

**UNIVERSIDAD TÉCNICA DE AMBATO**  
**FACULTAD DE CIENCIAS AGROPECUARIAS**  
**CARRERA DE MEDICINA VETERINARIA**



**“DETERMINACIÓN DE *Campylobacter spp.* EN MUESTRAS DE  
CARNE DE POLLO QUE SE EXPENDEN EN EL CANTÓN  
AMBATO”**

**AUTORA: LISBETH MAYTE OSORIO MORENO**

**TUTORA: DRA. SANDRA CRUZ, PhD**

**CEVALLOS – ECUADOR**

**2023**

**APROBACIÓN DEL TUTOR**

**DETERMINACIÓN DE *Campylobacter spp.* EN MUESTRAS DE CARNE  
DE POLLO QUE SE EXPENDEN EN EL CANTÓN AMBATO**

**REVISADO POR:**

.....  
**Dra. Sandra Cruz**

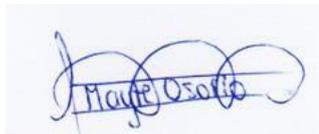
**TUTORA**

## DERECHO DE AUTOR

Al presentar este Informe Final del Proyecto de Investigación titulado “**DETERMINACIÓN DE *Campylobacter spp.* EN MUESTRAS DE CARNE DE POLLO QUE SE EXPENDEN EN EL CANTÓN AMBATO**” como uno de los requisitos previos para la obtención del Título de grado de Medicina Veterinaria Zootecnista, 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 que se realice cualquier copia de este Informe Final, dentro de las regulaciones de la Universidad, siempre y cuando esta reproducción no ponga una ganancia económica potencial y se respete los derechos de propiedad intelectual del proyecto al cual está asociado, así como al director de este.

Sin perjuicio de ejercer mi derecho de autor, autorizo a la Universidad Técnica de Ambato la Publicación de este Informe Final.



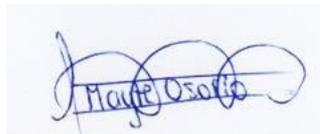
.....  
**LISBETH MAYTE OSORIO MORENO**

0504865122

[losorio5122@uta.edu.ec](mailto:losorio5122@uta.edu.ec)

## AUTORÍA DEL TRABAJO DE TITULACIÓN

Yo, LISBETH MAYTE OSORIO MORENO, portadora de la cédula de identidad número 0504865122, libre y voluntariamente declaro que el Informe Final del Proyecto de investigación titulado: “**DETERMINACIÓN DE *Campylobacter spp.* EN MUESTRAS DE CARNE DE POLLO QUE SE EXPENDEN EN EL CANTÓN AMBATO**” es original, auténtico y personal. En tal virtud, declaro el contenido es de mi sola responsabilidad legal y académica, excepto donde se indican las fuentes de información consultadas”.



.....  
**LISBETH MAYTE OSORIO MORENO**

0504865122

[losorio5122@uta.edu.ec](mailto:losorio5122@uta.edu.ec)

**APROBACIÓN DEL TRIBUNAL DE GRADO**

**“DETERMINACIÓN DE *Campylobacter spp.* EN MUESTRAS DE CARNE DE POLLO QUE SE EXPENDEN EN EL CANTÓN AMBATO”**

**REVISADO POR:**

.....  
**Dra. Sandra Cruz**  
**TUTORA**

**FECHA:**

.....  
Ing. Patricio Núñez, PhD  
**PRESIDENTE DEL TRIBUNAL DE CALIFICACIÓN**

16/03/2023

.....  
Dr. Byron Enrique Borja Caicedo  
**MIEMBRO DEL TRIBUNAL DE CALIFICACIÓN**

16/03/2023

.....  
Dr. Gerardo Enrique Kelly Alvear  
**MIEMBRO DEL TRIBUNAL DE CALIFICACIÓN**

16/03/2023

## DEDICATORIA

*El presente trabajo lo dedico principalmente a Dios, a la Virgen María, al Hermanito Miguel y al Espíritu Santo por bendecirme con Ciencia y Sabiduría en todo el caminar de mis estudios, brindándome salud, vida y fortaleza.*

*A mis padres Martha Moreno y Klever Osorio por darme la vida y haberme guiado por el camino del bien, inculcándome valores, apoyándome en cada momento de mi vida con sus consejos, cariño y su sacrificio diario, velando por mi bienestar y siendo el pilar fundamental de mi familia, brindándome lo mejor de ellos para formame como una gran profesional y persona.*

*A mi hermana Daniela por estar junto a mí en todo momento brindándome su apoyo día a día, compartiendo risas, enojos, peleas, pero siempre juntas como hermanas. Por tomarme como ejemplo de hermana mayor y así ella también continúe sus estudios para llegar a ser una gran profesional.*

*A mi hermana Sammy la más pequeña de mi familia quien me saca una sonrisa todos los días siendo mi motivación e inspiración.*

*A mi abuelita materna Fabiola Moreno por estar junto a mi desde mi infancia inculcándome enseñanzas y aprendizajes. Guiándome en el camino de la vida y motivándome con su presencia en cada logro alcanzado hasta ahora.*

*A mis abuelos paternos y a cada uno de los miembros de mi familia por estar junto a mí en todo momento enseñándome a ser mejor cada día y motivándome para cumplir mis objetivos y metas planteadas.*

*A mis docentes por compartirme cada uno de sus conocimientos.*

## **AGRADECIMIENTOS**

*Agradezco en primer lugar a Dios por darme la vida, a la Virgen María, Hermanito Miguel, al Espíritu Santo por bendecirme con Ciencia y Sabiduría. A mis padres por darme la vida y desde ese momento guiarme por el camino del bien, a mis hermanas y abuelita por motivarme día a día.*

*Mi sincero agradecimiento a la prestigiosa Universidad Técnica de Ambato, en especial a la Carrera Medicina Veterinaria, por haber abierto sus puertas para formarme como una gran profesional.*

*A mi tutora de trabajo de Integración Curricular  
Dra. Sandra Cruz que gracias a sus conocimientos, experiencia, orientación y motivación. Se pudo finalizar con éxito la presente investigación.*

## ÍNDICE GENERAL DE CONTENIDOS

<b>RESUMEN.....</b>	<b>11</b>
<b>ABSTRACT .....</b>	<b>12</b>
<b>CAPÍTULO I.....</b>	<b>13</b>
<b>MARCO TEÓRICO .....</b>	<b>13</b>
1.1.    Antecedentes investigativos .....	13
1.1.1.    Investigaciones previas.....	13
1.1.2.    La carne de pollo ( <i>Gallus gallus</i> ) .....	15
1.1.2.1.    Características de la carne de pollo .....	17
1.1.2.2.    Conservación de la carne de pollo.....	18
1.1.2.3.    Mercado de la carne de pollo en Ecuador .....	18
1.1.2.4.    Microbiología de la carne de pollo y vías de contaminación	19
1.1.3.    Enfermedades Transmitidas por Alimentos (ETA).....	20
1.1.4. <i>Campylobacter spp.</i> .....	22
1.1.4.1.    Características físico-químicas .....	24
1.1.4.2.    Importancia sanitaria y económica de <i>Campylobacter spp.</i> ....	25
1.1.4.3. <i>Campylobacter spp.</i> en la carne de pollo .....	25
1.1.4.4.    Pruebas de detección e identificación molecular .....	26
1.2.    Objetivos .....	27
1.2.1.    Objetivo General .....	27
1.2.2.    Objetivos Específicos .....	28
<b>CAPÍTULO II .....</b>	<b>29</b>
<b>METODOLOGÍA .....</b>	<b>29</b>
2.1.    Materiales .....	29
2.2.    Métodos.....	31
2.2.1.    Toma de muestra .....	31
2.2.2.    Pre-enriquecimiento .....	31
2.2.3.    Siembra en medio selectivo <i>Campylobacter</i> Agar Base (HIMEDIA)	32
2.2.4.    Pruebas bioquímicas.....	33
2.2.4.1.    Tinción gram .....	33
2.2.4.2.    Oxidasa .....	34
2.2.4.3.    Catalasa .....	34
2.2.4.4.    Prueba de movilidad .....	35
2.2.4.5.    Crecimiento a 42°C .....	35
2.2.5.    Agar Tripticasa de Soya (TM MEDIA) .....	36

2.2.6.	Identificación molecular.....	37
2.2.6.1.	Extracción del ADN.....	37
2.2.6.2.	PCR convencional.....	38
2.2.6.3.	Electroforesis horizontal en gel de agarosa .....	39
2.2.6.4.	Secuenciación del producto de PCR.....	40
2.2.6.5.	Análisis bioinformático de las secuencias (Blast) .....	41
2.3.	Variable respuesta .....	41
2.3.1.	Presencia/ausencia de <i>Campylobacter spp.</i> en Agar Selectivo Campylobacter .....	41
2.3.2.	Tinción Gram .....	41
2.3.3.	Catalasa .....	41
2.3.4.	Oxidasa.....	41
2.3.5.	Movilidad .....	41
2.3.6.	Crecimiento a 42°C.....	42
2.3.7.	Parámetros para la evaluación de cada local y su relación con la contaminación bacteriana .....	42
2.4.	Análisis estadístico.....	44
<b>CAPÍTULO III.....</b>		<b>46</b>
<b>RESULTADOS Y DISCUSIÓN .....</b>		<b>46</b>
3.1.	Análisis y discusión de los resultados .....	46
3.2.	Verificación de la hipótesis.....	72
<b>CAPÍTULO IV .....</b>		<b>73</b>
<b>CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES.....</b>		<b>73</b>
4.1.	Conclusiones .....	73
4.2.	Recomendaciones.....	73
<b>BIBLIOGRAFÍA.....</b>		<b>75</b>
<b>ANEXOS.....</b>		<b>87</b>

## ÍNDICE DE TABLAS

<b>Tabla 1.</b> Taxonomía de <i>Campylobacter spp.</i> .....	24
<b>Tabla 2.</b> Variables para el crecimiento óptimo de <i>Campylobacter spp.</i> .....	25
<b>Tabla 3.</b> Equipos y materiales .....	29
<b>Tabla 4.</b> Condiciones del PCR para una Taq ADN polimerasa .....	38
<b>Tabla 5.</b> Mix de reacción en un ajuste para un volumen de 25 µL .....	39
<b>Tabla 6.</b> Primers que se utilizarán para la identificación molecular de bacterias.	39
<b>Tabla 7.</b> Parámetros para analizar la higiene del local observado .....	42
<b>Tabla 8.</b> Parámetros para analizar la conservación de la carne de pollo del local observado .....	43
<b>Tabla 9.</b> Parámetros para analizar las medidas de protección de los vendedores del local observado.....	44
<b>Tabla 10.</b> Pruebas utilizadas para obtener probables resultados positivos a <i>Campylobacter spp.</i> .....	47
<b>Tabla 11.</b> Puntos de venta con licencia. Muestras positivas de acuerdo a las pruebas utilizadas para probable resultado a <i>Campylobacter spp.</i> .....	49
<b>Tabla 12.</b> Puntos de venta informales. Muestras positivas de acuerdo a las pruebas utilizadas para probable resultado a <i>Campylobacter spp.</i> .....	51
<b>Tabla 13.</b> Bacterias obtenidas en puntos de venta autorizados e informales .....	53
<b>Tabla 14.</b> Características genéticas de las cepas identificadas molecularmente en la carne de pollo. ....	53
<b>Tabla 15.</b> Estudios previos de los microorganismos obtenidos de las muestras de carne de pollo .....	61
<b>Tabla 16.</b> Relación entre higiene del local y bacterias encontrados en los puntos de expendio con licencia y puntos de venta informales.....	66
<b>Tabla 17.</b> Relación entre conservación de la carne de pollo y bacterias encontrados en los puntos de expendio con licencia y puntos de venta informales.....	69
<b>Tabla 18.</b> Relación entre medidas de protección de los vendedores y bacterias encontrados en los puntos de expendio con licencia y puntos de venta informales .....	70

## INDICE DE GRÁFICOS

<b>Gráfico 1.</b> Agar Selectivo Campylobacter con colonias grises probables positivas a <i>Campylobacter spp.</i> .....	47
<b>Gráfico 2.</b> Tinción gram. Bacilos curvos gram negativos.....	48
<b>Gráfico 3.</b> Pruebas de oxidasa y catalasa positivas .....	48

## RESUMEN

La carne de pollo es un alimento ampliamente consumido a nivel mundial, a la vez que es accesible para la mayoría de la población; Ecuador es un país que produce y consume la carne de pollo. Al ser un alimento con el ambiente propicio para el crecimiento microbiano, tiende a poseer agentes patógenos que perjudican al ser humano. *Campylobacter spp.* es una bacteria gram negativa causante de ETA y es usual encontrarla en la carne de pollo, siendo primordial su estudio en la industria avícola e inocuidad alimentaria. El presente estudio tuvo como finalidad determinar *Campylobacter spp.* en la carne de pollo expandida en puntos de venta autorizados e informales del cantón Ambato, Tungurahua, Ecuador. Se realizaron pruebas microbiológicas como crecimiento a 42 °C en agar selectivo *Campylobacter*, motilidad, tinción de gram y pruebas bioquímicas como oxidasa, catalasa e identificación molecular. Preliminarmente, se obtuvo 6 (13.3%) y 5 (11.1%) muestras positivas de puntos autorizados e informales, respectivamente. Al realizar identificación molecular ninguna muestra fue positiva para *Campylobacter spp.* Finalmente, las muestras obtenidas contenían microorganismos como *Enterococcus faecalis*, *Lactococcus garvieae*, *Enterococcus gallinarum*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Escherichia coli* y *Aeromonas veronni*. Los factores de riesgo relacionados a la carne de pollo como la conservación de la carne, las medidas de protección del vendedor e higiene de los locales indican la predisposición de la carne de pollo a su contaminación, tanto en locales autorizados como en locales informales.

**Palabras clave:** *Campylobacter spp.*, carne de pollo, inocuidad alimentaria, factores de riesgo, contaminación.

## ABSTRACT

Chicken meat is a widely consumed food worldwide, while it is accessible to the majority of the population; Ecuador is a country that produces and consumes chicken meat. Being a food with an environment conducive to microbial growth, it tends to have pathogens that harm humans. *Campylobacter spp.* It is a gram negative bacterium that causes ETA and it is common to find it in chicken meat, its study being essential in the poultry industry and food safety. The purpose of this study was to determine *Campylobacter spp.* in chicken meat sold at authorized and informal points of sale in the Ambato canton, Tungurahua, Ecuador. Microbiological tests such as growth at 42 °C on Campylobacter selective agar, motility, Gram staining, and biochemical tests such as oxidase, catalase, and molecular identification were performed. Preliminarily, 6 (13.3%) and 5 (11.1%) positive samples were obtained from authorized and informal points, respectively. When performing molecular identification, no sample was positive for *Campylobacter spp.* Finally, the samples obtained contained microorganisms such as *Enterococcus faecalis*, *Lactococcus garvieae*, *Enterococcus gallinarum*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Escherichia coli* and *Aeromonas veronni*. Risk factors related to chicken meat such as meat conservation, vendor protection measures, and premises hygiene indicate the predisposition of chicken meat to contamination, both in authorized premises and in informal premises.

**Keywords:** *Campylobacter spp.*, chicken meat, food safety, risk factors, contamination.

# CAPÍTULO I

## MARCO TEÓRICO

### 1.1. Antecedentes investigativos

#### 1.1.1. Investigaciones previas

La carne de pollo es un alimento ampliamente distribuido a nivel mundial. EFSA (2012) informó que la enfermedad provocada por *Campylobacter spp.*, un 63% proviene de las aves de corral y sus productos. Ecuador reporta que *Campylobacter spp.* es la causante del 23% de diarreas en niños (Rodríguez Gutiérrez et al., 2015). Esta bacteria es una de las principales causantes de ETA, tendiendo a la colonización del tracto gastrointestinal de bovinos, porcinos, felinos, caninos y aves de corral, así como cabras y ovejas. Además, se encuentra asociada a la forma en la que se manipula, prepara y consume la carne de pollo y sus productos secundarios, la leche cruda y el consumo de agua.

Al ser una bacteria con interés en la salud pública, se han realizado varios estudios a través de los años que indiquen la presencia de *Campylobacter spp.* en alimentos destinados al consumo humano, así como el estudio de casos clínicos para determinar un estado sanitario de esta parte de la industria alimenticia y establecer las especies genéticas de *Campylobacter* que perjudiquen al hombre (Rodríguez Gutiérrez et al., 2015; Tresierra-Ayala et al., 1995). De esta manera, la campilobacteriosis es una ETA común a nivel mundial, con alta relevancia en América Latina destacando a Ecuador, Paraguay, Argentina y Perú.

Los estudios realizados para determinar *Campylobacter spp.* van desde el análisis de alimentos crudos como la carne de pollo fresca y congelada, hasta leche y

embutidos (Chang Suarez & Tomalá Pacheco, 2021). Para establecer la presencia de este patógeno se realizan desde pruebas bioquímicas hasta cultivos en medios bacteriológicos selectivos para indicar si *Campylobacter spp.* se encuentra en determinado alimento. No obstante, la tecnología actual permite la aplicación de técnicas moleculares para su identificación como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y técnicas de genotipificación (Zumbado-Gutiérrez et al., 2014).

Por consiguiente, se detallan varios estudios realizados para determinar la presencia de *Campylobacter spp.* en alimentos. Dentro del estudio realizado por Zumbado-Gutiérrez et al. (2014) determinó la presencia de *Campylobacter spp.* del 52.38% en muestras de carne de pollo, enjuagues de pollo entero crudo y de parte del tracto gastrointestinal (ciego) de dos plantas de beneficio. Por otro lado, Lucas et al. (2013) encontró una prevalencia de *Campylobacter spp.* en canales y ciegos de pollo de 16.7 % y 26.7%, respectivamente; hubo mayor presencia de cepas *C. jejuni*. Weiler et al. (2017) reportó un valor similar con el 13% de presencia de *Campylobacter spp.* en alimentos.

Esto se contrasta con lo encontrado por Rodríguez Ceniceros et al. (2016), quienes obtuvieron un 89% de presencia de *Campylobacter spp.* en carne de pollo distribuida en mercado de abastos. Biarnés et al. (2010) indicó un resultado similar al analizar la prevalencia de *Campylobacter spp.* en pollos con un 84.8%. Además, se han realizado investigaciones dirigidas hacia las granjas criadoras de pollos de engorde. Urdaneta Vargas (2016) determinó una prevalencia de entre el 38.5 y 83.3% de *Campylobacter spp.* en 5 granjas de pollo. Esto permite relacionar la presencia de la bacteria partiendo desde las granjas avícolas que producen aves de engorde destinadas a consumo humano.

Por su parte, Zumbado-Gutiérrez et al. (2014) realizó un estudio analizando carne de pollo de puntos de venta, enjuagues de carcasas y ciegos de las plantas de procesamiento, hallando un 42.8% de *C. jejuni*, un porcentaje similar al reportado

por López Rocha (2004) quien encontró un 41.1% de *Campylobacter spp.* en la carne de pollo de puntos de venta con niveles socioeconómicos bajos, mientras que Galárraga Mora (2014) arrojó un 53.5% de prevalencia en muestras cecales de pollos broiler recién faenados. Por otro lado, Torralbo Montoro (2013) indicó resultados del 68.1% de prevalencia de *Campylobacter spp.*, similar al reportado por Valenzuela Pérez (2019) con un 70% de muestras positivas a este patógeno.

Las investigaciones realizadas detallan presencia de *Campylobacter spp.* tanto en granjas avícolas como en los productos finales tales como carne de pollo, productos lácteos o embutidos. Esto permite direccionar la indagación de información y estudios hacia los alimentos y los mataderos de aves de corral donde se permita identificar la contaminación de *Campylobacter spp.* En añadidura, la cadena de procesamiento juega un importante papel para determinar si la contaminación proviene de las aves, los operadores o es producto de contaminación cruzada por una ineficiente cadena de frío y manipulación incorrecta.

### **1.1.2. La carne de pollo (*Gallus gallus*)**

La carne de pollo es un alimento con altos valores nutricionales, además de ser una opción accesible para el consumidor por su economía y opción alterna a las carnes rojas (Gómez-Portilla et al., 2016). En este sentido, la composición del tejido muscular depende de la especie, edad, género y estado nutricional del animal, considerando que la proteína contenida en el tejido es la porción más importante de la materia seca. La proteína integrada en los músculos interviene en las funciones biológicas más importantes, tanto en procesos in vivo como en procesos postmortem (Cori et al., 2014).

Por su parte, la carne usada en la elaboración de productos cárnicos destinadas al consumo humano, destacando a las aves, es colocada en procesos de congelación

antes del procesamiento de la misma. Las temperaturas utilizadas oscilan entre -20 a -35°C, por lo que el 90% del agua se encuentra congelada y los solutos de la porción de agua no congelada aumentan 10 veces más. De esta manera, se produce una desnaturalización de proteínas que da como resultado una disminución en la capacidad de la retención de agua; en el proceso de descongelación, el exudado producido por el proceso contiene aminoácidos, minerales y vitaminas, provocando una carne de menor calidad y poco deseada para productos cárnicos (Cori et al., 2014).

En este sentido, la preferencia del consumidor tiende a escoger carne de pollo con un mejor color para que sea aceptable, influenciada por la carne fresca (Alvarado et al., 2012). Esto se relaciona con el contenido de mioglobina y hemoglobina en el tejido muscular. Dentro del procesamiento de las carnes, la mioglobina es la más destacada ya que la hemoglobina es eliminada en la fase de desangrado durante el periodo de matanza (Cori et al., 2014).

Por su parte, dentro del manejo de la carne de pollo se debe tomar en cuenta si la carne se encuentra fresca o congelada. El manejo durante la distribución, mayor tiempo de almacenamiento, ventas minoristas y selección por parte del cliente son factores para que la carne posea una menor calidad. A su vez, cuando la carne es sometida a congelación, su calidad también disminuye; esto se ha relacionado con la técnica para la congelación de la carne, ya que al congelar el producto el estado de agua se altera, aumenta la concentración de solutos como los carbohidratos, vitaminas, lípidos, proteínas y minerales, dando como consecuencia una alteración en la homeostasis del producto final. De la misma manera, los cambios en el entorno de la fibra muscular afectan las características de la membrana celular y, finalmente, disminuyendo la calidad de la carne (Attia et al., 2016).

