



FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES Y MATEMÁTICA

CUANTIFICACIÓN DE ESCHERICHIA COLI Y SALMONELLA SPP. Y ANÁLISIS
DE LA CARGA DE RESISTENCIA ANTIMICROBIANA EN CARNE DE POLLO EN
MERCADOS VECINALES DE LIMA METROPOLITANA

Línea de investigación:
Genética, bioquímica y biotecnología

Tesis para optar el Título Profesional de Licenciada en Biología

Autora

Desposorio Vicente, Daniel Alejandro

Asesor

Nolasco Cárdenas, Oscar Patricio

ORCID: 0000-0002-5672-5516

Jurado

Sáez Flores, Gloria María

Tumi Calisaya, Milagro Liscely

Candia Sulca, Elena

Lima - Perú

2025



CUANTIFICACIÓN DE ESCHERICHIA COLI Y SALMONELLA SPP. Y ANÁLISIS DE LA CARGA DE RESISTENCIA ANTIMICROBIANA EN CARNE DE POLLO EN MERCADOS VECINALES DE LIMA METROPOLITANA

INFORME DE ORIGINALIDAD

19%

INDICE DE SIMILITUD

17%

FUENTES DE INTERNET

8%

PUBLICACIONES

4%

TRABAJOS DEL ESTUDIANTE

FUENTES PRIMARIAS

1	hdl.handle.net Fuente de Internet	3%
2	repositorio.unal.edu.co Fuente de Internet	1%
3	repositorio.unap.edu.pe Fuente de Internet	1%
4	repositorio.uta.edu.ec Fuente de Internet	<1%
5	Submitted to Universidad Europea de Madrid Trabajo del estudiante	<1%
6	Diego Miguel Dasí Camaró. "Estudio del agua como fuente de entrada y dispersión de determinantes de resistencia a antibióticos al medio ambiente en el área metropolitana de Valencia y alrededores", Universitat Politecnica de Valencia, 2024 Publicación	<1%



Universidad Nacional
Federico Villarreal

VRIN | VICERRECTORADO
DE INVESTIGACIÓN

FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES Y MATEMÁTICA

**CUANTIFICACIÓN DE *ESCHERICHIA COLI* Y *SALMONELLA SPP.* Y
ANÁLISIS DE LA CARGA DE RESISTENCIA ANTIMICROBIANA EN
CARNE DE POLLO EN MERCADOS VECINALES DE LIMA
METROPOLITANA**

Línea de investigación:

Genética y Biología Molecular

Tesis para optar el Título Profesional de Licenciado en Biología

Autor:

Desposorio Vicente, Daniel Alejandro

Asesor:

Nolasco Cárdenas, Oscar Patricio

(ORCID: 0000-0002-5672-5516)

Jurado:

Sáez Flores, Gloria María

Tumi Calisaya, Milagro Liscely

Candia Sulca, Elena

Lima-Perú
2025

DEDICATORIA

Este trabajo va dedicado a Nerida, Rossmery y Liliana, quienes siempre me brindaron su apoyo y ánimo durante mi formación universitaria, y porque siempre me impulsaron a seguir adelante, a no rendirme y a alcanzar mis metas.

AGRADECIMIENTOS

Principalmente a Dios, por culminar con éxito mi carrera.

A mi mamá y a mi hermana, por su amor, apoyo constante y por creer siempre en mí.

Agradezco a mi asesor Dr. Oscar Nolasco por ser mi guía en este camino de elaboración y desarrollo de la tesis, así como por sus enseñanzas a lo largo de mi formación universitaria.

Al Blgo. Juan, jefe del laboratorio de Enfermedades Intrahospitalarias del Instituto Nacional de Salud (INS), por su apoyo incondicional en mi trabajo de investigación así como al equipo del laboratorio: Kevin, Eva y Evelyn; quienes estuvieron siempre dispuestos a enseñarme y orientarme en las técnicas microbiológicas relacionadas con la resistencia bacteriana.

A la Blga Diana Arenas, por creer en mí y abrirme las puertas para crecer profesionalmente.

A mis amigos de carrera: Catalina, Pedro, Ingrid, Jean Paul y Agustín, por su amistad y apoyo, deseándoles el mayor de los éxitos en sus respectivas carreras profesionales.

Finalmente, a todos los docentes y personas que me brindaron su apoyo a lo largo de mi formación profesional.

ÍNDICE

Resumen.....	x
Abstract.....	xi
I. INTRODUCCIÓN.....	1
1.1 Descripción y formulación del problema.....	3
1.2 Antecedentes.....	6
1.3 Objetivos.....	11
1.3.1. Objetivo General.....	11
1.3.2. Objetivos Específicos.....	11
1.4 Justificación.....	12
1.5 Hipótesis.....	14
II. MARCO TEÓRICO.....	15
2.1 Resistencia a los antimicrobianos.....	15
2.2.1. Tipo de resistencia.....	16
2.1.1.1. Resistencia Intrínseca.....	16
2.1.1.2. Resistencia adquirida.....	16
2.1.1.3. Resistencia transmisible.....	16
2.2.2. Mecanismos de resistencia bacteriana.....	16
2.1.2.1. Horizontal.....	17
A. Transformación.....	17
B. Conjugación.....	17

