



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO



FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA

IDENTIFICACIÓN DEL GEN *bla<sub>CMY</sub>* PRODUCTOR DE  $\beta$ -  
LACTAMASAS TIPO CEFALOPORINASAS (AMPC) EN CEPAS DE  
*ESCHERICHIA COLI* AISLADAS DE CANALES DE POLLO  
OBTENIDAS DE RASTROS, SUPERMERCADOS Y MERCADOS  
PÚBLICOS EN 2012

TESIS

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE  
MÉDICO VETERINARIO ZOOTECNISTA

PRESENTA

MARTÍN HERNÁNDEZ AGUIRRE

Asesor:

Dra. CECILIA ROSARIO CORTÉS

CIUDAD UNIVERSITARIA, Cd. Mx.

2022



Universidad Nacional  
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

**Biblioteca Central**



**UNAM – Dirección General de Bibliotecas**  
**Tesis Digitales**  
**Restricciones de uso**

**DERECHOS RESERVADOS ©**  
**PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL**

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

## Agradecimientos

A mis padres por siempre darme su apoyo durante mi formación académica.

A la Dra. Cecilia Rosario por darme la oportunidad de realizar este trabajo en el área de mi gusto.

Al departamento de Medicina y Zootecnia Avícola por abrirme las puertas en la realización de este trabajo.

A los amigos Roberto, Adriana y Mara que hice durante la carrera por brindarme su apoyo en todo tipo de situaciones y durante el servicio social

Al doctor Miguel de la Rosa por brindarme sus consejos y enseñanzas a lo largo de mi vida universitaria.

## Índice

Resumen .....	1
Introducción.....	2
Avicultura mexicana.....	2
La carne de pollo y uno de sus principales problemas.....	2
<i>Escherichia coli</i> y su implicación en la avicultura .....	3
Resistencia bacteriana .....	4
Betalactamasas AmpC .....	5
Objetivo general .....	7
Objetivos particulares .....	7
Hipótesis .....	8
Material y Métodos .....	8
Cepas de <i>Escherichia coli</i> .....	8
Recuperación de cepas .....	8
Extracción de ADN bacteriano .....	9
Identificación del gen <i>bla</i> <sub>CMY</sub> mediante PCR .....	9
Resultados .....	10
Identificación de las cepas de <i>E. coli</i> .....	10
Identificación del gen <i>bla</i> <sub>CMY</sub> .....	10
Discusión.....	11
Conclusión.....	15
Referencias .....	16
Cuadros.....	24
Figuras .....	26

## Resumen

HERNÁNDEZ AGUIRRE MARTÍN. Identificación del gen *bla*<sub>CMY</sub> productor de  $\beta$ -lactamasas tipo cefaloporinasas (AmpC) en cepas de *Escherichia coli* aisladas de canales de pollo obtenidas de rastros, supermercados y mercados públicos en 2012, bajo la supervisión de la Dra. Cecilia Rosario Cortés. Las  $\beta$ -lactamasas AmpC también llamadas cefaloporinasas son capaces de hidrolizar no solo a cefalosporinas de tercera generación y a cefamicinas; sino que también llegan a inactivar a las penicilinas con inhibidores de las  $\beta$ -lactamasas. Su probable diseminación por medio de productos de origen animal representa un riesgo para la salud pública. El objetivo de este trabajo fue la identificación de un gen productor de  $\beta$ -lactamasas AmpC en muestras de canales de pollo obtenidas de rastros supermercados y mercado públicos en el año 2012. De un total de 95 cepas, 93 se lograron identificar como *Escherichia coli* provenientes de varios estados de la República Mexicana, a partir de ellas se identificó el gen *bla*<sub>CMY</sub> mediante PCR en punto final. Se obtuvieron 8 muestras positivas de 93 (8.60%) a la presencia del gen *bla*<sub>CMY</sub>. De las cuales, una muestra positiva (1.07%) fue de un rastro del estado de Querétaro, cuatro (4.30%) fueron de supermercados de Tuxtla Gutiérrez, Chiapas, Tlaxcala y San Martín Texmelucan, Puebla y tres (3.22%) de mercados públicos de San Martín Texmelucan, Puebla y Tlaxcala, mientras que en la Ciudad de México y Tehuacán, Puebla no hubo ninguna muestra positiva. Como conclusión se puede indicar que la presencia del gen *bla*<sub>CMY</sub> fue baja, por lo que es recomendable realizar más investigaciones respecto a este tema, ya que la información en nuestro país es escasa.

## Introducción

### Avicultura mexicana

La avicultura es una actividad pecuaria que en los últimos años ha tenido un crecimiento positivo, debido a la actual demanda de sus productos que origina. En nuestro país, la avicultura obtuvo un aumento del 3.5% durante el año 2021, con una producción de 3.5 millones de toneladas de carne de pollo y un consumo per cápita de 34.2kg, convirtiéndose como una de las proteínas preferidas para los mexicanos. Internacionalmente, México se ha convertido en el sexto productor en este ámbito pecuario (Secretaría de Agricultura y Desarrollo Rural, [SADER] 2021).

### La carne de pollo y uno de sus principales problemas

El pollo de engorda que se cría actualmente es resultado de una selección genética de cruces de diferentes líneas de pie de cría que han permitido desarrollar estirpes comerciales las cuales, bajo buenas prácticas de manejo, condiciones ambientales apropiadas y una dieta balanceada obtienen mejores resultados en los parámetros productivos con la meta de favorecer la producción y disminuir los gastos de alimentación y de tratamientos, lograr mejores costos y menor tiempo de crianza, para generar una mayor producción (Juárez *et al.*, 2018).

Además de ser un alimento con alto valor nutrimental, la carne de pollo posee cualidades que la hacen encabezar el mercado como son: el precio accesible y la facilidad de adquisición en mercados, pollerías y supermercados (Arenas *et al.*, 2010). Sin embargo, la producción avícola presenta varios desafíos, uno de ellos es el caso de enfermedades bacterianas que logran afectar los parámetros productivos, generando pérdidas económicas y, algunas de ellas, pueden llegar a convertirse en enfermedades transmitidas por los alimentos (ETAs) (Benklaouz *et al.*, 2020). Estas son ocasionadas por la ingestión de alimentos y agua contaminados con agentes infecciosos en cantidades tales que afectan a la salud

del consumidor en forma aguda o crónica a nivel mundial o de un grupo determinado de personas. De acuerdo con la OMS se estima que aproximadamente unos 600 millones de personas se enferman al consumir alimentos contaminados, de estos 420000 fallecen debido a esta causa (Flores et al., 2005).

