bloqueada por inhibidores de betalactamasas, como el ácido clavulánico (**Astocondor, 2018**).

La otra manera que usan las bacterias para inactivar los antibióticos es añadiéndoles grupos químicos, lo cual altera su estructura y los vuelve ineficaces. Este proceso lo realizan enzimas conocidas como transferasas, que agregan grupos como acetilo, fosforilo o adenilo. La acetilación es una de las modificaciones más comunes y afecta a antibióticos como los aminoglucósidos, cloranfenicol, estreptograminas y fluoroquinolonas (**Blair et al., 2014; Hall, 2007; Van Bambeke et al., 2000**).

Extrusión por bombas de eflujo (función de la permeabilidad de la membrana externa)

Las bacterias cuentan con genes que codifican para bombas de eflujo, las cuales son proteínas presentes en la membrana que ayudan a expulsar sustancias dañinas como antibióticos, químicos y tintes. Estas bombas funcionan como mecanismos de defensa

que permiten a las bacterias eliminar compuestos tóxicos y evitar que los antibióticos tengan efecto **(Kumar et al., 2020; Ranjbar y Farahani, 2019; Van Bambeke et al., 2000)**.

Según su estructura y la fuente de energía que utilizan, las bombas de eflujo se dividen en cinco familias principales:

- Familia de casetes de unión a ATP (ABC)
- Familia de extrusión de múltiples fármacos y compuestos tóxicos (MATE)
- Familia pequeña de resistencia a múltiples fármacos (SMR)
- Superfamilia facilitadora principal (MFS)
- Familia de resistencia-nodulación-división celular (RND)

(Kumar et al., 2020; Ranjbar y Farahani, 2019; Van Bambeke et al., 2000)

1.2.9. Gen de resistencia blaTEM

El gen blaTEM es uno de los más comunes asociados a la producción de betalactamasas y fue identificado por primera vez en *Escherichia coli*. Este gen permite a las bacterias volverse resistentes a las penicilinas y algunas cefalosporinas de primera generación **(Haghighatpanah et al., 2016; Zaniani et al., 2012)**.

Las betalactamasas tipo TEM, pertenecientes a la clase A de betalactamasas funcionan hidrolizando el anillo betalactámico de los antibióticos. Esto evita que los antibióticos puedan unirse a las proteínas fijadoras de penicilina (PBPs) de la bacteria, lo que permite que la bacteria mantenga la formación de su pared celular y sobreviva incluso en presencia del fármaco. Hasta la fecha, se han identificado más de 200 variantes de este gen, como blaTEM-1, blaTEM-2 y blaTEM-3, cada una con distintos niveles y perfiles de resistencia a los antibióticos **(Farajnia et al., 2013; Haghighatpanah et al., 2016)**.

1.2.10. Gen de resistencia blaCTX-M

El gen blaCTX-M produce una betalactamasa de espectro extendido (BLEE) que genera resistencia a las cefalosporinas de tercera generación, como cefotaxima y ceftriaxona, las cuales son fármacos utilizados frecuentemente para tratar infecciones graves. Su nombre proviene de "cefotaximasa" debido a su alta capacidad para romper o hidrolizar el anillo betalactámico de este antibiótico y así anular su efecto antimicrobiano **(Bialvaei et al., 2017)**.

Este tipo de resistencia es preocupante porque dificulta los tratamientos con antibióticos de primera línea en infecciones intestinales severas. Hasta la fecha, se han identificado más de 100 variantes de blaCTX-M, que se agrupan en familias como CTX-M-1, CTX-M-2, CTX-M-8, CTX-M-9 y CTX-M-25. Entre estas, las variantes blaCTX-M-15 y blaCTX-M-14 son las más comunes en infecciones humanas **(Kim et al., 2014)**.

1.2.11. Acción de los antibióticos betalactámicos

Los antibióticos β -lactámicos, como la penicilina y las cefalosporinas, tienen un anillo β -lactámico que les permite inhibir la síntesis de la pared celular bacteriana al unirse a las proteínas fijadoras de penicilina (PBPs). Sin embargo, en bacterias gramnegativas como *Shigella* spp., la pérdida o mutación de una porina de 39 kDa en su membrana externa puede dificultar la entrada de estos antibióticos, lo que afecta su eficacia. Esto reduce la susceptibilidad de la bacteria frente a antibióticos β -lactámicos que ingresan lentamente, como el aztreonam y la moxalactama, y disminuye la permeabilidad a antibióticos hidrofílicos como la penicilina y la piperacilina, lo que contribuye a su resistencia **(Ranjbar y Farahani, 2019)**.

1.3. Objetivos

1.3.1. Objetivo general:

Detectar genes de resistencia a antibióticos betalactámicos (blaTEM y blaCTX-M) en *Shigella* spp. aislada de carne de pollo que se expende en la ciudad de Ambato.

1.3.2. Objetivos específicos:

- Demostrar la presencia del gen blaTEM en *Shigella* spp. aislada de carne de pollo.
- Determinar la presencia del gen blaCTX-M en *Shigella* spp. aislada de carne de pollo.
- Relacionar la presencia de los genes de resistencia a betalactámicos (blaTEM y bla CTMX) según la especie de *Shigella* spp. y procedencia de las muestras de ADN.

1.4. Hipótesis

H0: No existe presencia de genes de resistencia a los antibióticos betalactámicos (blaTEM y blaCTX-M) en las muestras de ADN de *Shigella* spp. aisladas de carne de pollo que se expende en la ciudad de Ambato.

H1: Si existe presencia de genes de resistencia a los antibióticos betalactámicos (blaTEM y blaCTX-M) en las muestras de ADN de *Shigella* spp. aisladas de carne de pollo que se expende en la ciudad de Ambato.

CAPÍTULO II

METODOLOGÍA

2.1. Ubicación del estudio

El estudio presente se realizará en el laboratorio de Biología Molecular de la Facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Técnica de Ambato mismo que se encuentra ubicado en la provincia de Tungurahua cantón Cevallos. Sus coordenadas son 1°21'0" S y 78°37'0" Oste. Con una extensión de 19,000 km², su latitud de 1°22'08.7", su longitud 78° 36'23.8" y su altitud de 2.882 msnm (**GAD Cevallos, 2011**).

2.2. Caracterización del lugar

Tabla 2. *Condiciones meteorológicas del cantón Cevallos*

Características	Descripción
Temperatura, °C	13 – 16 °C
Precipitación Anual, mm	200 – 500
Clima, mm	Ecuatorial Meso – Térmico Seco
Altitud, msnm	2.882
Humedad relativa, %	60 – 75

Fuente: (GAD Cevallos, 2011)

2.3. Equipos y materiales

2.3.1. Material biológico experimental

- Un total de 17 muestras de ADN cepas de *Shigella* spp. identificadas molecularmente y conservadas en el Laboratorio de Microbiología y Biología Molecular de la facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Técnica de Ambato.

Tabla 3. Cepas identificadas de *Shigella* spp.

ID muestra	Especie	Cepa
S1	<i>S. flexneri</i>	ATCC 29903
S2	<i>S. sonnei</i>	Uyi_30
S3	<i>S. sonnei</i>	Uyi_30
S4	<i>S. sonnei</i>	Uyi_30
S5	<i>S. sonnei</i>	Uyi_30
S6	<i>S. sonnei</i>	SE6-1
S7	<i>S. sonnei</i>	Uyi_30
S8	<i>S. dysenteriae</i>	1657
S9	<i>S. sonnei</i>	ATCC 29930
S10	<i>S. sonnei</i>	ATCC 29930
S11	<i>S. dysenteriae</i>	1657
S12	<i>S. flexneri</i>	ATCC 29903
S13	<i>S. sonnei</i>	ATCC 29930
S14	<i>S. flexneri</i>	ATCC 29903
S15	<i>S. flexneri</i>	ATCC 29903
S16	<i>S. flexneri</i>	T87
S17	<i>S. sonnei</i>	1915

2.3.2. Materiales de laboratorio

- Guantes de nitrilo
- Mascarilla
- Mandil
- Tubos Eppendorf
- Tubos PCR (0,25 ml)
- Papel aluminio
- Espátula
- Matraz Erlenmyer (500 ml)
- Tubos falcon 45 ml
- Gradillas
- Puntas de micropipeta
- Molde y peine de gel de agarosa
- Frascos autoclavables con tapa
- Guantes de cocina

2.3.3. Equipos

- Refrigerador
- Congelador
- Autoclave
- Cámara UV
- Cámaras de electroforesis
- Fuente de poder
- Balanza analítica
- Transiluminador
- Centrífuga para microtubos PCR
- Vórtex
- Termociclador
- Micropipeta de 05 a 10 ul
- Micropipeta de 20-200 ul

- Micropipeta de 100-1000 ul
- Microondas

2.3.4. Reactivos

- Alcohol
- Primers específicos (Macrogen)
- Safeview Classic (Applied Biological Materials Inc, Cat. No. G108)
- GoTaq® Green Máster Mix
- Agarosa (Thermo Scientific)
- Marcador de peso molecular (Applied Biological Materials Inc, Cat. No. G016)
- Agua ultrapura libre de endonucleasas
- Buffer TAE 10X
- Agua destilada

2.3.5. Insumos de oficina

- Cuaderno
- Celular para fotografías
- Laptop
- Marcador permanente
- Cinta masking
- Tijeras
- Bolígrafos

2.4. Factores de Estudio:

2.4.1. Factor 1: Presencia de genes de resistencia (blaTEM y blaCTX-M)

Tabla 4. Genes de resistencia a betalactámicos presentes en *Shigella* spp.