### **1.1.2.1. Características de la carne de pollo**

La calidad de la carne tiene referencia en las características deseadas de un producto para el consumidor final, lo cual tiene un gran impacto en el mismo para su compra. Dentro de las características fisicoquímicas a considerar se encuentran el pH, la capacidad de retención de agua, el rendimiento, la textura y el color. Por otro lado, estas características se ven afectadas por antes de la muerte del animal por el estrés que es influenciado por el tiempo de espera de la matanza, la temperatura del ambiente, la manipulación, el transporte, entre otros (Bautista et al., 2016).

La carne de pollo contiene un bajo porcentaje de grasa y la composición del tejido muscular es alto con respecto al componente lipídico (Benítez et al., 2002). Estos factores van en dependencia de la edad, genotipo y sexo. Una de las características primarias que influyen sobre la calidad de la carne de pollo es la dieta alimenticia que mantienen a lo largo del tiempo. Otros factores como la sanidad, condición ambiental, manejo de crianza, practicas durante el sacrificio, procesamiento, almacenaje y manipulación de la carne fresca y congelada son influyentes en la calidad final de la carne de pollo (Attia et al., 2016; Orellana Meza, 2013).

Dentro de las características nutricionales que posee la carne de pollo, se destaca el porcentaje de proteína con un 14.5% (Benítez et al., 2002), siendo una fuente de alto valor biológico. Además, es rica en aminoácidos esenciales como la lisina y de minerales como el potasio, hierro, fósforo y zinc. Al poseer un bajo nivel de ácidos grasos saturados, 70% de tejido adiposo de fácil remoción, ácidos grasos omegas 3 y 6, aporta varios nutrientes que benefician al ser humano, prefiriendo su consumo (Martínez Jaikel & Mora Ramírez, 2010).

De la misma manera, la carne de pollo otorga ventajas con respecto a su sabor, digestibilidad, suavidad y varias maneras de preparación en la cocina. La mejora en

la digestibilidad se obtiene a partir de que posee menor cantidad de tejido conectivo con relación a las carnes rojas, por lo que al quitar la piel se disminuye una gran parte de este tipo de tejido. En el mismo sentido, la carne de pollo posee fibras musculares con un menor diámetro, reduciendo la dureza y optimizando su textura, por lo que la digestión se facilita (Martínez Jaikel & Mora Ramírez, 2010).

#### **1.1.2.2. Conservación de la carne de pollo**

Uno de los métodos para que la carne de pollo pueda mantenerse conservada es el enfriamiento, reduciendo en gran medida el crecimiento de microorganismos. Cuando la aplicación de la cadena de frío se retrasa, puede provocar un incremento en la carga microbiana. Por su parte, la duración de vida útil de la canal del pollo se encuentra relacionada con la contaminación inicial y las características del almacenamiento. El pollo debe encontrarse almacenado a una temperatura entre los 2 – 5 °C para que los microorganismos tengan dificultades en su crecimiento (Mendoza Parada, 2014).

#### **1.1.2.3. Mercado de la carne de pollo en Ecuador**

En Ecuador, la avicultura posee alrededor de 300 000 empleos, con una producción anual bruta de alrededor de 3 700 millones de dólares. Por su parte, alrededor de 1414 granjas se encuentran dedicadas a la producción de carne de pollo, partiendo desde la crianza, alimentación y sacrificio de los animales. Al ser un país de autoconsumo, la mayor cantidad de animales criados son consumidos dentro del territorio (CONAVE, 2022).

Con respecto a la economía, la carne de pollo tiene una ventaja sobre la carne roja. Al ser un alimento rico en proteína y más económico que la carne de res, es

indispensable en el consumo diario de los seres humanos, destacando su consumo en países en desarrollo (Benítez et al., 2002). La producción de la carne de pollo incrementó un 3.13% en el año 2022 en Ecuador, produciendo un total de 495 000 Tn de carne de pollo, incrementando en 15 000 Tn desde el año 2021 (el Universo, 2023). Cabe destacar que el incremento de producción depende del consumo interno de los habitantes, por lo que se espera que en 2023 la producción incremente en un 10% (el Productor, 2022).

#### **1.1.2.4. Microbiología de la carne de pollo y vías de contaminación**

Es importante considerar el estrés y el calor como parte fundamental en el aspecto de la carne. Estos dos factores intervienen en el pH muscular y lo reduce debido a que la glucólisis post mortem, se acelera durante el periodo donde la canal se encuentra con una temperatura alta. Las proteínas musculares se desnaturalizan y se altera el color de la carne, provocando una apariencia pálida y poco firme. Su capacidad para retener agua disminuye y se incrementan las pérdidas por goteo, ocasionando una carne con textura dura y falta de jugosidad (Bautista et al., 2016).

Es importante tomar en consideración que la carne de pollo es una de las más reportadas como vehículo para transmisión de enfermedades al ser humano (López et al., 2018). Además, es importante destacar que un alimento inocuo depende del control e inspección en mataderos, procesadoras, tiendas destinadas al consumidor y el manejo de los alimentos por parte de los vendedores y consumidores. Los animales vivos, como el pollo, contienen gran cantidad de microorganismos en su cuerpo, tracto digestivo y exterior (Kožačinski et al., 2006).

Durante la fase de sacrificio, la mayoría de los microorganismos pueden contaminar la canal del pollo, resaltando que la contaminación puede estar dada en cualquier

fase de la cadena de producción, ya sea en el desplume, eviscerado, lavado para su almacenamiento, refrigeración, congelación, transporte, equipo y manos de los operadores. Todos son factores que pueden interferir en la contaminación del producto final (Kožačinski et al., 2006).

Dentro de las instalaciones, las altas concentraciones de aves, equipos de sacrificio y procesamiento, así como los instrumentos para el enfriamiento pueden ser el motivo para una elevada contaminación de bacterias y dando como resultado una menor vida útil de la carne de pollo. A pesar de los avances en la tecnología para la producción y procesamiento avícola, hay varias etapas del procesamiento de la carne de pollo que favorecen el aumento de contaminación bacteriana. La contaminación cruzada de la carne de pollo con agentes etiológicos que desencadenan infecciones o intoxicaciones tiene relación, a su vez, con su almacenamiento y cocción. Para evitar estos procesos, es importante controlar la calidad microbiológica en la calidad alimentaria de los productos cárnicos, su distribución y almacenamiento (Kožačinski et al., 2006).

### **1.1.3. Enfermedades Transmitidas por Alimentos (ETA)**

Las Enfermedades Transmitidas por Alimentos (ETA) son un síndrome provocado por la ingesta de alimentos o agua contaminados por agentes patógenos que afectan la salud del consumidor, ya sea de manera individual o en grupos poblacionales (Gómez-Portilla et al., 2016). Este tipo de trastorno es uno de los principales problemas dentro de la salud pública, siendo motivo de altos índices de morbilidad. Su incidencia ha aumentado en las últimas décadas al acompañar a la globalización de la industria alimentaria, incremento en el transporte de alimentos y personas, así como a los cambios en el consumo alimenticio y sus hábitos (Rodríguez-Lázaro & Hernández, 2006).

Por su parte, se reconocen más de 200 patologías reconocidas que se transmiten por medio de la alimentación, habiendo síntomas desde gastroenteritis hasta la posibilidad de complicaciones de tipo crónico o discapacidad (Cortés Sánchez et al., 2018; Rodríguez-Lázaro & Hernández, 2006). Dentro de los principales síntomas se encuentran los causados en el tracto gastrointestinal como vómito, diarrea, dolor abdominal, hasta los síntomas generales como fiebre, deshidratación y alteraciones en el sistema renal y otros órganos (Gómez-Portilla et al., 2016).

Dentro de este marco, los agentes etiológicos para que una ETA se presente incluyen metales, toxinas y patógenos. En el ser humano, se han determinado más de 40 patógenos que transmiten enfermedades, de los cuales más del 90% de los casos que se han confirmado en humanos con ETAs han sido producto de bacterias, mientras que el porcentaje restante se debe a parásitos, virus y hongos. Debido a esta problemática, se han aplicado programas de control de calidad en la cadena de producción de alimentos que permitan disminuir el riesgo de infecciones para el consumidor. Dentro de los sistemas de vigilancia para aumentar la calidad sanitaria, se deben realizar identificación de patógenos emergentes, notificaciones en los planteles de producción alimentaria, capacitación al personal dentro de la industria y al consumidor para tratamiento correcto de los alimentos (Cortés Sánchez et al., 2018; Rodríguez-Lázaro & Hernández, 2006; Tafur Garzón, 2009).

Por su parte, se indica que su causa deriva de la mala inocuidad y calidad en los alimentos (Gómez-Portilla et al., 2016; González-Muñoz & Palomino-Camargo, 2012). La importancia de la inocuidad alimentaria es importante en un país. La inocuidad es un grupo básico que determina la calidad de un alimento; acompañada de las características nutricionales, comerciales y organolépticas de un producto alimentario, determinan los componentes primordiales para que un alimento sea apto para el consumo humano. Así mismo, el alimento inocuo no provoca daño o patologías en el humano (Arispe & Tapia, 2007; de la Fuente Salcido & Barboza Corona, 2010).

De esta manera, los alimentos tienen un amplio recorrido para llegar al consumidor final, como su obtención, manipulación, preparación, movilización y transporte, procesamiento, almacenamiento y consumo final (González-Muñoz & Palomino-Camargo, 2012). Debido a todas las etapas que debe recorrer, puede haber alteraciones en la misma que ocasionan variación en sus componentes organolépticos, sensoriales, valores nutritivos o composición química que interfiera con la aceptabilidad del consumidor; además, esto se relaciona con la exposición a agentes patógenos que perjudiquen la calidad final del alimento. Dentro de los agentes relacionados, pueden ser biológicos, físicos o químicos (De la Fuente Salcido & Barboza Corona, 2010).

Cabe resaltar que hay varios agentes patógenos con etiología bacteriana que provocan ETA, destacando a *Escherichia coli*, *Salmonella spp.*, *Listeria monocytogenes*, *Clostridium perfringens*, *Staphylococcus aureus* y *Campylobacter jejuni*. Dentro de este grupo, *Salmonella spp.* y *Campylobacter spp.* son variantes con potencial mortal dentro de las bacterias presentes en la carne de pollo cruda, siendo responsables de gran parte de las intoxicaciones en humanos, así como de los cientos de muertes anuales marcadas por dichas ETAs (Escobedo Bailón & Martel Tolentino, 2013).

#### **1.1.4. *Campylobacter spp.***

*Campylobacter spp.* es una bacteria gram negativa, delgada con flagelos en los polos y en forma espiral que le otorgan el movimiento en forma de sacacorchos. El género *Campylobacter* contiene 18 especies, destacando a *Campylobacter jejuni* y *C. coli* como agentes causales de la zoonosis conocida como campilobacteriosis, afectando a la población mundial. Además, es uno de los orígenes más comunes de ETA caracterizada por provocar síntomas en el organismo como fiebre, dolor abdominal, cefalea y diarrea sanguinolenta (Rodríguez Gutiérrez et al., 2015).

Dentro de sus características se tiene una forma de espiral o curvo con 0.2 – 0.5  $\mu\text{m}$  de diámetro, además de un movimiento constante de dardo, exceptuando a *C. gracilis* (no es móvil) y a *C. showae* que incorpora varios flagelos. Para su cultivo se necesitan temperaturas de 42°C, condiciones húmedas y con microaerofilia, requiriendo 85% de nitrógeno, 10% de dióxido de carbono y 5% de oxígeno, en tanto que determinadas cepas necesitan 5% de hidrógeno para que crezcan de modo óptimo (Rodríguez Gutiérrez et al., 2015).

De esta manera, *C. jejuni* y *C. coli* invaden el tracto gastrointestinal de bovinos, suinos, aves, caninos, felinos, caprinos y ovinos. Dentro de ellos, se destaca a las aves de corral como principal reservorio de *Campylobacter spp.* provocando el mayor número de casos positivos para la patología en humanos. Las vías de contaminación incluyen la manipulación inadecuada, preparación y consumo de la carne de pollo, así como sus subproductos (Rodríguez Gutiérrez et al., 2015).

Por su parte, *Campylobacter spp.* al ser una bacteria que provoca enteritis en el ser humano, se reconoce a los niños como los más afectados tanto en países en vías de desarrollo como en países desarrollados. Esta bacteria se ha relacionado como antecedente del síndrome Guillain-Barré y artritis reactiva. A su vez, se asocia con otro tipo de condiciones clínicas como pancreatitis, septicemia, síndrome urémico hemolítico, meningitis y abortos. Debido a las condiciones que requiere para su crecimiento como tiempo de incubación, temperatura y atmósfera, las cepas de *Campylobacter spp.* emergentes son difíciles de conseguir (Lastovica, 2006).

*Campylobacter spp.* posee la siguiente taxonomía, destacando a las dos especies *C. coli* y *C. jejuni* como agentes etiológicos principales e importantes dentro de la inocuidad alimentaria:

**Tabla 1.** Taxonomía de *Campylobacter spp.*

<b>Dominio</b>	<b>Bacteria</b>
<b>Filo</b>	Proteobacteria
<b>Clase</b>	Epsilonproteobacteria
<b>Orden</b>	Campylobacterales
<b>Familia</b>	<i>Campylobacteraceae</i>
<b>Género</b>	<i>Campylobacter</i>
<b>Especie</b>	<i>C. jejuni</i> <i>C. coli</i>

**Fuente:** (Urdaneta Vargas, 2016)

#### **1.1.4.1. Características físico-químicas**

Dentro de las características para que *Campylobacter spp.* tenga un crecimiento óptimo, se encuentran las condiciones físicas del medio externo como la temperatura, el pH y el oxígeno. Un rango de temperatura adecuado para que pueda crecer se encuentra entre los 37 – 42 °C, habiendo algunas especies de *Campylobacter spp.* que no crecen por debajo de los 30°C (termofílicas) e inhibiendo su presencia en alimentos que se mantengan en temperaturas ambientales de 20 – 25 °C; no obstante, en determinadas condiciones de humedad, puede sobrevivir a temperaturas de refrigeración (4°C). Son sensibles al calor y pueden ser desactivadas con facilidad por medio de la cocción de los alimentos y métodos como la pasteurización. Cuando es sometida a temperaturas entre 55 – 60 °C durante un periodo de 1 minuto, puede ser destruida rápidamente (ACHIPIA, 2017; Collado, 2020).

Para un crecimiento óptimo, se requiere de un pH entre 6.5 – 7.5, con rangos entre 4.9 – 9.0 y sin crecimiento cuando se encuentra en un valor inferior a 4.9. En cuanto a oxígeno, la mayor parte de cepas de *Campylobacter spp.* no pueden crecer cuando

se encuentran en presencia de aire, requiriendo un 5% de oxígeno y 2 – 10% de dióxido de carbono. Para la formación de biofilm, las cepas con movilidad y flagelos presentan un nivel mayor que aquellas cepas que no poseen flagelos y son no móviles. Esta característica les permite incrementar el nivel de supervivencia y difusión en las plantas de procesamiento de alimentos como la carne de pollo (ACHIPIA, 2017).

**Tabla 2.** Variables para el crecimiento óptimo de *Campylobacter spp.*

<b>Variable</b>	<b>Mínimo</b>	<b>Óptimo</b>	<b>Máximo</b>
<b>Temperatura (°C)</b>	32	42 – 43	45
<b>pH</b>	4.9	6.5 – 7.5	9.5
<b>Actividad del agua</b>	0.987	0.997	-

**Fuente:** (ACHIPIA, 2017)

#### **1.1.4.2. Importancia sanitaria y económica de *Campylobacter spp.***

Por otro lado, *Campylobacter spp.* fue el patógeno más reportado en la Unión Europea durante el año 2013 con afecciones gastrointestinales; se reportaron un total de 214.779 casos, teniendo como principal alimento transmisor a la carne de pollo, seguido de subproductos de la carne de pollo, otro tipo de carnes de corral, leche y alimentos varios (Duque Quintero et al., 2018).

#### **1.1.4.3. *Campylobacter spp.* en la carne de pollo**

Al ser un agente etiológico causante de ETA, su estudio es determinante en los alimentos destinados para consumo humano. La campilobacteriosis se puede

transmitir por animales domésticos, de compañía y silvestres al ser eliminado por los excrementos de los animales. *C. jejuni* es la especie destacada para transmitir ETA por medio de la carne de pollo, en tanto que *C. coli* tiene como hospedador principal al cerdo. *Campylobacter spp.* puede ser encontrada en el tracto gastrointestinal de animales para consumo, sobre todo en los mataderos aves de corral y la carne de pollo obtenida en los mercados minoristas (ACHIPIA, 2017).

#### **1.1.4.4. Pruebas de detección e identificación molecular**

Para permitir el crecimiento óptimo de *Campylobacter spp.*, los medios de cultivo selectivos contienen secuestrantes de oxígeno y una etapa de pre-enriquecimiento dentro de un medio líquido para que, posteriormente, se pueda proceder a la siembra en un agar adecuado. Dentro de los caldos selectivos se encuentra el caldo Presto, el caldo Bolton y el caldo de enriquecimiento para *Campylobacter spp.* Es usual el uso del agar Desoxicolato cefoperazona carbón (CCDA) y agares como Skirrow, Campy-BAP y Butzler que tienen en su interior base de agar sangre como sangre de equino, ovino o bovino y agar Brucella. Se coloca aditivos de antibióticos como novobiocina, cefalotina, trimetoprin, que inhiben el crecimiento de otros microorganismos. (Urdaneta Vargas, 2016).

Por su parte, para los métodos de confirmación de una cepa de *Campylobacter spp.* se utiliza con frecuencia la prueba de PCR, debido a que las reacciones fenotípicas no son fáciles de leer. Se han desarrollado procedimientos de PCR en tiempo real que indican el potencial del límite de detección de 1 UFC en muestras de la carne de pollo en un tiempo de 2 horas (Urdaneta Vargas, 2016).

Del mismo modo, para tipificar las cepas bacterianas se debe discriminar entre cepas y su eficacia depende de la fiabilidad, esfuerzo y costo, por lo cual es importante considerar que el diseño de estudio y los objetivos de la investigación

son cruciales para obtener una técnica adecuada con la cual se pueda aislar dicha bacteria de una manera correcta (Rossler et al., 2017; Urdaneta Vargas, 2016).

Para los métodos de tipificación se puede determinar dos categorías como métodos fenotípicos y genotípicos. Los primeros son basados en el fenotipo como biotipo, serotipo, fagotipo o el perfil de susceptibilidad antimicrobiano; este tipo de metodología da la ventaja de destacar entre las bacterias de una sola especie, teniendo tendencia a haber variaciones como mutación espontánea, ambiente y fase de crecimiento. Los métodos genotípicos tienen su base en el análisis de las estructuras genéticas, pero pueden ser afectados por mutaciones en los genes (Rossler et al., 2017; Urdaneta Vargas, 2016).

Es por ello que la tipificación de agentes etiológicos bacterianos es importante para la epidemiología de las patologías bacterianas, así como para su diagnóstico y tratamiento. Caracterizar cepas bacterianas permite el estudio de su comportamiento en el ambiente y sus mutaciones. Con el avance tecnológico, existen nuevas herramientas y métodos para que la información de las pruebas aplicadas en las cepas bacterianas pueda obtenerse en menor tiempo, optimizando los recursos y otorgando la identificación de cepas en un lugar determinado (Urdaneta Vargas, 2016).

## **1.2. Objetivos**

### **1.2.1. Objetivo General**

Determinar la frecuencia de *Campylobacter spp.* en muestras de carne de pollo que se expenden en el Cantón Ambato en puntos de venta con licencia de funcionamiento e informales.