Muchos estudios describen la presencia de patógenos en la carne de pollo, entre los cuales destacan *Salmonella* spp, *Staphylococcus aureus* y *Escherchia coli*. Por esta razón alguna de las medidas correctas de la manipulación higiénica de la carne consisten en: el aseo de las manos, refrigeración y cocción de la carne; acciones primordiales que evitan la trasmisión de estos patógenos. A su vez la carne cruda debe de manipularse con precaución para evitar una contaminación cruzada (López et al., 2018; Castañeda et al., 2013; Vásquez et al., 2020).

### *Escherichia coli* y su implicación en la avicultura

*E. coli* es una bacteria gram negativa, anaerobia facultativa, oxidasa negativa y fermentadora de la lactosa, además, es considerada uno de los principales microorganismos presentes en la microbiota intestinal de las aves (Gyles et al., 2010). Por otro lado, es el agente causal de una de las enfermedades de mayor impacto dentro de la avicultura llamada colibacilosis aviar causada por *E. coli* patógena aviar (APEC) caracterizada por causar infecciones respiratorias, pericarditis y septicemia a las aves de corral. Esta enfermedad se ha asociado como un problema secundario a condiciones ambientales desfavorables o por infecciones de tipo viral sin embargo, se ha notado que APEC cuenta con todos los mecanismos para ser considerados patógenos primarios. Se ha reportado que esta enfermedad ha causado notables pérdidas económicas de cientos de millones de dólares para la industria avícola y directamente ha afectado a los parámetros productivos, pues se presenta en aves de diferentes edades y sistemas de producción. Una de las problemáticas de estas cepas es la existencia de estudios que las destacan como un agente zoonótico y la posible capacidad de transmitir sus genes de resistencia a humanos (Kathayat et al., 2021).

El surgimiento de aislamientos por *E. coli* multiresistentes a los antimicrobianos (MDR), ha provocado el fracaso en el uso de estos mismos, en los últimos años este problema se ha asociado con un aumento en la morbilidad y mortalidad tanto de poblaciones humanas como animales (López *et al.*, 2018; Mosquito *et al.*, 2011). Según un informe realizado por la Administración de Drogas y Alimentos de Estados Unidos indica que del año 1950 al año 2002 la resistencia de *Escherichia coli* a los antibióticos aumento a un ritmo muy acelerado entre los animales de producción (Munita *et al.*, 2006). Por su parte la OMS en el año 2014 reportó que *Escherichia coli* presenta resistencia a las cefalosporinas, mismas que esta dependencia clasifica como antimicrobianos de importancia crítica (OMS, 2014). Algunos autores mencionan que esta problemática ha surgido en parte por el uso constante de estos antimicrobianos, los cuales se han empleado en la prevención y control de enfermedades en medicina veterinaria. Estos agentes se definen como sustancias naturales, semisintéticas o sintéticas que exhibe actividad antimicrobiana (es decir, que mata o inhibe el crecimiento de microorganismos) en concentraciones alcanzables in vivo (Carvajal *et al.*, 2019; Cota *et al.*, 2014).

## Resistencia bacteriana

La resistencia bacteriana a los antimicrobianos (RAM) se define como la capacidad de un microorganismo para evitar ser destruido o inhibido en la presencia de un antimicrobiano al cual era sensible, se estima que para el año 2050; la RAM podría llegar a causar hasta 10 millones de muertes en el mundo, y provocar un gasto anual de 100 trillones de dólares para su combate (OMS, 2020). Este fenómeno es atribuido a que las poblaciones bacterianas generan una presión selectiva cuando se exponen constantemente a los antibióticos, lo que deriva en mutaciones dentro de sus genes cromosómicos y favorece su supervivencia, pero este proceso no ha sido el único ya que se ha informado que en la gran mayoría de los casos el origen de microorganismos resistentes es por causa de la transferencia horizontal de genes. El principal mecanismo usado por las bacterias para transmitir su información genética es la conjugación bacteriana,

proceso que consta en la interacción física entre dos células en el mismo entorno, las cuales forman un medio que permite la transferencia de plásmidos de una bacteria donante a una receptora por medio de estructuras llamadas pilis (proyecciones citoplasmáticas en la superficie de la célula bacteriana). A su vez estos plásmidos se definen como estructuras extracromosomales que poseen información genética como los genes de resistencia a los antimicrobianos y pueden diseminarse a diversos microorganismos tanto patógenos como no patógenos (Apata *et al.*, 2009). Por otro lado se ha informado que existen otras formas de transmitir estos genes, como por ejemplo la transducción, mecanismo ocasionado por bacteriófagos (virus que infectan bacterias), los cuales son capaces de empaquetar ADN de la bacteria donante en las partículas del virus, el cual pueden transferirlo a una bacteria receptora durante la infección y la transformación, la cual consta en la captación de ADN externo por parte de las bacterias (Sánchez *et al.*, 2012).

## Betalactamasas AmpC

La resistencia a los betalactámicos como las cefalosporinas, es ocasionada principalmente por la producción de  $\beta$ -lactamasas cuya función es la de hidrolizar el enlace amida del anillo betalactámico logrando anular la eficacia de estos antibióticos (Jacoby, 2009). Actualmente se conocen más de 1000 enzimas, de entre ellas son de especial importancia las betalactamasas AmpC localizadas en bacterias gram negativas, su principal característica es hidrolizar a cefalosporinas de primera, segunda y hasta tercera generación, incluidas las cefamicinas (cefexitina y cefotaxime) e incluso también pueden llegar a afectar a las penicilinas con inhibidores de las betalactamasas como es la amoxicilina con ácido clavulánico y sulbactam sin embargo, las  $\beta$ -lactamasas AmpC son ineficaces ante las cefalosporinas de cuarta generación (cefepime, cefpirome) y a los carbapenémicos (Navarro *et al.*, 2011). Las bacterias que la presentan, tienen un complejo sistema molecular regulador, relacionado con el reciclaje del péptidoglucano. El proceso inicia cuando los productos de la degradación de la pared celular (1,6 anhidromuropéptidos) ingresan al citoplasma bacteriano a través