Gen de resistencia	Descripción del gen de resistencia	Mecanismo de resistencia
blaTEM	Codifica para BLEE (β lactamasas de espectro extendido, clase A), enzimas capaces de hidrolizar antibióticos β lactámicos. Confiere resistencia hacia penicilinas y algunas cefalosporinas de primera generación	Inactivación enzimática del fármaco
blaCTX-M	Produce BLEE (β lactamasas de espectro extendido), tiene alta capacidad para romper o hidrolizar el anillo betalactámico de cefalosporinas de tercera generación	Inactivación enzimática del fármaco
Fuente: (Bialvaei et al., 2017; Haghighatpanah et al., 2016)		

2.4.2. Factor 2: Relación de la presencia de genes de resistencia a betalactámicos según la especie de *Shigella* spp. y procedencia de muestras

2.5. Análisis estadístico

El análisis estadístico de la presencia de ambos genes se realiza de manera descriptiva. Sin embargo, para relación la presencia de los genes con el lugar de procedencia se

realizó la prueba de correlación de tau b de Kendall la cual se usa para variables cualitativas

2.5.1. Tamaño de la muestra

Se trabajó con un total de 17 muestras de ADN identificadas molecularmente de *Shigella* spp., las mismas se encuentran conservadas en el Laboratorio de Microbiología y Biología Molecular perteneciente a la Facultad de Ciencias Agropecuarias en la Universidad Técnica de Ambato.

2.6. Diseño experimental

Esta investigación tuvo una sola fase experimental en donde se identificó dos genes de resistencia (blaTEM y blaCTX-M) en muestras de ADN de *Shigella* spp. por medio de técnicas moleculares como lo es la PCR y posteriormente desde el punto de vista epidemiológico se relaciona la presencia de estos con el lugar de procedencia de las muestras, la variable a considerar será la presencia de ambos genes, para lo cual se llevó a cabo la técnica de electroforesis con lo cual se facilitaba la visualización de las muestras que presentaban estos genes de resistencia. Luego, se tabularon en Excel 2016 los datos obtenidos y estos al ser variables cualitativas se analizaron mediante la prueba de correlación de tau b de Kendall.

2.7. Metodología

2.7.1. Reacción en cadena de la polimerasa (PCR)

Se realizó una prueba de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) de todas las muestras de ADN de *Shigella* spp. para los dos genes que se quisieron amplificar, en la siguiente tabla se detallan las condiciones PCR que fueron utilizadas para cada gen.

Tabla 5. Condiciones para utilizar en la PCR para los genes *blaTEM* y *blaCTX-M*

Gen	Primers	Amplicón (pb)	D. Prim.	Amplificación (35 ciclos)			Ext. final	Referencia
				D. Sec.	Alineamiento	Ext.		
<i>blaTEM</i>	F- ATAAAATTCTTGAAGACGAA A R- GACAGTTACCAATGCTTAAT C	1080	94°C 10 min	94°C 30 seg	50°C 30 seg	72°C 1 min	72°C 10 min	(Ahmed y Shimamoto, 2015)
<i>blaCTX-M</i>	F-CGCTTTGCGATGTGCAG R-ACCGCGATATCGTTGGT	550	94°C 10 min	Amplificación (30 ciclos)			72°C 10 min	(Das et al., 2023)
				94°C 60 seg	55°C 60 seg	72°C 120 seg		

Las dos amplificaciones que se realizaron tuvieron un volumen final total de 25 µl en cada uno de los 17 tubos PCR, el contenido de cada reacción fue la siguiente:

- 12 ul de GoTaq® Green Master Mix
- 1 ul de cada Primer (reverse y forward)
- 1,5 ul de MgCl₂
- 7 ul de agua ultrapura libre de endonucleasas
- 2 ul del ADN diluido

2.7.2. Electroforesis en gel de agarosa

Los productos obtenidos de la PCR de ambos genes (*blaTEM* y *blaCTX-M*) se sometieron a electroforesis utilizando gel de agarosa, para ambos casos con una concentración del 1,5% en tampón buffer TAE. A la mezcla del gel de agarosa se le añadió 10 microlitros de SafeView Classic en 100 ml de la solución, este reactivo se usó como agente colorante para que sea posible la visualización de las bandas de ADN teñidas utilizando un transiluminador. Las condiciones aplicadas en la fuente de poder para la electroforesis fueron de 100 voltios durante 60 minutos.

2.7.3. Observación de los resultados

Se pudo visualizar los geles resultantes de la electroforesis haciendo uso de un transiluminador (ENDURO™ GDS), por su parte las imágenes que arrojó el transiluminador se obtuvieron con la ayuda del software EnduroGDS instalado en una laptop que estaba conectada al equipo.

2.8. Variables respuesta

Presencia o ausencia de genes de resistencia de *Shigella* spp. blaTEM y blaCTX-M.

2.9. Procesamiento de la información

Los resultados obtenidos se documentaron en una base de datos en programa Excel 2016, mientras que las pruebas estadísticas se llevaron a cabo en el programa SPSS 22.0.

CAPÍTULO III

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En este capítulo se realiza la interpretación de los resultados que se obtuvieron en la fase de trabajo experimental.

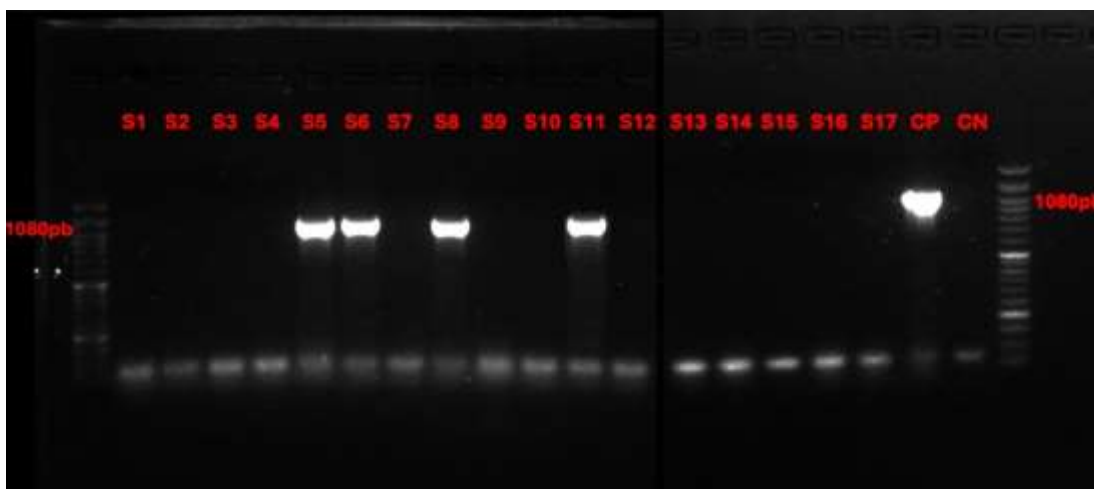
3.1. Presencia de genes de resistencia a los antibióticos betalactámicos

A continuación, se detalla la presencia o ausencia de genes de resistencia blaTEM y blaCTX-M en las 17 muestras de ADN de *Shigella* spp. utilizadas, donde la visualización de bandas con un amplicón del tamaño esperado en relación con la literatura tomada en cuenta como referencia, indica la presencia de cada uno de estos dos genes en las diferentes muestras respectivamente.

3.1.1. Gen blaTEM

Los resultados de la amplificación mediante PCR y electroforesis en gel de agarosa al 1,5% del gen blaTEM se muestran a continuación en la imagen 1:

Imagen 1. Gel de agarosa visto con un transiluminador luego de la electroforesis para el gen blaTEM; muestras de la S1 a la S17.



En las columnas de los extremos se puede observar el marcador de peso molecular, las muestras de *Shigella* spp. se pueden identificar con la simbología (S1 a S17). en la columna 19 se colocó el control negativo (CN) y se utilizó un control positivo (CP) en la columna 18 (se usó una muestra de *E.coli* de la cepa 84SDN19 16S). El agente colorante utilizado fue el SafeView Classic.

De esta manera, en la imagen 1 se puede observar la presencia de bandas con un amplicón de 1080 pb, que es el tamaño esperado para el gen blaTEM. Se observa la presencia de dicho gen en 4 muestras (23,53%): S5 (*S. sonnei* cepa Uyi_30), S6 (*S. sonnei* cepa SE6-1), S8 y S11 (*S. dysenteriae* cepa 1657) (**Ahmed y Shimamoto, 2015**). Esto indica que, aunque la prevalencia no es extremadamente alta, existe una proporción significativa de cepas portadoras de este gen, lo que representa un riesgo para la salud pública.