### 1.2.2. Objetivos Específicos

- Identificar *Campylobacter spp.* mediante técnicas microbiológicas y bioquímicas en muestras de carne de pollo que se expenden en el Cantón Ambato en puntos de venta con licencia de funcionamiento e informales.
- Identificar molecularmente aislados bacterianos con características morfológicas y bioquímicas de *Campylobacter spp.*
- Evaluar comportamiento epidemiológico de la presencia de *Campylobacter spp.* en la carne de pollo que se expenden en el Cantón Ambato en puntos de venta con licencia de funcionamiento e informales

## CAPÍTULO II METODOLOGÍA

### 2.1. Materiales

**Tabla 3.** Equipos y materiales

<b>Materiales de campo</b>	
– Overol	– Cooler
– Botas	– Bolsas ziploc estéril
– Jeringas de 20ml	– Papel aluminio
– Bolsas de transfusión sanguínea	– Alcohol
– Algodón	– Guantes de látex
<b>Materiales de laboratorio</b>	
– Matraz Erlenmeyer	– Asas de siembra
– Vasos de precipitación	– Cucharas de medición
– Tubos de ensayo	– Papel de Aluminio
– Tubos Eppendorf	– Varilla de agitación
– Probeta	– Mecheros
– Puntas de micropipeta	– Guantes de látex
– Micropipeta	– Cintas testigo
– Asa de Digralsky	– Mascarilla
– Cajas Petri	– Cofia
– Portaobjetos	– Bata quirúrgica
– Asas de siembra	– Zapatones
<b>Reactivos</b>	
– Tinción Gram	– Pruebas oxidasa
– Agua destilada	– Agua Peptonada Bufferada
– Peróxido de hidrógeno	– Suero fisiológico
– <i>Campylobacter</i> agar base	– Glicerol (Dilución 15%)
– Agar tripticasa de soya	– Alcohol
– Suplemento selectivo Skirrow (FD008)	

---

### Equipos

---

- |                     |   |
|---------------------|---|
| - Balanza Analítica | - Agitador magnético con plancha de calentamiento |
| - Autoclave         | - Nevera  |
| - Incubadora        | - Baño María                                      |
| - Microscopio       |   |
- 

### Insumos de Oficina

---

- |                      |                        |
|----------------------|------------------------|
| - Computadora        | - Esferos              |
| - Cuaderno           | - Rotulador permanente |
| - Cámara fotográfica | - Impresora            |
- 

### Extracción de ADN Genómico Bacteriano

---

#### Reactivos

- $\beta$  - mercaptoetanol
- Etanol absoluto
- Cloroformo
- Agua ultrapura
- Buffer de extracción, compuesto por:
  - CTA 2.5% (25g/L)
  - NaCl 1.4 M (81.816 g/l)
  - EDTA 20mM (5.8448 g/l); Tris
  - HCl 100 mM (12.114 g/l) pH 8.0
  - Acetato de sodio 3M (246.102 g/l)

#### Equipos

- Centrífuga de alta velocidad (adaptada para microtubos)
- Congelador (disponible a -20 °C)
- Micropipetas 0.5 - 10 $\mu$ l, 10 - 100 $\mu$ l y 100 - 1000  $\mu$ l

---

### PCR Convencional con Base a un Master Mix

---

#### Reactivos

- ADN (10 - 250 ng)
- GoTaq Green Mater mix 2X:
  - Taq ADN polimerasa con su respectivo buffer, MgCl<sub>2</sub> 50Mm y Mix dNTPs 10Mm
- Agua de PCR (libre de nucleasas)
- Primer forward (10 $\mu$ M)
- Primer reverse (10 $\mu$ M)

#### Equipos

- Termociclador
  - Micropipetas 0.5 - 10 $\mu$ l, 10 - 100  $\mu$ l y 100 - 1000  $\mu$ l
-

---

## Electroforesis Horizontal en Gel de Agarosa

---

Reactivos	Reactivos
– Muestra de ADN	– Cámara de
– Colorante de carga	electroforesis horizontal
– Solución para 1L de solución madre de TBE 5X	– Micropipetas 0.5 – 10µl, 10 – 100 µl y 100 – 1000 µl

---

**Fuente:** elaboración propia

### 2.2. Métodos

#### 2.2.1. Toma de muestra

Las muestras se recogieron en 90 puntos de expendio de carne de pollo en el Cantón Ambato, los cuales fueron 45 de locales con licencia de funcionamiento y 45 puntos de puntos de expendio informales, se recolecto 15 muestras semanales. Para obtener las muestras se procedió a comprar y posteriormente la mismas fueron colocadas en bolsas ziploc estéril una por cada muestra, finalmente fueron transportadas en una hielera cooler al laboratorio de la Facultad de Ciencias Agropecuarias para proceder con el estudio respectivo.

#### 2.2.2. Pre-enriquecimiento

##### *Agua peptonada bufferada*

1. Se pesaron 20gr de agua peptonada bufferada y se diluyeron en 1000ml de agua destilada.
2. La mezcla fue autoclavada a 121°C por 15 minutos.
3. Se atemperó el agua peptonada en Baño María durante 25 minutos a 55°C.

Seguidamente la muestra de carne de pollo se procedió a pesar 25g y se introdujeron en 225 ml de agua peptonada en frascos Erlenmeyer y se agitó suavemente el frasco para mezclar el agua peptonada y la carne de pollo. Se dejó reposar durante 1 hora y la muestra se incubó a 37°C por 24 horas.

### **2.2.3. Siembra en medio selectivo *Campylobacter* Agar Base (HIMEDIA)**

Se utilizó el medio selectivo *Campylobacter* Agar Base (HIMEDIA). Este agar es ideal para apoyar el crecimiento exuberante de las especies de *Campylobacter spp.* debido a que el equilibrio del medio se mantiene con cloruro de sodio. Por su parte, el agar requiere sangre la misma que sirve como una fuente adicional de nutrientes, incluido el factor X. El complemento antibiótico Skirrow (FD008) reducen notablemente el crecimiento de bacterias entéricas normales al mismo tiempo que mejoran el crecimiento de *Campylobacter spp* (HIMEDIA, 2022).

1. Se disolvió 22.75g en 500ml de agua destilada
2. La mezcla fue diluida y llevada a ebullición por completo
3. Se autoclavó la mezcla a 121°C durante 15 minutos.
4. Se enfrió la mezcla en baño María a 50°C y se agregó un vial de Suplemento selectivo Skirrow (FD008) reconstituido según las instrucciones del fabricante y se mezcló completamente.
5. Se distribuyó en placas Petri estériles.

(HIMEDIA, 2022)

#### ***Procedimiento***

1. Se colocó 100µl de agua peptonada previamente incubada en una placa Petri con el agar selectivo para *Campylobacter spp.*
2. La gota reposó hasta su completa absorción

3. Se sembró por técnica de desgaste con ayuda de un asa circular.
4. Se incubaron las placas a 42°C durante 48h.

Para un resultado presuntamente positivo a *Campylobacter spp.* las colonias a tomar en cuenta se tornaron de color gris. Luego de haber realizado una selección de las posibles colonias de *Campylobacter spp.*, se procedió a realizar pruebas bioquímicas para su identificación y se sembró en agar sangre para ofrecer los nutrientes necesarios a las colonias aisladas seleccionadas.

#### **2.2.4. Pruebas bioquímicas**

##### **2.2.4.1. Tinción gram**

Es una prueba que diferencia entre bacterias gram positivas y gram negativas. Las gram (+) se tiñen de colores azul-violeta y las gram (-) se tornan de color rosado (Mora, 2012).

##### ***Procedimiento***

1. Se colocó una gota de agua destilada en un portaobjetos y se añadió una colonia bacteriana del agar selectivo, mezclándolas.
2. Se dejó secar y se colocó cristal violeta en la muestra durante 1 minuto y se lavó con agua destilada.
3. Se colocó yodopovidona (Lugol) durante 1 minuto y se procedió a lavar con agua destilada.
4. Se decoloró la muestra con alcohol-acetona y se lavó con agua destilada.
5. Se colocó safranina durante 30 segundos y se lavó con agua destilada.
6. Se dejó secar y se observó al microscopio con aceite de inmersión en el lente de 100x.

Para las presuntas colonias de *Campylobacter spp.* se consideró que fueran gram negativo y que las colonias tuvieran forma de bacilos curvos, pequeños con forma de bastón o “alas de gaviota”. Se descartaron las colonias con forma de bacilos largos, cocobacilos o cocos que tuvieran concordancia con otras bacterias de tipo Gram negativo.

#### **2.2.4.2. Oxidasa**

Es una prueba utilizada para determinar si un microorganismo produce la enzima citocromo-oxidasa. Si la tira se torna de color azul a azul violeta azulado, tiene un resultado positivo; por otro lado, si la tira se torna de un color rosado o no hay cambio de color su resultado es negativo. Para *Campylobacter spp.* esta prueba debe arrojar un resultado positivo (Fernández et al., 2010).

#### ***Procedimiento***

1. Se colocó una colonia de microorganismos en la zona reactiva de la tira y frotar con ayuda del asa metálica.
2. Se interpretaron los resultados luego de 10-30 segundos.

#### **2.2.4.3. Catalasa**

Es una prueba para determinar la hidrolisis del peróxido de hidrógeno en oxígeno gaseoso, lo que provoca una reacción de producción de burbujas. Si la producción de burbujas es abundante, el resultado es positivo; cuando hay una escasa producción de burbujas o no se observa ninguna, el resultado es negativo. Para *Campylobacter spp.* esta prueba debe arrojar un resultado positivo (Fernández et al., 2010).

### ***Procedimiento***

1. Se colocó una colonia en un portaobjetos y se añadió una gota de peróxido de hidrógeno.
2. Se analizaron los resultados luego de 10-20 segundos

#### **2.2.4.4. Prueba de movilidad**

Se utiliza para determinar la movilidad de una bacteria. Se debe colocar una colonia sospechosa concordante con *Campylobacter spp.* en un medio con agua peptonada para evaluar. Los posiblemente positivos se observarán como bacilos finos en espiral o curvados con un movimiento similar a un sacacorchos. El procedimiento a utilizar será el descrito por Anampa (2020).

### ***Procedimiento***

1. Se identificaron las colonias compatibles con *Campylobacter spp.*
2. Se colocó 5ml de agua peptonada en un tubo.
3. Se tomó una colonia aislada con ayuda de un asa de cultivo.
4. Se homogeneizó la colonia aislada con el agua peptonada completamente.
5. Se incubó la muestra durante 24h a 42°C.
6. Se observó la motilidad con la ayuda de un microscopio.

#### **2.2.4.5. Crecimiento a 42°C**

*Campylobacter spp.* es una bacteria que crece a temperaturas de 42°C, destacando su presencia en ciegos de aves debido a las altas temperaturas que se encuentran en este ambiente. Se procedió a sembrar las colonias en Agar *Campylobacter* Base a una temperatura de 42°C para determinar su presencia en las muestras de carne de pollo (HIMEDIA, 2022).

### **2.2.5. Agar Trypticasa de Soya (TM MEDIA)**

Este agar es de gran utilidad para el enriquecimiento y crecimiento de microorganismos difíciles de aislar, especialmente para bacterias anaerobias. Puede ser utilizado con o sin sangre (TMMedia, 2014).

#### ***Preparación***

1. Se preparó el agar en un agitador magnético hasta llegar al punto de ebullición.
2. Posteriormente se esterilizó en la autoclave a 121°C por 15 minutos.
3. Se llevó la mezcla a baño María para atemperar a 50 °C.
4. Finalmente, se colocó la mezcla en cajas Petri estériles.

#### ***Procedimiento***

1. Luego de haber realizado las pruebas para determinar posibles colonias positivas a *Campylobacter spp.*, se resembro en agar tripticasa para posteriormente realizar identificación molecular para confirmar su presencia en las muestras de carne de pollo.

#### ***Criopreservación***

Las muestras que obtuvieron las características para ser compatibles con *Campylobacter spp.* por medio de las pruebas mencionadas fueron criopreservadas en microtubos suspendidos en una dilución de glicerol al 15%. Se procedió a realizar medios de cultivo Trypticasa de Soya con las instrucciones del fabricante TM MEDIA y se sembró con ayuda de un asa circular, utilizando la técnica de estría por desgaste. Finalmente, se colocó la placa en una posición invertida a 37°C durante 24h.

## **2.2.6. Identificación molecular**

Las muestras que fueron criopreservadas como presuntas bacterias pertenecientes a *Campylobacter spp.* se sometieron a una prueba de identificación molecular.

### **2.2.6.1. Extracción del ADN**

Posterior a la siembra de cultivos bacterianos para encontrar colonias aisladas, se extrajo el ADN mediante el siguiente proceso:

1. Se tomó 50 mg de muestra con un asa circular de siembra y se colocó en un tubo de 1.5 ml con 3 perlas de vidrio estériles. Se añadió 500 µl de buffer de extracción (2.5% w/v Ctab, 1.4 M NaCl, 20mM Tris HCl (pH 8.0) y 2 µl de β-mercaptanol).
2. Se agitó la muestra con BeadBeater a máxima velocidad y se obtuvo la muestra pulverizada y se incubó a baño María a 60°C por 30 minutos mezclando cada 10 minutos.
3. Se añadió 500 µL de cloroformo congelado y se homogeneizó con un Vortex durante 30 segundos. Se dejó reposar 2 minutos y se centrifugó a 14500 xg durante 5-10 minutos.
4. Se colocó 400 µL del sobrenadante con una micropipeta y se colocó en un nuevo tubo estéril de 1.5ml. Se le añadió al sobrenadante partes iguales de etanol absoluto frío 150 µl de Acetato de sodio 3M y 300 µl de etanol 70% filtrado para precipitar el ADN y se colocó a -20°C durante 12h.
5. Se centrifugó a 14500 xg durante 11-17 minutos y se eliminó el sobrenadante.
6. Se lavó 2 veces con etanol al 70% con 200 µl en cada repetición. Se pipeteó y se descartó con inversión de etanol.
7. Se secó el pellet por 15-20 minutos. Se resuspendió el pellet de ADN con 25-100 µl de agua DEPC y se añadió 1 µl de ARNsa. Se procedió a incubar a 37°C durante 30 minutos.
8. Se almacenó a -20°C.

### 2.2.6.2. PCR convencional

Los ciclos de PCR se dividen en tres etapas:

1. Desnaturalización: el ADN se desnaturaliza e inicia la síntesis de una nueva cadena complementaria. Se realiza durante 1 minuto a 94°C. La actividad enzimática disminuye luego de 95°C (Costa, 2004; Ramírez-Salcedo et al., 2014).
2. Hibridación: se requiere el grupo OH- libre del extremo 3' iniciado en la síntesis, siendo el punto de crecimiento para la cadena complementaria. La temperatura melting debe oscilar entre 50-60°C. (de Dios et al., 2013)
3. Extensión: mediante la Taq polimerasa sobre el complejo templado-primers empieza la catálisis con rápida velocidad. Se agrega dNTP's complementario y produce cadenas completas de ADN en direcciones de 5' a 3'. Esto se realiza a temperaturas de 72°C y finalizado el ciclo se forman los amplicones (Ramírez-Salcedo et al., 2014).

Es así que para realizar este procedimiento se ejecutaron los siguientes pasos:

1. Se ajustó el programa PCR en el termociclador de acuerdo al ADN y primer a utilizar:

**Tabla 4.** Condiciones del PCR para una Taq ADN polimerasa

<b>Etapa</b>	<b>Temperatura</b>	<b>Tiempo</b>	} 30 – 40 ciclos
Desnaturalización inicial	95°C	3 min	
Desnaturalización	95°C	3 seg	
Alineamiento	T <sub>m</sub> – 3-5°C	30 seg	
Extensión	72°C	1min/kb	
Extensión final	72°C	5 min	
Almacenamiento	10°C	Indefinido	

2. Se realizó la mezcla de reacciones mX sin el ADN

**Tabla 5.** Mix de reacción en un ajuste para un volumen de 25  $\mu\text{L}$ 

Componente	Volumen	Concentración final
Go Taq Green Master Mix, 2X	12.5 $\mu\text{l}$	1X
Primer forward, 10 $\mu\text{M}$	0.25 – 2.5 $\mu\text{l}$	0.1 – 1.0 $\mu\text{M}$
Primer reverse, 10 $\mu\text{M}$	0.25 – 2.5 $\mu\text{l}$	0.1 – 1.0 $\mu\text{M}$
ADN	c $\mu\text{l}$ *	10 – 250 ng
Agua de PCR	A 25 $\mu\text{l}$	

\*: volumen de ADN ingresado para un rango de 10 – 250 ng

**Tabla 6.** Primers que se utilizarán para la identificación molecular de bacterias.

Primers	Marcador	Tamaño (pb)
27F/1492R	ARN ribosomal	1500
RpoB-F/rpoB-R	Subunidad beta RNA polimerasa	1200
UP1/UP2r	Subunidad beta girasa	1260

3. Se pipetearon 25-c  $\mu\text{l}$  de la mezcla de reacción repetidas veces en tubos PCR. *c* indica el volumen de ADN a ingresar en el rango de 10-250 ng.
4. Se añadió *c*  $\mu\text{l}$  de ADN en nuevos tubos de PCR. En el tubo de mezcla inicial de la reacción agregar 3  $\mu\text{l}$  de agua de PCR como control.

### 2.2.6.3. Electroforesis horizontal en gel de agarosa

Es el procedimiento para preparar la solución de trabajo TBE 1X y gel de agarosa.

#### *Solución de trabajo de TBE 1X*

Se mezcla la solución madre TBE 5X indicada en los materiales y métodos con el agua desionizada en proporciones de 1:4.

### ***Gel de agarosa***

1. Se determinó el volumen por cubetas de gel y cámaras de electroforesis disponibles, que fue mezclado con la agarosa.
2. Se mezcló la masa de agarosa con el volumen de TBE en un recipiente de vidrio y se calentó durante 30-40 en un microondas; se repitió hasta disminuir el tiempo a 20 segundos y se obtuvo la homogeneidad de la mezcla.
3. Se enfrió a temperatura ambiente y se añadió el bromuro de etidio como colorante visualizador a concentraciones de 0.5 ug/ml.
4. Se colocó la solución en la cubeta de gel protegiendo los peines. Se protegió de la luz solar y se secó al ambiente.

### ***Electroforesis horizontal en gel de agarosa***

1. Se secó los peines del gel de agarosa. Se colocó en la cubeta con gel en el interior de la cámara de electroforesis horizontal. Se añadió solución buffer TBE 1X.
2. Se mezcló 7-8 µl con 1-2 µl de colorante de carga. Se homogeneizó y se añadió el volumen total en los pocillos del gel.
3. Se cerró la cámara y se conectó los electrodos. Se verificó la dirección de migración hacia el ánodo. El ADN estaba con carga negativa.
4. Se ajustó la fuente de poder a 90-100 voltios durante 28-32 minutos. El tiempo y voltaje dependió del espacio del gel para que las muestras recorrieran el nivel de resolución necesitado de acuerdo al tamaño de fragmentos de ácido nucleico.

#### **2.2.6.4. Secuenciación del producto de PCR**

Los amplicones se enviaron a MacroGen Kores para realizar la secuenciación mediante el método Sanger por dos hebras de fragmento de ADN

#### **2.2.6.5. Análisis bioinformático de las secuencias (Blast)**

Las secuencias obtenidas se utilizaron para ser buscadas en BLAST, empleando una base de datos completa y, posteriormente, identificar el microorganismo analizado.

### **2.3. Variable respuesta**

#### **2.3.1. Presencia/ausencia de *Campylobacter spp.* en Agar Selectivo *Campylobacter***

Las posibles colonias de *Campylobacter spp.* fueron aquellas que crecieron en el medio como colonias a manera de “gotas de rocío”, Se consideraron como posibles colonias de *Campylobacter spp.* aquellas con coloración gris, húmedas y planas.

#### **2.3.2. Tinción Gram**

Al ser *Campylobacter spp.* una bacteria Gram negativa, se observaron bacterias en forma de bacilos curvos de color rosado al retener el color de la safranina y fueron preseleccionadas para su posterior identificación.

#### **2.3.3. Catalasa**

Un resultado positivo a catalasa para las posibles colonias de *Campylobacter spp.*

#### **2.3.4. Oxidasa**

Un resultado positivo a oxidasa para las posibles colonias de *Campylobacter spp.*

#### **2.3.5. Movilidad**

Las colonias en las que se observó por medio del lente 100x movilidad con características de bacilos finos en espiral o curvados con un movimiento similar a

un sacacorchos, se consideraron posibles colonias positivas a *Campylobacter spp.*

### 2.3.6. Crecimiento a 42°C

Se consideraron posibles colonias positivas a *Campylobacter spp.* aquellas que crecieron en el medio selectivo a una temperatura de 42°C.

### 2.3.7. Parámetros para la evaluación de cada local y su relación con la contaminación bacteriana

#### Higiene del local

Para la higiene del local se tomaron en cuenta los siguientes parámetros que fueron observados al obtener la muestra de carne de pollo:

**Tabla 7.** Parámetros para analizar la higiene del local observado

<b>Higiene del local</b>			
<b>Grado 0</b>	<b>Grado 1</b>	<b>Grado 2</b>	<b>Grado 3</b>
Ninguna norma de aseo cumplida.	Se observa aseo mínimo con pisos y mesones sucios. Los utensilios se encuentran sucios y los lavabos y desagües se ausentan.	Se observa aseo medio con pisos y mesones sin limpiar en cada venta. Los utensilios no se lavan, pero se observan lavabos y desagües cercanos a la zona de venta.	Se observa un aseo aceptable con pisos y mesones limpiados constantemente. Los utensilios se lavan posterior a cada venta. Hay lavabos y desagües cercanos a la zona de venta de pollo

**Fuente:** elaboración propia

### Conservación de la carne

Para la conservación de la carne de pollo se tomaron en cuenta los siguientes parámetros que fueron observados al obtener la muestra de carne de pollo:

**Tabla 8.** Parámetros para analizar la conservación de la carne de pollo del local observado

<b>Conservación de la carne</b>			
<b>Grado 0</b>	<b>Grado 1</b>	<b>Grado 2</b>	<b>Grado 3</b>
Ninguna norma de conservación de carnes cumplida. Ausencia de frigoríficos o neveras. La carne de pollo se encontraba a temperatura ambiente sin envolturas	Hay frigoríficos y neveras. La carne de pollo se encuentra a temperatura ambiente sin envolturas.	Hay frigoríficos y neveras. La carne de pollo se encuentra a temperatura ambiente con envolturas.	Hay frigoríficos y neveras. La carne de pollo se encuentra en un frigorífico para la observación del cliente.

**Fuente:** elaboración propia

### Medidas de protección

Las medidas de protección de los vendedores son características importantes para prevenir la contaminación bacteriana. Se tomaron en cuenta los siguientes parámetros que fueron observados al obtener la muestra de carne de pollo:

**Tabla 9.** Parámetros para analizar las medidas de protección de los vendedores del local observado

<b>Medidas de protección</b>			
<b>Grado 0</b>	<b>Grado 1</b>	<b>Grado 2</b>	<b>Grado 3</b>
No se observa ninguna medida de protección	Se observó protección mínima del personal, ausencia de delantal y guantes	Se observó protección media del personal, vestían con delantal, guantes y sin cofia	Se observó protección aceptable del vendedor con delantal, guantes y cofia.

**Fuente:** elaboración propia

#### **2.4. Análisis estadístico**

El diseño que se utilizó fue completamente aleatorizado sin variaciones y bajo condiciones estrictas con un nivel significativo del 95%. Si la distribución de los datos era normal, se utilizaba la prueba de Kolmogórov-Smirnov; en caso de homogeneidad de varianza, además se usó la prueba de Levene. Mientras que para la separación de medias se utilizó la prueba de Kruskal-Wallis acompañada del test de Mann-Whitney. En los casos donde los datos cumplan ambas características, se utilizó ANOVA de clasificación simple, en tanto que para la separación de medias fue utilizada la prueba de Tuckey.

Se utilizó el estadístico de chi cuadrado, prueba que determina los contrastes de hipótesis y sirve para demostrar afirmaciones en las funciones de una o dos variables, la cual contrasta las frecuencias que se observan y las frecuencias esperadas en dependencia de la hipótesis nula.