de una permeasa transmembranal denominada ampG, (codificada por el gen *ampG*) los productos de la degradación actúan como promotores o inductores del gen *ampR*, cuando este gen se une a los 1,6 anhidromuropéptidos se induce la transcripción del gen *ampC*, lo que originará la formación de la enzima AmpC. Por otra parte, cuando existe la disociación del 1,6 anhidromuropéptido en 1,6 anhidromurámico y péptidos por medio de la enzima AmpD (codificada por el gen *ampD*) presente en el citoplasma bacteriano, los péptidos son procesados en tripéptidos los cuales son reusados para formar el precursor de la pared celular formando el UDP-N-acetilmuramilpentapéptido, el cual se une al gen *ampR* bloqueando la transcripción del gen *ampC* (Martínez *et al.*, 2009; Jacoby, 2009; Tamma *et al.*, 2019). En *E. coli* la expresión del gen *ampC* en el cromosoma bacteriano es muy baja debido a la ausencia del gen regulador *ampR*. Sin embargo, se ha visto que este mismo microorganismo puede expresar en mayor cantidad esta betalactamasas por medio de la adquisición de plásmidos. El primer reporte sobre la aparición de ellas en aves de corral fue en Europa en el año 2000, (Briñas *et al.*, 2003). Además se ha reportado que casi al mismo tiempo fueron presentándose más casos en otras partes del mundo en animales de producción. Por su parte, la información de la presencia de las betalactamasas AmpC en humanos también es reportada mundialmente, en su mayoría se han aislado de entornos hospitalarios como por ejemplo en Canadá se realizó un estudio en el año 2005 a partir de heces fecales que portaban *E. coli*, se notó que la presencia de estas betalactamasas estaba presente en un 0.8%. Posteriormente otro trabajo realizado en el mismo país arrojó que esta prevalencia había aumentado a 30.5% (Muvley *et al.*, 2005). Por otro lado Taiwán en un estudio multicentrico llevado a cabo en el 2003 reportó que *Escherichia coli* portaba la AmpC plasmidica en un 43.6% (Yan *et al.*, 2006). Otro trabajo realizado en España indicó que 66.6% de las muestras de *E. coli* analizadas eran positivas a este tipo de enzimas (Briñas *et al.*, 2005). Se destaca que la enzima más predominante y aislada de los anteriores estudios fue CMY.

El gen *bla<sub>CMY</sub>* es el más representativo dentro las AmpC y cuenta con una distribución mundial. Diversos reportes consideran que las aves de corral y la

carne procedente de ellas son un reservorio importante de este gen mediado por plásmidos, los cuales son capaces de transmitirse a diversas especies bacterianas. Este mismo gen se ha aislado en otros animales destinados al consumo humano como es el caso de cerdos y bovinos, varios estudios realizados entre 2002 a 2009 ha reportado que dicho gen estaba asociado a las enterobacterias como *E. coli* y *Salmonella spp* cuyos porcentajes oscilaban entre 0.01% a 88.5% (Manoharan *et al.*, 2012). Una de las hipótesis más investigadas es la posibilidad de transferir la resistencia bacteriana por medio de productos de origen animal a la población humana a través del consumo de carne contaminada con microorganismos portadores de genes de resistencia. Se ha descrito que *E. coli* puede colonizar el intestino del humano y transmitir dichos genes a otros microorganismos pertenecientes a la microbiota intestinal lo que traería consigo la pérdida en la eficacia de los antimicrobianos (Catry *et al.*, 2003; Maamar *et al.*, 2016).

En México existen pocas investigaciones sobre el gen *bla<sub>CMY</sub>*, incluida su prevalencia, por lo cual se decidió realizar la identificación de este gen en muestras de canales de pollo obtenidas de rastros, supermercados y mercados públicos.

### Objetivo general

Identificar por medio de PCR la presencia del gen *bla<sub>CMY</sub>* productor de  $\beta$ -lactamasas, de cepas de *Escherichia coli* obtenidas en el año 2012 a partir de canales de pollo en diferentes establecimientos del país.

### Objetivos particulares

Reidentificación de la bacteria *Escherichia coli* por medio de pruebas bioquímicas.

Realización de la técnica de PCR para la detección del gen *bla<sub>CMY</sub>* en las muestras aisladas de carne de pollo.

## Hipótesis

El gen *bla<sub>CMY</sub>* está presente en las cepas de *Escherichia coli* en plantas de procesamiento, supermercados y mercados públicos en diferentes estados de la República Mexicana.

## Material y Métodos

### Cepas de *Escherichia coli*

Se utilizó una colección de 95 cepas bacterianas de *E. coli* conservadas en medio Dorset, obtenidas a partir de un muestreo realizado a canales de pollo. Las regiones de la República Mexicana donde se muestreó y sus respectivos establecimientos se muestran en el Cuadro 1.

Las cepas con las que se trabajaron forman parte del cepario del laboratorio de diagnóstico e investigación en enfermedades de las aves del Departamento de Medicina y Zootecnia de las aves perteneciente a la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia (FMVZ) de la UNAM.

### Recuperación de cepas

Las cepas conservadas en medio Dorset se sembraron por estría cruzada en medio McConkey, se incubaron por 24 horas a 37 °C, pasado el tiempo de incubación se seleccionaron aquellas que tuvieron morfotipo colonial lactosa positivo, característico de *E. coli* y se tomaron las colonias más aisladas para resembrarlas en medio McConkey y se incubaron por 24 horas a 37 °C para obtener biomasa bacteriana.

A partir de este último cultivo se realizó la confirmación de la identidad bacteriana, mediante las pruebas bioquímicas de Agar Triple Azúcar Hierro (TSI), citrato de Simmons, urea de Christensen, Agar Lisina Hierro (LIA) y el Agar Sulfuro Indol Movilidad (SIM).

## Extracción de ADN bacteriano

Para la obtención del templado de ADN se empleó la técnica descrita por (Jhonson y Brown, 1996) con algunas modificaciones. Brevemente, se tomaron las colonias bacterianas del medio TSI, se inocularon en el caldo Luria y se incubaron a 37 °C por 18 horas, se centrifugaron en una microcentrifuga a 13,000 RPM, se recuperó la pastilla y se agregaron 200µL de agua estéril para homogenizar, las muestras se calentaron a una temperatura de 100 °C por 10 minutos con un termobloque, después de ello se volvió a centrifugar bajo las mismas condiciones, y por último, se obtuvo el ADN del sobrenadante del tubo el cual se conservó a una temperatura de -20°C, hasta su uso en la técnica de PCR.

## Identificación del gen *bla<sub>CMY</sub>* mediante PCR

Para la determinación del gen *bla<sub>CMY</sub>* se empleó la técnica de PCR en punto final, cada mezcla de la reacción se preparó con los siguientes elementos: Buffer 2.5µl, MgCl<sub>2</sub> 0.75µl, 0.5µl DNTPs, 0.125 taq polimerasa. Posteriormente se agregaron 0.75µl de los iniciadores, los cuales fueron descritos por Q. Li *et al.*, (2007) y fueron: F: GACAGCCTCTTTCTCCACA R: TGGAACGAAGGCTACGTA. Los controles usados en este trabajo se tomaron de un estudio hecho por Domínguez, (2015).