Los hallazgos de la actual investigación difieren con los resultados de **Elkenany et al. (2022)**, quienes identificaron el gen blaTEM en el 90,5% de sus aislados de *Shigella*, mientras que en el estudio actual se presentó el gen en el 23,53% de las muestras. Además, los análisis genéticos realizados en el estudio de **Elkenany et al. (2022)** confirmaron que dichos aislados portaban genes que codifican betalactamasas de espectro extendido (BLEE), los cuales son responsables de la resistencia observada. En ese mismo estudio se determinó que todos los aislados productores de ESBL (12) fueron positivos para los genes blaTEM y blaCTX-M, lo que demuestra que estos dos genes son los más comunes en *Shigella* spp.

Según **Elkenany et al. (2022)**, el 100% de aislados de *S. sonnei* usados en su estudio fueron provenientes de leche y productos lácteos, y los mismos tuvieron la presencia del gen blaTEM. Por el contrario, en el estudio actual solamente 2 de 10 aislados de *S. sonnei* mostraron la presencia del gen blaTEM, sin embargo, estas muestras también tienen origen animal, ya que provienen de carne de pollo.

Los resultados obtenidos en la presente investigación no coinciden con los reportados por **Pakbin et al. (2021)**, quienes analizaron nueve aislados de *Shigella* spp. resistentes a amoxicilina + ácido clavulánico (AMC) y no encontraron el gen blaTEM. Sin embargo, identificaron la presencia del gen blaSHV en el 100% de estas muestras, mismo gen que también codifica betalactamasas de espectro extendido (BLEE) de clase A, según **Ranjbar y Farahani (2019)**.

Comparando estos resultados con los hallazgos de un estudio previo realizado en Ambato por **Pazmiño (2024)**, se observa una coincidencia en la prevalencia del gen blaTEM, que también fue del 23,53% en muestras de *Shigella* spp. aisladas de carne de pollo. En dicho estudio se evaluó la resistencia de los aislados hacia antibióticos betalactámicos, de esta forma se encontró una marcada resistencia a dos principales antibióticos, amoxicilina/ácido clavulánico y ciprofloxacino. Además, el gen blaTEM se presentó en las muestras que mostraron altos valores de media de escala que correspondieron a *S. sonnei* y *S. dysenteriae*, teniendo así concordancia con los resultados del estudio actual.

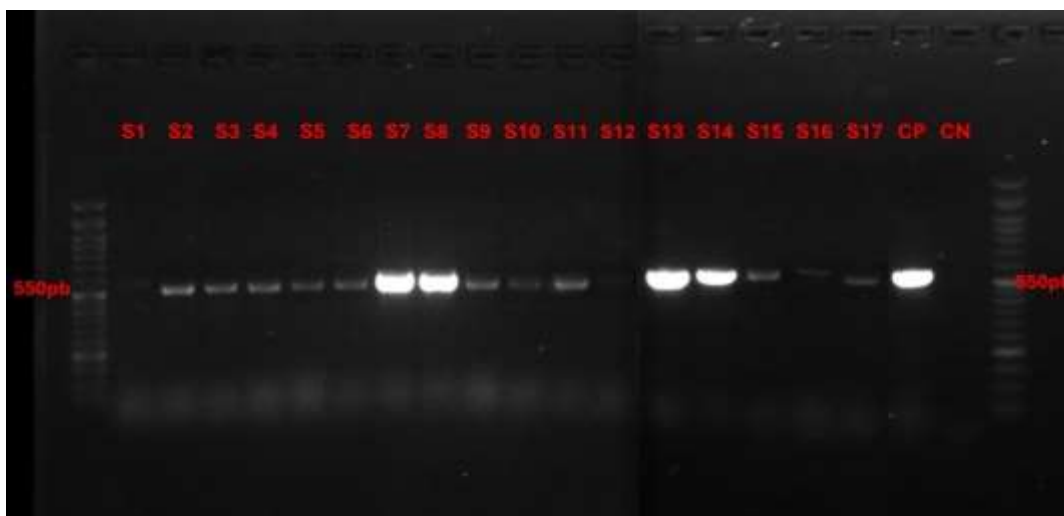
Refiriéndose a *S. dysenteriae*, **Libby et al. (2023)** indican que esta es una de las especies más virulentas de *Shigella*, y la presencia de blaTEM en esta especie podría incrementar la severidad de las infecciones, especialmente en áreas con condiciones higiénicas deficientes. La detección de blaTEM en cepas de *S. dysenteriae* podría ser un indicativo de un problema emergente en la seguridad alimentaria, especialmente en regiones donde la carne de pollo se vende en mercados informales (**Peñafiel et al., 2023**).

Al comparar los resultados obtenidos con el estudio realizado por **Yauri (2021)** en un hospital de Quito, se evidencia que el gen blaTEM también está presente en bacterias del entorno hospitalario. En dicho estudio se analizaron 153 enterobacterias, de las cuales 22 producían β -lactamasas de espectro extendido (BLEE), y 4 de esos aislados contenían el gen blaTEM. Esto muestra que este gen no solo está presente en bacterias aisladas de alimentos, sino también en ambientes clínicos, lo que representa un riesgo tanto para la salud pública como para los pacientes en hospitales. Una diferencia clave entre ambos estudios es el tipo de bacterias analizadas. Mientras que la presente investigación se enfocó en *Shigella* spp. aislada de carne de pollo, el estudio de **Yauri (2021)** analizó enterobacterias como *Escherichia coli* y *Klebsiella oxytoca*. No obstante, la detección del gen blaTEM en ambos casos destaca la necesidad de monitorear este gen en distintas fuentes, ya que está vinculado con la resistencia a antibióticos β -lactámicos, los cuales son ampliamente usados en tratamientos médicos.

3.1.2. Gen blaCTX-M

Los resultados de la amplificación mediante PCR y electroforesis en gel de agarosa al 1,5% del gen blaCTX-M se muestran a continuación en la imagen 2:

Imagen 2. Gel de agarosa visto con un transiluminador luego de la electroforesis para el gen blaCTX-M; muestras de la S1 a la S17.



En las columnas de los extremos se puede observar el marcador de peso molecular, las muestras de *Shigella* spp. se pueden identificar con la simbología (S1 a S17). En la columna 19 se colocó el control negativo (CN) y se utilizó un control positivo (CP) en la columna 18 (se usó una muestra de *E.coli* de la cepa ASBY05 16S). El agente colorante utilizado fue el SafeView Classic.

De esta manera, en la imagen 2 se puede observar que existe la presencia de bandas con un amplicón de 550 pb, que es el tamaño esperado para el gen blaCTX-M. Se observa la presencia de dicho gen en 15 muestras (88,23%): S2, S3, S4, S5, S7 (*S. sonnei* cepa Uyi_30); S6 (*S. sonnei* cepa SE6-1); S9, S10, S13 (*S. sonnei* cepa ATCC 29930); S17 (*S. sonnei* cepa 1915); S14, S15 (*S. flexneri* cepa ATCC 29903); S16 (*S. flexneri* cepa T87); S8, S11 (*S. dysenteriae* cepa 1657).

De este modo se pudo confirmar la presencia del gen blaCTX-M en 15 aislados, siendo el 88,23% del total de las muestras. De estas 15 muestras el 66,66% (10/15) fueron de la especie *S. sonnei*, 20% (3/15) de *S. flexneri* y 13,33% (2/15) de *S. dysenteriae*.

Brätfelan et al. (2023) reportó una frecuencia del 16,66% (5/30) para blaCTX, principalmente en aislados de pollo. La mayor proporción de blaCTX-M en nuestro trabajo podría explicarse por la diferencia en las metodologías de detección o porque en el estudio se usaron aislados de otras enterobacterias. Los genes *blaCTX* son enzimas comunes de espectro extendido productores de β -lactamasas (BLEE) y se ha determinado que se asocian principalmente con muestras aisladas de carne de pollo; esto se corrobora con los datos reportados previamente por otros autores como (**Eltai et al., 2020; Xedzro et al., 2023**). La presencia de este gen podría deberse al uso indiscriminado de antimicrobianos como el ceftiofur que se usa comúnmente en la producción avícola para tratar infecciones bacterianas como explica **Casella et al. (2017)**. **Verraes et al. (2013)** menciona que la rápida propagación de estos genes productores de BLEE, es facilitada por elementos genéticos móviles y por la frecuente transferencia horizontal.

Los hallazgos del estudio realizado en el distrito de Blitar por **Wibisono et al. (2020)** donde se identificó blaCTX-M con un tamaño de amplicón de 550 pb en el 97,8% de los aislados de *Escherichia coli* obtenidos de hisopos cloacales de pollos de engorde concuerdan con el actual estudio. Sin embargo, mientras nuestro trabajo se centra en *Shigella* spp., el estudio de Blitar se enfocó en *E. coli*. La alta prevalencia del gen en ambos estudios subraya su diseminación en reservorios aviares, lo que resalta el papel crítico de la producción avícola en la propagación de genes de resistencia como blaCTX-M. como una fuente importante de resistencia en la salud animal y su posible impacto en la salud pública.