El cálculo de muestra partió del número total de locales autorizados por el municipio para el expendio de carne de Ambato, teniendo un total de 82 (N). De esta manera, el cálculo de muestreo se realizó mediante la siguiente fórmula:

$$n = \frac{N x Z_{\alpha}^2 p x q}{d^2 x (N - 1) + Z_{\alpha}^2 x p x q}$$

Donde:

**N** = Total de la población

**Z $\alpha$**  = 1.96<sup>2</sup>

**p** = proporción esperada (5% = 0.05)

**q** = 1 - p

**d** = precisión (5%).

Por lo que se obtuvo:

$$n = \frac{82 x (1.96)^2 x 0.05 x (1 - 0.05)}{(0.05^2) x (82 - 1) + (1.96)^2 x 0.05 x (1 - 0.05)}$$

$$n = 38.86$$

Con un total de 39 muestras, se decidió realizar un muestreo de 15 muestras semanales dando un total de 6 semanas en campo, obteniendo 45 muestras de puntos de venta autorizados, mientras que se optó por recoger las mismas 45 muestras en los puntos de venta informales, dando un total de 90 muestras.

## CAPÍTULO III RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### 3.1. Análisis y discusión de los resultados

#### **Identificación de *Campylobacter spp.* mediante técnicas microbiológicas y bioquímicas**

Se identificó probables colonias positivas a *Campylobacter spp.* mediante técnicas microbiológicas y bioquímicas. Las pruebas utilizadas incluyeron crecimiento en Agar Selectivo *Campylobacter* a 42°C durante un periodo de 48h, tinción gram con morfología celular de bacilos curvos gram negativos de color rosa, prueba de oxidasa positiva, prueba de catalasa positiva y prueba de movilidad positiva. Todos los parámetros fueron analizados en las 90 muestras, obteniendo dos repeticiones por cada muestra obtenida en los puntos de expendio tanto de locales autorizados como locales informales.

En la tabla 10 se detallan los resultados obtenidos de las pruebas bioquímicas y morfológicas realizadas en las muestras de los puntos de expendio autorizados e informales, dando un total de 90 muestras. Por su parte, en el crecimiento del Agar Selectivo *Campylobacter* se obtuvo un 100% (90/90) de muestras positivas, para la prueba de tinción gram identificando, bacilos curvos gram negativos color rosa, se obtuvo muestras positivas en un 27.8% (25/90), para la prueba de oxidasa un 86.7% (78/90), mientras que la prueba de catalasa arrojó un 68.9% (62/90) resultados positivos. Finalmente, la prueba de movilidad dio un 21.1% (19/90) muestras positivas, siendo estas colonias las que fueron sometidas a identificación molecular para corroborar su género y especie.

Por su parte, en el gráfico 1 se observa el Agar Selectivo *Campylobacter* con colonias grises, en tanto que en el gráfico 2 se muestra la tinción gram con bacilos

gram negativos en forma de sacacorchos y en el gráfico 3 se indican las pruebas de oxidasa y catalasa positivas, siendo las pruebas seleccionadas para obtener presuntas colonias de *Campylobacter spp.*

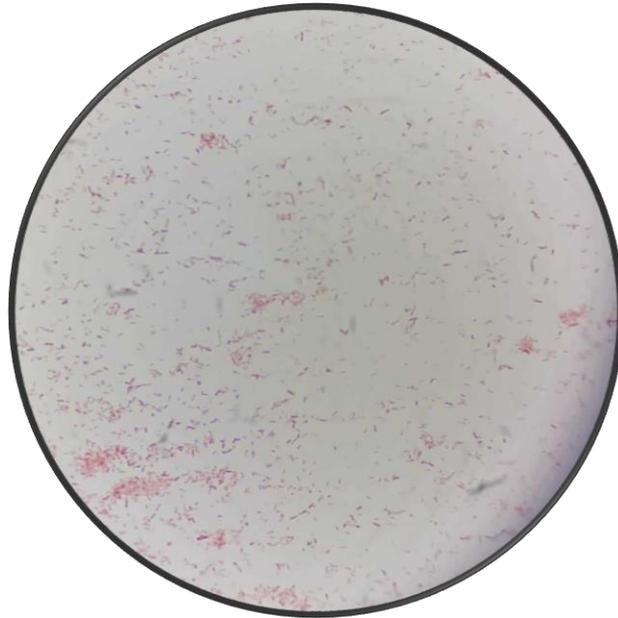
**Tabla 10.** Pruebas utilizadas para obtener probables resultados positivos a *Campylobacter spp.*

<b>Crecimiento en Agar Selectivo Campylobacter</b>	<b>Tinción Gram</b>	<b>Prueba de Oxidasa</b>	<b>Prueba de Catalasa</b>	<b>Prueba de Movilidad</b>
	Bacilos curvos			
Positivo	Gram negativos color rosa	Positivo	Positivo	Positivo
90/90	25/90	78/90	62/90	19/90
100%	27.8%	86.7%	68.9%	21.1%

Los números indican las muestras totales que se obtuvieron en cada prueba realizada que podrían indicar la probable presencia de *Campylobacter spp.*



**Gráfico 1.** Agar Selectivo Campylobacter con colonias grises probables positivas a *Campylobacter spp.*



**Gráfico 2.** Tinción gram. Bacilos curvos gram negativos



**Gráfico 3.** Pruebas de oxidasa y catalasa positivas

### *Puntos de venta con licencia*

En la tabla 11 se detallan las muestras positivas extraídas de los puntos de venta con licencia y sus respectivas pruebas bioquímicas y morfológicas. Para las 45 muestras de los puntos de venta con licencia se obtuvo un 100% (45/45) de muestras positivas para crecimiento en Agar Selectivo *Campylobacter*, para la prueba de tinción gram concordando con bacilos curvos gram negativos se obtuvo un total de 44.4% (20/45) muestras positivas, las muestras con pruebas de oxidasa y catalasa positivas fueron un total del 97.8% (44/45) y 68.9% (31/45), respectivamente, mientras que la prueba de movilidad positiva se consiguió en un 24.4% (11/45) de las muestras. Posterior a las pruebas bioquímicas realizadas verificando *Campylobacter spp.*, 6 (13.3%) de las 45 muestras obtenidas de los puntos de venta con licencia fueron seleccionadas como probables colonias de *Campylobacter spp.* las cuales se sometieron a identificación molecular para su posterior análisis.

**Tabla 11.** Puntos de venta con licencia. Muestras positivas de acuerdo a las pruebas utilizadas para probable resultado a *Campylobacter spp.*

<b>Puntos de venta con licencia</b>	<b>N= 45</b>	
	<b>N</b>	<b>%</b>
Crecimiento en Agar Selectivo <i>Campylobacter</i>	45	100
Gram negativa	20	44.4
Prueba de Oxidasa positiva	44	97.8
Prueba de Catalasa positiva	31	68.9
Prueba de Movilidad positiva	11	24.4
<b>Muestras totales probables a <i>Campylobacter spp.</i></b>	<b>11</b>	<b>24.4</b>
<b>Muestras totales probables a <i>Campylobacter spp.</i> sometidas a identificación molecular</b>	<b>6</b>	<b>13.3</b>

**Fuente:** elaboración propia

Por su parte, Anampa et al. (2020) realizaron un estudio analizando 120 muestras de carcasas de pollo (piel de cuello y pecho) de varios mercados con permiso de funcionamiento en Lima, Perú, encontrando un total de 117 (97.5%) muestras positivas para *Campylobacter spp.* Anampa et al. (2020) indicaron que los locales eran de tipo cerrado, con una distribución individual, autorización sanitaria y legal para que funcionen y donde se podía obtener productos de carácter alimenticio y no alimenticio. En contraste, Zumbado Gutiérrez & Romero Zúñiga (2017) analizaron muestras de carne de pollo de Costa Rica desde el proceso inicial hasta los puntos de venta obteniendo una prevalencia para *Campylobacter spp.* de 58/96 (60.4%) muestras positivas en los puntos de venta. En contraste, en el estudio realizado por Jiménez Mora (2016) se obtuvo un total de 7.5% muestras positivas para *Campylobacter spp.* de enjuagues realizados en puntos de venta.

### ***Puntos de venta informales***

Por su parte, en la tabla 12 se detallan las muestras positivas extraídas de los puntos de venta informales, así como sus respectivas pruebas bioquímicas y morfológicas. Para las 45 muestras de los puntos de venta con licencia se obtuvo un 100% (45/45) de muestras positivas para crecimiento en Agar Selectivo *Campylobacter*, para la prueba de tinción gram concordando con bacilos curvos gram negativos se obtuvo un total de 11.1% (5/45) muestras positivas, las muestras con pruebas de oxidasa positiva fueron 75.6% (34/45), mientras que la prueba de catalasa positiva tuvo un 68.9% (31/45) de muestras positivas. De la misma manera, la prueba de movilidad dio positivo en el 17.8% (8/45) de muestras. Por último, de las 45 muestras obtenidas de los puntos informales, 5 (11.1%) muestras fueron seleccionadas como probables colonias de *Campylobacter spp.* las cuales se sometieron a identificación molecular para su posterior análisis.

En el estudio realizado por Phosa et al. (2022) se realizó el muestreo de carne de pollo de locales informales en Gauteng, Sudáfrica, encontrando muestras positivas

para *Campylobacter spp.* del 34.2% (155/453); analizaron carne de pollo con hisopado en las carcasas, hisopado cloacal y lavado de carcasas. En la investigación realizada por Asuming-Bediako et al. (2022) se obtuvieron resultados similares, donde analizaron la carne de pollo de mercados húmedos y supermercados, obteniendo una prevalencia de *Campylobacter spp.* del 38.3%, difiriendo con los resultados obtenidos por Alaboudi et al. (2020) donde se encontró un total de 59.3% (35/59) de muestras positivas para *Campylobacter spp.* en carne de pollo obtenida de puntos de expendio informales. Estos resultados son similares con los obtenidos por Carron et al. (2018), quienes encontraron una prevalencia del 60 – 64% de *Campylobacter spp.* en muestras de carne de pollo de locales minoristas en Nairobi, Kenia. En el estudio de Birgen et al. (2020) analizando la contaminación de la carne de pollo vendida en las calles de Nairobi, Kenya, indica que la manipulación de las carnes tiene potencial para la transmisión de enfermedades si no se realiza adecuadamente; además, detalló que la especie *Campylobacter jejuni* es capaz de sobrevivir en superficies y yema de los dedos posterior al lavado de manos.

**Tabla 12.** Puntos de venta informales. Muestras positivas de acuerdo a las pruebas utilizadas para probable resultado a *Campylobacter spp.*

<b>Puntos de venta informales</b>	<b>N= 45</b>	
	N	%
Crecimiento en Agar Selectivo <i>Campylobacter</i>	45	100
Gram negativa	5	11.1
Prueba de Oxidasa positiva	34	75.6
Prueba de Catalasa positiva	31	68.9
Prueba de Movilidad positiva	8	17.8
<b>Muestras totales probables a <i>Campylobacter spp.</i></b>	8	17.8
<b>Muestras totales probables a <i>Campylobacter spp.</i> sometidas a identificación molecular</b>	5	11.1

**Fuente:** elaboración propia

Resulta claro que la contaminación de la carne de pollo se relaciona con la manipulación de la misma, las condiciones del ambiente para su expendio, el manejo de los trabajadores durante toda la cadena de procesamiento, manejo de la carne de pollo en los locales que vendan la carne al consumidor final, así como la manipulación del ser humano durante su preparación. Si bien la carne de pollo es un alimento muy consumido a nivel mundial, también es propenso a ser contaminado por tener un ambiente propicio para el crecimiento bacteriano. Agentes patógenos como *Campylobacter spp.* poseen facilidad para sobrevivir en medios con deficientes prácticas sanitarias y existe el riesgo de contaminación cruzada de alimentos.

**Identificación molecular de colonias aisladas previamente con características morfológicas y bioquímicas compatibles con *Campylobacter spp.***

Se realizó la identificación molecular de las 11/90 (12.2%) colonias previamente aisladas con características morfológicas y bioquímicas compatibles con *Campylobacter spp.*, las cuales correspondieron a las muestras N12, N17, N21, N28, N32, N44 de los locales autorizados, mientras que de los locales informales se analizaron las muestras N11, N30, N34, N38 y N40. En la identificación molecular no se obtuvieron cepas que pertenecieran a *Campylobacter spp.* En su lugar, se identificaron bacterias como *Enterococcus faecalis* (3), *Lactococcus garvieae*, *Enterococcus gallinarum* y *Pseudomonas aureginosa* en los puntos de venta con permiso de funcionamiento, en tanto que en los puntos de venta informales se identificaron a las bacterias *Aeromonas veronii* (2) y *Escherichia coli* (3). En la tabla 13 se detallan las bacterias obtenidas en las muestras de carne de pollo en los puntos de venta autorizados e informales, mientras que en la tabla 14 se puede observar las características genéticas de las cepas identificadas.

**Tabla 13.** Bacterias obtenidas en puntos de venta autorizados e informales

Puntos de venta autorizados	Puntos de venta informales
<i>Enterococcus faecalis</i>	<i>Aeromonas veronii</i>
<i>Enterococcus gallinarum</i>	<i>Escherichia coli</i>
<i>Lactococcus garvieae</i>	
<i>Pseudomonas aureginosa</i>	

Fuente: elaboración propia

**Tabla 14.** Características genéticas de las cepas identificadas molecularmente en la carne de pollo.

	N	Longitud de genoma (Mv)	Recuento medio de proteínas	%GC	Organismo	Fragmento
Locales autorizados	N12	1483	2765	37.4	<i>Enterococcus faecalis</i>	16S
	N17	1483	2765	37.4	<i>Enterococcus faecalis</i>	16S
	N21	1482	3151	40.4	<i>Enterococcus gallinarum</i>	16S
	N28	1458	6101	66.2	<i>Pseudomonas aureginosa</i>	16S
	N32	1483	2765	37.4	<i>Enterococcus faecalis</i>	16S
	N44	1471	1981	38.5	<i>Lactococcus garvieae</i>	16S
Locales informales	N11	1464	4724	50.6	<i>Escherichia coli</i>	16S
	N30	1467	4093	58.6	<i>Aeromonas veronii</i>	16S
	N34	1464	4724	50.6	<i>Escherichia coli</i>	16S
	N40	1462	4724	50.6	<i>Escherichia coli</i>	16S

N: Muestra

Mv: Mega base

Para fines prácticos, se realizó una pequeña reseña de cada bacteria encontrada, así como la secuencia genómica encontrada.

### *Locales con permiso de funcionamiento*

- *Enterococcus faecalis*

Por su parte, *Enterococcus faecalis* es una bacteria gram positiva inmóvil, anaerobia facultativa que se encuentra en el tracto gastrointestinal del ser humano, así como de otros animales de sangre caliente; esta bacteria es un indicativo de contaminación fecal, por lo que su presencia se relaciona con la ausencia de higiene y bajas medidas de conservación de los alimentos. Puede crecer en condiciones adversas, teniendo un rango de crecimiento en temperaturas entre 10 – 45°C a pH de 9.6, además de poder sobrevivir a 60°C durante 30 minutos (Kayaoglu & Ørstavik, 2016). En el estudio realizado por Kim et al. (2018) se encontró una prevalencia de *E. faecalis* en la carne de pollo del 94.5% (189/200). Este patógeno es una bacteria oportunista que afecta a humanos y animales, siendo una especie de importancia dentro del campo de la resistencia antimicrobiana debido a los genes que poseen las distintas especies.

**Enterococcus faecalis strain PartL-Efaecalis-RM8376 chromosome, complete genome**

GenBank: CP064374.1

```
LOCUS      CP064374                2866948 bp    DNA    circular BCT 11-APR-202
DEFINITION Enterococcus faecalis strain PartL-Efaecalis-RM8376 chromosome,
           complete genome.
ACCESSION  CP064374
VERSION    CP064374.1
DBLINK     BioProject: PRJNA605254
           BioSample: SAMN14078803
KEYWORDS   .
SOURCE     Enterococcus faecalis
ORGANISM   Enterococcus faecalis
           Bacteria; Bacillota; Bacilli; Lactobacillales; Enterococcaceae;
           Enterococcus.
```

▪ *Lactococcus garvieae*

*Lactococcus garvieae* es una bacteria zoonótica gram positiva que afecta al ganado, peces y ser humano, afectando a estos últimos en gran medida (Zlotkin et al., 1998). Es una bacteria anaerobia facultativa, no móvil, sin la habilidad para producir esporas, productora de  $\alpha$ -hemólisis en agar sangre. Ha sido aislado en productos lácteos, quesos italianos tradicionales y leche de vaca. De la misma manera, ha podido identificarse en peces como truchas en varios países del mundo. Sin embargo, la identificación de este patógeno es difícil, siendo la prueba de PCR uno de los métodos más rápidos para amplificar y cuantificar su ADN (Jung et al., 2010).

En el estudio realizado por Clavero et al. (2017) se detalla la presencia de *Lactococcus garvieae* en humanos y su asociación con infecciones presentadas en los mismos, así como el uso de antibióticos en los pacientes, dando un total de 5 fallecidos de los 31 casos reportados. Esto resalta la importancia que tiene *L. garvieae* dentro del control fitosanitario para la población. Es importante definir que la resistencia a los antibióticos es una problemática amplia dentro del campo pecuario, sanitario y alimentario; al obtener estos patógenos dentro del área de los alimentos distribuidos al consumo humano como la carne de pollo, se debe determinar su incidencia en la zona y, al mismo tiempo, los antimicrobianos requeridos para combatir la patología en los casos donde pueda presentarse.

**Lactococcus garvieae JRC-LG1 gene for 16S ribosomal RNA, partial sequence**

GenBank: LC376029.1

```
LOCUS          LC376029          1471 bp    DNA     linear   BCT 05-OCT-2018
DEFINITION     Lactococcus garvieae JRC-LG1 gene for 16S ribosomal RNA, partial
sequence.
ACCESSION      LC376029
VERSION        LC376029.1
KEYWORDS       .
SOURCE         Lactococcus garvieae
ORGANISM       Lactococcus garvieae
                Bacteria; Bacillota; Bacilli; Lactobacillales; Streptococcaceae;
                Lactococcus.
```

- ***Enterococcus gallinarum***

Por su parte, *Enterococcus gallinarum* es una bacteria gram positiva que provoca infecciones nosocomiales y habita en el tracto gastrointestinal del ser humano, pudiendo encontrarse en la saliva y en el tracto genitourinario; se ha considerado como uno de los principales patógenos que provocan infecciones nosocomiales (Díaz Pérez et al., 2010). Para su crecimiento, necesita un pH entre 4.6 – 9.9, así como una temperatura óptima de 37°C. Dentro de las pruebas de detección, se encuentra catalasa negativa, cocos gram positivos o en formación de parejas o cadenas cortas, pudiendo presentar hemólisis.

Por su parte, en el estudio realizado por Dolka et al. (2017) determinando la presencia de *Enterococcus spp.*, encontró un total de 2.5% de muestras aisladas de *Enterococcus gallinarum* en pollos broiler; a la par, se indicó una alta prevalencia de *Enterococcus spp.* en pollos, carne de pollos, pollos BB y gansos. Es usual encontrar *Enterococcus spp.* en suelos, plantas acuáticas y terrestres, sedimentos y suelos, así como en el tracto gastrointestinal. Hay varias cepas que han sido encontrados en alimentos fermentados, lácticos y vegetales, resaltando su capacidad para la producción de bacteriocinas. Se han reportado resistencia de los enterococos frente a la pasteurización, así como su capacidad para adaptarse a distintos sustratos y condiciones de crecimiento por lo que pueden crecer a distintas temperaturas y ambientes. De la misma manera, pueden crecer en alimentos crudos o tratados térmicamente, teniendo una alta resistencia al calor e incrementar sus colonias cuando se encuentran en refrigeración (Núñez Martínez, 2020).

Esto indica que las especies de *Enterococcus* presentan una amplia adaptación al medio de acuerdo a la evolución de sus cepas. Los tratamientos como la pasteurización pueden no tener un efecto potente para inhibir su crecimiento. Al mismo tiempo, es importante considerar que *Enterococcus spp.* puede encontrarse en varios ambientes y puede crecer a varias temperaturas, lo que lo hace una

bacteria apta para colonizar muestras de carne de pollo con facilidad, así como las cadenas de procesamiento avícola.

<b>Enterococcus gallinarum strain FDAARGOS_728 chromosome, complete genome</b>				
GenBank: CP046307.1				
LOCUS	CP046307	3274932 bp	DNA	circular BCT 05-DEC-2019
DEFINITION	Enterococcus gallinarum strain FDAARGOS_728 chromosome, complete genome.			
ACCESSION	CP046307			
VERSION	CP046307.1			
DBLINK	BioProject: <a href="#">PRJNA231221</a>			
	BioSample: <a href="#">SAMN11056443</a>			
KEYWORDS	.			
SOURCE	Enterococcus gallinarum			
ORGANISM	<a href="#">Enterococcus gallinarum</a> Bacteria; Bacillota; Bacilli; Lactobacillales; Enterococcaceae; Enterococcus.			

▪ ***Pseudomonas aeruginosa***

*Pseudomonas aeruginosa* es una bacteria gram negativa con forma de bastón, móvil que puede crecer entre 20 – 43 °C; puede provocar afecciones en ojos y en tracto respiratorio, siendo un patógeno multirresistente que provocan infecciones nosocomiales (Paz-Zarza et al., 2019). En el estudio realizado por (Esmerino & Pentead, 2011) se identificó la presencia de *Pseudomonas spp.* en el 70% de las 50 muestras analizadas en lotes de cortes de pollo refrigerados de Ponta Grossa, Brasil. Esta bacteria se encuentra relacionada con enfermedades nosocomiales, así como una elevada adaptación al cambio en su microambiente, mecanismos de resistencia y la característica de formar biofilms. Estos son agregados bacterianos con proteínas, enzimas, exopolisacáridos que permiten la facilidad de anclaje a superficies. Presenta una alta tolerancia a los antibióticos, siendo un problema a nivel sanitario, pudiendo provocar infecciones constantes en heridas e impidiendo su cicatrización (Bolívar-Vargas et al., 2021).