C. Transducción.....	17
2.1.2.2. Vertical.....	17
2.2.3. Resistencia de los antibióticos en estudio	18
2.2.3.1. Betalactámicos	18
2.2.3.2. Aminoglucósidos	18
2.2 Métodos actuales de identificación de resistencia bacteriana	18
2.2.1. Microbiología convencional.....	18
2.2.2. Biología molecular	19
2.2.2.1. PCR en tiempo real	19
2.3 Enfoque “Una Salud”	20
2.4 Vigilancia epidemiológica.....	21
2.5 Uso de antibióticos en animales	22
III. MÉTODO	23
3.1 Tipo de investigación	23
3.2 Ámbito temporal y espacial.....	23
3.3 Variables.....	23
3.4 Población y muestra	24
3.4.1. Población	24
3.4.2. Muestra	24
3.5 Instrumentos	25
3.5.1. Recolección de muestras	25

3.5.2. Etapa experimental	25
3.6 Procedimiento.....	26
3.6.1. Cuantificación de bacterias	26
3.6.1.1. Construcción de la curva estándar.	26
A. Preparación del inóculo y conteo de UFC de las bacterias en estudio.....	26
B. Extracción y dilución del ADN.....	27
C. Reacción de PCR en tiempo real	27
3.6.1.2. Extracción de ADN total de la carcasa de pollo	27
A. Reacción de PCR en tiempo real	28
3.6.2. Detección de Genes de Resistencia.....	28
3.7 Análisis de datos.....	30
3.8 Consideraciones éticas	30
IV. RESULTADOS	31
4.1 Descripción general de las muestras	31
4.1.1. Características descriptivas de las muestras.....	31
4.2 Cuantificación de carga bacteriana por PCR en tiempo real.....	32
4.2.1. Determinación de curva estándar	32
4.2.1.1. Curva estándar para la población bacteriana total	32
4.2.1.2. Curva estándar para <i>Escherichia coli</i> O157:H7 y <i>Salmonella enterica</i> ATCC 13076.....	33
4.2.2. Determinación de la carga bacteriana en los mercados “ <i>Los Incas</i> ” y “ <i>Año</i> <i>Nuevo</i> ”	35

4.2.2.1.	Cuantificación de la carga bacteriana	35
4.2.2.2.	Validación de especificidad mediante temperatura de disociación (T _m)	37
4.3	Cuantificación de genes de resistencia antimicrobiana.....	38
4.3.1.	Abundancia relativa de genes RAM en los mercados “ <i>Los Incas</i> ” y “ <i>Año Nuevo</i> ”	38
4.3.1.1.	Cuantificación de abundancia relativa	38
4.3.1.2.	Validación de especificidad mediante temperatura de disociación	41
4.4	Análisis relacional de carga bacteriana y genes de resistencia antimicrobiana	42
4.4.1.	Correlación entre carga bacteriana y abundancia relativa de genes RAM.....	42
4.4.2.	Distribución de genes de resistencia en las carcasas de pollo	44
V.	DISCUSIÓN DE RESULTADOS.....	45
VI.	CONCLUSIONES.....	52
VII.	RECOMENDACIONES	53
VIII.	REFERENCIAS.....	54
IX.	ANEXOS	65

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1 Clasificación de variables empleadas en este estudio.....	23
Tabla 2 Primers de identificación de especie bacteriana	29
Tabla 3 Primers de genes de resistencia antimicrobiana.....	29
Tabla 4 Cuantificación absoluta de la carga bacteriana total	36
Tabla 5 Cuantificación absoluta de la carga bacteriana de <i>Escherichia coli</i> O157:H7	36
Tabla 6 Cuantificación absoluta de la carga bacteriana de <i>Salmonella enterica</i> spp	37
Tabla 7 Cuantificación de la abundancia relativa del gen <i>blaCTX-M</i>	39
Tabla 8 Cuantificación de la abundancia relativa del gen <i>blaTEM</i>	39
Tabla 9 Cuantificación de la abundancia relativa del gen <i>srtA</i>	40
Tabla 10 Coeficientes de correlación de Pearson de la carga de <i>Escherichia coli</i> O157:H7 y la abundancia relativa de cada gen evaluado en las carcasas de pollo del Mercado “ <i>Los Incas</i> ”	43
Tabla 11 Coeficientes de correlación de Pearson de la carga de <i>Escherichia coli</i> O157:H7 y la abundancia relativa de cada gen evaluado en las carcasas de pollo del Mercado “ <i>Año Nuevo</i> ”	43

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1 Factores que contribuyen a la resistencia a los antibióticos en el marco de Una Salud	20
Figura 2 Frecuencia de características organolépticas en las carcasas de pollo por mercados vecinales.....	31
Figura 3 Curva estándar para la cuantificación absoluta de la población bacteriana	33
Figura 4 Curva estándar para la cuantificación absoluta de <i>Escherichia coli</i> O157:H7	34
Figura 5 Curva estándar para la cuantificación absoluta de <i>Salmonella enterica</i> ATCC 13076	34
Figura 6 Curva de disociación (Melting Curve) de qPCR para la especificidad del producto amplificado	37
Figura 7 Comparación de la abundancia relativa de genes de resistencia en carcasas de pollo en los mercados “ <i>Los Incas</i> ” y “ <i>Año Nuevo</i> ”	40
Figura 8 Curva de disociación (Melting Curve) de qPCR para la especificidad del producto amplificado	41
Figura 9 Perfil de abundancia relativa de genes de resistencia antimicrobiana en carcasas de pollo	44