Elkenany et al. (2022) fueron los encargados de llevar a cabo un estudio en Egipto, el cual se realizó para investigar la prevalencia, los fenotipos y genotipos de resistencia a antibióticos y desinfectantes, así como los perfiles de plásmidos de las especies de *Shigella* aislada de un total de 600 muestras de leche cruda de vaca y los

productos lácteos que se comercializan en ese país. Se realizó un análisis genotípico para determinar la presencia de genes que codifican para la β -lactamasa, de esta manera, el análisis de PCR Uniplex reveló la existencia de genes codificantes de β -lactamasa, identificando el gen blaTEM en el 100% de los aislados, mientras que blaCTX-M se presentó en el 28,6% de los mismos. Estos resultados difieren de nuestra investigación, ya que como se ha mencionado, se encontró el gen blaTEM solamente en 4 aislados (23,53%), y el gen blaCTX-M en 15 aislados, siendo ambos resultados diferentes.

Los hallazgos encontrados pueden compararse con un estudio realizado por **Yauri (2021)** en un hospital de tercer nivel en la ciudad Quito, donde se encontró blaCTX-M-15 en 50% (11/22) de aislados de *Escherichia coli* y *Klebsiella oxytoca*, con esto se observa que la prevalencia de blaCTX-M en *Shigella* spp. aislada de carne de pollo es considerablemente mayor. Esta diferencia podría deberse al origen de las fuentes estudiadas que son de alimentos y de infecciones hospitalarias. Hay que destacar que ambos estudios coinciden en que el gen blaCTX-M es más frecuente que blaTEM. Por otra parte, nuestro estudio se centra exclusivamente en blaCTX-M, mientras que el estudio de **Yauri (2021)** el gen blaTEM-1 fue detectado en 18,18% (4/22) de los aislados. Este patrón sugiere que blaCTX-M podría estar ganando predominancia entre los genes de resistencia a betalactámicos, tanto en entornos hospitalarios como alimentarios.

El gen blaCTX-M estuvo presente en el 88,23% (15/17) de los aislados de *Shigella* spp. provenientes de carne de pollo, mientras que en una investigación realizada en Perú por **Gonzales et al. (2013)** se detectó este gen en 2 aislados de *Shigella flexneri* provenientes de muestras clínicas de infantes con diarrea aguda, con un tamaño de amplicón de 593 pb, ligeramente mayor al reportado en este trabajo (550 pb), posiblemente debido a diferencias en las variantes alélicas o los cebadores utilizados. Aunque en nuestro estudio *S. flexneri* representó el 20% de los aislados positivos para blaCTX-M, **Gonzales et al. (2013)** reporta que esta fue la única especie identificada. Estos hallazgos enfatizan la necesidad de un enfoque integral en la vigilancia de la

resistencia a antibióticos, considerando tanto los reservorios alimentarios como los clínicos, para mitigar su impacto en la salud pública.

En Perú **Baca et al. (2014)** aislaron 85 muestras de *Shigella* spp. que provenían de coprocultivos recolectados de niños, en el estudio mencionado, ningún aislamiento de *Shigella* presentó betalactamasas de espectro extendido (BLEE). Este contraste puede deberse a diferencias en las fuentes de aislamiento, ya que nuestro trabajo analizó bacterias provenientes de alimentos, mientras que el otro estudio se centró en muestras de heces humanas. Además, en nuestro trabajo *S. sonnei* fue la especie más prevalente (58,82%), en el estudio comparado predominó *S. flexneri* (62,3%). Este hallazgo refleja posibles diferencias geográficas o ecológicas en la distribución de especies y genes de resistencia. Asimismo, mientras que el otro estudio reportó sensibilidad completa a antibióticos como ciprofloxacina y aztreonam, y una baja resistencia a ceftazidima (94,1% sensibles), en nuestro trabajo no se analizaron perfiles fenotípicos, aunque la detección molecular del gen blaCTX-M sugiere una posible resistencia a betalactámicos, especialmente a cefalosporinas de tercera generación.

Los resultados presentados por **Khosravi et al. (2024)** se contrastan con nuestro estudio, ya que ellos recogieron un total de 110 aislados de *Shigella* de muestras de heces de pacientes con gastroenteritis, donde blaCTX-M-15 se encontró exclusivamente en los aislados productores de BLEE, siendo detectado en 31 cepas de *S. sonnei* y 7 de *S. flexneri*. Aunque ambas investigaciones coinciden en la predominancia de *S. sonnei* como portadora de blaCTX-M, nuestro trabajo se enfoca en un contexto alimentario, mientras que el estudio iraní analiza aislados clínicos. Además, la prevalencia de multirresistencia en el 64,5% de los aislados iraníes subraya una problemática distinta, ya que en nuestro estudio no se evaluaron perfiles fenotípicos de resistencia. Mientras que en Irán la presencia del gen blaCTX-M se asocia principalmente con cepas multirresistentes, en nuestro trabajo la presencia del gen en aislados de carne de pollo apunta a una posible fuente de resistencia transferible a humanos. Estos resultados enfatizan la importancia de implementar estrategias que limiten el uso desmedido de antibióticos tanto en humanos como en la crianza y producción de animales.

Como se ha venido mencionando, en este estudio, el gen blaCTX-M fue detectado en el 88,23% de los aislados de *Shigella* spp. con una frecuencia en *S. flexneri* del 20%, este resultado se contrasta con los hallazgos de un estudio realizado en Jinan, China por **Bian et al. (2019)**, donde el 32,4% de los aislados de *S. flexneri* provenientes de pacientes con diarrea eran productores de BLEE, y los principales genotipos detectados fueron blaCTX-M-14 (26,5%) y blaCTX-M-15 (73,5%). Sin embargo, aunque ambos estudios confirman la prevalencia significativa de genes productores de BLEE en *Shigella*, en nuestro trabajo el gen blaCTX-M se detectó sin identificar variantes específicas, mientras que en Jinan se caracterizaron variantes como CTX-M-14 y CTX-M-15. Además, los aislados del estudio chino mostraron altos niveles de resistencia a múltiples antibióticos, incluyendo ampicilina, cefotaxima y ceftazidima, lo que subraya la gravedad de la resistencia cruzada en aislamientos clínicos. Por otro lado, en nuestro estudio no se evaluaron perfiles fenotípicos de resistencia, pero los resultados refuerzan la hipótesis de que la carne de pollo constituye un reservorio potencial para la propagación de genes BLEE como blaCTX-M, lo que podría contribuir indirectamente al problema clínico observado en estudios como el realizado en Jinan.

3.1.3. Relación de la presencia de genes de resistencia a betalactámicos según la especie de *Shigella* spp. y procedencia de muestras

Se relaciona la presencia de ambos genes de resistencia según la especie de *Shigella* spp. y también el lugar de procedencia de las muestras

Tabla 6. Relación de la presencia de genes de resistencia según la especie de *Shigella* spp. y su lugar de procedencia

Especie	Muestra	Cepa (7)	Lugar de expendio/ faenamiento	Punto de expendio registrado	Punto de expendio no registrado	Camal	gen blaTEM	gen blaCTX-M
<i>S. sonnei</i>	S2	Uyi_30	Los Pollos de Dominic		X			X
	S3	Uyi_30	S/N		X			X
	S4	Uyi_30	Viveres Emilia		X			X
	S5	Uyi_30	Mini Market Su Economía		X		X	X
	S6	SE6-1	Cárnicos César		X		X	X
	S7	Uyi_30	S/N		X			X
	S9	ATCC 29930	Faenadora Artesanal de Pollo “Super Pollo”			X		X
	S10	ATCC 29930	Faenadora Artesanal de Pollo “Super Pollo”			X		X
	S13	ATCC 29930	Faenadora Artesanal de Pollos “De la abuela Pollos Pelados”			X		X
	S17	1915	Faenadora de Pollos “San Agustín”			X		X
<i>S. flexneri</i>	S1	ATCC 29903	Pollo Fresco en Presas		X			
	S12	ATCC 29903	Faenadora Artesanal de Pollos Teresa Valle “Pollos Cristian”			X		
	S14	ATCC 29903	Faenadora Artesanal de Pollos “De la abuela Pollos Pelados”			X		X
	S15	ATCC 29903	Faenadora de Pollos “San Agustín”			X		X
	S16	T87	Faenadora Artesanal de Pollos Teresa Valle “Pollos Cristian”			X		X
<i>S. dysenteriae</i>	S8	1657 16S	S/N		X		X	X
	S11	1657	Faenadora Artesanal de Pollos Teresa Valle “Pollos Cristian”			X	X	X

Dentro de los hallazgos de la investigación actual se pudo confirmar la presencia de tres especies de *Shigella* en los aislados, mostrando los siguientes valores: *S. sonnei* 58,82% (10/17), *S. flexneri* 29,41% (5/17) y *S. dysenteriae* 11,77% (2/17). De las 17 muestras de ADN solamente hubo 4 aislados que tuvieron la presencia de ambos genes de resistencia (blaTEM y blaCTX-M), lo que representa el 23,53% del total de las muestras. De estas 4 muestras el 50% (2/4) fueron de la especie *S. sonnei* y el otro 50% (2/4) de *S. dysenteriae*.

En cuanto al análisis estadístico de los datos obtenidos, haciendo uso de la prueba de correlación de tau b de Kendall (Anexo 1) se pudo determinar que no hubo diferencias estadísticamente significativas mostrando una correlación perfecta positiva de 1,000 tanto para presencia del gen blaTEM como para el blaCTX-M en los aislados de *Shigella* spp. en relación con el lugar de procedencia de las muestras.