**Pseudomonas aeruginosa strain JCM 5962 16S ribosomal RNA gene, partial sequence**

GenBank: ON491428.1

```
LOCUS      ON491428                1541 bp    DNA     linear   BCT 16-MAY-2022
DEFINITION Pseudomonas aeruginosa strain JCM 5962 16S ribosomal RNA gene,
           partial sequence.
ACCESSION  ON491428
VERSION    ON491428.1
KEYWORDS   .
SOURCE     Pseudomonas aeruginosa
  ORGANISM Pseudomonas aeruginosa
           Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Pseudomonadales;
           Pseudomonadaceae; Pseudomonas.
```

***Locales informales***

▪ ***Aeromonas veronii***

*Aeromonas veronii* es una bacteria gram negativa, anaerobia facultativa con forma de coco o bacilo pequeño, productora de gas en glucosa, así como urea negativa, catalasa y oxidasa positivo, que perjudica al tracto gastrointestinal del ser humano, además de provocar endocarditis, meningitis, artritis, bacteriemia, síndrome urémico hemolítico, conjuntivitis y alteraciones en la piel (Tena et al., 2006). Dentro de la identificación, se requieren alrededor de 19 pruebas para confirmar su presencia, entre las que se destacan pruebas bioquímicas y de susceptibilidad a antibacterianos para determinar entre especies. Para su crecimiento, requiere de temperaturas entre los 22 – 37 °C por periodos de 24 – 48h en agar Trypticase de soya (Zepeda Velázquez, 2015).

Algunas de sus necesidades para el crecimiento se relacionan con pruebas de sensibilidad al agente vibriostático O/129, crecimiento bajo distintas concentraciones de NaCl, así como inositol negativo y ausencia de crecimiento en agar TCBS. Puede encontrarse en aguas contaminadas y limpias, formando parte

de la flora intestinal de peces que se encuentren sanos, además de poderse encontrar en suinos, aves, felinos, caninos y seres humanos. En alimentos se ha presentado en leche, carne de res y embutidos (Zepeda Velázquez, 2015).

**Aeromonas veronii DNA, complete genome, strain: WP3-W19-ESBL-03**

GenBank: AP022038.1

```
LOCUS      AP022038          4941307 bp    DNA      circular BCT 22-JUL-2020
DEFINITION Aeromonas veronii DNA, complete genome, strain: WP3-W19-ESBL-03.
ACCESSION  AP022038
VERSION    AP022038.1
DBLINK     BioProject: PRJDB6962
           BioSample: SAM00194437
           Sequence Read Archive: DRR199273
KEYWORDS   .
SOURCE     Aeromonas veronii (Aeromonas ichthiosmia)
  ORGANISM Aeromonas veronii
           Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Aeromonadales;
           Aeromonadaceae; Aeromonas.
```

▪ ***Escherichia coli***

*Escherichia coli* es una bacteria gram negativa que suele encontrarse en el tracto gastrointestinal del ser humano, pudiendo ser transmitido por alimentos o agua contaminada, así como en carnes que se encuentran crudas o cocidas; es catalasa positiva y oxidasa negativa, posee crecimiento aerobio y anaerobio, teniendo un crecimiento óptimo a una temperatura de 37°C (Agila Ruano & Ayluardo Bohórquez, 2022). Algunas cepas de *E. coli* han obtenido factores de virulencia que han incrementado su patogenicidad, siendo el patotipo más común la bacteria *E. coli* shigatoxigénica, agente etiológico de varias ETA. En la investigación realizada por Juan et al. (2016), se identificaron 42% (63/150) muestras positivas para *E. coli* en carne de pollo distribuidas en Lima, Perú. Para los resultados obtenidos de *E. coli*, se determinaron dos cepas: *E. coli* cepa 2022CK-00566 y *E. coli* cepa 2022CK-00557.

**Escherichia coli strain 2022CK-00566 chromosome, complete genome**

GenBank: CP114353.1

LOCUS CP114353 4766475 bp DNA circular BCT 29-DEC-2022  
DEFINITION Escherichia coli strain 2022CK-00566 chromosome, complete genome.  
ACCESSION CP114353  
VERSION CP114353.1  
DBLINK BioProject: [PRJNA288601](#)  
BioSample: [SAMN31592761](#)  
KEYWORDS .  
SOURCE Escherichia coli  
ORGANISM [Escherichia coli](#)  
Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales;  
Enterobacteriaceae; Escherichia.

**Escherichia coli strain 2022CK-00557 chromosome, complete genome**

GenBank: CP114340.1

LOCUS CP114340 4936606 bp DNA circular BCT 29-DEC-2022  
DEFINITION Escherichia coli strain 2022CK-00557 chromosome, complete genome.  
ACCESSION CP114340 ABIYBH010000000 ABIYBH010000001-ABIYBH010000114  
VERSION CP114340.1  
DBLINK BioProject: [PRJNA288601](#)  
BioSample: [SAMN31390129](#)  
KEYWORDS .  
SOURCE Escherichia coli  
ORGANISM [Escherichia coli](#)  
Bacteria; Pseudomonadota; Gammaproteobacteria; Enterobacterales;  
Enterobacteriaceae; Escherichia.

Dentro de la revisión bibliográfica se puede observar en la tabla 15, que las bacterias encontradas en la carne de pollo del presente estudio han tenido investigaciones previas con referencia a la resistencia de los antibióticos. A pesar de que el agar utilizado era selectivo y se aplicó un vial con antibióticos, el crecimiento de estas bacterias indica una probable adaptación al medio para proveer su crecimiento. La resistencia a los antibióticos se puede relacionar con su uso indiscriminado en todos los ámbitos pecuarios y sanitarios donde el hombre es el responsable de que los porcentajes sigan en aumento. Además, se han realizado estudios analizando muestras de aguas residuales con la presencia de los microorganismos encontrados en este estudio. Esto puede relacionar la incidencia de bacterias patógenas en aguas servidas que pueden llegar a sembríos, plantas procesadoras, producciones pecuarias y, por ende, a los alimentos destinados al consumo humano.

**Tabla 15.** Estudios previos de los microorganismos obtenidos de las muestras de carne de pollo

	Microorganismo	Características generales	Estudios	
			Referencia	Resultados
Locales autorizados	<i>Enterococcus faecalis</i>	Gram positivo, crecimiento a 10 – 45 °C; puede presentarse en aguas, animales, plantas e insectos. Forman pares o cadenas cortas, siendo catalasa negativa. Sobreviven a temperaturas de 60°C durante 30 minutos.	(Byappanahalli et al., 2012)	Revisión bibliográfica de <i>Enterococcus spp.</i> en el ambiente; detalla la importancia de su presencia en distintos lugares con los que se relaciona el ser humano como el agua, los animales, las plantas y los insectos, siendo fuentes importantes de enfermedades; resalta la importancia de encontrar enterococos en aguas. Detalla a <i>E. faecalis</i> como microorganismo nosocomial, provocando infecciones en SNC, neonatales, endocarditis, tracto urinario, bacteremia y pélvicas.
			(Harwood et al., 2004)	Se realizó un análisis bioquímico y molecular de muestras de aguas, heces de gaviotas, heces humanas y heces de perros. Se encontró un 42.2% de <i>Enterococcus faecalis</i> .
			(Maasjost et al., 2015)	Estudio analizando la resistencia antimicrobiana de <i>Enterococcus faecalis</i> en aves de corral. No se encontró resistencia a la vancomicina, pero sí a antibióticos como gentamicina (72-99%), tetraciclina (67-82%), gentamicina (54-72%), eritromicina (44-61%) y tartrato de tilosina (44-56%).
	<i>Enterococcus gallinarum</i>	Gram positivo, es móvil, crece a temperaturas entre 10 – 45°C con pH 9.6. Fermentadores de lactosa. Catalasa negativa. Forman pares o cadenas cortas. Anaerobios facultativos.	(Guerrero-Ramos et al., 2016)	Se realizó un análisis en muestras de carne cruda, encontrando <i>E. gallinarum</i> con mecanismos intrínsecos de resistencia frente a la vancomicina. Se asoció a los genes <i>vanC</i> , siendo no transferible a otras bacterias. Resaltan la capacidad de <i>E. gallinarum</i> para adquirir y desarrollar resistencia a los antibióticos, sugiriendo realizar estudios analizando genes <i>van</i> . Se mostró multiresistencia, resistencia a ampicilina, tetraciclina, eritromicina y ciprofloxacina.

	Sobreviven a temperaturas de 60°C durante 30 minutos.	(Furlaneto et al., 2020)	Se evaluaron las características fenotípicas y genotípicas de Enterococos resistentes a vancomicina y tetraciclina provenientes de carnes crudas y procesadas. Se encontró resistencia del 100% de <i>E. faecium</i> a vancomicina, estreptomycin, ciprofloxacina, norfloxacina, eritromicina y tetraciclina. Dentro del genotipado se encontraron los genes <i>vanB</i> y <i>tetL</i> .
<i>Lactococcus garvieae</i>	Gram positiva, prueba de catalasa y oxidasa negativas. Crece a temperaturas de 37°C, pudiendo crecer débilmente a 45°C. Es hemolítica y anaerobia facultativa	(Silva et al., 2019)	Se realizó un estudio analizando la resistencia de antibióticos en bacterias presentes en muestras de leche cruda. <i>L. garvieae</i> presentó una resistencia a antibióticos como estreptomycin, sulfazotrim y lincomicina, dando un total de resistencia a 3 antibióticos.
		(Dellatorre Teixeira, 2007)	Se evaluaron muestras de material clínico y de microbiota intestinal procedentes de hospitales. Se obtuvo <i>L. garvieae</i> de muestras obtenidas de orina y de microbiota intestinal. <i>L. garvieae</i> presentó una resistencia a aminoglucósidos del 45.8% en orina y del 31.4% en muestras intestinales.
<i>Pseudomonas aureginosa</i>	Bacilo gram negativo curvo, flagelo, proteínas de membrana externa impidiendo paso de antimicrobianos, tiene factores de virulencia estructurales y toxigénicos. Prueba de oxidasa positiva. Forma parte de tierra, aguas e infecciones nosocomiales. Crece hasta los 50°C (Montero, 2012).	(Vargas et al., 2010)	Se aisló <i>Pseudomonas aureginosa</i> de aves en cautiverio con un 51.1% de resistencia a los antibióticos; además, se obtuvieron 3 cepas que se presentaron como multirresistentes a antibióticos como tetraciclinas, sulfonamidas, b-lactámicos y cloranfenicol.
		(Hassan et al., 2020)	Se evaluaron perfiles de virulencia y resistencia de <i>Pseudomonas aureginosa</i> aislada de pollos de engorde con pericarditis. Se encontraron 18% (45/250) muestras positivas, así como una sensibilidad a polimixina B del 77.7%, siendo 100% resistente a sulfametoxazol-trimetoprima, ampicilina, doxiciclina, cefotaxima, florfenicol y lincomicina.

<b>Locales informales</b>	<i>Aeromonas veronii</i>	Gram negativas, anaerobias facultativas, oxidasa y catalasa positivas. Se encuentra en medios acuáticos y alimentos crudos. Pueden crecer a temperaturas de 28°C. Son mesófilas móviles. Pueden crecer en medios de cultivos selectivos o diferenciales (Sánchez Varela et al., 2017).	(Elbehiry et al., 2018)	Se realizó un estudio evaluando la incidencia de <i>Aeromonas spp.</i> en carne de pollo y agua encontrando 43.3% y 51.2% de su presencia, respectivamente. De las 31 muestras de carne de pollo con <i>Aeromonas spp.</i> , 8 (25.8%) pertenecían a <i>A. caviae</i> , mientras que de las 12 muestras de agua positivas para <i>Aeromonas spp.</i> , 4 (33.3%) pertenecían a <i>A. caviae</i> .
			(Shen et al., 2018)	Se analizaron varias muestras de flora intestinal humana, cerdo, aguas, carne de pollo y carne de cerdo al por menor para identificar <i>Aeromonas spp.</i> Se encontró <i>A. veronii</i> en muestras de flora intestinal humana y de agua de río. Los autores indican que es probable que haya una transmisión potencial de la cadena alimentaria, encontrando <i>A. veronii</i> en heces humanas, carne de pollo y carne de cerdo expandidas al por menor.
			(Soltan Dallal et al., 2012)	Se analizaron muestras de carne de pollo frescas y congeladas, donde encontraron que <i>Aeromonas spp.</i> presenta varios niveles de resistencia a los antibióticos como ampicilina (91%), cefalotina (82.5%), tetraciclina (69%), kanamicina (25%) y trimetoprim-sulfametoxazol (14%)
	<i>Escherichia coli</i>	Bacilos gram negativos, se puede encontrar en alimentos, aguas, animales. Catalasa positiva y oxidasa negativa, crece óptimamente a 37°C. Puede fermentar glucosa y lactosa con producción de gas.	(Nuñez et al., 2012)	Se analizó la resistencia a antibióticos en aguas residuales. <i>E. coli</i> presentó multirresistencia a antibióticos como vancomicina, ampicilina, gentamicina y tetraciclina.
			(Davis et al., 2018)	Se recogieron muestras de carne de pavo y de pollo, encontrando <i>E. coli</i> en el 91% y 88% de las muestras, respectivamente. Los aislamientos de <i>E. coli</i> fueron resistentes a antibióticos como ampicilina, tetraciclina, trimetoprim-sulfametoxazol, cefazolina.
			(Noreen et al., 2022)	Se analizaron muestras de carne de pollo al por menor. Se encontró <i>E. coli</i> en el 75% de las muestras, arrojando una resistencia a la polimixina B del 1%.

Durante la fase de análisis de las muestras sembradas en Agar Selectivo Campylobacter, se añadió un vial de Suplemento selectivo Skirrow (FD008) el cual contiene los antibióticos Polimixina B (AB de amplio espectro, contra *Pseudomonas aeruginosa* y *Escherichia coli*), Vancomicina (eficaz contra bacterias gram positivas, así como a *Enterococcus spp.* resistentes a penicilinas) y Trimethoprim (interfiere con síntesis de ácidos nucleicos, acción bacteriostática y es eficaz contra *Staphylococcus aureus*) (Liofilchem, 2005), otorgando una desventaja para el crecimiento de otras bacterias que no sean *Campylobacter spp.* Sin embargo, en el presente estudio se identificaron agentes etiológicos bacterianos que debieron ser inhibidos al introducir el vial selectivo con antibióticos.

Cabe resaltar que el agar selectivo utilizado para *Campylobacter spp.* contiene antibióticos que inhiben el crecimiento bacteriano de enterobacterias como el complemento antibiótico Skirrow (FD008), mejorando el crecimiento de *C. jejuni* (HIMEDIA, 2022). Sin embargo, dentro de este estudio se pudo identificar a *Enterococcus faecalis* y *Escherichia coli* en las muestras obtenidas de la carne de pollo. El uso indiscriminado de antibióticos a nivel mundial ha provocado la resistencia a los antibióticos por parte de las bacterias (Maasjost et al., 2015). El uso inadecuado de antibióticos en veterinarias, agricultura, ganadería y producciones ha provocado que las bacterias generen resistencia para poder combatirlos, provocando que las infecciones producidas por este tipo de agentes patógenos generen enfermedades que no sean controladas por los antibióticos comunes (Byappanahalli et al., 2012).

Al tener un punto de vista más general, la presencia de estas bacterias en la carne de pollo superando la actividad de los antibióticos en el Agar Selectivo Campylobacter enfatiza un llamado de atención con respecto a los alimentos destinados al consumo humano y su relación con la resistencia a los antibióticos. Se encontraron bacterias nosocomiales como *Pseudomonas aureginosa* que es ampliamente resistente a varios antibióticos, la cual se encuentra entre las bacterias más peligrosas a nivel mundial por su resistencia microbiana (Vargas et al., 2010).

De la misma manera, se debe considerar que hay bacterias como *Aeromonas veronii* que puede crecer en medios selectivos, lo que explicaría su presencia en las placas de Agar Selectivo *Campylobacter* (Sánchez Varela et al., 2017). Así también, *Lactococcus garvieae* es una bacteria que pudo haber crecido en este medio evadiendo la presencia de los antibióticos, ya que puede crecer a una temperatura de hasta 45°C (Silva et al., 2019). En el mismo sentido, *Enterococcus faecalis* y *Enterococcus gallinarum* son gram positivos que tienen la capacidad para crecer a temperaturas de hasta 45°C, dando un amplio rango de crecimiento en cuanto a su temperatura, además de que la primera ha tenido presencia en hospitales y resistencia a antibióticos como las tetraciclinas; en tanto que *E. gallinarum* ha sido identificada como resistente a la vancomicina (Byappanahalli et al., 2012). A pesar de que *E. faecalis* no ha sido reportada como bacteria resistente a la vancomicina, es probable que la cepa encontrada en este estudio tenga esta característica por lo que su crecimiento fue inevitable.

De esta manera, los patógenos encontrados en las muestras de carne de pollo se relacionan con el tracto gastrointestinal del ser humano y animales. Esto indica la importancia de la inocuidad alimentaria, la conservación de la carne y el manejo de los alimentos dentro de los establecimientos que distribuyen carne de pollo. Al ser un alimento rico en nutrientes y de fácil contaminación, la carne de pollo requiere mayores y exigentes medidas de cuidado para prevenir el crecimiento bacteriano (Davis et al., 2018).

Del mismo modo, es importante considerar que locales autorizados e informales poseen distintas medidas de conservación de las carnes, siendo las condiciones de manejo un factor importante al transmitir enfermedades a través de los alimentos. Las ETA tienen relevancia a nivel mundial debido a la gran cantidad de seres humanos que se enferman con este grupo de bacterias, adquiriendo enfermedades que perjudican su estado actual de salud y que los puede llevar a la muerte (Gómez-Portilla et al., 2016).

**Evaluación del comportamiento epidémico de las bacterias identificadas molecularmente en la carne de pollo se expende en el Cantón Ambato en puntos de venta con licencia de funcionamiento e informales**

En la tabla 16 se muestran los indicadores relacionados con la higiene del local y las bacterias encontrados en los puntos de expendio con licencia y puntos de venta informales. Para el grado 0 donde no se cumplen las normas de higiene no se obtuvieron datos, para el grado 1 con bajo aseo se obtuvo 55.6% en locales con licencia y 77.8% de locales informales, para el grado 2 con un aseo medio se obtuvo el 37.8% en locales con licencia mientras que los locales informales un 20%, para el grado 3 con un buen aseo se obtuvo el 6.7% en locales con licencia mientras que los locales informales se obtuvieron el 2.2%. Esto muestra una diferencia estadísticamente significativa con respecto al valor de p, relacionando que hay diferencia entre los puntos de expendio con licencia y los puntos de expendio informales.

**Tabla 16.** Relación entre higiene del local y bacterias encontrados en los puntos de expendio con licencia y puntos de venta informales

<b>Higiene del local</b>		
<b>VARIABLES</b>	<b>Locales con licencia</b>	<b>Locales informales</b>
<b>Grado 0 = No cumple</b>	0%	0%
<b>Grado 1 = Bajo aseo</b>	55.6%	77.8%
<b>Grado 2 = Aseo medio</b>	37.8%	20%
<b>Grado 3 = Buen aseo</b>	6.7%	2.2%
Valor p	0.330	0.0001

Diferencia estadísticamente significativa:  $p < 0.05$ . (Chi-cuadrado)

Las bacterias obtenidas en la prueba de identificación molecular PCR suelen

encontrarse en el tracto gastrointestinal del ser humano, en animales, aguas contaminadas, verduras, carnes cocidas o crudas, así como en transmisiones nosocomiales. Debido a que la carne de pollo es un alimento rico en nutrientes, los agentes etiológicos mencionados tienen relación con el manejo y la inocuidad de los alimentos. La transmisión de enfermedades a través de los alimentos es una característica común en sitios donde se tienen condiciones precarias de la salubridad y mínimos cuidados con respecto al manejo de los productos destinados al consumo humano.

De la misma manera, en el estudio realizado por Byappanahalli et al. (2012) menciona que *E. faecalis* se puede encontrar en aguas, animales, plantas e insectos, pudiendo provocar enfermedades no solo a través de los alimentos, sino de aguas que puedan ser ofrecidas a los animales de las producciones; así también, Harwood et al. (2004) obtuvo 42.2% de muestras positivas para *E. faecalis*, resaltando el estudio en heces humanas y de perros, así como en aguas. Esto nos indica que es una bacteria que puede presentarse en agua y es común encontrarla en el tracto gastrointestinal, dando paso a enfermedades que puedan transmitirse al hombre debido a la mala higiene por parte del personal que labora en la cadena de producción avícola.

Por su parte, Guerrero-Ramos et al. (2016) menciona que en análisis de carne cruda se pudo evidenciar la presencia de *E. gallinarum*, en tanto que Díaz Pérez et al. (2010) resaltan que este microorganismo se encuentra en el tracto gastrointestinal de mamíferos como el hombre. Esto se encuentra relacionado con su presencia en el presente estudio, donde se pudo identificar la presencia de *E. gallinarum* y *E. faecalis* como patógenos del tracto gastrointestinal en carne de pollo, lo que a su vez se relaciona con la mala higiene que portan los alimentos provenientes de los locales que expenden carne de pollo.

En el estudio realizado por Dellatorre Teixeira (2007) se pudo identificar a *L. garviaeae* de muestras de orina y de microbiota intestinal, siendo una bacteria

presente en hospitales; mientras que en el estudio realizado por (Clavero et al., 2017) indican que *L. garvieae* es un agente etiológico zoonótico emergente, pudiendo ser aislado en peces al ocasionar septicemia y en rumiantes al ocasionar mastitis. Al ser encontrado en la carne de pollo, *L. garvieae* comienza a tener una importancia significativa en cuanto a la inocuidad alimentaria llegando a ser zoonótica. Es probable que la contaminación de esta bacteria en la carne de pollo se relacione con la infección por medio de productos procedentes del mar, así como de la microbiota intestinal del ser humano.