Las etapas, tiempos y temperaturas al momento de procesar las muestras para la realización del PCR fueron las siguientes: Inicio: 94°C/12min Desnaturalización: 94°C/30seg Alineamiento: 61.8°C/30seg Extensión: 72°C/2min y Elongación: 72°C/5min.

El producto de amplificación se evidenció mediante una electroforesis en gel de agarosa al 1.5% a 90 volts por 40 minutos. Se usó un marcador de tamaño molecular VC 1kb (Vivantis), posteriormente se tiñó con MAESTROSAFE™ y se observó en el transiluminador; si el producto de la amplificación presentó fluorescencia se tomó como una muestra positiva. Como se muestra en la figura 1.

## Resultados

### Identificación de las cepas de *E. coli*

De las 95 cepas trabajadas, 93 crecieron en agar McConckey y se confirmó la identidad de *Escherichia coli* mediante las pruebas bioquímicas.

### Identificación del gen *bla*<sub>CMY</sub>

De las 93 muestras 8 resultaron positivas a la presencia del gen *bla*<sub>CMY</sub> (8.60%). Una muestra provenía de un rastro en el estado de Querétaro, cuatro muestras eran de supermercados de las siguientes partes del país: Tuxtla Gutiérrez, Chiapas, Tlaxcala y San Martín Texmelucan, Puebla y por último tres muestras fueron positivas cuyo origen era de mercados públicos de los siguientes estados: San Martín Texmelucan, Puebla y Tlaxcala. En tanto que en Ciudad de México y Tehuacán, Puebla no hubo ninguna muestra positiva. Como se muestra en la figura 2.

En el cuadro 2 se describen las partes de la República Mexicana donde se encontraron las muestras positivas

## Discusión

La emergencia de bacterias resistentes a los agentes antimicrobianos se ha convertido en un problema de impacto para la salud pública. La identificación de betalactamasas AmpC codificadas por el gen *bla<sub>CMY</sub>* en pacientes humanos de hospitales ha generado la hipótesis de que su posible forma de transmisión sea a partir de los alimentos de origen animal, ya que se ha planteado que los animales de producción pueden llegar a convertirse en un reservorio de *Escherchia coli* portadora del gen *bla<sub>CMY</sub>*, el cual podría propagarse a la bacterias presentes en la microbiota intestinal humana a través de plásmidos. (Liebana *et al.*, 2013).

El objetivo de este trabajo fue determinar la presencia del gen *bla<sub>CMY</sub>* en cepas de *Escherchia coli* obtenidas de canales de pollo en tres tipos de establecimientos en el año 2012. Las prevalencias obtenidas en el presente estudio fueron: 1.07% en rastro, 4.23% en supermercado y 3.22% en mercados públicos, dichos resultados fueron menores en comparación con lo reportado en Colombia (Castellanos *et al.*, 2017) donde se encontró este gen con prevalencias de 58% en rastro y 80% en establecimientos de comercialización de Colombia, estos resultados probablemente se relacionan con las tendencias en el uso constante de antibióticos dentro de la producción avícola colombiana (Arenas y Moreno, 2018); en contraste, algunos países europeos como Finlandia, que ha dejado de usar antibióticos desde el año 2009 en los animales de producción, ha reportado una prevalencia del gen *bla<sub>CMY</sub>* del 4.4% en canales de pollo, este resultado se atribuye posiblemente a que ese país importa aves reproductoras provenientes de lugares donde probablemente hagan un uso constante de los antibióticos y posiblemente estas aves puedan albergar a *E. coli* portadora de este gen (Päivärinta *et al.*, 2016).

Los resultados de la prevalencia de *E. coli* con el gen *bla<sub>CMY</sub>* es muy variable una muestra de ello fue en rastro, donde se halló una cepa positiva (1.07%) muy similar a un estudio en Nigeria (1.8%) (Ejikeugwu *et al* 2021) y estos resultados contrastan con aquellos reportados en Etiopia y Corea del Norte con hallazgos del

65.1% y 50%, respectivamente (Yohanes *et al.*, 2017; Wei *et al.*, 2021). Esta amplia variación de resultados podría estar relacionada a que, las aves provenientes de granjas puedan ser portadoras al gen o bien a un inadecuado procesamiento dentro del lugar, ya que una mala higiene al momento del procesamiento avícola sea un factor que pueda contaminar las canales (Trongjit *et al.*, 2016). Sin embargo, en el presente trabajo no se logró identificar el origen de la cepa, es decir si venía de granja o se adquirió en rastro, por lo que se recomendaría en estudios posteriores realizar un investigación de trazabilidad con cepas de *E coli* en aves vivas antes de ser procesadas y después de ello, para determinar en qué punto se da la contaminación.

Por otro parte, otro posible factor que pueda contribuir a la contaminación de las canales esté relacionado con la presencia de cepas de *E. coli* con este mismo gen de resistencia presentes en el interior de las plantas de procesamiento, debido a fallas en la limpieza que puedan permitir la formación de biopelículas (Gregova *et al.*, 2012).

Un estudio reciente realizado en Corea reportó que en el interior de los rastros avícolas puede existir la posibilidad de la transmisión de genes de resistencia entre bacterias por medio de la conjugación bacteriana. Asimismo, se mencionó que el gen *bla<sub>CMY</sub>* fue capaz de propagarse de una cepa de *Escherichia coli* portadora a otra cepa receptora que no contaba con este gen, La persistencia de esta bacteria con plásmidos conjugativos dentro del entorno de las plantas de procesamiento puede tener importancia en el mantenimiento de la resistencia a antibióticos como las cefalosporinas, se plantea que el origen sean, posiblemente, los trabajadores que realicen una manipulación las canales de pollo (Wei *et al.*, 2021).

Existe relación entre una higiene insuficiente, especialmente en el lavado de manos por parte del personal que labora en plantas de procesamiento, con la contaminación cruzada con cepas resistentes a las canales de pollo, este factor sumado con el antecedente de la práctica de automedicación por parte de los

mismos trabajadores pudiesen lograr una fluctuación de cepas resistentes (Aworh *et al* 2021).

