



FICHA TÉCNICA DE PROYECTOS

Nombre del proyecto:	Identificación de la diversidad de serovares de <i>Salmonella</i> en una explotación avícola intensiva mediante la técnica CRISPR- SeroSeq.
Investigador (es) principal (es)	Christian Vinueza
Investigador (es) asociado (s)	Cristina Logacho, José Luis Medina, Sofía de Janon, Evelyn Benavides, Harrison Carrera, Michaela Vega.
Organismo Financiador	Fondos externos provenientes de convenio con empresa privada Department of Population Health of College of Veterinary Medicine at University of Georgia
Monto de Financiamiento:	Empresa privada: 10.500 USD Department of Population Health of College of Veterinary Medicine at University of Georgia: 2.000 USD
Fecha de Inicio:	Junio de 2023
Fecha de Finalización:	Marzo de 2025
Instituciones participantes:	<ul style="list-style-type: none">• UNIETAR. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Universidad Central del Ecuador.
Códigos:	FMVZ-COIF-2023-01
Objetivos generales:	Identificar la diversidad de serotipos que se encuentran presentes en las operaciones de una integración avícola en relación con la localización de las granjas y al tiempo de crianza.
Resumen:	<i>Salmonella enterica</i> es la principal causa bacteriana de enfermedades transmitidas por los alimentos a nivel mundial y está representada por más de 2600 serovares distintos. La vigilancia actual para este patógeno está limitada por la detección de los serovares más abundantes, debido a los enfoques basados en cultivo que se utilizan. Así, los serovares patógenos que están presentes en menores proporciones permanecen sin ser detectados bajo los protocolos internacionales de aislamiento. Mediante el uso de las diferencias específicas en las matrices CRISPR de <i>Salmonella</i> spp., es posible la aplicación de una herramienta basada en secuenciación de ADN que permite identificar múltiples serovares en una sola muestra. En el presente estudio se busca analizar la diversidad de serotipos de <i>Salmonella</i> en las operaciones productivas de una integración avícola industrializada. Los resultados pueden tener un impacto significativo en la comprensión de la ecología de este patógeno con respecto al riesgo zoonótico y la salud pública.
Productos planificados:	<ul style="list-style-type: none">• Base de datos con prevalencia, diversidad de serotipos, fenotipos de resistencia a los antibióticos y determinantes genéticos de resistencia a antibióticos.• Publicación en una revista indexada en WEB OF SCIENCE y SCOPUS.• Resumen ejecutivo para autoridades de salud animal y público en general.