RESUMEN

Objetivo: El presente estudio aborda la resistencia a los antimicrobianos (RAM) como una amenaza creciente para la salud pública, evaluando el rol de la carne de pollo como posible vehículo de diseminación de patógenos bacterianos y genes de resistencia, con el objetivo de determinar la asociación entre la carga bacteriana y la abundancia génica relativa. **Método:** Se analizaron molecularmente 28 carcasas de pollo de dos mercados de Lima Metropolitana (“*Los Incas*”, n=13 y “*Año Nuevo*”, n=15) mediante qPCR con SYBR Green, para detectar *Escherichia coli* O157:H7, *Salmonella* spp. y los genes de resistencia *blaCTX-M*, *blaTEM* y *strA*. **Resultados:** La carga bacteriana total fue mayor en “*Los Incas*” (5.062 log UFC/ml) frente a “*Año Nuevo*” (3.875 log UFC/ml). *E. coli* O157:H7 se detectó en 76.9% y 86.6% de las muestras, con cargas promedio de 1.676 y 1.251 log UFC/ml, respectivamente. *Salmonella* spp. se identificó en el 15.4% y 13.3% de las muestras, con cargas ≤ 0.93 log UFC/ml. La abundancia relativa de *blaCTX-M* y *blaTEM* mostró mayor dispersión en “*Año Nuevo*”, mientras que *strA* fue más homogénea. Se halló una correlación positiva y significativa entre la carga de *E. coli* y la abundancia de genes RAM, más fuerte en “*Los Incas*” ($r = 0.904$ a 0.945) y moderada-alta en “*Año Nuevo*” ($r = 0.794$ a 0.920). **Conclusiones:** Los resultados respaldan la qPCR como herramienta sensible para vigilancia sanitaria y evidencian una correlación significativa entre *E. coli* y los genes de resistencia, destacando la importancia del enfoque Una Salud.

Palabras clave: resistencia antimicrobiana, carne de pollo, qPCR, patógenos bacterianos, genes de resistencia.

ABSTRACT

Objective: The present study addresses antimicrobial resistance (AMR) as a growing threat to public health, evaluating the role of chicken meat as a possible vehicle for the dissemination of bacterial pathogens and resistance genes, with the aim of determining the association between bacterial load and relative gene abundance. **Methods:** Twenty-eight chicken carcasses from two markets in Metropolitan Lima (“*Los Incas*” n=13 and “*Año Nuevo*” n=15) were molecularly analyzed by qPCR with SYBR Green, to detect *Escherichia coli* O157:H7, *Salmonella* spp. and the resistance genes *blaCTX-M*, *blaTEM* and *strA*. **Results:** The total bacterial load was higher in “*Los Incas*” (5.06 log CFU/ml) versus “*Año Nuevo*” (3.87 log CFU/ml). *E. coli* O157:H7 was detected in 76.9% and 86.6% of the samples, with average loads of 1,676 and 1,251 log CFU/ml, respectively. *Salmonella* spp. was identified in 15.4% and 13.3% of the samples, with loads ≤ 0.93 log CFU/ml. The relative abundance of *blaCTX-M* and *blaTEM* showed greater dispersion in “*Año Nuevo*”, while *strA* was more homogeneous. A positive and significant correlation was found between *E. coli* load and RAM gene abundance, stronger in “*Los Incas*” ($r = 0.904$ to 0.945) and moderate-high in “*Año Nuevo*” ($r = 0.794$ to 0.920). **Conclusions:** The results support qPCR as a sensitive tool for sanitary surveillance and show a significant correlation between *E. coli* and resistance genes, highlighting the importance of the One Health approach.

Keywords: antimicrobial resistance, chicken meat, qPCR, bacterial pathogens, resistance genes.

I. INTRODUCCIÓN

La expansión constante de microorganismos con resistencia a los antimicrobianos (RAM) no solo representa un problema complejo en el ámbito clínico, sino también una amenaza creciente para la salud pública a nivel mundial, con implicancias tanto en humanos como en animales. Diversos estudios han demostrado que la presencia de bacterias resistentes en humanos, animales, alimentos y el medio ambiente favorece la diseminación de genes de resistencia entre los distintos ecosistemas ecológicos interrelacionados (Mouiche et al., 2019).

En las últimas décadas, Li et al. (2022) han documentado un incremento significativo en la presencia de bacterias resistentes a antimicrobianos en productos alimenticios derivados de animales. La carne, junto con sus derivados, constituye una fuente esencial de proteínas, vitaminas y minerales en la dieta humana, han generado una alta demanda (Rocchetti et al., 2022). Según The World Counts (2025) prevé que su consumo aumente a nivel mundial, alcanzando entre 460 y 570 millones de toneladas por año para el 2025.

Además del aumento sostenido en la demanda de carne, el uso no regulado de antimicrobianos en animales- ya sea con fines terapéuticos o como promotores de crecimiento-, empleados principalmente en países de ingresos bajos y medianos, plantea altos niveles de resistencia bacteriana que deben ser abordados bajo el enfoque de Una Salud (Medina-Pizzali et al., 2021).