En el caso de los supermercados, 4.23% de las muestras analizadas en el presente estudio positivas al gen *bla*<sub>CMY</sub> de cuatro supermercados, este porcentaje coincide con un estudio de Puebla, donde se encontró un 5.5% de cepas aisladas con este gen (Villa *et al.*, 2003). Y en Sudamérica con prevalencia de 4.6% (Egervärn *et al.*, 2013), aunque, como en el caso de los rastros, en los supermercados los valores de prevalencia son muy variables, ya que en países europeos como Alemania, Dinamarca y Finlandia se han reportado resultados de 32.14%, 15% y 11.11% respectivamente y aún más altas como en Estados Unidos donde llegó a 85% (Doi *et al*, 2010).

Del total de las muestras analizadas en el presente estudio; 3.22% fueron positivas al gen *bla*<sub>CMY</sub> aisladas a partir de tres mercados públicos, lo que coincidió con mercados públicos de Vietnam con 3% (Sary *et al.*, 2009), en contraste con el estudio de Villa *et al.*, (2003), donde encontraron cepas positivas del gen *bla*<sub>CMY</sub> en mercados de Puebla con un resultado de 33.3%, sin embargo, existen otros trabajos en Perú, Corea y Turquía donde las cepas positivas fluctúan entre 6.2%, 8% y 12% respectivamente (Roldán *et al.*, 2008; Seo *et al.*, 2018; Pehlivanlar *et al.*, 2015).

La presencia de cepas positivas al gen *bla*<sub>CMY</sub> de *E. coli* en los puntos de venta (supermercados y mercados públicos) podrían estar relacionadas con una contaminación del producto por las mismas personas que manipulan las canales (Sheikh *et al.*, 2012) o del medio ambiente. Se ha demostrado que la combinación de todos estos factores favorece la proliferación y supervivencia de agentes microbianos, lo cual posiblemente ocasionaría una contaminación cruzada directamente en las canales de pollo. Del mismo modo, se notó que la presencia del gen *bla*<sub>CMY</sub> fue mayor en supermercados que en mercados públicos, lo que también podría asociarse a que el manejo en las canales así como el tiempo de anaquel sean factores asociados, es decir que una mala práctica de manufactura dentro de estos establecimientos pueda contribuir al mismo riesgo, en

comparación a los productos que se venden en el mercado ya que en este establecimiento normalmente los productos se adquieren en su totalidad.

Adicionalmente, no se puede descartar que un factor de contaminación dentro de los tres lugares muestreados sea la fuente de agua para lavar las manos y los utensilios ya que en muchos casos las personas encargadas usaban la misma agua para limpiar y en consecuencia tenían el triple de riesgo de ocasionar una contaminación cruzada en comparación de los que usaban agua del grifo. (Aliyu *et al.*, 2016).

Por otro lado en nuestro país existen pocos estudios sobre la prevalencia de este gen, por ejemplo, en el Estado de México se reportó que *Escherichia coli* portadora del gen *bla<sub>CMY</sub>* con una prevalencia similar a la obtenida en el presente estudio (1.2%), aunque el muestreo fue realizado en canales bovinas (Montes de Oca *et al* 2015).

Actualmente, la implementación de producciones de pollo de engorda libre de antibióticos (NAE) podría considerar que las aves ya no sean un reservorio de bacterias con genes de resistencia a antimicrobianos, se han comparado muestras de pollo entero de un mercado cuya procedencia era de un sistema convencional contra muestras cloacales de aves criadas sin antibióticos y muestras fecales de los vendedores del pollo adquirido en los mercados, se informó que la prevalencia de la resistencia a los antibióticos fue menor en el sistema NAE, se hace mención que en los sistemas de tipo convencionales hubo aislamientos de bacterias con genes de resistencia, contrariamente, los genes de resistencia de *E. coli* provenientes de los vendedores, no tenían coincidencia con los genes encontrados en pollo que vendían (Murray *et al* 2021). En el presente estudio no se trabajó con productos procedentes de sistemas NAE, por lo que sería importante realizar un estudio en canales de pollo que provengan de estos lugares y ver la posibilidad de que la enzima CMY pueda reducirse.

Existe evidencia de investigaciones que demuestran la similitud de plásmidos de cepas provenientes de pollo y humano, que sugieren que hubo una transferencia

de genes *bla<sub>CMY</sub>* (Voets *et al.*, 2013; Berg *et al.*, 2017), sin embargo, tampoco se puede descartar que la contaminación haya sido en sentido opuesto, es decir de humano hacia las canales de aves por una inadecuada manipulación del producto.

La presencia de cepas positivas a betalactamasas en canales de pollo no necesariamente esté relacionada a la administración de antibióticos en los animales de producción, pues no se puede descartar que las cepas encontradas sean de origen humano, ya que también se ha reportado un uso innecesario de estas sustancias en medicina humana. En México se mencionó la presencia del gen *bla<sub>CMY</sub>* (4.5%) en aislamientos de *Escherichia coli* resistentes a cefalosporinas de niños que presentaban comorbilidades acompañadas de infecciones secundarias, se tiene el antecedente que todos estos pacientes habían recibido un tratamiento prolongado de cefalosporinas de tercera generación (Vieyra *et al* 2020). En otro trabajo reciente se recabó información de hospitales de países como China, Estados Unidos, Italia y Corea del Sur en los cuales se señala que existió un exceso en el uso de antibióticos en humanos como tratamiento para el virus SARS-CoV-2 y que tres de cada cuatro pacientes con dicha enfermedad recibieron algún antibiótico de manera innecesaria (Langford *et al.*, 2021).

## Conclusión

El gen *bla<sub>CMY</sub>* se encontró en todos los puntos muestreados (rastros, supermercado y mercado público) sin embargo, la presencia del mismo gen fue baja. Sería importante realizar un estudio con las cepas actuales para ver cómo ha evolucionado la presencia de dicho gen entre las cepas de *E. coli* en las canales de pollo en la actualidad.