Por otro lado, en la tabla 17 se pueden observar los indicadores entre conservación de la carne de pollo y las bacterias encontrados en los puntos de expendio con licencia y puntos de venta informales. Por su parte, el grado 0 con ausencia de conservación no fue visto en ningún local con licencia y en los locales informales se obtuvo un total del 4.4%, para el grado 1 donde se observaba locales que no ocupaban envolturas ni utilizaban refrigeración fueron el 31.1% de locales con licencia y el 86.7% de locales informales, para el grado 2 con envolturas pero sin refrigeración se obtuvo el 55.6% de locales y para los locales informales el 6.7%, y para el grado 3 donde se utilizaban envolturas y refrigeración para la carne de pollo se obtuvo el 13.3% de locales autorizados y el 2.2% de locales informales. Para el valor de p se observa una diferencia estadísticamente significativa, dando lugar a observar un gran contraste con locales autorizados frente a locales informales, así como un mayor porcentaje del 86.7% frente al 31.1% con respecto al grado 1 de conservación, respectivamente. Esto se relaciona en gran medida que la conservación de la carne es uno de los puntos importantes a considerar cuando se habla de contaminación en la carne de pollo con relación a la propagación de bacterias en el medio. La conservación de la carne es una condición en los locales de expendio para cárnicos avícolas que permite disminuir en gran medida los agentes patógenos dentro de estos productos alimenticios.

**Tabla 17.** Relación entre conservación de la carne de pollo y bacterias encontrados en los puntos de expendio con licencia y puntos de venta informales

<b>Conservación de la carne de pollo</b>		
<b>Variables</b>	<b>Locales con licencia</b>	<b>Locales informales</b>
<b>Grado 0</b> = Ausencia conservación	0%	4.4%
<b>Grado 1</b> = Sin envolturas, ni refrigeración	31.1%	86.7%
<b>Grado 2</b> = Envolturas, sin refrigeración	55.6%	6.7%
<b>Grado 3</b> = Envolturas y con refrigeración	13.3%	2.2%
Valor p	1.000	0.001

Diferencia estadísticamente significativa:  $p < 0.05$ . (Chi-cuadrado)

Con respecto a *Pseudomonas aureginosa*, un agente etiológico multirresistente a los antibióticos, Hassan et al. (2020) encontró que las aves de corral como pollos de engorde pueden tener pericarditis originadas de su infección, además de ser una bacteria nosocomial que puede encontrarse en tierra, aguas, plantas y hospitales. Al obtener esta bacteria en el presente estudio, su presencia se puede relacionar con la contaminación por medio del agua que utilizan durante la cadena de procesamiento, así como el agua que usan en los locales de expendio de la carne de pollo.

Para *Aeromonas spp.*, Elbehiry et al. (2018) realizaron un estudio analizando muestras de carne de pollo y agua obteniendo muestras positivas para esta bacteria en ambos lugares. Por su parte, Shen et al. (2018) resaltaron la presencia de *A. veronii* en muestras de aguas de río y microbiota intestinal humana, enfatizando la probable contaminación de *A. veronii* mediante las heces humanas hacia la carne de pollo. Esto resalta la importancia de la higiene de los locales y la manipulación de los alimentos con respecto a la contaminación bacteriana en la carne de pollo.

La presencia de esta bacteria se relaciona con medios acuáticos y alimentos crudos, así como su transmisión por parte de los vendedores y su manipulación.

En la tabla 18 se indica la relación entre las medidas de protección de los vendedores y las bacterias encontrados en los puntos de expendio con licencia y puntos de venta informales. Para el grado 0 determinando los locales sin medidas de protección se obtuvo el 20% en locales autorizados y el 28.9% en locales informales, para el grado 1 con una mínima protección se obtuvo el 68.9% de los locales autorizados y el 64.4% de los locales informales, para el grado 2 con una protección media se obtuvo el 4.4% ambos locales, mientras que para el grado 3 con una alta protección se obtuvo el 6.7% y 2.2% en locales con licencia e informales, respectivamente. Para el valor de p se observa una diferencia estadísticamente significativa, relacionando un contraste entre ambos tipos de locales con respecto a las medidas de protección de los vendedores.

**Tabla 18.** Relación entre medidas de protección de los vendedores y bacterias encontrados en los puntos de expendio con licencia y puntos de venta informales

<b>Medidas de protección del vendedor</b>		
<b>Variables</b>	<b>Locales con licencia</b>	<b>Locales informales</b>
<b>Grado 0</b> = Sin protecciones	20.0%	28.9%
<b>Grado 1</b> = Mínima protección	68.9%	64.4%
<b>Grado 2</b> = Media protección	4.4%	4.4%
<b>Grado 3</b> = Alta protección	6.7%	2.2%
Valor p	0.233	0.001

Diferencia estadísticamente significativa:  $p < 0.05$ . (Chi-cuadrado)

Para *Escherichia coli*, Davis et al. (2018) analizó muestras de carne de pollo y pavo encontrando más del 80% de *E. coli* en las mismas. Esta es una bacteria que se

puede encontrar en el tracto gastrointestinal de animales y del ser humano, así como en aguas y alimentos. Su presencia resalta la contaminación por parte de los alimentos destinados a consumo humano y la mínima inocuidad alimentaria que existe dentro de los locales de expendio de la carne de pollo.

De la misma manera, es importante considerar que la carne de pollo es una de mayores fuentes de enfermedad en el ser humano, por lo que se debe considerar que durante el procesamiento de este alimento se pueden aumentar los niveles de contaminación con la manipulación de las vísceras y limpieza de las canales. Manejar adecuadamente los procedimientos es de vital importancia para evitar la contaminación; a la par, mantener los implementos necesarios en los trabajadores infiere que se obtenga mejores resultados en cuanto a la calidad de la carne.

Al mismo tiempo, se realiza un llamado de atención a las producciones pecuarias que utilizan antibióticos, ya que su uso debe ser regulado para contrarrestar de manera eficaz las enfermedades que afectan a los animales y, de la misma manera, otorgar un producto seguro, saludable y nutritivo al consumidor final. Es importante considerar que la producción avícola es una de las más amplias en el país, siendo la carne de pollo el producto cárnico más consumido y producido en la zona. Analizando desde el punto de vista económico y productivo, utilizar adecuadamente los productos biológicos asegura un buen futuro a las familias ecuatorianas y las siguientes generaciones.

Finalmente, la inocuidad alimentaria influye en gran medida para que el producto final sea adquirido por el consumidor. La resistencia a los antibióticos en los alimentos como la carne de pollo es un ámbito que debe estudiarse a profundidad para evadir complicaciones en tiempos futuros. De la misma manera, al evitar la contaminación de la carne de pollo, se puede evitar obtener enfermedades que perjudiquen al ser humano y disminuir considerablemente las muertes anuales por ETA.

### **3.2. Verificación de la hipótesis**

Debido a que en las muestras de carne de pollo obtenidas en puntos de venta con permiso de funcionamiento e informales no se encontró presencia de *Campylobacter spp.*, se acepta la hipótesis nula, afirmando que no existe presencia significativa de *Campylobacter spp.*

## CAPÍTULO IV

### CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

#### 4.1. Conclusiones

- De las muestras obtenidas, se identificó probables colonias de *Campylobacter spp.* por medio de técnicas microbiológicas y bioquímicas en muestras de carne de pollo, obteniendo 6 (13.3%) muestras en puntos de venta con licencia y 5 (11.1%) muestras en puntos de venta informales como probables colonias positivas a *Campylobacter spp.* las cuales eran compatibles con sus características bioquímicas y morfológicas.
- Se identificaron molecularmente 11 (12.2%) muestras de carne de pollo, sin obtener presencia de *Campylobacter spp.* Las colonias obtenidas fueron identificadas como *Enterococcus faecalis*, *Lactococcus garvieae*, *Enterococcus gallinarum* y *Pseudomonas aureginosa* en puntos de venta con permiso de funcionamiento, mientras que en los puntos de venta informales se identificaron bacterias pertenecientes a las especies *Aeromonas veronii* y *Escherichia coli*.
- Se evaluó el comportamiento epidémico de las bacterias identificadas molecularmente en la carne de pollo expendida en el cantón Ambato, encontrando una diferencia significativa con respecto a los locales con permiso de funcionamiento y locales informales.

#### 4.2. Recomendaciones

- Realizar investigaciones con la evaluación de las bacterias encontradas en el presente estudio para verificar la incidencia de la misma, así como su importancia en la inocuidad alimentaria.
- Realizar charlas de capacitación al personal de los distintos

establecimientos que expenden carne de pollo en el cantón Ambato para fomentar la importancia de la inocuidad alimentaria y el impacto sobre la salud humana.

- Realizar estudios de *Campylobacter spp.* en otros alimentos como carne de res, lácteos, embutidos, que permitan determinar la presencia de esta bacteria en alimentos distribuidos en el cantón Ambato.
- Investigar la resistencia a los antibióticos de las bacterias encontradas en este estudio que se presenten en la carne de pollo.

## BIBLIOGRAFÍA

- ACHIPIA. (2017). *Campylobacter spp.* <https://www.achipia.gob.cl/wp-content/uploads/2018/03/Ficha-Peligro-01-Campylobacter-spp-v01.pdf>
- Agila Ruano, S., & Ayluardo Bohórquez, F. (2022). *Revisión bibliográfica de la caracterización del bacteriófago t4 empleando como fagoterapia en infecciones causadas por E. coli (Escherichia coli)*. Universidad de Guayaquil.
- Alaboudi, A. R., Malkawi, I. M., Osaili, T. M., Abu-Basha, E. A., & Guitian, J. (2020). Prevalence, antibiotic resistance and genotypes of *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* isolated from chickens in Irbid governorate, Jordan. *International Journal of Food Microbiology*, 327, 1–10. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2020.108656>
- Alvarado, E., Luyando, J., & Téllez, R. (2012). Caracterización del consumidor de la carne de pollo en el área metropolitana de Monterrey. *Región y Sociedad*, 54(1), 175–199. <https://www.scielo.org.mx/pdf/regsoc/v24n54/v24n54a6.pdf>
- Anampa, D. (2020). *Detección de genes Gyr(A) y Erm(B) de resistencia antimicrobiana en cepas patógenas de Campylobacter spp. aisladas de canales de pollos comercializados en Lima Metropolitana* [Tesis pregrado, Universidad Nacional Mayor de San Marcos]. [http://cybertesis.unmsm.edu.pe/bitstream/handle/20.500.12672/15950/Anampa\\_ad.%20pdf?sequence=3&isAllowed=y](http://cybertesis.unmsm.edu.pe/bitstream/handle/20.500.12672/15950/Anampa_ad.%20pdf?sequence=3&isAllowed=y)
- Anampa, D., Benites, C., Lázaro, C., Espinoza, J., Angulo, P., Díaz, D., Manchego, A., & Rojas, M. (2020). Detección del gen ermB asociado a la resistencia a macrólidos en cepas de *Campylobacter* aisladas de pollos comercializados en Lima, Perú. *Revista Panamericana de Salud Pública*, 44(1). <https://doi.org/10.26633/RPSP.2020.60>
- Arispe, I., & Tapia, M. S. (2007). Inocuidad y calidad: requisitos indispensables para la protección de la salud de los consumidores. *Agroalimentaria*, 12(24), 105–118. [http://ve.scielo.org/scielo.php?pid=S1316-03542007000100008&script=sci\\_arttext](http://ve.scielo.org/scielo.php?pid=S1316-03542007000100008&script=sci_arttext)
- Asuming-Bediako, N., Kunadu, A. P. H., Jordan, D., Abraham, S., & Habib, I. (2022). Prevalence and antimicrobial susceptibility pattern of *Campylobacter*

- jejuni in raw retail chicken meat in Metropolitan Accra, Ghana. *International Journal of Food Microbiology*, 376(1), 109760. <https://doi.org/10.1016/J.IJFOODMICRO.2022.109760>
- Attia, Y., Al-Harthi, M., Korish, M., & Shiboob, M. (2016). Evaluación de la calidad de la carne de pollo en el mercado minorista: efectos del tipo y origen de las canales. *Rev Mex Cienc Pecu*, 7(3), 321–339. <https://www.scielo.org.mx/pdf/rmcp/v7n3/2448-6698-rmcp-7-03-00321.pdf>
- Bautista, Y., Narciso, C., Pro, A., Hernández, A., Becerril, A., Sosa, E., & Velasco, J. (2016). Efecto del estrés por calor y tiempo de espera ante mortem en las características fisicoquímicas y la calidad de la carne de pollo. *Arch Med Vet*, 48(1), 89–97. <https://www.scielo.cl/pdf/amv/v48n1/art11.pdf>
- Benítez, B., Archile, A., Rangel, L., Bracho, M., Hernández, M., & Márquez, E. (2002). Calidad nutricional y aceptabilidad de un producto formulado con carne de pollo deshuesada mecánicamente, plasma y glóbulos rojos de bovino. *Archivos Latinoamericanos de Nutrición*, 52(3), 307–312. [http://ve.scielo.org/scielo.php?pid=S0004-06222002000300013&script=sci\\_arttext](http://ve.scielo.org/scielo.php?pid=S0004-06222002000300013&script=sci_arttext)
- Biarnés, M., Blanco, A., Camprubí, N., & Porta, R. (2010). Prevalencia de *Campylobacter* en pollos. Estudios epidemiológicos y de transmisión. *CESAC*, 1(1), 1–20. [https://www.adiveter.com/ftp\\_public/A2100212.pdf](https://www.adiveter.com/ftp_public/A2100212.pdf)
- Birgen, B. J., Njue, L. G., Kaindi, D. M., Ogotu, F. O., & Owade, J. O. (2020). Determinants of Microbial Contamination of Street-Vended Chicken Products Sold in Nairobi County, Kenya. *International Journal of Food Science*, 1–8. <https://doi.org/10.1155/2020/2746492>
- Bolívar-Vargas, A., Torres-Caycedo, M., & Sánchez-Neira, Y. (2021). Biofilms de *Pseudomonas aeruginosa* como mecanismos de resistencia y tolerancia a antibióticos. Revisión narrativa. *Revista de la Facultad de Ciencias de la Salud de la Universidad del Cauca*, 23(2), 47–57. <https://revistas.unicauca.edu.co/index.php/rfcs/article/view/1780/1542>
- Byappanahalli, M. N., Nevers, M. B., Korajkic, A., Staley, Z. R., & Harwood, V. J. (2012). Enterococci in the Environment. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 76(4), 685. <https://doi.org/10.1128/MMBR.00023-12>
- Carron, M., Chang, Y. M., Momanyi, K., Akoko, J., Kiiru, J., Bettridge, J.,

- Chaloner, G., Rushton, J., O'Brien, S., Williams, N., Fèvre, E. M., & Häsler, B. (2018). Campylobacter, a zoonotic pathogen of global importance: Prevalence and risk factors in the fast-evolving chicken meat system of Nairobi, Kenya. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, *12*(8), 1–18. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PNTD.0006658>
- Chang Suarez, A., & Tomalá Pacheco, B. (2021). *Análisis bibliográfico de la determinación de Campylobacter en pollos por medio de la técnica PCR en países de Sudamérica* [Universidad de Guayaquil]. <http://repositorio.ug.edu.ec/bitstream/redug/53555/1/BCIEQ-T-%200602%20Chang%20Suárez%20Andrés%20Felipe%3b%20Tomalá%20Pacheco%20Byron%20Santiago.pdf>
- Clavero, R., Escobar, J., Ramos-Avasola, S., Merello, L., & Álvarez, F. (2017). Endocarditis por *Lactococcus garvieae* en un paciente sometido a hemodialisis crónica. Primer caso reportado en Chile y revisión de la literatura. *Revista chilena de infectología*, *34*(4), 397–403. <https://doi.org/10.4067/S0716-10182017000400397>
- Collado, L. (2020). Diagnóstico microbiológico y vigilancia epidemiológica de la campilobacteriosis en Chile: Situación actual y desafíos futuros. *Revista chilena de infectología*, *37*(3), 244–251. <https://doi.org/10.4067/S0716-10182020000300244>
- CONAVE. (2022, julio 1). *Celebramos el Día Nacional de la Carne de Pollo reconociendo la importancia del sector avícola en generación de empleo y aporte a la seguridad alimentaria*. CONAVE. <https://conave.org/dia-nacional-de-la-carne-de-pollo-2022/>
- Cori, M. E., Michelangeli, C., de Basilio, V., Figueroa, R., & Rivas, N. (2014). Solubilidad proteica, contenido de mioglobina, color y pH de la carne de pollo, gallina y codorniz. *Arch. Zootec*, *63*(241), 25–34. <https://scielo.isciii.es/pdf/azoo/v63n241/articulo13.pdf>
- Cortés Sánchez, A. de J., Guzmán Medina, C. A., & Díaz Ramírez, M. (2018). Sobre *Bacillus cereus* y la inocuidad de los alimentos (una revisión). *Revista de Ciencias*, *22*(1), 93–108. <https://doi.org/10.25100/RC.V22I1.7101>
- Costa, J. (2004). Reacción en cadena de la polimerasa (PCR) a tiempo real. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, *22*(5), 299–305.

[https://doi.org/10.1016/S0213-005X\(04\)73092-X](https://doi.org/10.1016/S0213-005X(04)73092-X)

- Davis, G. S., Waits, K., Nordstrom, L., Grande, H., Weaver, B., Papp, K., Horwinski, J., Koch, B., Hungate, B. A., Liu, C. M., & Price, L. B. (2018). Antibiotic-resistant *Escherichia coli* from retail poultry meat with different antibiotic use claims. *BMC Microbiology*, *18*(1), 1–7. <https://doi.org/10.1186/S12866-018-1322-5/FIGURES/3>
- de Dios, T., Ibarra, C., & Velasquillo, C. (2013). Fundamentos de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y de la PCR en tiempo real. *Tecnología en Salud*, *2*(2), 70–78. <https://www.medigraphic.com/pdfs/invd/ir-2013/ir132d.pdf>
- de la Fuente Salcido, N., & Barboza Corona, J. (2010). Inocuidad y bioconservación de alimentos. *Acta Universitaria*, *20*(1), 43–52. <https://www.redalyc.org/pdf/416/41613084005.pdf>
- Dellatorre Teixeira, C. (2007). *Estudo de amostras de Enterococcus isoladas de pacientes atendidos em quatro hospitais do Município de Niterói: caracterização fenotípica e genotípica* [Universidade Federal Fluminense]. <https://app.uff.br/riuff/bitstream/handle/1/11640/CAMILLA%20DELLATORRE%20TEIXEIRA%20DISSERTAÇÃO.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Díaz Pérez, M., Rodríguez Martínez, C., & Zhurbenko, R. (2010). Aspectos fundamentales sobre el género *Enterococcus* como patógeno de elevada importancia en la actualidad. *Revista Cubana de Higiene y Epidemiología*, *48*(2), 147–161. <http://scielo.sld.cu/pdf/hie/v48n2/hie06210.pdf>
- Dolka, B., Gołębiewska-Kosakowska, M., Krajewski, K., Kwieciński, P., Nowak, T., Szubstarski, J., Wilczyński, J., & Szeleszczuk, P. (2017). Occurrence of *Enterococcus* spp. in poultry in Poland based. *Praca oryginalna*, *73*(4), 220–224. <https://doi.org/10.21521/mw.5680>
- Duque Quintero, M., Duque Quintero, S., & Duque, D. A. (2018). La cadena láctea popular: Una mirada desde las enfermedades transmitidas por alimentos (ETA) en Antioquia, Colombia (2008-2015). *Rev. Electrón. Vet.*, *19*(8), 1–14. [www.veterinaria.org/revistas/redvet/n080818/081807.pdf](http://www.veterinaria.org/revistas/redvet/n080818/081807.pdf)
- EFSA. (2012). The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2010. *EFSA*, *10*(3), 1–

442. <https://doi.org/10.2903/J.EFSA.2012.2597>
- el Productor. (2022, diciembre 1). *Sector avícola espera franca recuperación en el 2023*. El Productor. <https://elproductor.com/2022/12/sector-avicola-espera-franca-recuperacion-en-el-2023/>
- el Universo. (2023, enero 22). *Producción de carne de pollo subió 3 % en 2022, pero el 2023 inicia con pérdidas de \$ 8 millones por gripe aviar*. El Universo. <https://www.eluniverso.com/noticias/economia/gripe-aviar-ecuador-produccion-pollo-perdidas-8-millones-2023-nota/>
- Elbehiry, A., Marzouk, E., Abdeen, E., Al-Dubaib, M., Alsayeqh, A., Ibrahim, M., Hamada, M., Alenzi, A., Moussa, I., & Hemeg, H. A. (2018). Proteomic characterization and discrimination of *Aeromonas* species recovered from meat and water samples with a spotlight on the antimicrobial resistance of *Aeromonas hydrophila*. *MicrobiologyOpen*, 8(11), 1–14. <https://doi.org/10.1002/mbo3.782>
- Escobedo Bailón, C., & Martel Tolentino, W. (2013). Hábitos de higiene en los mercados de mayor abastecimiento de carnes en la ciudad de Huánuco en relación a la contaminación bacteriológica 2013. *Investigación Valdizana*, 7(2), 30–38. <https://revistas.unheval.edu.pe/index.php/riv/article/view/295/280>
- Esmerino, L. A., & Penteadó, F. R. (2011). Avaliação da qualidade microbiológica da carne de frango comercializada no município de Ponta Grossa - Paraná. *Publicatio UEPG: Ciências Biológicas e da Saude*, 17(1), 37–45. <https://doi.org/10.5212/publ.biologicas.v.17i1.0004>
- Fernández, A., García, C., Saéz, J., & Valdezate, S. (2010). Métodos de identificación bacteriana en el laboratorio de microbiología. *Seimc*, 37(1), 1–52. <https://www.seimc.org/contenidos/documentoscientificos/procedimientosmicrobiologia/seimc-procedimientomicrobiologia37.pdf>
- Furlaneto, L. M., Giraldi, C., Terra, M. R., & Furlaneto, M. C. (2020). Vancomycin and tetracycline-resistant enterococci from raw and processed meats: phenotypic and genotypic characteristics of isolates. *Ciência Animal Brasileira*, 21. <https://doi.org/10.1590/1809-6891V21E-57674>
- Galárraga Mora, A. (2014). *Aislamiento e identificación de Campylobacter spp. en*