Este enfoque promueve la implementación de políticas, normativas y diversas acciones para una gestión responsable del uso de antimicrobianos, con el fin de frenar el avance de la resistencia a estos fármacos. En este contexto, se hace imprescindible establecer sistemas de vigilancia que ayuden a rastrear cómo la resistencia a los antimicrobianos se propaga entre personas, animales, plantas y su entorno natural (Baquero et al., 2019).

En los últimos años, se ha evidenciado un incremento considerable en la presencia de bacterias resistentes a antimicrobianos en alimentos de origen animal, como la carne y sus

derivados (Verraes et al., 2013). Esta situación representa un riesgo directo para la salud humana, ya que el consumo de estos productos puede facilitar la exposición a microorganismos resistentes, principalmente como consecuencias del uso indiscriminado de antimicrobianos en el sector ganadero.

La transferencia de bacterias RAM desde productos alimenticios de origen animal hacia el ser humano, ya sea por el consumo de alimentos contaminados o por procesos de contaminación durante la manipulación y comercialización, plantea un serio problema de seguridad alimentaria. Estudios recientes confirman la hipótesis de que las bacterias transmitidas por los alimentos transfieren genes de resistencia a la microbiota intestinal humana (Cao et al., 2022).

Ante este escenario, el papel de la vigilancia epidemiológica, mediante la detección de patógenos resistentes a los antimicrobianos, impulsa al desarrollo de técnicas de detección prácticas, rápida y sensible a patógenos transmitidos por alimentos. En este sentido, métodos moleculares como la PCR cuantitativa en tiempo real (qPCR), que posibilita la identificación de microorganismos patógenos en alimentos, así como sus genes de resistencia, sin la necesidad del aislamiento e identificación por microbiología convencional, que a menudo demanda mucho trabajo y tiempo (Chapela et al., 2015). Además, la qPCR permite cuantificar estos patógenos, lo cual representa una alternativa valiosa para fortalecer los sistemas de monitoreo en seguridad alimentaria.

Ante la necesidad de implementar métodos más sensibles y rápidos, este trabajo propone aplicar la técnica de qPCR para evaluar la presencia de bacterias y genes asociados a resistencia antimicrobiana en carcasas de pollo. El objetivo no es solo identificar estos agentes, sino también dilucidar posibles asociaciones entre patógenos bacterianos causantes de Enfermedades Transmitidas por Alimentos (ETA), como *Escherichia coli* O157:H7, *Salmonella* spp., y la cantidad relativa de genes de resistencia bacteriana. Con ello, se espera

aportar evidencias que ayuden a entender cómo los alimentos pueden convertirse en vehículos de transmisión de resistencia antimicrobiana hacia los seres humanos.

1.1 Descripción y formulación del problema

Un factor poco explorado en el desarrollo de la resistencia antimicrobiana es el manejo desregulado de antibióticos en la producción agropecuaria, es decir, animales y sus productos derivados que son destinados al consumo humano (Berman et al., 2023).

En el ámbito de la producción animal, los antibióticos pueden aplicarse como tratamiento profiláctico ante diversas enfermedades y/o prevención. Asimismo, algunos de estos compuestos, clasificados como promotores de crecimiento (APC) que aceleran el desarrollo de los animales en periodos más cortos. Entre estos, destacan la ampicilina, la amoxicilina y la estreptomina, los cuales están autorizados para su uso en aves según lo dispuesto en la Norma Técnica Sanitaria N.º 120-MINSA/DIGESA-V.01, aprobada mediante la Resolución Ministerial N.º 372-2016-MINSA. El uso continuado o subterapéutico de estos antibióticos favorece la selección de bacterias resistentes, comúnmente asociadas a genes como *bla_TEM* y *bla_CTX-M* (relacionados con resistencia a β -lactámicos) y *strA* (vinculado a resistencia a aminoglucósidos como la estreptomina).

Debido a la alta demanda de productos cárnicos destinados para la alimentación humana, estos APC han sido utilizados de manera indiscriminada, lo que ha propiciado, progresivamente, el desarrollo de resistencia antimicrobiana dentro del microbiota animal. (Boeckel et al., 2015).

A diferencia de lo establecido en Europa y Estados Unidos, donde está prohibido emplear promotores de crecimiento en animales de consumo, la normativa peruana presenta vacíos legales o falta de claridad sobre su uso. No se ha establecido un marco regulatorio que prohíba su uso, sino regulaciones específicas en los sistemas de producción, como el Límite Máximo de Residuos (LMR) de medicamentos veterinarios. Hasta la fecha, se registra la ley

de inocuidad de los alimentos Resolución N°372-2016-MINSA que controla la autorización y distribución de medicamentos veterinarios en concordancia con los lineamientos del Codex Alimentarius adoptados por el Ministerio de Salud del Perú (MINSA); sin embargo, esta regulación presenta brechas que permiten a las industrias y/o personas con criaderos de animales que puedan administrar APC de manera indiscriminada para aumentar su producción, reflejada en ganancia de peso y rendimiento productivo. Esta situación se observa con mayor frecuencia en el sector avícola, dado que el pollo constituye la principal fuente de proteína animal en la alimentación de los peruanos. Según el Ministerio de Desarrollo Agrario y Riego durante el año 2023 se registró un consumo promedio de 52 kilogramos de carne de pollo por persona (Ministerio de Desarrollo Agrario y Riego [MIDAGRI], 2024).