## Referencia

1. Secretaria de Agricultura y Desarrollo Rural [SADER] (2021). Disponible en: <https://www.gob.mx/agricultura/prensa/sector-avicola-estrategico-en-las-metas-de-autosuficiencia-alimentaria-en-el-pais-agricultura?idiom=es>.
2. Juárez, M. A., Ávila, G. E., Carmona, M. J., et al. (2018). *Introducción a la zootecnia de la gallina y pollo*. (1ª ed.) México: UNAM.
3. Arenas, H. A., Mora, F. S. García, M R. et al. (2010) Caracterización de consumidores de carne de pollo en la Zona Metropolitana del Valle de México. *Revista de Geografía Agrícola*, (45), 49-56.
4. Benklaouz, B. M., Aggad, H. y Benanmeur Q. (2020). Resistencia a múltiples antibióticos de primera línea entre *Escherchia coli* de aves de corral en el oeste de Argelia. *Mundo veterinario*, 13 (2), 290-295.
5. Flores, T. G., Herrera, R. A. (2005). Enfermedades transmitidas por alimentos y PCR: prevención y diagnóstico. *Salud pública Méx.*; 47(5), 388-390.
6. López, A., Burgos, T., Mejía, R. (2018). Contaminación microbiológica de la carne de pollo en 43 supermercados de El Salvador. *Revista alerta*, 1(2), 46-51.
7. Castañeda Serrano María del Pilar, Braña Varela Diego, Rosario Cortes Cecilia, Martínez Valdés Wendy. (2013) *Calidad Microbiológica de la Carne de Pollo*, (1ª ed.), México: UNAM.
8. Vásquez, J. M., Tasayco, W. R. (2020). Presencia de patógenos en carne cruda de en centros de expendio, Huánuco Perú: una problemática en salud. *Diario de Investigación Social de la Selva Andina*, 11(2), 130-141.
9. Gyles, C. L., Faithbrother, J. M. (2010). *Patogénesis de infecciones bacterianas en los animales* (4ª ed.); Iowa: Wiley-Blackwell.
10. Kathayat, D., Lokesh, D., Ranjit, S. y Rajashekara, G. (2021). *Escherichia coli* patógena aviar (APEC): una descripción general de los factores de virulencia y

patogenia, el potencial zoonótico y las estrategias de control. *Patógenos (Basilea, Suiza)*; 10 (4), 467.

11. Mosquito, S., Ruíz, J., Bauer J. L., Mecanismos moleculares de resistencia antibiótica en *Escherichia coli* asociadas con diarrea, *Revista Médica Perú exp salud pública*, 28(4), 648-656.

12. Munita, J.M. y Arias, CA (2016). Mecanismos de resistencia a los antibióticos. *Espectro de microbiología*, 4 (2), 457-468.

13. Organización Mundial de la Salud (2014). Reporte global de la vigilancia de la resistencia a los antibióticos. Disponible en: <https://apps.who.int/mediacentre/news/releases/2014/amr-report/es/index.html>.

14. Carvajal, B E., Hernández, A. W., Torres, C. M., López, V. D. (2019). Resistencia antimicrobiana de cepas de *Escherichia coli* aisladas de contenidos de bolsa de Fabricio de aves para engorde, *Revista de Investigación Veterinaria Perú*, 30(1), 430-437.

15. Cota R. E., Ayala, H. L., Pérez, M. E., Jurado A. L. (2014). Resistencia a antibióticos de cepas bacterianas aisladas de animales destinados para el consumo humano. *Revista Iberoamericana de Ciencias*, 1(1), 75-85.

16. OMS (2020) ¿Qué es la resistencia a los antimicrobianos? Disponible en: <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/antimicrobial-resistance>

17. Apata, D. F. (2009). Resistencia a los antibióticos en la avicultura. *Diario Internacional de Ciencias de Avicultura*, 8(4), 404-408.

18. Catry, B. H., Caenvens, L. A., Devriese K. D. A. (2003) Resistencia a los antibióticos en el ganado, *Diario Veterinario de Terapia Farmacológica*, 26(1), 81-93.

19. Maamar, E., Hammami, S., Alonso, C., Dakhli N., *et al.* (2016). Alta prevalencia de *Escherichia coli* productora de betalactamasas AmpC plasmídica y de espectro

extendido en aves de corral de Túnez, *Revista Internacional de Microbiología de los Alimentos*, 231: 69-75.

20. Sánchez, B. P., Muñoz, M. R., Gutiérrez, M. N. (2012). Resistencia bacteriana a los antibióticos: mecanismos de resistencia, *Revista Spei Domus*, 8(17), 31-37.

21. Jacoby, G. A. (2009) Betalactamasas AmpC. *Revista Clínica Microbiológica*, 22(1), 161-182.

22. Navarro, F., Calvo, J., Cantón, R., Cuenca, F. F., Mirelis, B. (2011). Detección fenotípica de mecanismos de resistencia en microorganismo gramnegativos. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 29(7), 524-534.

23. Martínez, R. D. (2009). Betalactamasas tipo AmpC: generalidades y métodos para la detección fenotípica. *Revista Social Venezuela microbiología*, 29(2), 78-83.

24. Tamma, D. P., Yohei, D. B., Robert, A., Jhonson, J. K., Simmer, J. P. (2019). Introducción a las  $\beta$ - lactamasas AmpC: conocimientos necesarios para un mundo cada vez más resistente a múltiples fármacos. *Enfermedades Infecciosas Clínicas* 69(8): 1446-1455.

25. Briñas, L., Moreno, M.A., Zarazaga, M., Porrero, C., Sáenz, et al. (2003). Detección de betalactamasas CMY-2, CTX-M-14 y SHV-12 en aislados de muestras fecales de *Escherichia coli* de pollos sanos. *Agentes Antimicrobianos y Quimioterapia*, 47 (6), 2056–2058.

26. Muvley, R. M., Bryce, E., Boy, A. D., Agostini, O. M. (2005) Caracterización de *Escherichia coli* resistente a cefoxitina de hospitales canadienses. *Revista Americana de Microbiología*; 49(1): 358-365.

27. Yan, J.J., Hsueh, P.R., Lu, J.J., Chang, F.Y., Shyr J.M., et al. (2006) Betalactamasas de Espectro extendido y mediadas por plásmidos AmpC entre aislados clínicos de *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* provenientes de siete centros médicos en Taiwán. *Agentes Antimicrobianos y Quimioterapéuticos*, 50, 1861-4.