- ciegos de pollos faenados en mataderos industriales de la provincia de Pichincha* [Universidad Central del Ecuador].  
<http://www.dspace.uce.edu.ec/handle/25000/6606>
- Gomez-Portilla, M., Gomez, N., & Martínez-Benavides, J. (2016). Evaluación de las características organolépticas, físicas y químicas de pechuga de pollo, en San Juan de Pasto (Nariño). *Veterinaria y Zootecnia*, *10*(2), 62–71.  
<https://doi.org/10.17151/vetzo.2016.10.2.6>
- González-Muñoz, Y., & Palomino-Camargo, C. (2012). Acciones para la gestión de la calidad sanitaria e inocuidad de los alimentos en un restaurante con servicio bufet. *Revista Gerencia y Políticas de Salud*, *11*(22), 123–140.  
[http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1657-70272012000100010](http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1657-70272012000100010)
- Guerrero-Ramos, E., Molina-González, D., Blanco-Morán, S., Igrejas, G., Poeta, P., Alonso-Calleja, C., & Capita, R. (2016). Prevalence, Antimicrobial Resistance, and Genotypic Characterization of Vancomycin-Resistant Enterococci in Meat Preparations. *Journal of Food Protection*, *79*(5), 748–756. <https://doi.org/10.4315/0362-028X.JFP-15-390>
- Harwood, V. J., Delahoya, N. C., Ulrich, R. M., Kramer, M. F., Whitlock, J. E., Garey, J. R., & Lim, D. v. (2004). Molecular confirmation of *Enterococcus faecalis* and *E. faecium* from clinical, faecal and environmental sources. *Letters in Applied Microbiology*, *38*(6), 476–482.  
<https://doi.org/10.1111/J.1472-765X.2004.01518.X>
- Hassan, W. H., Kamel Ibrahim, A. M., Sayed Shany, S. A., & Hassan Salam, H. S. (2020). Virulence and resistance determinants in *Pseudomonas aeruginosa* isolated from pericarditis in diseased broiler chickens in Egypt. *Journal of Advanced Veterinary and Animal Research*, *7*(3), 463.  
<https://doi.org/10.5455/JAVAR.2020.G441>
- HIMEDIA. (2022). *Campylobacter Agar Base*. Campylobacter Agar Base.  
<https://www.himedialabs.com/us/m994-campylobacter-agar-base.html>
- Jiménez Mora, M. (2016). *Inspección veterinaria de la carne de pollo para consumo humano en diferentes puntos de la cadena de producción* [Universidad Nacional].  
<https://repositorio.una.ac.cr/bitstream/handle/11056/13200/Jiménez%20Mora>

%20Mónica.pdf?sequence=1&isAllowed=y

- Juan, R. L. L., Cauti, S. M., Jiménez, E. P. S., Campos, C. E., & Alvarado, D. E. (2016). Contaminación por *Escherichia coli* Shigatoxigénica en Puestos de Expendio de Carne de Pollo en un Distrito de Lima. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 27(3), 618–625. <https://doi.org/10.15381/RIVEP.V27I3.12000>
- Jung, M., Chang, Y., & Kim, W. (2010). A real-time PCR assay for detection and quantification of *Lactococcus garvieae*. *Journal of Applied Microbiology*, 108(5), 1694–1701. <https://doi.org/10.1111/J.1365-2672.2009.04568.X>
- Kayaoglu, G., & Ørstavik, D. (2016). Virulence Factors of *Enterococcus faecalis*: Relationship to Endodontic Disease. *SAGE Journals*, 15(5), 308–320. <https://doi.org/10.1177/154411130401500506>
- Kim, Y. bin, Seo, H. J., Seo, K. W., Jeon, H. Y., Kim, D. K., Kim, S. W., Lim, S. K., & Lee, Y. J. (2018). Characteristics of high-Level ciprofloxacin-Resistant *enterococcus faecalis* and *enterococcus faecium* from retail chicken meat in Korea. *Journal of Food Protection*, 81(8), 1357–1363. <https://doi.org/10.4315/0362-028X.JFP-18-046>
- Kozačinski, L., Hadžiosmanović, M., & Zdolec, N. (2006). Microbiological quality of poultry meat on the Croatian market. *VETERINARSKI ARHIV*, 76(4), 305–313. <https://hrcak.srce.hr/file/8246>
- Lastovica, A. (2006). Emerging *Campylobacter spp.*: the Tip of the Iceberg. *Clinical Microbiology Newsletter*, 28(7), 49–56.
- Liofilchem. (2005). *CAMPYLOBACTER Skirrow Supplement*. [http://www.liofilchem.net/login/pd/pi/81055\\_PL.pdf](http://www.liofilchem.net/login/pd/pi/81055_PL.pdf)
- López, A., Burgos, T., Díaz, M., Mejía, R., & Quinteros, E. (2018). Contaminación microbiológica de la carne de pollo en 43 supermercados de El Salvador. *ALERTA Revista Científica del Instituto Nacional de Salud*, 1(2), 45–53. <https://doi.org/10.5377/alerta.v1i2.7134>
- López Rocha, E. (2004). *Frecuencia de Campylobacter spp. en muestras de heces de humanos y carnes de pollo, puerco y res en tres núcleos poblacionales de la ciudad de San Luis Potosí, 2003* [Universidad Autónoma de San Luis Potosí]. <http://148.224.97.92/xmlui/bitstream/handle/i/2017/MSP1FCM00401.pdf?se>

quence=5&isAllowed=y

- Lucas, J., Vilca, M., & Ramos, D. (2013). Presencia de *Campylobacter* spp en canales y ciegos de pollos de engorde en Lima, Perú. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 24(3), 346–352. [http://www.scielo.org.pe/scielo.php?pid=S1609-91172013000300011&script=sci\\_arttext&tlng=pt](http://www.scielo.org.pe/scielo.php?pid=S1609-91172013000300011&script=sci_arttext&tlng=pt)
- Maasjost, J., Mühldorfer, K., de Jäckel, S. C., & Hafez, H. M. (2015). Antimicrobial susceptibility patterns of enterococcus faecalis and enterococcus faecium isolated from poultry flocks in Germany. *Avian Diseases*, 59(1), 143–148. <https://doi.org/10.1637/10928-090314-RegR>
- Martínez Jaikel, T., & Mora Ramírez, D. (2010). Conocimientos y opiniones sobre la carne de pollo de dos comunidades rural-urbana de Costa Rica. *Revista Costarricense de Salud Pública*, 19(1), 03–11. [https://www.scielo.sa.cr/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S1409-14292010000100002](https://www.scielo.sa.cr/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1409-14292010000100002)
- Mendoza Parada, M. D. (2014). *Determinación microbiológica de la carne de pollo que se expende en el mercado El Guarda Ciudad de Guatemala* [Universidad de San Carlos de Guatemala]. <http://www.repositorio.usac.edu.gt/1598/1/Tesis%20Lic%20Zoot%20Mynor%20Mendoza.pdf>
- Montero, M. (2012). *Pseudomonas aeruginosa multiresistente: aspectos epidemiológicos, clínicos y terapéuticos* [Tesis de Doctorado, Universitat Autònoma de Barcelona]. [https://ddd.uab.cat/pub/tesis/2011/hdl\\_10803\\_107902/mmm1de1.pdf](https://ddd.uab.cat/pub/tesis/2011/hdl_10803_107902/mmm1de1.pdf)
- Mora, X. (2012). Diferenciando bacterias Gram+ y Gram-. *Patología*, 2, 25–27. <https://seleccionesavicolas.com/pdf-files/2012/2/6536-diferenciando-bacterias-gran-y-gram.pdf>
- Noreen, A., Masood, H., Zaib, J., Rafaque, Z., Fatima, A., Shabbir, H., Alam, J., Habib, A., Noor, S., Dil, K., & Dasti, J. I. (2022). Investigating the Role of Antibiotics on Induction, Inhibition and Eradication of Biofilms of Poultry Associated *Escherichia coli* Isolated from Retail Chicken Meat. *Antibiotics*, 11(11), 1–13. <https://doi.org/10.3390/ANTIBIOTICS11111663>
- Núñez, L., Tornello, C., Puentes, N., & Moretton, J. (2012). Bacterias resistentes a

- antibióticos en aguas grises como agentes de riesgo sanitario. *Revista Ambiente e Agua*, 7(1), 235–243. <https://doi.org/10.4136/1980-993X>
- Núñez Martínez, R. (2020). *Importancia actual del Género Enterococcus spp. en los alimentos y metodologías para su caracterización molecular* [Universidad de Zaragoza]. <https://zaguan.unizar.es/record/96275/files/TAZ-TFM-2020-937.pdf>
- Orellana Meza, A. P. (2013). *Evaluación de la calidad microbiológica de la hamburguesa elaborada con carne de pollo distribuida en supermercados, Arequipa - 2013* [Universidad Católica de Santa María]. <https://core.ac.uk/download/pdf/198124621.pdf>
- Paz-Zarza, V. M., Mangwani-Mordani, S., Martínez-Maldonado, A., Álvarez-Hernández, D., Solano-Gálvez, S. G., & Vázquez-López, R. (2019). Pseudomonas aeruginosa: patogenicidad y resistencia antimicrobiana en la infección urinaria. *Revista chilena de infectología*, 36(2), 180–189. <https://doi.org/10.4067/S0716-10182019000200180>
- Phosa, M., Fasina, F. O., Morar-Leather, D., & Adesiyun, A. A. (2022). Prevalence and Characterization of Campylobacter Species from Chickens Sold at Informal Chicken Markets in Gauteng, South Africa. *Journal of Food Protection*, 85(10), 1458–1468. <https://doi.org/10.4315/JFP-21-454>
- Ramírez-Salcedo, J., Chavez, L., Santillán, J. L., & Guzmán, S. (2014). Microarreglos de DNA: Fabricación Proceso y Análisis. En *Herramientas moleculares aplicadas en ecología: aspectos teóricos y prácticos* (Vol. 1, pp. 203–229). INECC. <https://www.researchgate.net/publication/296695965>
- Rodríguez Cenicerros, R., Gomez Hernández, F., & Vázquez Sandoval, H. (2016). Presencia de Campylobacter y Salmonella en pollo a la venta en Gómez Palacio Durango, México. *REDVET*, 17(6), 1–8. <https://www.redalyc.org/pdf/636/63646808001.pdf>
- Rodríguez Gutiérrez, V., Guzmán Osorio, L., & Verjan García, N. (2015). *Campylobacter spp.* in poultry products and its impact in public health. *Rev CES Med Zotec*, 10(2), 203–213. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=5450739>
- Rodríguez-Lázaro, & Hernández, M. (2006). Molecular Methodology in food microbiology diagnostics: trends and current challenges. *13th World Congress*

- of Food Science & Technology* 2006 , 1(1), 1085–1099.  
<https://doi.org/10.1051/IUFoST:20060643>
- Rossler, E., Fuhr, E. M., Lorenzón, G., Romero-Scharpen, A., Berisvil, A. P., Blajman, J. E., Astesana, D. M., Zimmermann, J. A., Fusari, M. L., Signorini, M. L., Soto, L. P., Frizzo, L. S., & Zbrun, M. v. (2017). Presencia de serotipos de *Campylobacter jejuni* O:19 en la cadena avícola Argentina. *Revista Argentina de Microbiología*, 49(2), 178–182.  
<https://doi.org/10.1016/j.ram.2016.12.002>
- Sánchez Varela, A., Rodríguez Luna, I., & Wu Guo, X. (2017). Revisión de la caracterización de *Aeromonas* spp. y su Importancia clínica. *Revista Boliviana de Química*, 34(5), 132–137.  
[http://www.scielo.org.bo/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0250-54602017000500001](http://www.scielo.org.bo/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0250-54602017000500001)
- Shen, Y., Xu, C., Sun, Q., Schwarz, S., Ou, Y., Yang, L., Huang, Z., Eichhorn, I., Walsh, T. R., Wang, Y., Zhang, R., Shen, J., Pilato, V. D., Doi, Y., Feldgarden, M., Haft, D. H., Klimke, W., Kumar-Singh, S., Liu, J. H., ... Xavier, B. B. (2018). *Prevalence and Genetic Analysis of mcr-3-Positive Aeromonas Species from Humans, Retail Meat, and Environmental Water Samples*.  
<https://doi.org/10.1128/AAC>
- Silva, R. T. da, Lopes, J. B. A., Oliveira, K. L. L. de, Ribeiro Júnior, J. C., & Beloti, V. (2019). Perfil de sensibilidade a antimicrobianos de bacterias patogênicas humanas isoladas de leite cru. *Revista do Instituto de Laticínios Cândido Tostes*, 74(3), 185–194. <https://doi.org/10.14295/2238-6416.v74i3.743>
- Soltan Dallal, M. M., Sharifi Yazdi, M. K., & Avadisians, S. (2012). Study of prevalence and antibiotic resistance in *Aeromonas* species isolated from minced meat and chicken samples in Iran. *African Journal of Microbiology Research*, 6(2), 460–464. <https://doi.org/10.5897/AJMR11.1447>
- Tafur Garzón, M. (2009). La inocuidad de alimentos y el comercio internacional. *Rev Colomb Cienc Pecuaria*, 22(3), 330–338.  
[http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0120-06902009000300009](http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-06902009000300009)
- Tena, D., González-Praetorius, A., Pérez-Pomata, M. T., & Bisquert, J. (2006). Mionecrosis rápidamente progresiva por *Aeromonas veronii* biotipo sobria.

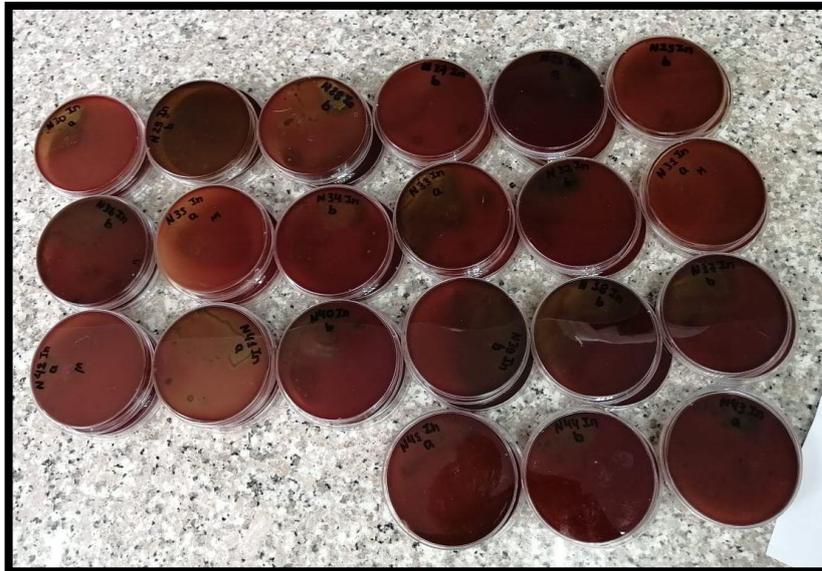
- Anales de Medicina Interna*, 23(11), 540–542.  
[https://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0212-71992006001100008](https://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0212-71992006001100008)
- TMMedia. (2014). *Agar Trypticase Soya (TSA)*. TM Media.  
<https://labsupply.com.ec/producto/agar-tripticase-soya/>
- Torrallbo Montoro, A. (2013). *Campylobacter spp. en granjas y matadero de broilers y en perros domésticos en Andalucía: estudio microbiológico, epidemiológico y de sensibilidad antimicrobiana* [Universidad de Córdoba].  
<https://helvia.uco.es/xmlui/bitstream/handle/10396/11089/2013000000830.pdf?sequence=1>
- Tresierra-Ayala, A., Fernandez, H., Bendayán, M. E., Pereyra, G., & Bernuy, A. (1995). Aislamiento de especies termotolerantes de *Campylobacter* en dos poblaciones de pollos criados con y sin confinamiento. *Revista de Saúde Pública*, 29(5), 389–392.  
<https://www.scielo.br/j/rsp/a/SwbKRGsrqqGJ9f3bn7sTvKP/?format=pdf&lang=es>
- Urdaneta Vargas, S. H. (2016). *Epidemiología de Campylobacter spp. en granjas de pollos de engorde: Prevalencia, factores de riesgo y dinámica de infección* [Universidad Autónoma de Barcelona].  
[https://ddd.uab.cat/pub/tesis/2016/hdl\\_10803\\_400086/shuv1de1.pdf](https://ddd.uab.cat/pub/tesis/2016/hdl_10803_400086/shuv1de1.pdf)
- Valenzuela Pérez, R. (2019). *Evaluación de Campylobacter spp. en carne y vísceras de cerdo y pollo por diferentes métodos microbiológicos y moleculares* [Universitat Politècnica de València].  
<https://riunet.upv.es/bitstream/handle/10251/129694/Valenzuela%20-%20Evaluación%20de%20Campylobacter%20spp.%20en%20carne%20y%20vísceras%20de%20cerdo%20y%20pollo%20por%20diferentes%20métodos%20microbiológicos%20y%20moleculares.pdf?sequence=2&isAllowed=y>
- Vargas, J., Máttar, S., & Monsalve, S. (2010). Bacterias patógenas con alta resistencia a antibióticos: estudio sobre reservorios bacterianos en animales cautivos en el zoológico de Barranquilla. *Infectio*, 14(1), 6–19.  
[http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0123-93922010000100002](http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0123-93922010000100002)
- Weiler, N., Orrego, M., Alvarez, M., Huber, C., Ortiz, F., Nuñez, L., Piris, L., &

- Perez, J. (2017). Primeros resultados de la vigilancia integrada de la resistencia antimicrobiana de patógenos transmitidos por alimentos, *Campylobacter spp.* y *Salmonella spp.* en tres poblaciones distintas. Paraguay. 2011-2012. *Memorias del Instituto de Investigaciones en Ciencias de la Salud*, 15(2), 64–72. [https://doi.org/10.18004/MEM.IICS/1812-9528/2017.015\(02\)64-072](https://doi.org/10.18004/MEM.IICS/1812-9528/2017.015(02)64-072)
- Zepeda Velázquez, A. P. (2015). *Estudio de la patogenicidad de diferentes especies de Aeromonas en la trucha Arcoíris (Oncorhynchus mykiss)*. [http://ri.uaemex.mx/bitstream/handle/20.500.11799/58872/DICARM%20Zepeda\\_Velazquez%202015..pdf?sequence=1&isAllowed=y](http://ri.uaemex.mx/bitstream/handle/20.500.11799/58872/DICARM%20Zepeda_Velazquez%202015..pdf?sequence=1&isAllowed=y)
- Zlotkin, A., Eldar, A., Ghittino, C., & Bercovier, H. (1998). Identification of *Lactococcus garvieae* by PCR. *Journal of Clinical Microbiology*, 36(4), 983–985. <https://doi.org/10.1128/JCM.36.4.983-985.1998/ASSET/C28C40D8-1F50-47C5-B700-EEDFEE2C42ED/ASSETS/GRAPHIC/JM0480710002.JPEG>
- Zumbado Gutiérrez, L., & Romero Zúñiga, J. J. (2017). Factores asociados a la contaminación con *Campylobacter spp.* termotolerante en pollos de engorde, en tres niveles de la cadena avícola, para consumo humano en Costa Rica. *Revista Ciencias Veterinarias*, 34(2), 81. <https://doi.org/10.15359/rcv.34-2.2>
- Zumbado-Gutiérrez, L., Arévalo-Madrigal, A., Donado-Godoy, M. del P., & Romero-Zúñiga, J. J. (2014). Diagnóstico molecular de *Campylobacter* en la cadena avícola destinada para consumo humano en Costa Rica. *Agron. Mesoam.*, 25(2), 357–363. <https://doi.org/10.1186/1471-2180-9-94>

## ANEXOS



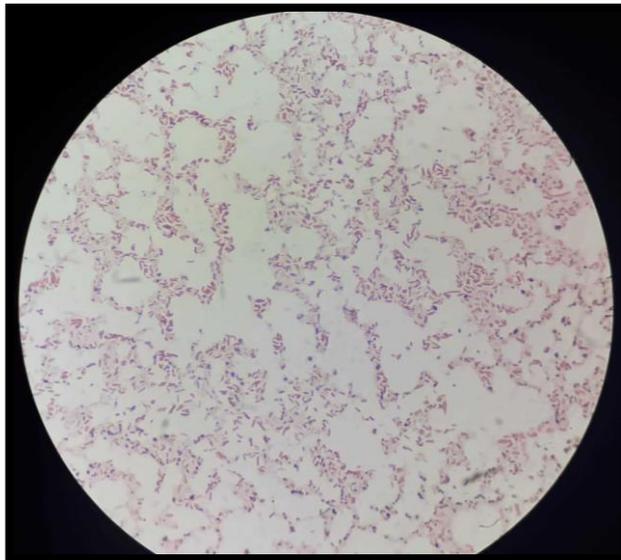
**Anexo 1.** Muestra de carne de pollo pre-enriquecida en agua peptonada



**Anexo 2.** Agar Selectivo Campylobacter



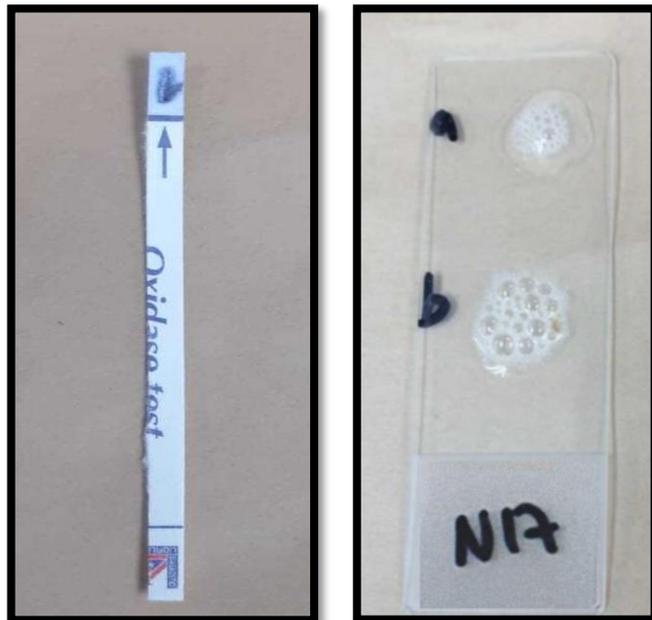
**Anexo 3.** Placa con Agar Selectivo Campylobacter positiva para crecimiento de *Campylobacter spp.*