La comercialización de pollos “frescos” en sus diversas formas de expendio, sumada a las prácticas de producción y manipulación en los mercados locales, representa un riesgo elevado de contaminación bacteriana. Este riesgo se intensifica tanto en mercados cerrados- aquellos que operan dentro de un local establecido- como en mercados abiertos o ambulantes, donde la carne permanece expuesta en la vía pública, favoreciendo la contaminación cruzada de manera exacerbada. Además, el problema se agrava cuando los animales son portadores de bacterias resistentes, favorecidos por el uso excesivo de antimicrobianos durante su crianza y/o desarrollo.

Si bien existen regulaciones sobre el uso de APC, la falta de una prohibición específica sigue representando un factor de riesgo para la seguridad alimentaria. Este riesgo no se limita únicamente a la presencia de bacterias patógenas resistentes, sino que se agrava por la posibilidad de diseminación de genes que confieren resistencia a los antimicrobianos. Cada vez que se utilizan antimicrobianos en el ámbito agropecuario, se genera una presión selectiva que favorece la persistencia y multiplicación de las cepas bacterianas capaces de resistir su acción.

Estos genes de RAM, presentes tanto en bacterias patógenas y comensales, pueden transferirse a lo largo de la cadena alimentaria, alcanzando eventualmente a los seres humanos mediante el consumo de productos cárnicos contaminados. Desde esta perspectiva, el enfoque “Una Salud” subraya la estrecha relación entre la salud de las personas, los animales y el medio ambiente, señalando que el uso inadecuado de antibióticos tiene repercusiones que trascienden el ámbito veterinario, impactando también en la salud pública y en los ecosistemas (Conceição et al., 2023).

Además, varios estudios moleculares han evidenciado la presencia de genes de resistencia en muestras de carne de pollo, lo que genera preocupación debido a que estos genes no solo se encuentran en bacterias patógenas, sino también en bacterias comensales, que actúan como reservorios de resistencia bacteriana y facilitan su diseminación a través de la transferencia horizontal (Monte et al., 2017).

Ante el incremento de la resistencia a los antibióticos en los sectores —humano, animal y ambiental— surge la necesidad de investigar cómo los genes asociados a esta resistencia pueden estar presentes en alimentos de alta rotación como el pollo, ampliamente consumido por la población peruana. Por lo tanto, se plantea la identificación de patógenos bacterianos como *Escherichia coli* O157:H7 y *Salmonella spp.*, así como detectar genes de resistencia antimicrobiana mediante técnicas moleculares más precisas y eficientes, como la PCR cuantitativa en tiempo real (qPCR). Esta herramienta permite identificar de manera precisa y simultánea tanto los patógenos como los genes de resistencia en las carcasas de pollo expandidas en mercados vecinales, facilitando la evaluación de su asociación.

El uso de qPCR ofrece ventajas significativas frente a la microbiología convencional, dado que muchos microorganismos, al presentar baja carga bacteriana, no son cultivables pero mantienen su viabilidad y capacidad de transmisión, representando un riesgo potencial para la salud pública que pasa desapercibido en técnicas convencionales (Ndraha et al., 2023).

Finalmente, este proyecto pretende responder a la pregunta: ¿Cuál es la asociación entre la carga de *Escherichia coli* O157:H7, *Salmonella* spp. y los genes de resistencia en carcasas de pollo, cuantificados mediante qPCR?

1.2 Antecedentes

La resistencia a los antimicrobianos en patógenos representa actualmente una amenaza creciente para la salud pública global. De acuerdo con proyecciones de la Organización Mundial de la Salud (OMS), se estima que para el año 2050 podrían registrarse hasta 10 millones de muertes asociadas a esta problemática, siendo las bacterias gramnegativas las principales responsables de dichos desenlaces (Organización Mundial de la Salud [OMS], 2019).

El uso excesivo de antimicrobianos en animales que son destinados al consumo humano supera ya con creces a los antibióticos que se administran en la medicina humana (Mohsin, y otros, 2019). Se estima que, del 2010 a 2030, el consumo global de antimicrobianos en la producción ganadera aumentará en dos tercios y se duplicará en países con economías de rápido crecimiento (Robinson et al., 2016).

Cabe señalar que varios de los antimicrobianos utilizados en medicina veterinaria también forman parte de la lista elaborada por la OMS, en la que se identifican aquellos considerados de importancia crítica para el tratamiento de enfermedades en humanos (Organización Panamericana de la Salud [OPS], 2022).

Las estrategias para abordar la resistencia antimicrobiana se fundamentan en iniciativas políticas que buscan obtener estimaciones y/o estudios vinculados al uso de antibióticos ya sea a nivel clínico, animal o ambiental. No obstante, en países con economías en desarrollo, estos esfuerzos políticos enfrentan obstáculos debido a la escasez o falta de evidencia relevante a nivel local. Como resultado, las acciones se basan en evidencia proveniente de países con

economías más avanzadas, lo que genera un sesgo en las prioridades y medidas para contener la resistencia antimicrobiana a nivel local (Kakkar et al., 2018).