28. Briñas, L., Lantero M., de Diego, I., Álvarez, M. (2005). Mecanismos de Resistencia a Cefalosporinas de Espectro Expandido en aislamientos de *Escherchia coli* recuperados de un hospital español. *Diario de Quimioterapia Microbiana*, 56(6), 1107-1110.
29. Manoharan, A., Sugamar M., Kumar A., Hepzibah J. (2012). Caracterización Fenotípica y Molecular de  $\beta$ -lactamasas AmpC entre *Escherichia coli*, *Klebsiella* spp y *Enterobacter* spp de cinco centros médicos indios. *Diario de Investigación Médica India*, 135(3), 359-354.
30. Smet, A., Martel, A., Persons, D., Dewulf, J. (2010). B- lactamasas de Amplio Espectro entre enterobacterias de origen animal: aspectos moleculares, movilidad e impacto en la salud pública. *Revisiones Microbiológicas FEMS*, 34(3), 295-316.
31. Jhonson, J.R., Brown, J.J. (1996). Un nuevo ensayo de reacción en cadena de la polimerasa con cebado múltiple para la identificación de genes papG variantes que codifican las adhesinas PapG de unión a Gal (alfa 1-4) Gal de *Escherichia coli*. *El diario de las Enfermedades Infecciosas*, 920-926.
32. Q., Li., Sherwood, J.S y Logue, C.M. (2007) Caracterización de *Escherichia coli* resistente a los antimicrobianos aislada de canales de bisonte procesadas. *Revista de Microbiología Aplicada* 103, 2361-2369.
33. Domínguez, V.P. (2015). Presencia de  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido (ESBL) en cepas de *Escherichia coli* aisladas de carne de pollo provenientes de rastro, supermercados y mercados públicos. Tesis de licenciatura. Universidad Nacional Autónoma de México, Ciudad de México, México.
34. Liébana, A., Coque, T. Hasman, H. Magiorakos, A. Dik, et al. (2013) Riesgos para la salud pública de aislados de enterobacterias que producen  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido o  $\beta$ -lactamasas AmpC en alimentos y animales productores de alimentos: una perspectiva de la UE sobre epidemiología, métodos analíticos, factores de riesgo y opciones de control. *Enfermedades Clínicas Infecciosas*, 56 (7), 1030–1037.

35. Castellanos, L. R., Godoy, D. P., León, M., Clavijo, V., Arévalo, A., et al. (2017). Alta heterogeneidad de *Escherichia coli* y tipos de secuencia que albergan genes BLEE/AmpC en plásmidos IncI1 de una cadena avícola en Colombia, *PLOS ONE*, 12 (1), 1-15.
36. Arenas, E., Moreno, N. V. (2018) Producción Pecuaria y Emergencia de Antibiótico resistencia en Colombia: Revisión Sistemática, *Infectio*; 22(2) 110-119.
37. Päivärinta, M., Pohojola, L., Ahoma-Fredriksson M., Heikinheimo, A. (2016). Baja incidencia de  $\beta$ - lactamasa de Espectro Extendido de *Escherichia coli* en animales productores de alimentos en Finlandia, *Salud Pública y zoonosis*, 63, 624- 631.
38. Ejikeugwu, C., Nworie, O., Saki, M., Ezeador, C., et al. (2020). Genes Metalo- $\beta$ -lactamasa y AmpC en *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* y aislamientos de *Pseudomonas aeruginosa* de un matadero de origen avícola en Nigeria. *Microbiología BMC*, 21(124), 3-9.
39. Yohannes, E. Reta, D., Abdi, S. Tikuye, Y., Desiye, T. T., Bezina, A. E. Gebremeskel, M. W. (2017). Determinación molecular de la resistencia a los antimicrobianos en *Escherichia coli* aislado de carne cruda en Addis Abeba y Bishoftu, Etiopía. *Anales de Microbiología Clínica y Antimicrobianos*, 16 (55), 450-469.
40. Wei B., Shang, K., Cha Se, Y., Zhang, J.F., Jang, H. K., Kang, Min. (2021). Resistencia a las cefalosporinas en personas genéticamente diversas de *Escherichia coli* espectro extendido mediado por plásmido conjugativo, de un matadero de pollos. *Animales*, 11, 3-12.
41. Trongjit, S., Angkittitrakul, S., Chuanchuen, R. (2016). Ocurrencia y características moleculares de resistencia a antimicrobianos de *Escherichia coli* de pollos de engorde, cerdos y carne de productos en las provincias de Tailandia y Camboya. *Microbiología e Inmunología*, 60, 575–585.

42. Gregova, G., Kmetova, M., Kmet, V., Venglovsky J., Feher, A. (2012). Resistencia a antibióticos de *Escherichia coli* aislado de un matadero de aves de corral. *Anales de Agricultura y Medicina Ambiental*, 19 (1), 75-77.
43. Aworh, M.K., Abiodun-Adewusi, O., Mba, N. et al. (2021). Prevalencia y factores de riesgo para el transporte fecal de *Escherichia coli* multirresistente entre trabajadores de mataderos. *Informe Científico*, 11, 13362.
44. Villa, B. E., Cortes, G., Zarain, L. P., et al. (2018). Caracterización de espectro extendido Y CMY-2 betalactamasas y genes de virulencia asociados a *Escherichia coli* de alimentos de origen animal en México. *Diario Británico de Alimentos*; 120(7), 1457-1473.
- 45 Egervärn, M., Börjesson, S., Byfors, S., Finn, M., Kaibe, C., Englund, S. y Lindblad, M. (2014) *Escherichia coli* con betalactamasas de espectro extendido o betalactamasas AmpC transferibles y Salmonella en carne importada a Suecia. *Revista Internacional de Microbiología de los Alimentos*, 171, 8–14.
46. Doi, Y., D. L., Paterson, P., Pascual, A., López, L., Navarro, M. D., Adams-Haduch, J. M, Qureshi, Z. A, Sidjabat, H. E., Rodríguez-Bano, J. (2010). *Escherichia coli* productora de  $\beta$ -lactamasa de espectro extendido y tipo CMY en muestras clínicas y carne al por menor de Pittsburgh, EE. UU. Y Sevilla, España. *Microbiología Clínica e Infecciosa*, 16(1), 33-38.
- 47 Sary, K., Morris, F., John, A., Maud L., Boulianne, M. (2019). Perfiles de genes de virulencia y resistencia a los antimicrobianos entre los aislados de *Escherichia coli* de canales de pollos minoristas en Vietnam. *Patógenos y Enfermedades Transmitidas por los Alimentos*, 16 (4), 3-9.
48. Roldan, R.L., Puchol, M. S., Gomes C., et al. (2018) Presencia de Enterobacteriaceae y *Escherichia coli* multirresistente a antimicrobianos en carne adquirida en mercados tradicionales en Lima. *Rev. Perú. Med. Exp. Salud Pública*, 35(3), 425-432.