En lo que se refiere a la cantidad de muestras que presentaron los genes blaTEM y blaCTX-M según su lugar de origen se lo puede comprender de mejor manera en las siguientes tablas:

Tabla 7. Cantidad de muestras de *Shigella* spp. según el lugar de origen

Especie	Punto de expendio no registrado	Camal
<i>S. sonnei</i>	6	4
<i>S. flexneri</i>	1	4
<i>S. dysenteriae</i>	1	1
Total	8	9

Nota: no se incluyen los lugares de expendio registrados porque ninguna muestra provino de dichos sitios

Tabla 8. Cantidad de muestras de *Shigella* spp. positivas a los genes *blaTEM* y *blaCTX-M* según el lugar de origen

Gen	Punto de expendio no registrado	Camal
blaTEM	3	1
blaCTX-M	7	8
blaTEM y blaCTX-M	3	1

Nota: no se incluyen los lugares de expendio registrados porque ninguna muestra provino de dichos sitios

De acuerdo con lo reportado por **González y Alós (2015)**, se observa que la distribución de las especies de *Shigella* puede variar según la región geográfica y el contexto epidemiológico. Según estos autores, *S. flexneri* es la especie predominante en Asia, África y Sudamérica, mientras que *S. sonnei* es más común en países industrializados. Sin embargo, nuestros hallazgos en Ambato muestran una prevalencia mayor de *S. sonnei* en comparación con *S. flexneri*, lo que coincide con estudios recientes que sugieren un cambio en la distribución de estas especies a nivel mundial **Thompson et al. (2015)**.

Este cambio en la distribución de las especies podría estar influenciado por el uso descontrolado de antibióticos, lo cual favorece a *S. sonnei* debido a su capacidad de adquirir genes de resistencia de manera más eficiente que *S. flexneri* **Thompson et al. (2015)**. Nuestros resultados muestran que *S. sonnei* fue la especie más prevalente y que presentó ambos genes de resistencia en un 50% de los aislados positivos, lo que respalda la hipótesis de que esta especie tiene una mayor capacidad para adaptarse y sobrevivir en ambientes donde los antibióticos son utilizados de manera indiscriminada.

Los estudios realizados en Chile y Argentina por **Marcoleta et al. (2013)** también destacan a *S. sonnei* como el patógeno más frecuentemente aislado en esas regiones. Esto refuerza la tendencia observada en nuestro estudio, donde *S. sonnei* fue la especie predominante en las muestras de carne de pollo analizadas. La presencia de genes de resistencia en esta especie podría explicarse por su capacidad de adquirir plásmidos conjugativos que portan genes como blaTEM y blaCTX-M, facilitando su diseminación en la cadena alimentaria.

En los resultados obtenidos por **Naranjo (2018)**, *S. flexneri* fue la especie más comúnmente aislada en su estudio realizado en Quito-Ecuador, con una prevalencia del 73,5%, seguida de *S. sonnei* (26%) y *S. boydii* (1%). De manera similar, **Granda y Alcocer (2015)** reportaron que *S. flexneri* fue el serogrupo más prevalente en otro estudio realizado en la misma ciudad, con un 63,29% de prevalencia. Estos hallazgos difieren significativamente de nuestros resultados, donde *S. sonnei* fue la especie predominante.

Por otro lado, estudios realizados en Perú y Brasil también muestran que *S. flexneri* sigue siendo la especie más prevalente en esos países. **Lluque et al. (2015)** reportaron que el 66% de las cepas de *Shigella* aisladas en Perú correspondieron a *S. flexneri*. De manera similar, **Lima et al. (2015)** señalaron que *S. flexneri* es la principal especie aislada en países en vías de desarrollo, con una prevalencia que oscila entre el 44% y el 92%, dependiendo de la región. Nuestros resultados muestran una situación diferente en la ciudad de Ambato, donde *S. sonnei* ha superado a *S. flexneri* como la especie más prevalente. Esto podría estar relacionado con la exposición de las aves a antibióticos en granjas avícolas, lo que facilita la selección de cepas de *S. sonnei* resistentes a los antibióticos. Además, la detección de los genes blaTEM y blaCTX-M en las cepas de *S. sonnei* sugiere que esta especie tiene una mayor capacidad para adquirir genes de resistencia,

Comparando los actuales resultados con el estudio de **Ruiz et al. (2018)** realizado en mercados tradicionales de Lima-Perú, se observa que en ambos contextos la carne de pollo representa un reservorio importante de bacterias resistentes a antibióticos. En el

estudio peruano, la presencia de Enterobacteriaceae fue significativa en muestras de pollo, y el 59,4% de las cepas de *Escherichia coli* aisladas de carne de pollo fueron positivas para betalactamasas de espectro extendido (BLEE). Esto es consistente con los hallazgos de nuestro estudio, donde se detectaron los genes blaTEM y blaCTX-M, que también codifican para BLEE, en cepas de *Shigella* spp. aisladas de carne de pollo.

Una diferencia clave entre ambos estudios es la diversidad de bacterias analizadas. Mientras que nuestro estudio se centró específicamente en *Shigella* spp., el estudio realizado en Lima abarcó una mayor diversidad de géneros bacterianos dentro de la familia Enterobacteriaceae, con lo cual se destacó niveles altos de resistencia a múltiples antimicrobianos (MDR) especialmente en muestras de carne de pollo (98,2%). La presencia de BLEE en cepas de *Escherichia coli* aisladas de carne de pollo en el estudio de **Ruiz et al. (2018)** (59,4%) es comparable con la presencia de blaCTX-M en nuestro estudio, donde este gen fue identificado en un 88,23% de las muestras analizadas, esto ya que ambos elementos son responsables de otorgar resistencia a cefalosporinas de tercera generación, lo que representa un desafío para el tratamiento de infecciones causadas por estas bacterias.

Finalmente, en una investigación realizada por **Peñafiel et al. (2023)** que sirvió de base para la actual investigación, y que tuvo los mismos resultados que los nuestros, logrando identificar la misma cantidad de aislados para las 3 especies de *Shigella*, se menciona que los camales, a pesar de ser regulados por Agrocalidad presentaron un mayor número de aislados de *Shigella* spp. (9 muestras), lo cual podría deberse a las prácticas de manejo inadecuadas durante el sacrificio, transporte y procesamiento de la carne.

En este contexto, **Bantawa et al. (2018)** explican que la contaminación de la carne puede ocurrir durante el sacrificio y el transporte debido a la manipulación con cuchillos, herramientas, manos, ropa e incluso por la exposición al aire. Esto podría explicar por qué los camales regulados presentaron una mayor contaminación en comparación con los puntos de venta informales, ya que, aunque los camales cuentan

con regulaciones y controles sanitarios, si las prácticas de higiene no son adecuadas, el riesgo de contaminación sigue siendo alto.

Peñafiel et al. (2023) también reportó que los puntos de venta informales, donde no se cumplen medidas higiénico-sanitarias, presentaron 8 muestras contaminadas con *Shigella* spp. Se tiene la certeza de que la falta de control sanitario en estos lugares facilita la diseminación de patógenos como *Shigella* spp. en la carne de pollo, lo que representa un riesgo significativo para la salud pública.

Cortés et al. (2021) mencionan que la carne de pollo es un medio adecuado para el crecimiento de microorganismos debido a su contenido alto de nutrientes y de agua. La mala manipulación y la ausencia de técnicas higiénicas durante el expendio de este alimento contribuyen a la transferencia microorganismos como *Shigella* spp. Además, **Haileselassie et al. (2013)** señalan que prácticas como el uso de agua contaminada durante el procesamiento del producto, el no lavarse adecuadamente las manos, y la presencia de insectos y animales que por lo general se encuentran en puntos de venta informales también son factores de riesgo que propician la contaminación de la carne.

3.2. Verificación de la hipótesis

Los resultados de la presente investigación cumplen con la hipótesis alternativa, pues si se evidenció la presencia de genes de resistencia a los antibióticos betalactámicos (blaTEM y blaCTX-M) en las muestras de ADN de *Shigella* spp. aisladas de carne de pollo que se expende en la ciudad de Ambato.

CAPÍTULO IV

CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

4.1. CONCLUSIONES

- Se confirmó la presencia del gen blaTEM en un 23,53% de las muestras analizadas, detectándose exclusivamente en *S. sonnei* y *S. dysenteriae*. Este hallazgo evidencia que la carne de pollo expandida en Ambato puede actuar como reservorio de genes de resistencia a antibióticos betalactámicos, lo que representa un riesgo para la salud pública.
- El gen blaCTX-M se detectó en el 88,23% de las muestras analizadas, siendo el gen de resistencia más prevalente en las cepas de *Shigella* spp. Este resultado resalta la diseminación de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) en los alimentos de origen aviar, lo que podría limitar las opciones terapéuticas frente a infecciones bacterianas. La detección del gen blaCTX-M subraya la importancia de implementar medidas de control en la producción de carne de pollo.
- Se evidenció que la mayor proporción de cepas portadoras de ambos genes blaTEM y blaCTX-M provino de puntos de expendio no registrados. Sin embargo, estadísticamente se pudo determinar que no hubo diferencias significativas mostrando una correlación de 1,000 tanto para presencia del gen blaTEM como para el blaCTX-M en los aislados de *Shigella* spp. en relación con el lugar de procedencia de las muestras. Esto demuestra que las prácticas higiénico-sanitarias deficientes en estos lugares favorecen la diseminación de bacterias resistentes a los antibióticos, sin embargo.

