



FICHA TÉCNICA DE PROYECTOS

Nombre del proyecto:	Secuenciación de genoma completo (WGS) y descripción genotípica de <i>Salmonella</i> y <i>Escherichia coli</i> BLEE de origen animal y alimentario en Ecuador.
Investigador (es) principal (es)	Christian Vinueza
Investigador (es) asociado (s)	David Ortega, José Luis Medina, Sofía de Janon, María Ishida.
Organismo Financiador	New York State Department of Agriculture and Markets
Monto de Financiamiento:	135.000 USD
Fecha de Inicio:	Septiembre de 2020
Fecha de Finalización:	Septiembre de 2022
Instituciones participantes:	• UNIETAR. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Universidad Central del Ecuador. • New York State Department of Agriculture and Markets.
Códigos:	UCE: 11E-2020
Objetivos generales:	Investigar y describir genotípicamente las resistencias antimicrobianas y los perfiles genéticos de <i>Salmonella</i> y <i>E. coli</i> aislados en la producción avícola e infecciones del tracto urinario de origen comunitario en Quito-Ecuador.
Antecedentes:	Las infecciones causadas por serotipos no tifoideos de <i>Salmonella entérica</i> son un problema de salud pública a nivel mundial. No obstante, existen más de 2500 serotipos con potencial de ser patógenos en seres humanos. Investigaciones previas en Latinoamérica y Ecuador han reportado a <i>Salmonella entérica</i> serovar Infantis como un serotipo de emergente importancia. Este serotipo ha sido reportado como causa de infecciones en habitantes locales y viajeros que visitan estos países. Por otro lado, los antibióticos usados en avicultura pueden fomentar el surgimiento y selección cepas de <i>Salmonella</i> resistentes. Esto presenta un problema de salud pública cuando estas cepas alcanzan al consumidor, especialmente en países en vías de desarrollo donde el mal uso de antibióticos y vacíos en cuanto a su legislación y control es un problema que todavía debe ser solventado. En este marco se hace necesario conocer y comprender los diferentes componentes génicos presentes en las poblaciones de <i>Salmonella</i> en el contexto ecuatoriano, a fin de buscar o desarrollar medidas para su tratamiento y control. Por otra parte, <i>Escherichia coli</i> uropatogénica (UPEC) representa un grave problema de salud pública. Es la mayor causa de infecciones en el tracto urinario (ITU) adquiridas en hospitales y en la comunidad. UPEC afecta a 150 millones de personas cada año a nivel mundial. Un reservorio de estas cepas es la industria avícola. Se ha reportado que el 95% de muestras fecales de pollo en la provincia de Pichincha presentan <i>E. coli</i> resistente a las cefalosporinas de tercera generación (C3G). Este tipo de antibióticos son de elección para las infecciones urogenitales en los hospitales de Quito, especialmente porque existe una alta prevalencia de resistencia a las fluorquinolonas. Por estos motivos es urgente conocer la

	epidemiología molecular de bacterias resistentes a cefalosporinas y así poder generar un planteamiento para preservar la vida útil de estos antibióticos.
Productos:	Artículos científicos • Medina-Santana J, Ortega-Paredes D, de Janon S, Burnett E, Ishida M, Saunders B, Stevens M, Vinueza-Burgos C. (2022). Investigating the dynamics of <i>Salmonella</i> contamination in integrated poultry companies using a whole genome sequencing approach. Poultry Science 101:101611. doi.org/10.1016/j.psj.2021.101611 • Calero-Cáceres W, Villacís J, Ishida M, Burnett E, Vinueza-Burgos C. (2020). Whole-Genome Sequencing of <i>Salmonella enterica</i> Serovar Infantis and Kentucky Isolates Obtained from Layer Poultry Farms in Ecuador. Microbiol Resour Announc. 9:28–31. doi:10.1128/mra.00091-20 Tesis • Acurio, S. (2023). Análisis del entorno génico de β-lactamasas de espectro extendido (BLEE) y tipo AmpC plasmidiales en <i>Escherichia coli</i> resistentes a colistina asiladas en Quito-Ecuador. • Medina, J. (2022). Investigating the dynamics of <i>Salmonella</i> contamination in integrated poultry companies using a Whole Genome Sequencing approach. Pósters • Medina-Santana, J., Ortega-Paredes, D., de Janon, S., Burnett, E., Ishida, M., Sauders, B., Stevens, M., Vinueza-Burgos, C. (2022). Wole Genome Sequencing as a Tool to Understand the Epidemiology of <i>Salmonella</i> in Integrated Poutry Companies. World's Poultry Congress. París, Francia.