Actualmente existen marcos regulatorios en toda la Unión Europea (UE) y Estados Unidos (EE.UU) que prohíben el uso de APC, esto no necesariamente implica la disminución del consumo de antibióticos sino ha generado aumentos compensatorios en el uso terapéutico de estos en la producción ganadera (Woolhouse et al., 2015).

Mejia (2018) sostiene que, a comparación de la UE y EE. UU, en el contexto peruano se permite su uso bajo ciertas regulaciones. Sin embargo, esta falta de prohibición específica puede dar lugar al uso inadecuado de estos antibióticos, generando de manera desapercibida la producción de resistencia antimicrobiana en los animales en la industria agropecuaria.

Aunque poco a poco se vienen impulsando normativas de prohibición de estos antibióticos como el descarte del uso de la colistina a nivel veterinario determinado por el Servicio Nacional de Sanidad Agraria del Perú (SENASA) (Andina, 2019); el plan estratégico de contención de RAM sigue siendo ineficiente en el Perú, lo que deja cabida al empleo de los APC y por lo tanto un grave peligro para la seguridad alimentaria.

Además, en el Perú económicamente se encuentra con una población predominante de tipo informal, se reportó para el año 2019 que la población económicamente activa (PEA) se ubica mayoritariamente con un empleo informal, representando el mayor porcentaje con un 32% en la actividad económica “Agropecuario y Pesca” (Instituto Nacional de Estadística e Informática [INEI] , 2018).

Los productos generados por la principal actividad económica de la zona suelen comercializarse en espacios tradicionales como mercados locales, centros de abastos, supermercados, etc. Sin embargo, la informalidad juega un rol importante sobre el tipo de calidad del producto reflejado en las condiciones sanitarias y la falta de regulación de cada mercado vecinal. Esta situación no solo compromete la seguridad alimentaria, sino que

aumenta el riesgo de exposición a los consumidores de productos contaminados, lo que puede resultar en diversos tipos de enfermedades ETA; Defensoría del Pueblo (2020) señaló que durante el periodo 2014-2018, Lima representó el mayor número de brotes de ETA con un alarmante 42% del total nacional.

Los vendedores de pollos o aves de corral, ante la alta demanda, emplean la comercialización de pollos frescos que son criados usualmente en condiciones no aptas y con la intención de maximizar la productividad y el crecimiento, utilizan deliberadamente el uso de APC, lo que conlleva al consumo humano de pollos con alto riesgo potencial de presencia de bacterias patógenas cuyos genes relacionados a los antibióticos pueden presentar una alta carga de resistencia antimicrobiana.

Cortez-Sandoval et al. (2022), realizó un estudio a partir de muestras de carne de pollo (ala y pierna, trozadas al momento de la compra) en mercados de abasto del distrito de Santiago de Surco, Lima, Perú. El análisis microbiológico confirmó la presencia de enterobacterias productoras de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE), entre ellas *Salmonella choleraesuis* y *Escherichia coli*. Estos resultados fueron respaldados por el análisis de susceptibilidad antimicrobiana y la confirmación de los genes responsables mediante PCR convencional.

Lavado (2017) reportó que el grado de contaminación bacteriana de carne de pollo comercializado dependerá del lugar (mercados de abasto, zonales o vecinales- abiertos o cerrados), debido a las inadecuadas prácticas sanitarias en cada centro de venta que involucra no respetar los parámetros establecidos por la norma técnica peruana (NTS 071-MINSA/DIGESA-V.01.). Esta problemática también fue abordada por Espinoza et al. (2021) quien evaluó la calidad microbiológica de carcasas de pollo en seis centros de faenamiento avícola ubicado en Coronel Portillo, Ucayali, Perú. Identificando la presencia de *Escherichia coli* (83.3%) y *Salmonella spp.* (30%). El estudio resaltó que los centros informales presentaron

mayores recuentos bacterianos en comparación con los formales, concluyendo en la necesidad de mejorar la infraestructura, higiene y cumplimiento de normativas sanitarias para garantizar la calidad del producto avícola comercializado.

Lucas et al. (2016) confirmó que las superficies de los puestos de venta de carne de pollo en mercados de abastos en el distrito de San Juan de Miraflores eran una fuente de contaminación con *Escherichia coli* shigatoxigénica (STEC). Se encontró que el 68.3% de las cepas de *E.coli* aisladas eran patogénicas, ya que presentaban al menos uno de los genes evaluados, entre ellos los genes *stx1*, *stx2* y *eaeA*.

Además, en la investigación de Shiori et al. (2013) se encontró que *Escherichia coli* aislada de ganado de producción, mediante la detección de resistencia antimicrobiana, presentaba no solo genes de β -lactamasas como el gen *blaTEM*, sino en la mayoría de los aislados albergaban también genes *strA* como *strB*. Se informó que la estreptomicina (STR) aumenta su resistencia cuando están presentes ambos genes lo que según Boerlin et al. (2005), la asociación entre los genes de virulencia y resistencia antimicrobiana inducen a multiresistencia, siendo responsable de esto la presencia de varios genes de resistencia en un mismo plásmido o elementos móviles.