4.2. RECOMENDACIONES

- Se recomienda implementar controles sanitarios más estrictos en los puntos de venta no registrados, ya que estos lugares presentaron una mayor prevalencia de cepas de *Shigella* spp. portadoras de genes de resistencia a antibióticos. Esto incluye la capacitación de los comerciantes sobre buenas prácticas de manipulación de alimentos, el monitoreo regular de las condiciones de higiene y la aplicación de sanciones para quienes incumplan las normas sanitarias.
- Es necesario que las autoridades competentes regulen el uso de antibióticos en las granjas avícolas y fomenten prácticas sostenibles que minimicen el desarrollo y diseminación de bacterias resistentes a antibióticos.
- Se recomienda realizar investigaciones en las cuales se busquen más genes relacionados a la adquisición de resistencia a antibióticos betalactámicos que podrían presentarse en los aislados de *Shigella* spp. analizadas en el presente estudio y además en otras bacterias de la familia Enterobacteriaceae.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Ahmed, A. M., y Shimamoto, T. (2015). Molecular characterization of multidrug-resistant *Shigella* spp. of food origin. *International Journal of Food Microbiology*, 194, 78-82. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2014.11.013>
- Andino, A., y Hanning, I. (2015). *Salmonella enterica*: Survival, Colonization, and Virulence Differences among Serovars. *The Scientific World Journal*, 2015(1). <https://doi.org/10.1155/2015/520179>
- Anselmo, Ricardo., Ojeda, Pablo., y Barrios, Hebe. (2020). Detección y susceptibilidad antimicrobiana de *Shigella* spp. en ensaladas preparadas, listas para consumir. *Información tecnológica*, 31(1), 13-20. <https://doi.org/10.4067/S0718-07642020000100013>
- Aslam, A., Hashmi, M. F., y Okafor, C. (2024). *Shigellosis*. In *StatPearls*. . StatPearls Publishing. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK482337/>
- Astocondor, L. (2018). Betalactamasas: la evolución del problema. *Revista Peruana de Investigación en Salud*, 2(2), 42-49. <https://doi.org/10.35839/repis.2.2.224>
- Baca, Carlos., Yupanqui, Lisette., Canales, Jhan., Zamudio, María., Quispe, M. del Carmen., y Tamariz, Jesús. (2014). Serotipos y susceptibilidad antimicrobiana de *Shigella* aisladas en un instituto de salud pediátrico de Lima, Perú entre enero y julio 2013. *Revista Médica Herediana*, 25, 73-79. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=338034007004>
- Bantawa, Kamana., Rai, Kalyan., Subba, Dhiren., y Khanal, Hemanta. (2018). Food-borne bacterial pathogens in marketed raw meat of Dharan, eastern Nepal. *BMC Research Notes*, 11(1), 618. <https://doi.org/10.1186/s13104-018-3722-x>

- Bertani, Blake., y Ruiz, Natividad. (2018). Function and Biogenesis of Lipopolysaccharides. *EcoSal Plus*, 8(1). <https://doi.org/10.1128/ecosalplus.esp-0001-2018>
- Bialvaei, Abed., Pourlak, Tala., Aghamali, Mina., Asgharzadeh, Mohammad., Gholizadeh, Pourya., y Kafil, Hossein. (2017). The prevalence of CTX-M-15 extended-spectrum β -lactamases among *Salmonella* spp. and *Shigella* spp. isolated from three Iranian hospitals. *European Journal of Microbiology and Immunology*, 7(2), 133-137. <https://doi.org/10.1556/1886.2017.00004>
- Bian, Fengzhi., Yao, Mingxiao., Fu, Hongmei., Yuan, Guangying., Wu, Shuzhi., y Sun, Yuguo. (2019). Resistance characteristics of CTX-M type *Shigella flexneri* in China. *Bioscience Reports*, 39(9). <https://doi.org/10.1042/BSR20191741>
- Blair, Jessica., Richmond, Grace., y Piddock, Laura. (2014). Multidrug Efflux Pumps in Gram-Negative Bacteria and Their Role in Antibiotic Resistance. *Future Microbiology*, 9(10), 1165-1177. <https://doi.org/10.2217/fmb.14.66>
- Brătfelan, Dariana., Tabaran, Alexandra., Colobatiu, Liora., Mihaiu, Romolica., y Mihaiu, Marian. (2023). Prevalence and Antimicrobial Resistance of *Escherichia coli* Isolates from Chicken Meat in Romania. *Animals*, 13(22), 3488. <https://doi.org/10.3390/ani13223488>
- Casella, T., Nogueira, M., Saras, E., Haenni, M., y Madec, J.-Y. (2017). High prevalence of ESBLs in retail chicken meat despite reduced use of antimicrobials in chicken production, France. *International Journal of Food Microbiology*, 257, 271-275. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2017.07.005>
- Chiang, Yin., Penadés, José., y Chen, John. (2019). Genetic transduction by phages and chromosomal islands: The new and noncanonical. *PLOS Pathogens*, 15(8), e1007878. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1007878>

- CONAVE. (2022). *Cifras actualizadas del sector avícola - CONAVE*.
<https://conave.org/cifras-actualizadas-del-sector-avicola/>
- Cortés, A., Espinosa, L., Garcia, R., y San Martin, A. (2021). Fish, Tilapia, and Shigellosis: A review. *African Journal of Agricultural Research*, 17(4), 498-512.
<https://doi.org/10.5897/AJAR2021.15436>
- Croucher, Nicholas., Mostowy, Rafal., Wymant, Christopher., Turner, Paul., Bentley, Stephen., y Fraser, Christophe. (2016). Horizontal DNA Transfer Mechanisms of Bacteria as Weapons of Intragenomic Conflict. *PLOS Biology*, 14(3), e1002394.
<https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1002394>
- Cruz, Sandra., Nuñez, Oscar., y Leiva, Michel. (2023). Microbiological quality of chicken meat sold in the Ambato canton. *Medwave*, 23(S1), eUTA354.
<https://doi.org/http://doi.org/10.5867/medwave.2023.S1.UTA354>
- Das, T., Nath, C., Das, P., Ghosh, K., Logno, T., Debnath, P., Dash, S., Devnath, H., Das, S., y Islam, M. (2023). High prevalence of ciprofloxacin resistance in Escherichia coli isolated from chickens, humans and the environment: An emerging one health issue. *PLOS ONE*, 18(11), e0294043.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0294043>
- Elkenany, Rasha., Eltaysh, Rasha., Elsayed, Mona., Abdel-Daim, Mohamed., y Shata, Radwa. (2022). Characterization of multi-resistant Shigella species isolated from raw cow milk and milk products. *Journal of Veterinary Medical Science*, 84(7), 22-0018. <https://doi.org/https://doi.org/10.1292/jvms.22-0018>
- Eltai, Nahla., Yassine, Hadi., El-Obeid, Tahra., Al-Hadidi, Sara., Al Thani, Asmaa., y Alali, Walid. (2020). Prevalence of Antibiotic-Resistant Escherichia coli Isolates from Local and Imported Retail Chicken Carcasses. *Journal of Food Protection*, 83(12), 2200-2208. <https://doi.org/10.4315/JFP-20-113>

- Fang Wu, Jannette., Guadamuz, Carolina., Oviedo, Douglas., y Zamora, William. (2023). Antibiotic Resistance and Food Safety: Perspectives on New Technologies and Molecules for Microbial Control in the Food Industry. *Antibiotics*, 12(3), 550. <https://doi.org/10.3390/antibiotics12030550>
- Farajnia, Safar., Azhari, Fatemeh., Alikhani, Mohammad., Hosseini, Mohammad., Peymani, Amir., y Sohrabi, Nasrolah. (2013). Prevalence of PER and VEB Type Extended Spectrum Betalactamases among Multidrug Resistant *Acinetobacter baumannii* Isolates in North-West of Iran. *Iranian journal of basic medical sciences*, 16(6), 751-755.
- GAD Cevallos. (2011). *Plan de desarrollo y ordenamiento territorial del cantón Cevallos*. Plan de desarrollo y ordenamiento territorial del cantón Cevallos.
- Gonzales, E., Sevilla, R., y León, S. (2013). β -lactamasas de espectro extendido tipo CTX-M en aislamientos de *Shigella flexneri* de pacientes pediátricos con diarrea aguda. *Rev Peru Med Exp Salud Publica*, 30, 527-528. <http://www.scielo.org.pe/pdf/rins/v30n3/a29v30n3.pdf>
- González, Ana., y Alós, Juan. (2015). Shigelosis, la importancia de la higiene en la prevención. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 33(3), 143-144. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2014.11.001>
- Granda, I., y Alcocer, I. (2015). Sensibilidad antimicrobiana entre los serogrupos de *Shigellae* aislados en la ciudad de Quito-Ecuador. *Ciencias E Ingenierías Avances*, 7(2). https://www.usfq.edu.ec/publicaciones/avances/archivo_de_contenidos/Documents/volumen_7_numero_2/B30-7-2-2015.pdf
- Haghighatpanah, Maryam., Mozaffari, Amir., Mojtahedi, Ali., Amirmozafari, Nour., y Zeighami, Habib. (2016). Detection of extended-spectrum β -lactamase (ESBL) and plasmid-borne blaCTX-M and blaTEM genes among clinical strains of

Escherichia coli isolated from patients in the north of Iran. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, 7, 110-113. <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2016.08.005>

Haileselassie, Mekonnen., Taddele, Habtamu., Adhana, Kelali., y Kalayou, Shewit. (2013). Food safety knowledge and practices of abattoir and butchery shops and the microbial profile of meat in Mekelle City, Ethiopia. *Asian Pacific Journal of Tropical Biomedicine*, 3(5), 407-412. [https://doi.org/10.1016/S2221-1691\(13\)60085-4](https://doi.org/10.1016/S2221-1691(13)60085-4)

Hall, R. (2007). Mobile Gene Cassettes and Integrins: Moving Antibiotic Resistance Genes in Gram-Negative Bacteria. In 207-Antibiotic Resistance. *Ciba Foundation Symposium*, 192-205.

