

## RESUMEN

# Diversidad genética y resistencia a los antibióticos de *Campylobacter jejuni* aislado de pollos en Quito - Ecuador, noviembre 2017- septiembre 2018

Montero Toro, Lorena Patricia<sup>1,2\*</sup>; Medina, José<sup>2\*</sup>; Trueba Piedrahita, Gabriel<sup>1</sup>; Vinueza Burgos, Christian<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Microbiología de la Universidad San Francisco de Quito, Quito, Ecuador.

<sup>2</sup> Unidad de Investigación de Enfermedades Transmitidas por Alimentos y Resistencia a los Antimicrobianos (UNIETAR) de la Universidad Central del Ecuador, Quito, Ecuador.

e-mail: [lpmonerot@gmail.com](mailto:lpmonerot@gmail.com)  
[lmonerot@estud.usfq.edu.ec](mailto:lmonerot@estud.usfq.edu.ec)

**Palabras clave:** Cadena alimenticia, *Campylobacter jejuni*, genotipo, resistencia a los antibióticos, transmisión.

**INTRODUCCIÓN:** *Campylobacter jejuni* ha sido reconocido como una causa importante de diarrea en todo el mundo. [1] Esta bacteria exhibe una alta frecuencia de variación genética asociada con cambios en los antígenos de la superficie celular. [2]

En varios países industrializados se ha informado un aumento en la resistencia a los antibióticos de *C. jejuni*, pero se conoce poco la epidemiología de la resistencia a los antibióticos de *Campylobacter* en los países en desarrollo. [3]

**OBJETIVO:** Determinar el perfil de susceptibilidad a la ciprofloxacina, tetraciclina y eritromicina y los genotipos de *Campylobacter* aislado de la industria avícola y humanos en Ecuador.

**MATERIALES Y MÉTODOS:** El estudio fue realizado entre noviembre de 2017 y septiembre de 2018 en la ciudad de Quito. Se recuperó 134 aislamientos de *C. jejuni* (44 aislamientos de granjas avícolas, 90 de pollo del comercio minorista y 3 aislados humanos) de los cuales se seleccionaron 37 aislamientos como un subconjunto representativo de esta colección. La diversidad genética de los aislados de *C. jejuni* fueron investigados mediante Multilocus sequence typing (MLST) y la resistencia a eritromicina, tetraciclina y ciprofloxacina se evaluó mediante difusión en disco.

**RESULTADOS:** Se obtuvieron 23 secuencias tipo (ST), los complejos clonales más frecuentemente observados fueron CC-354, CC-353 y CC-607. El ST-1036 se encontró en aislados de muestras de origen humano y animal. Además, se encontró el ST-7669 en aislamientos de carcasas (minorista) y ciegos de pollo (granja) de diferentes áreas de las zonas de muestreo. Por el contrario, se aislaron cepas del ST-9336 de muestras recogidas de la misma área. Trece de los 34 aislamientos de los que se obtuvo su perfil de susceptibilidad eran resistentes a los tres antibióticos probados. La tasa de resistencia más alta fue a la ciprofloxacina (70,6%), seguida de tetraciclina (67,6%) y eritromicina (35,3%).

**CONCLUSIONES:** Los resultados mostraron alta resistencia a la ciprofloxacina en *C. jejuni*. Se encontraron ST superpuestos entre aislamientos de granjas, carcasas de tiendas minoristas y humanos, lo que demuestra la posibilidad de transmisión de este patógeno en la cadena alimenticia. Otros estudios mostrarían la relevancia de *C. jejuni* en la epidemiología de la campilobacteriosis humana en Ecuador.

## REFERENCIAS:

[1] European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control. The European Union summary report on trends and sources of zoonoses, zoonotic agents and food-borne outbreaks in 2017. EFSA J. 2018; 16(12).

[2] Young KT, Davis LM, DiRita VJ. *Campylobacter*

*jejuni*: Molecular biology and pathogenesis. Nat Rev Microbiol. 2007; 5(9):665–679.

[3] Kaakoush NO, Castaño-Rodríguez N, Mitchell HM, Man SM. Global epidemiology of *campylobacter* infection. Clin Microbiol Rev. 2015; 28(3):687–720.