En un estudio realizado por Zambrano et al. (2013), se evaluó la presencia de *Salmonella spp.* en pollos de engorde procedentes de centros de beneficio no autorizados en Lima, los cuales abastecen directamente a puntos de venta al público. Los resultados revelaron una prevalencia de *Salmonella spp.* del 23.5 % en muestras tomadas de la superficie del ave, y del 32.4 % en hisopados cloacales.

Moawad et al. (2017) reportaron que el 73.3% del total de las muestras aisladas de productos cárnicos correspondieron a *Salmonella spp.*, las cuales presentaban el gen *blaCTX-M* asociado con resistencia de alto nivel para cefotaxima (CTX) afectando también a las demás cefalosporinas de tercera generación (C3G), seguido de la identificación del gen *blaTEM*

asociado con penicilinas y beta-lactámicos de espectro disminuido. Otro estudio de M'ikanatha et al. (2010), identificó la resistencia antimicrobiana en genes de beta-lactamasas lo que sugiere que el pollo podría ser una fuente de salmonelosis multirresistente en humanos ante escasas condiciones de inocuidad alimentaria.

En el estudio realizado por Azinheiro et al. (2020), se desarrolló una nueva metodología basada en SYBR Green qPCR para la detección de *Listeria monocytogenes*, *Salmonella* spp. y *E.coli* O157, con el objetivo de mejorar la detección de patógenos causantes de intoxicaciones alimentarias. El autor destacó que la precisión de sus resultados fue comparable a los de la qPCR basada en sondas.

Suria et al. (2012), analizaron muestras de carne de pollo para la detección de *E.coli* O157:H7 utilizando ADN total y SYBR Green qPCR, empleando un primer del gen *fliC* específico para la identificación de este patógeno. Concluyendo que el método molecular PCR en Tiempo Real posee un gran potencial para la detección y monitoreo de patógenos en muestras alimentarias.

Pakbin et al. (2022) estimaron la prevalencia cuantitativa de *E.coli* O157 en diferentes tipos de muestras: leche cruda, ensalada de verduras, carne picada de res. El mayor nivel de contaminación por *E. coli* O157 se registró en muestras de carne picada, con una concentración de 3.30 ± 0.40 UFC/ml. Además, el estudio subrayó la efectividad del método de PCR cuantitativa en tiempo real, utilizando SYBR Green, destacando su precisión y capacidad de detección.

Tan et al. (2022) analizaron la frecuencia de *Salmonella* spp en productos de pollo y aves de corral procedentes de mercados frescos en diversas ciudades de China. Utilizando ensayos de qPCR en tiempo real, lograron obtener resultados en un periodo de espera más corto. Además, destacaron que, bajo un enfoque molecular, se puede utilizar genes de ADN específicos presentes en *Salmonella*, como el gen de invasión *invA*.

Yang et al. (2022) identificaron, mediante el análisis de qPCR, genes de resistencia antimicrobiana como *aph(3')-III*, *erm* (B), *sul2* y *tet* (W). El estudio tuvo como objetivo cuantificar la abundancia relativa de estos genes en diferentes tipos de muestras, tales como heces de animales, carne (cerdos, pollos de engordes, terneros, pavos), entornos de producción y heces humanas respecto a nueve países europeos. Demostrando así, correlaciones de exposición directa e indirecta de los seres humanos al ganado, animales de compañía o productos derivados de animales que constituyen factores de riesgo conocidos para la adquisición de RAM.

En este contexto, los animales criados para el consumo humano, especialmente en el contexto de la carne de pollo-un alimento de alta demanda en la población peruana-, están expuestos a la contaminación bacteriana, incluyendo cepas resistentes a antimicrobianos con capacidad de transferencia al ser humano. Frente a este escenario, el objetivo de realizar este estudio es evidenciar la detección de patógenos y genes RAM a partir de muestras de pollo utilizando ADN total, contribuyendo así a mejorar la seguridad alimentaria mediante la identificación de posibles patógenos bacterianos mediante qPCR que puedan estar en una baja carga bacteriana.

1.3 Objetivos

1.3.1. Objetivo General

- Describir la asociación entre la carga de bacterias patógenas (*Escherichia coli* O157:H7 y *Salmonella* sp.) y la carga de genes de resistencia a antibióticos en carcasas de pollo en mercados vecinales del distrito de Comas, Lima Metropolitana.

1.3.2. Objetivos Específicos

1. Cuantificar la carga relativa de *Escherichia coli* O157:H7, *Salmonella enterica* spp en la población total bacteriana en carcasas de pollo mediante técnicas de PCR en tiempo real.

2. Determinar la carga relativa de genes de resistencia (como *blaCTX-M*, *blaTEM* y *strA*) en carcasas de pollo mediante PCR tiempo real.
3. Analizar la correlación entre la carga de bacterias en estudio y la presencia de la carga relativa de genes de resistencia antimicrobiana mediante análisis estadístico.

1.4 Justificación

La administración de antibióticos en la industria ganadera, especialmente en especies destinadas al consumo humano como el pollo, ha sido identificado como un factor que favorece la aparición y diseminación de cepas bacterianas resistentes. Los pollos son particularmente afectados por la utilización de antibióticos de la categoría APC debido a su alta demanda en la alimentación humana. En la capital de Lima, se estimó un consumo de 80.5 kg por persona al año, según datos del Ministerio de Agricultura y Riego en el año 2020 (MIDAGRI, 2020).