Kahsay, Atsebaha., y Muthupandian, Saravanan. (2016). A review on Sero diversity and antimicrobial resistance patterns of *Shigella* species in Africa, Asia and South America, 2001–2014. *BMC Research Notes*, 9(1), 422. <https://doi.org/10.1186/s13104-016-2236-7>

Kaur, Kuljinder., Singh, Surinder., y Kaur, Rajwinder. (2024). Impact of antibiotic usage in food-producing animals on food safety and possible antibiotic alternatives. *The Microbe*, 4, 100097. <https://doi.org/10.1016/j.microb.2024.100097>

Khosravi, Manizhe., Khosravi, Fateme., Pouresmaeil, Omid., Aryan, Ehsan., Meshkat, Zahra., Safdari, Hadi., y Farsiani, Hadi. (2024). High prevalence of CTX-M-15 producing *Shigella* spp. isolated from patients with gastroenteritis in Northeast Iran. *Acta Microbiologica et Immunologica Hungarica*, 71(4), 299-307. <https://doi.org/10.1556/030.2024.02455>

Killackey, Samuel., Sorbara, Matthew., y Girardin, Stephen. (2016). Cellular Aspects of *Shigella* Pathogenesis: Focus on the Manipulation of Host Cell Processes.

Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 6.
<https://doi.org/10.3389/fcimb.2016.00038>

- Kim, Jin., Kim, Junyoung., Jeon, S.-EuN., Kim, S. Jin., Kim, N.-Ok., Hong, Sahyun., Kang, Y.-Ho., Han, Soonyoung., y Chung, Gyung. (2014). Complete nucleotide sequence of the IncI1 plasmid pSH4469 encoding CTX-M-15 extended-spectrum β -lactamase in a clinical isolate of *Shigella sonnei* from an outbreak in the Republic of Korea. *International Journal of Antimicrobial Agents*, 44(6), 533-537. <https://doi.org/10.1016/j.ijantimicag.2014.08.007>
- Kumar, Sanath., Lekshmi, Manjusha., Parvathi, Ammini., Ojha, Manisha., Wenzel, Nicholas., y Varela, Manuel. (2020). Functional and Structural Roles of the Major Facilitator Superfamily Bacterial Multidrug Efflux Pumps. *Microorganisms*, 8(2), 266. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8020266>
- Libby, T., Delawalla, M., Al-Shimari, F., MacLennan, C., Vannice, S., y Pavlinac, P. (2023). Consequences of *Shigella* infection in young children: a systematic review. *International Journal of Infectious Diseases*, 129, 78-95. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2023.01.034>
- Lima, I., Havt, Alexandre., y Lima, Aldo. (2015). Update on molecular epidemiology of *Shigella* infection. *Current Opinion in Gastroenterology*, 31(1). https://journals.lww.com/co-gastroenterology/fulltext/2015/01000/update_on_molecular_epidemiology_of_shigella.6.aspx
- Lluque, Angela., Mosquito, Susan., Gomes, Cláudia., Riveros, Maribel., Durand, David., Tilley, Drake., Bernal, María., Prada, Ana., Ochoa, Theresa., y Ruiz, Joaquim. (2015). Virulence factors and mechanisms of antimicrobial resistance in *Shigella* strains from periurban areas of Lima (Peru). *International Journal of Medical Microbiology*, 305(4-5), 480-490. <https://doi.org/10.1016/j.ijmm.2015.04.005>

- López, V., Guerriero, L., Elorza, V., Krüger, A., Colello, R., Medici, S., Espinosa, M., Casado, P., Recavarren, M., y Keller, L. 2. (2021). *Resistencia a antimicrobianos en bacterias*. <https://www.fvet.uba.ar/archivos/publicaciones/invet/vol23-2-2021/art-7-vol23-2-2021.pdf>
- Lorenzo, Fabián., Fernández, Cris., Lurz, Rudi., Bravo, Alicia., y Espinosa, Manuel. (2017). Crosstalk between vertical and horizontal gene transfer: plasmid replication control by a conjugative relaxase. *Nucleic Acids Research*, 45(13), 7774-7785. <https://doi.org/10.1093/nar/gkx450>
- Mahato, A., Mahato, S., y Dhakal, K. (2021). *Investigating the Diversity of Spoilage and Food Intoxicating Bacteria from Chicken Meat of Biratnagar, Nepal*. <https://austinpublishinggroup.com/bacteriology/fulltext/bacteriology-v7-id1141.pdf>
- Marcoleta, Alicia., Toro, Cecilia., Prado, Valeria., Serrano, Marcela., Fernández, Pilar., Benadof, Dona., Camponovo, Rossana., Campos, Verónica., Porte, Lorena., Zamorano, Juanita., Ortega, Camila., Urqueta, Belén., y Ulloa, M. (2013). Patrones de susceptibilidad antimicrobiana de cepas de *Shigella sonnei* aisladas durante tres períodos diferentes en la Región Metropolitana, Chile. *Revista chilena de infectología*, 30(6), 616-621. <https://doi.org/10.4067/S0716-10182013000600007>
- Mims, C., Dockrell, H., Goering, R., Roitt, I., y Wakelin, D. (2007). Microbiología médica. *Elsevier*. http://sutlib2.sut.ac.th/sut_contents/H109300.pdf
- Ministerio de Salud. (2014). *Vigilancia de Laboratorio de Shigella spp. Chile 2014-2018*. https://www.ispch.cl/sites/default/files/Bolet%C3%ADnShigella-final_2019_0.pdf
- Naranjo, Cristina. (2018). *Shigella spp., determinación de los serotipos y perfiles de susceptibilidad antimicrobiana en el periodo 2009 – 2016, Quito-Ecuador”*

[Universidad Central Del Ecuador].
<https://www.dspace.uce.edu.ec/server/api/core/bitstreams/70a4b7ef-97bf-469d-8cdf-81a1682623c6/content>

NCBI. (2024). *Shigella*. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/datasets/taxonomy/620/>

Ochman, Howard., Lawrence, Jeffrey., y Groisman, Eduardo. (2000). Lateral gene transfer and the nature of bacterial innovation. *Nature*, 405(6784), 299-304.
<https://doi.org/10.1038/35012500>

OMS. (2022). *Infecciones por Shigella sonnei extensamente resistente - Región Europea (EURO)*. <https://www.who.int/es>

Organización Panamericana de la Salud. (2023). *Ecuador protege la salud humana al restringir el uso de antibióticos para el crecimiento de pollos - OPS/OMS*.
<https://www.paho.org/es/historias/ecuador-protege-salud-humana-al-restringir-uso-antibioticos-para-crecimiento-pollos>

Pakbin, B., Amani, Z., Allahyari, S., Mousavi, S., Mahmoudi, R., Brück, W. M., y Peymani, A. (2021). Genetic diversity and antibiotic resistance of *Shigella* spp. isolates from food products. *Food Science & Nutrition*, 9(11), 6362-6371.
<https://doi.org/https://doi.org/10.1002/fsn3.2603>

Pazmiño, A. (2024). *resencia de genes de resistencia a los antibióticos en Shigella spp. aislada de carne de pollo que se expende en el cantón de Ambato*. [Universidad Técnica de Ambato].
<https://repositorio.uta.edu.ec/server/api/core/bitstreams/24a3af0b-c978-4da0-87f9-e4b71341a4f6/content>

Peñafiel, Dayana., Escobar, Solange., Gómez, Jennifer., Manzanilla, Carolina., y Cruz, Sandra. (2023). Detección de *Shigella* spp. en muestras de carne de pollo que se expende en el cantón Ambato. *Revista Científica Arbitrada Multidisciplinaria*

PENTACIENCIAS, 5(5), 644-655.
<https://doi.org/https://doi.org/10.59169/pentaciencias.v5i5.745>

Prajapati, Jigneshkumar., Kleinekathöfer, Ulrich., y Winterhalter, Mathias. (2021). How to Enter a Bacterium: Bacterial Porins and the Permeation of Antibiotics. *Chemical Reviews*, 121(9), 5158-5192.
<https://doi.org/10.1021/acs.chemrev.0c01213>

Quanping, M., Chengbao, Z., Mingxiao, Y., Guangying, Y., y Yuguo, S. (2021). Correlation between the sulfamethoxazole-trimethoprim resistance of *Shigella flexneri* and the *sul* genes. *Medicine*, 100(10), e24970.
<https://doi.org/10.1097/MD.00000000000024970>