49. Seo, K.W., Kim, Y.B., Jeon, H.Y., Lim, S.-K., Lee, Y.J. (2018). Caracterización genética comparativa de *Escherichia coli* resistente a cefalosporinas de tercera generación a partir de carne de pollo producida por operaciones integradas de pollos de engorde en Corea del Sur. *Ciencia de la Avicultura*, 97 (8), 2871–2879.
50. Pehlivanlar, Ö., S., Aslantaş, Ö., Şebnem Yılmaz, E. y Kürekci, C. (2015) Prevalencia de *Escherichia coli* productora de  $\beta$ -lactamasa en la carne al por menor en Turquía. *Revista de ciencia de los alimentos*, 80 (9), 2023–2029. Doi:
51. Sheikh, A. A., Checkley, S., Avery, B. (2012) Resistencia antimicrobiana y genes de resistencia en *Escherichia coli* aislada de establecimientos de venta minorista, comprada en Alberta, Canadá. *Enfermedades y Patogénesis Transmitidas por los Alimentos*; 9(7), 625-631.
52. Aliyu, A.B., Saleha, A.A., Jalila, A. y Zunita, Z. (2016). (Factores de riesgo y distribución espacial de la *Escherichia coli* productora de  $\beta$ -lactamasa de espectro extendido en los mercados minoristas de carne de aves de corral en Malasia: un estudio transversal. *BMC salud pública*, 16, 699.
53. Aguilar-Montes de Oca S., Talavera, R.M, Soriano,-V. E., Barba, L. J., Vázquez, N. J. (2015). Determinación de Betalactamasas de Espectro Extendido y mediadas por plásmidos en aislamientos de *Escherichia coli* obtenidas de canales bovinas. *Producción de Animales del Trópico*, 47(5), 975-981.
54. Murray, M., Salvatierra, G., Dávila, A., Ayzanoa, B., Castillo C., Huang M., (2021). Comercializar pollos como fuente de *Escherichia coli* resistente a antibióticos en una comunidad periurbana de Lima, Perú. *Parte delantera. Microbiol*, 2:635871. Doi: 10.3389/fmicb.2021.635871.
55. Voets, M. Guido, F. C., Schariinga, J., et al. (2013). Genes y tipos de plásmidos idénticos del plásmido AmpC beta-lactamasa en *E. coli* de pacientes y carne de aves de corral en los Países Bajos. *Diario Internacional de Microbiología Alimentaria*, 167(2), 359-362.

56. Berg, E.S., Wester, A.L., Ahrenfeldt, J., Mo, S.S., Sletteameås, J.S., Steinbakk, M. Sunde, M. (2017). Los pacientes noruegos y la carne de pollo al por menor comparten los plásmidos de *Escherichia coli* resistente a cefalosporinas e IncK / bla CMY-2. *Microbiología Clínica e Infección*, 23 (6), 1-17.
57. Mérida, V., De Colsa-Ranero, J., Calderón, C .A. Y. *et al.* (2020). Detección de betalactamasas tipo CMY en aislamientos de *Escherichia coli* de pacientes pediátricos en un hospital de tercer nivel en México. *Antimicrob Resist Infect Control*, 9, 168.
58. Langford, B.J., So, M., Raybardhan, S., Leung, V., Soucy, J.R., Westwood, D, Daneman, N., MacFadden, D.R. (2021). Prescripción de antibióticos en pacientes con COVID-19: revisión rápida y metanálisis. *Clin Microbiol Infect*, 27 (4), 520-531.

## Cuadros

Cuadro 1: Lugar de origen de las cepas de *E. coli* positivas al gen *bla<sub>CMY</sub>* con sus respectivos establecimientos

	Tuxtla Gutiérrez, Chiapas	San Martín Texmelucan, Puebla	Tlaxcala, Tlaxcala	Querétaro, Querétaro	Ciudad de México	Tehuacán, Puebla
Rastro	7	0	0	11	0	7
Supermercado	7	10	7	8	3	3
Mercado público	4	11	7	2	8	0
Total	18	21	14	21	11	10

Cuadro 2: Distribución de las cepas de *E. coli* positivas al gen *bla<sub>CMY</sub>* de acuerdo con su origen

	Querétaro, Querétaro	Tuxtla Gutiérrez, Chiapas	San Martín Texmelucan, Puebla	Tlaxcala, Tlaxcala	Ciudad de México	Tehuacán, Puebla
Rastro	1					
Supermercado a		1				
Supermercado b			1			
Supermercado c			1			
Supermercado d				1		
Mercado público e			1			
Mercado público f				1		
Mercado público g				1		

## Figuras

Figura 1: Gel de electroforesis del producto de amplificación del gen *bla*<sub>CMY</sub> mediante PCR en punto final. Carril 1: marcador molecular de 1kb. Carril 2-4 y 6-8: muestras negativas. Carril 5: muestra positiva del gen *bla*<sub>CMY</sub>. Carril 9: control positivo. Carril 10: control negativo. Carril 11: vacío.

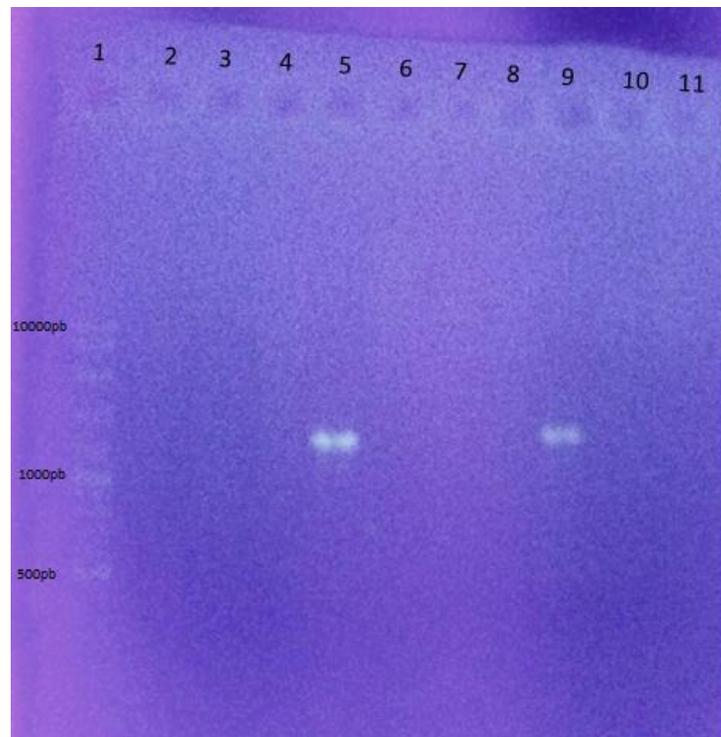


Figura 2: Gráfica de la cepas de *E. coli* positivas al gen *bla*<sub>CMY</sub> distribuidas por el tipo de establecimiento con sus respectivas prevalencias