**Anexo 4.** Tinción gram. Bacilos cortos color rosa en forma de bastón



**Anexo 5.** Procedimiento para prueba de catalasa



**Anexo 6.** Pruebas de oxidasa y catalasa positivas

*Enterococcus faecalis*

GACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAACGCTTCTT  
TCCTCCCGAGTGCTTGCACTCAATTGGAAAGAGGAGTGGCGGACGG  
GTGAGTAACACGTGGGTAACCTACCCATCAGAGGGGGATAACACTT  
GGAAACAGGTGCTAATACCGCATAACAGTTTATGCCGCATGGCATA  
AGAGTGAAAGGCGCTTTCGGGTGTCGCTGATGGATGGACCCGCGGT  
GCATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCCACGATGCA  
TAGCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGG  
CCCAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCGGCAATGGA  
CGAAAGTCTGACCGAGCAACGCCGCGTGAGTGAAGAAGGTTTTCGG  
ATCGTAAAACCTCTGTTGTTAGAGAAGAACAAGGACGTTAGTAACTG  
AACGTCCCCTGACGGTATCTAACCAGAAAGCCACGGCTAACTACGT  
GCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGATTT  
ATTGGGCGTAAAGCGAGCGCAGGCGGTTTCTTAAGTCTGATGTGAA  
AGCCCCCGGCTCAACCGGGGAGGGTCATTGGAAACTGGGAGACTTG  
AGTGCAGAAGAGGAGAGTGGAAATCCATGTGTAGCGGTGAAATGCG  
TAGATATATGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGGCTCTCTGGTCTG  
TAACTGACGCTGAGGCTCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGA  
TACCCTGGTAGTCCACGCCGTAACGATGAGTGCTAAGTGTGGAG  
GGTTTCCGCCCTTCAGTGCTGCAGCAAACGCATTAAGCACTCCGCCT  
GGGGAGTACGACCGCAAGGTTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGC  
CCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTCGAAGCAACGCGAAG  
AACCTTACCAGGTCTTGACATCCTTTGACCACTCTAGAGATAGAGCT  
TTCCCTTCGGGGACAAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCT  
CGTGTTCGTGAGATGTTGGGTTAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTA  
TTGTTAGTTGCCATCATTTAGTTGGGCACTCTAGCGAGACTGCCGGT  
GACAAACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCT  
TATGACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGGAAGTACAACGAGTC  
GCTAGACCGCGAGGTCATGCAAATCTCTTAAAGCTTCTCTCAGTTTCG  
GATTGCAGGCTGCAACTCGCCTGCATGAAGCCGGAATCGCTAGTAA  
TCGCGGATCAGCACGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACAC  
ACCGCCCGTCACACCACGAGAGTTTGTAACACCCGAAGTCGGTGAG

GTAACCTTTTTGGAGCCAGCCGCCTAAGGTGGGATAGATGATTGG  
GGTG

Genoma de *Enterococcus faecalis*

*Lactococcus garvieae*

CACCCCAGTCATCGGTCTTACCTTAGGAAGCGCCCTCCTTGCGGTTA  
GGCAACCTACTTTGGGTACTCCCAACTTCCGTGGTGTGACGGGCGGT  
GTGTACAAGGCCCGGAACGTATTCACCGCGGCGTGCTGATCCGCG  
ATTACTAGCGATTCCGACTTCATGCAGGCGAGTTGCAGCCTGCAATC  
CGAACTGAGAATGGTTTTAAGAGATTAGCGCACCTCGCGGGTTGG  
CGACTCGTTGTACCATCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCAGGTCATA  
AGGGGCATGATGATTTGACGTCATCCCCACCTTCCTCCGGTTTATCA  
CCGGCAGTCTCACTAGAGTGCCCAACTTAATGATGGCAACTAGTAAT  
AAGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACG  
AGCTGACGACAACCATGCACCACCTGTATCCCGTGTCCCGAAGGAA  
CTCCTTATCTCTAAGGATAGCACGAGTATGTCAAGACCTGGTAAGGT  
TCTTCGCGTTGCTTCGAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGG  
GCCCCCGTCAATTCCTTTGAGTTTCAACCTTGCGGTCGTACTIONCCCAG  
GCGGAGTGCTTAATGCGTTAGCTGCGCTACAGAGAACTTATAGCTCC  
CTACAGCTAGCACTCATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCTA  
ATCCTGTTTGCTCCCCACGCTTTCGAGCCTCAGTGTCAGTTACAGGC  
CAGAGAGCCGCTTTCGCCTCCGGTGTTCCTCCATATATCTACGCATTT  
CACCGCTACACATGGAATTCCACTCTCCTCTCCTGCACTCAAGTCTC  
CCAGTTTCCAATGCACACAATGGTTGAGCCACTGCCTTTTACATCAG  
ACTTAAGAAACCACCTGCGCTCGCTTACGCCAATAAATCCGGACA  
ACGCTTGGGACCTACGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGTAGTTAGCC  
GTCCCTTTCTGGTTAGATACCGTCACTTAAGTAATTTTCCACTCTACT  
TAACGTTCTTCTCTAACAACAGAGTTTTACGATCCGAAAACCTTCTT  
CACTCACGCGGCGTTGCTCGGTCAGGGTTGCCCCATTGCCGAAGAT  
TCCCTACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGGCCGTGTCTCAGTCCCA  
GTGTGGCCGATCACCTCTCAGGTCGGCTATGTATCATCGCCTTGGT  
AGTCCTTTACACTACCAACTAGCTAATAACAACGCGGGATCATCAAGT

AGTGAAGCAATTGCTTCTTTCAAATAAGAATCATGCGATTCTCATTG  
TTATGCGGTATTAGCGTTCGTTTCCAAACGTTGTCCCCGCTACTCGG  
CAGATTTCCCACGCGTTACTCACCCGTTGCGCCGCTTTCATAAAAAT  
AGCAAGCTATCTTTAATCATCGCTCGACTTGCATGTATTAGGCACGC  
CGCCAGCGTTCGTC

Genoma de *Lactococcus garvieae*

*Enterococcus gallinarum*

GACGAACGCTGGCGGCGTGCCTAATACATGCAAGTCGAACGCTTTTT  
CTTTCACCGGAGCTTGCTCCACCGAAAGAAAAGAGTGGCGAACGG  
GTGAGTAACACGTGGGTAACCTGCCATCAGAAGGGGATAACACTT  
GGAAACAGGTGCTAATACCGTATAACACTATTTTCCGCATGGAAGA  
AAGTTGAAAGGCGCTTTTTCGCTCACTGATGGATGGACCCGCGGTGC  
ATTAGCTAGTTGGTGAGGTAACGGCTCACCAAGGCCACGATGCATA  
GCCGACCTGAGAGGGTGATCGGCCACACTGGGACTGAGACACGGCC  
CAGACTCCTACGGGAGGCAGCAGTAGGGAATCTTCGGCAATGGACG  
AAAGTCTGACCGAGCAACGCCGCGTGAGTGAAGAAGGTTTTTCGGAT  
CGTAAAACTCTGTTGTTAGAGAAGAACAAGGATGAGAGTAGAACGT  
TCATCCCTTGACGGTATCTAACCAGAAAGCCACGGCTAACTACGTGC  
CAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGATTTATT  
GGGCGTAAAGCGAGCGCAGGCGGTTTCTTAAGTCTGATGTGAAAGC  
CCCCGGCTCAACCGGGAGGGTCATTGGAAACTGGGAGACTTGAGT  
GCAGAAGAGGAGAGTGGAATTCCATGTGTAGCGGTGAAATGCGTAG  
ATATATGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGGCTCTCTGGTCTGTAA  
CTGACGCTGAGGCTCGAAAGCGTGGGGAGCGAACAGGATTAGATAC  
CCTGGTAGTCCACGCCGTAAACGATGAGTGCTAAGTGTTGGAGGGTT  
TCCGCCCTTCAGTGCTGCAGCAAACGCATTAAGCACTCCGCCTGGGG  
AGTACGACCGCAAGGTTGAAACTCAAAGGAATTGACGGGGGCCCGC  
ACAAGCGGTGGAGCATGTGGTTTAATTTCGAAGCAACGCGAAGAACC  
TTACCAGGTCTTGACATCCTTTGACCACTCTAGAGATAGAGCTTCCC  
CTTCGGGGGCAAAGTGACAGGTGGTGCATGGTTGTCGTCAGCTCGTG

TCGTGAGATGTTGGGTAAAGTCCCGCAACGAGCGCAACCCTTATTGT  
TAGTTGCCATCATTTAGTTGGGCACTCTAGCGAGACTGCCGGTGACA  
AACCGGAGGAAGGTGGGGATGACGTCAAATCATCATGCCCCTTATG  
ACCTGGGCTACACACGTGCTACAATGGGAAGTACAACGAGTTGCGA  
AGTCGCGAGGCTAAGCTAATCTCTTAAAGCTTCTCTCAGTTCGGATT  
GTAGGCTGCAACTCGCCTACATGAAGCCGGAATCGCTAGTAATCGC  
GGATCAGCACGCCGCGGTGAATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACC  
GCCCGTCACACCACGAGAGTTTGTAACACCCGAAGTCGGTGAGGTA  
ACCTTTTTGGAGCCAGCCGCTAAGGTGGGATAGATGATTGGG GTG

Genoma de *Enterococcus gallinarum*

*Pseudomonas aeruginosa*

ATTGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAGCGGATGA  
AGGGAGCTTGCTCCTGGATTCAGCGGCGGACGGGTGAGTAATGCCT  
AGGAATCTGCCTGGTAGTGGGGGATAACGTCCGGAAACGGGGCGCTA  
ATACCGCATAACGTCCTGAGGGAGAAAGTGGGGGATCTTCGGACCTC  
ACGCTATCAGATGAGCCTAGGTCGGATTAGCTAGTTGGTGGGGTAA  
AGGCCTACCAAGGCGACGATCCGTAACTGGTCTGAGAGGATGATCA  
GTCACACTGGAAGTGAAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGCAGC  
AGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCC  
GCGTGTGTGAAGAAGGTCTTCGGATTGTAAAGCACTTTAAGTTGGGA  
GGAAGGGCAGTAAGTTAATACCTTGCTGTTTTGACGTTACCAACAGA  
ATAAGCACCGGCTAACTTCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGAAGG  
GTGCAAGCGTTAATCGGAATTAAGTGGGCGTAAAGCGCGCGTAGGTG  
GTTGCAAGTGGATGTGAAATCCCGGGCTCAACCTGGGAACTG  
CATCCAAAATACTGAGCTAGAGTACGGTAGAGGGTGGTGGAAATTT  
CCTGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGATATAGGAAGGAACACCAGTGG  
CGAAGGCGACCACCTGGACTGATACTGACACTGAGGTGCGAAAGCG  
TGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAAC  
GATGTCGACTAGCCGTTGGGATCCTTGAGATCTTAGTGGCGCAGCTA  
ACGCGATAAGTCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAC

TCAAATGAATTGACGGGGGCCCCGCACAAGCGGTGGAGCATGTGGTT  
TAATTCGAAGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGCCTTGACATGCTGA  
GAACTTTCCAGAGATGGATTGGTGCCTTCGGGAACTCAGACACAGG  
TGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTCTGAGATGTTGGGTTAAGT  
CCCGTAACGAGCGCAACCCTTGTCTTAGTTACCAGCACCTCGGGTG  
GGCACTCTAAGGAGACTGCCGGTGACAAACCGGAGGAAGGTGGGG  
ATGACGTCAAGTCATCATGGCCCTTACGGCCAGGGCTACACACGTGC  
TACAATGGTCGGTACAAAGGGTTGCCAAGCCGCGAGGTGGAGCTAA  
TCCCATAAAACCGATCGTAGTCCGGATCGCAGTCTGCAACTCGACTG  
CGTGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGAATCAGAATGTCACGGTG  
AATACGTTCCCGGGCCTTGTACACACCCGCCCGTCACACCATGGGAGT  
GGGTTGCTCCAGAAGTAGCTAGTCTAACC GCAAGGGGGACGGTTAC  
CACGGAGTGATTCATGACTGGGGTG

Genoma de *Pseudomonas aeruginosa*

*Aeromonas veronii*

CACCCCAGTCATGAATCACACCGTGGTAAACGCCCTCCCGAAGGTTA  
AGCTATCTACTTCTGGTGCAACCCACTCCCATGGTGTGACGGGCGGT  
GTGTACAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGCAACATTCTGATTTGCGA  
TACTAGCGATTCCGACTTCACGGAGTCGAGTTGCAGACTCCGATCC  
GGACTACGACGCGCTTTTTGGGATTCGCTCACTATCGCTAGCTTGCA  
GCCCTCTGTACGCGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCTGGCCGTAAG  
GGCCATGATGACTTGACGTCATCCCCACCTTCCTCCGGTTTATCACC  
GGCAGTCTCCCTTGAGTTCCCACCATTACGTGCTGGCAACAAAGGAC  
AGGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATCTCACGACACG  
AGCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTGTTCTGATTCCCGAAGGCAC  
TCCCGTATCTCTACAGGATTCCAGACATGTCAAGGCCAGGTAAGGTT  
CTTCGCGTTGCATCGAATTAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGG  
CCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTA CTCCCAG  
GCGGTTCGATTTAACGCGTTAGCTCCGGAAGCCACGTCTCAAGGACA  
CAGCCTCCAAATCGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCT

AATCCTGTTTGCTCCCCACGCTTTCGCACCTGAGCGTCAGTCTTTGTC  
CAGGGGGCCGCCTTCGCCACCGGTATTCCTCCAGATCTCTACGCATT  
TCACCGCTACACCTGGAATTCTACCCCCCTCTACAAGACTCTAGCTG  
GACAGTTTTAAATGCAATTCCCAGGTTGAGCCCCGGGGCTTTCACATC  
TAACTTATCCAACCGCCTGCGTGCGCTTTACGCCAGTAATTCCGAT  
TAACGCTTGCACCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAG  
CCGGTGCTTCTTCTGCGAGTAACGTCACAGCTGGCAGTTATTCGCTA  
CCAACCTTTCCTCCTCGCTGAAAGTGCTTTACAACCCGAAGGCCTTC  
TTCACACACGCGGCATGGCTGCATCAGGGTTTCCCCATTGTGCAAT  
ATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTC  
CAGTGTGGCTGATCATCCTCTCAGACCAGCTAGGGATCGTCGCCTTG  
GTGAGCCATTACCTACCAACTAGCTAATCCACCTGGGTTCATCCA  
ATCGCGCAAGGCCCGAAGGTCCCCTGCTTTCCCCCGTAGGGCGTATG  
CGGTATTAGCAGTCGTTTCCAAGTGTATCCCCCTCGACTGGGCAGA  
TCCCAGGCATTACTACCCGTCCGCCGCTCGCCGGCAAAGTAGCA  
AGCTACTTTCCCGCTGCCGCTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTGCCGC  
CAGCGTTCAAT

Genoma de *Aeromonas veronii*

*Escherichia coli*

TGAACGCTGGCGGCAGGCCTAACACATGCAAGTCGAACGGTAACAG  
GAAGCAGCTTGCTGCTTCGCTGACGAGTGGCGGACGGGTGAGTAAT  
GTCTGGGAAACTGCCTGATGGAGGGGGATAACTACTGGAAACGGTA  
GCTAATACCGCATAACGTCGCAAGACCAAAGAGGGGGACCTTCGGG  
CCTCTTGCCATCGGATGTGCCAGATGGGATTAGCTAGTAGGTGGGG  
TAACGGCTCACCTAGGCGACGATCCCTAGCTGGTCTGAGAGGATGA  
CCAGCCACACTGGAAGTGGAGACACGGTCCAGACTCCTACGGGAGGC  
AGCAGTGGGGAATATTGCACAATGGGCGCAAGCTGATGCAGCCATG  
CCGCGTGTATGAAGAAGGCCTTCGGGTTGTAAAGTACTTTCAGCGGG  
GAGGAAGGGAGTAAAGTTAATACCTTTGCTCATTGACGTTACCCGCA  
GAAGAAGCACCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGA

GGGTGCAAGCGTTAATCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGCAGG  
CGGTTTGTAAAGTCAGATGTGAAATCCCCGGGCTCAACCTGGGA  
GCATCTGATACTGGCAAGCTTGAGTCTCGTAGAGGGGGGTAGAATT  
CCAGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCTGGAGGAATACCGGTG  
GCGAAGGCGGCCCCCTGGACGAAGACTGACGCTCAGGTGCGAAAGC  
GTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCTGGTAGTCCACGCCGTAAA  
CGATGTCGACTTGGAGGTTGTGCCCTTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCT  
AACGCGTTAAGTCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTAAAA  
CTCAAATGAATTGACGGGGGCCCGCACAAAGCGGTGGAGCATGTGGT  
TTAATTCGATGCAACGCGAAGAACCTTACCTGGTCTTGACATCCACG  
GAAGTTTTTCAGAGATGAGAATGTGCCTTCGGGAACCGTGAGACAGG  
TGCTGCATGGCTGTCGTCAGCTCGTGTGTGAAATGTTGGGTAAAGT  
CCCGCAACGAGCGCAACCCTTATCCTTTGTTGCCAGCGGTCCGGCCG  
GGAACTCAAAGGAGACTGCCAGTGATAAACTGGAGGAAGGTGGGG  
ATGACGTCAAGTCATCATGGCCCTTACGACCAGGGCTACACACGTGC  
TACAATGGCGCATACAAAGAGAAGCGACCTCGCGAGAGCAAGCGG  
ACCTCATAAAGTGCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTCGTC  
CCATGAAGTCGGAATCGCTAGTAATCGTGGATCAGAATGCCACGGT  
GAATACGTTCCCGGGCCTTGACACACCGCCCGTCACACCATGGGAG  
TGGGTTGCAAAGAAGTAGGTAGCTTAACCTTCGGGAGGGCGCTTA  
CCACTTTGTGATTCATGACTGGGGTG

Genoma de *Escherichia coli* cepa 2022CK-00566 chromosome

CACCCAGTCATGAATCACAAAGTGGTAAGCGCCCTCCCGAAGGTT  
AAGCTACCTACTTCTTTTGCAACCCACTCCCATGGTGTGACGGGCGG  
TGTGTACAAGGCCCGGGAACGTATTCACCGTGGCATTCTGATCCACG  
ATTACTAGCGATTCCGACTTCATGGAGTCGAGTTGCAGACTCCAATC  
CGGACTACGACGCACTTTATGAGGTCCGCTTGCTCTCGCGAGGTCGC  
TTCTCTTTGTATGCGCCATTGTAGCACGTGTGTAGCCCTGGTCGTAA  
GGGCCATGATGACTTGACGTCATCCCCACCTTCCTCCAGTTTATCAC  
TGGCAGTCTCCTTTGAGTTCCCGGCCGGACCGCTGGCAACAAAGGAT  
AAGGGTTGCGCTCGTTGCGGGACTTAACCCAACATTCACAACACGA

GCTGACGACAGCCATGCAGCACCTGTCTCACGGTTCCTCGAAGGCAC  
ATTCTCATCTCTGAAAACCTCCGTGGATGTCAAGACCAGGTAAGGTT  
CTTCGCGTTGCATCGAATTAAACCACATGCTCCACCGCTTGTGCGGG  
CCCCCGTCAATTCATTTGAGTTTTAACCTTGCGGCCGTACTIONCCAG  
GCGGTGACTTAACGCGTTAGCTCCGGAAGCCACGCCTCAAGGGCA  
CAACCTCCAAGTCGACATCGTTTACGGCGTGGACTACCAGGGTATCT  
AATCCTGTTTGCTCCCCACGCTTTCGCACCTGAGCGTCAGTCTTCGTC  
CAGGGGGCCGCCTTCGCCACCGGTATTCTCCAGATCTCTACGCATT  
TCACCGCTACACCTGGAATTCTACCCCCCTCTACGAGACTCAAGCTT  
GCCAGTATCAGATGCAGTTCCCAGGTTGAGCCCGGGGATTCACATC  
TGACTTAACAAACCGCCTGCGTGCGCTTTACGCCAGTAATTCCGAT  
TAACGCTTGCACCCTCCGTATTACCGCGGCTGCTGGCACGGAGTTAG  
CCGGTGCTTCTTCTGCGGGTAACGTCAATGAGCAAAGGTATTAACCT  
TACTCCCTTCTCCCCGCTGAAAGTACTTTACAACCCGAAGGCCTTC  
TTCATACACGCGGCATGGCTGCATCAGGCTTGCGCCCATTGTGCAAT  
ATTCCCCACTGCTGCCTCCCGTAGGAGTCTGGACCGTGTCTCAGTTC  
CAGTGTGGCTGGTCATCTCTCAGACCAGCTAGGGATCGTCGCCTAG  
GTGAGCCGTTACCCACCTACTAGCTAATCCCATCTGGGCACATCCG  
ATGGCAAGAGGCCCGAAGGTCCCCCTCTTTGGTCTTGCGACGTTATG  
CGGTATTAGCTACCGTTTCCAGTAGTTATCCCCCTCCATCAGGCAGT  
TCCCAGACATTACTACCCGTCCGCCACTCGTCAGCAAAGCAGCAA  
GCTGCTTCTGTTACCGTTCGACTTGCATGTGTTAGGCCTGCCGCCA  
GCGTTCAAT

Genoma de *Escherichia coli* cepa 2022CK-00557 chromosome