Rabins, L. (2021). Epidemiological Study on *Shigella* from Meat and its Public Health Significance. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 10(12), 433-443. <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2021.1012.048>

Ranjbar, R., y Farahani, A. (2019). *Shigella*: Antibiotic-Resistance Mechanisms And New Horizons For Treatment. *Infection and Drug Resistance*, Volume 12, 3137-3167. <https://doi.org/10.2147/IDR.S219755>

Ruiz, Lidia., Martínez, Sandra., Gomes, Cláudia., Palma, Noemí., Riveros, Maribel., Ocampo, Karen., Durand, David., Ochoa, Theresa., Ruiz, Joaquim., y Pons, M. J. (2018). Presencia de Enterobacteriaceae y *Escherichia coli* multirresistente a antimicrobianos en carne adquirida en mercados tradicionales en Lima. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 35(3), 425.
<https://doi.org/10.17843/rpmesp.2018.353.3737>

Skarp, C., Hänninen, M., y Rautelin, H. (2016). Campylobacteriosis: the role of poultry meat. *Clinical Microbiology and Infection*, 22(2), 103-109.
<https://doi.org/10.1016/j.cmi.2015.11.019>

- Soto, J. A. (2024). *Evaluación de antibiorresistencia de cepas de Shigella spp aisladas en carne de pollo en la ciudad de Ambato, provincia de Tungurahua*. <https://repositorio.uta.edu.ec/handle/123456789/41367>
- Terragno, R., Caffer, M., y Binsztein, N. (2007). Manual de procedimientos, diagnóstico y caracterización de *Shigella* spp. *Departamento de Bacteriología. Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas. A.N.L.I.S.*
- Thompson, Corinne., Duy, Pham., y Baker, Stephen. (2015). The Rising Dominance of *Shigella sonnei*: An Intercontinental Shift in the Etiology of Bacillary Dysentery. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 9(6), e0003708. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0003708>
- Van Bambeke, Françoise., Balzi, Elisabetta., y Tulkens, Paul. (2000). Antibiotic efflux pumps. *Biochemical Pharmacology*, 60(4), 457-470. [https://doi.org/10.1016/S0006-2952\(00\)00291-4](https://doi.org/10.1016/S0006-2952(00)00291-4)
- Velandia, D., Carvajal, E., Rueda, E., Talavera, M., Vásquez, M., y Torres, M. (2022). Isolated *Escherichia coli* resistance genes in broiler chicken. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 13(3), 584-595. <https://doi.org/10.22319/rmcp.v13i3.5627>
- Verraes, Claire., Van Boxstael, Sigrid., Van Meervenne, Eva., Van Coillie, Els., Butaye, Patrick., Catry, Boudewijn., De Schaetzen, Marie., Van Huffel, Xavier., Imberechts, Hein., Dierick, Katelijne., Daube, Georges., Saegerman, Claude., De Block, Jan., Dewulf, Jeroen., y Herman, Lieve. (2013). Antimicrobial Resistance in the Food Chain: A Review. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 10(7), 2643-2669. <https://doi.org/10.3390/ijerph10072643>
- Villacrés, Irina., Alcocer, Iliana., Zurita, Jeannete., y Rodríguez, Mercedes. (2017). Sensibilidad antimicrobiana y detección de genes de virulencia en aislados

clínicos de *Shigella* spp. *Revista Ecuatoriana de Medicina y Ciencias Biológicas*, 36(1-2), 67-76. <https://doi.org/10.26807/remcb.v36i1-2.266>

Wibisono, Freshinta., Sumiarto, Bambang., Untari, Tri., Effendi, Mustofa., Permatasari, Dian., y Witaningrum, Aadiana. (2020). CTX Gene of Extended Spectrum Beta-Lactamase (ESBL) Producing *Escherichia coli* on Broilers in Blitar, Indonesia. *Systematic Reviews in Pharmacy*, 11, 396-403. <https://doi.org/10.31838/srp.2020.7.59>

Xedzro, Christian., Kimura, Tomomi., Shimamoto, Toshi., Ahmed, Ashraf., y Shimamoto, Tadashi. (2023). Comparative molecular profiling of antimicrobial resistance and phylogenetic characterization of multidrug-resistant *Escherichia coli* isolated from meat sources in 2009 and 2021 in Japan. *International Journal of Food Microbiology*, 391-393, 110146. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2023.110146>

Yauri, María. (2021). Caracterización molecular de genes de resistencia a β -lactámicos en aislados bacterianos clínicos de la familia Enterobacteriaceae. *Revista Ecuatoriana de Medicina y Ciencias Biológicas*, 42(1). <https://doi.org/10.26807/remcb.v42i1.886>

Zaniani, Fatemeh., Meshkat, Zahra., Naderi, Mahboubeh., Khaje-Karamadini, Mehrangiz., Ghazvini, Kiarash., Rezaee, Abdolrahim., Esmaily, Habibollah., Nabavinia, Maryam., y Darban, Mahboubeh. (2012). The Prevalence of TEM and SHV Genes among Extended-Spectrum Beta-Lactamases Producing *Escherichia Coli* and *Klebsiella Pneumoniae*. *Iranian journal of basic medical sciences*, 15(1), 654-660.

ANEXOS

Anexo 1. Cepario de muestras de *Shigella* spp.

	Muestra	Organismo	Código IDgen	Lugar	Punto de Expendio
94	N32	<i>Shigella</i> sp.	B340	Registrado	Mercado Modelo
95	N18	<i>Shigella flexneri</i>	B396	No Registrados	Pollo Fresco en Presas
96	N21	<i>Shigella sonnei</i>	B454	No Registrados	Los Pollos de Dominic
97	N19	<i>Shigella sonnei</i>	B402	No Registrados	S/N
98	N36	<i>Shigella sonnei</i>	B410	No Registrados	Viveres Emilia
99	N37	<i>Shigella sonnei</i>	B411	No Registrados	Mini Market Su Economía
100	N39	<i>Shigella sonnei</i>	B413	No Registrados	Cárnicos César
101	N24	<i>Shigella sonnei</i>	B418	No Registrados	S/N
102	N28	<i>Shigella dysenteriae</i>	B419	No Registrados	S/N

	Muestra	Organismo	Código IDgen	Lugar	Punto de Faenamiento	Cantón	Parroquia	Barrio - Ubicación
103	N1	<i>Shigella sonnei</i>	B422	Camal	Faenadora Artesanal de Pollo "Super Pollo"	Pelileo	Benítez	Barrio Bellavista
104	N3	<i>Shigella sonnei</i>	B424	Camal	Faenadora Artesanal de Pollo "Super Pollo"	Pelileo	Benítez	Barrio Bellavista
105	N16	<i>Shigella dysenteriae</i>	B436	Camal	Faenadora Artesanal de Pollos Teresa Valle "Pollos Cristian"	Ambato	Huachi Loreto	Av. Bolivariana y Pitágoras
106	N20	<i>Shigella flexneri</i>	B456	Camal	Faenadora Artesanal de Pollos Teresa Valle "Pollos Cristian"	Ambato	Huachi Loreto	Av. Bolivariana y Pitágoras
107	N21	<i>Shigella sonnei</i>	B457	Camal	Faenadora Artesanal de Pollos "De la abuela Pollos Pelados"	Ambato	San Francisco	Tomás Sevilla 820 y Darquea
108	N23	<i>Shigella flexneri</i>	B458	Camal	Faenadora Artesanal de Pollos "De la abuela Pollos Pelados"	Ambato	San Francisco	Tomás Sevilla 820 y Darquea
109	N36	<i>Shigella flexneri</i>	B466	Camal	Faenadora de Pollos "San Agustín"	Patate	Patate	Barrio La Esperanza vía a Leito
110	N18	<i>Shigella flexneri</i>	B476	Camal	Faenadora Artesanal de Pollos Teresa Valle "Pollos Cristian"	Ambato	Huachi Loreto	Av. Bolivariana y Pitágoras
111	N38	<i>Shigella sonnei</i>	B480	Camal	Faenadora de Pollos "San Agustín"	Patate	Patate	Barrio La Esperanza vía a Leito

Anexo 2. Actividades realizadas durante la fase experimental



Anexo 3. Introducción de las condiciones específicas para PCR en el termociclador



Condiciones PCR utilizadas para el gen blaCTX-M

Anexo 4. Resultado de la prueba estadística de correlación de tau b de Kendall

	VAR00001	VAR00002
tau_b de Kendall VAR00001		
Coeficiente de correlación	1,000	-,311
Sig. (bilateral)	.	,214
N	17	17
VAR00002		
Coeficiente de correlación	-,311	1,000
Sig. (bilateral)	,214	.
N	17	17

Relación de presencia de gen blaTEM con lugares de procedencia
Correlaciones

	VAR00001	VAR00002
tau_b de Kendall VAR00001		
Coeficiente de correlación	1,000	.
Sig. (bilateral)	.	.
N	17	17
VAR00002		
Coeficiente de correlación	.	.
Sig. (bilateral)	.	.
N	17	17

Relación de presencia de gen blaCTX-M con lugares de procedencia
Correlaciones