Este fenómeno converge con tres sectores importantes y de prioridad que es la resistencia antimicrobiana, seguridad alimentaria y la salud pública. Algunas bacterias resistentes tienen la capacidad de transmitir sus genes a otras especies, incluso a aquellas que provocan enfermedades en humanos, lo que incrementa considerablemente el riesgo sanitario. La exposición continua a productos cárnicos contaminados con estas bacterias resistentes puede resultar en infecciones complejas y de difícil tratamiento, con consecuencias graves para quienes las padecen.

En el contexto peruano, la inexistencia de una normativa que prohíba expresamente el uso de promotores de crecimiento en la ganadería, crea una situación preocupante ya que la ausencia de restricciones específicas permite prácticas que puedan contribuir a la proliferación de bacterias resistentes a los antibióticos en las cadenas alimentarias y permitiendo la diseminación de resistencia antimicrobiana. Por ello, resulta fundamental implementar acciones dirigidas a mitigar esta problemática, con el fin de preservar la salud pública y fortalecer la inocuidad de los alimentos.

Para comprender la creciente resistencia bacteriana en las muestras de carne, es fundamental examinar cómo se distribuyen los genes de resistencia, ya sea a través de bacterias patógenas o comensales, que pueden transferirse de los productos avícolas a los seres humanos mediante su consumo o manipulación. La presencia de bacterias comensales dentro del microbiota animal también reviste gran importancia, ya que pueden actuar como reservorios naturales de genes de resistencia. Estas bacterias no patógenas pueden facilitar la transferencia de estos determinantes a otras cepas, incluyendo especies patógenas, lo que favorece su persistencia y propagación en el ambiente.

Este estudio se centrará en evaluar directamente los productos de expendio (carcasas de pollo), cuantificando la presencia de *Escherichia coli* O157:H7 (presente en carnes crudas o contaminadas) y *Salmonella sp*, dos bacterias patógenas de gran preocupación en la seguridad alimentaria. Utilizando técnicas moleculares para determinar la carga de estos patógenos y examinar la abundancia relativa de estos genes de resistencia antimicrobiana en relación con la población bacteriana total.

Este enfoque permitirá no solo identificar la presencia de estas bacterias en estudio, sino también explorar la posible asociación entre la carga relativa de *E. coli* y la abundancia de genes de resistencia. La identificación de una correlación entre estas variables podría sugerir patrones de transmisión o co-ocurrencia de genes de resistencia en las muestras evaluadas.

Así, se explorará cómo los genes de resistencia pueden estar siendo distribuidos a lo largo de la cadena alimentaria, destacando la importancia de comprender tanto la diseminación de patógenos como la dinámica de la resistencia en diferentes poblaciones bacterianas, influenciado por la contaminación y la manipulación durante el proceso de venta de la carne.

Los hallazgos podrán contribuir a respaldar la implementación de regulaciones más rigurosas respecto al uso de antibióticos en la avicultura, así como para promover prácticas más saludables durante la comercialización de carne de pollo.

1.5 Hipótesis

Ho: No existe una asociación significativa entre la frecuencia de bacterias patógenas (*E. coli* y *Salmonella enterica* spp.) y la carga de genes de resistencia a antibióticos en la carne de pollo en mercados vecinales de Lima Metropolitana

Hi: Existe una asociación significativa entre la frecuencia de bacterias patógenas (*E. coli* y *Salmonella enterica* spp.) y la carga de genes de resistencia a antibióticos en la carne de pollo en mercados vecinales de Lima Metropolitana.

II. MARCO TEÓRICO

2.1 Resistencia a los antimicrobianos

La RAM se define como la capacidad de bacterias, virus, hongos y parásitos a tolerar cualquier medicamento (antimicrobiano) empleado para prevenir y tratar infecciones en los seres humanos, los animales y las plantas. Este fenómeno ocurre de manera natural como recurso de supervivencia, debido a modificaciones genéticas, no obstante, la problemática de la RAM radica en la aparición y propagación de patógenos farmacorresistentes que han adquirido nuevos mecanismos de resistencia, caracterizados por ser multirresistentes (OMS, 2019).

Consecuencia de esto, la eficacia de los antimicrobianos se va reduciendo vertiginosamente conforme pasan los años. De hecho, se estima que para el año 2050 las muertes atribuibles a infecciones causadas por bacterias resistentes podrían superar a las asociadas al cáncer.

Estos microbios pueden propagarse entre animales y humanos, ya sea mediante el contacto directo o a través del consumo de alimentos de origen animal, e incluso de persona a persona. Esta diseminación perjudicial puede verse exacerbada debido a un control ineficiente de la infección, condiciones sanitarias incorrectas y la manipulación inadecuada de los alimentos (OPS, 2022). Con relación al tipo de RAM en bacterias, también denominado “resistencia bacteriana”, actualmente el consumo sustancial de antibacterianos se atribuye a la producción animal. Diversos estudios reflejan la conexión entre el uso excesivo de antibióticos en la producción animal y el desarrollo de resistencia en patógenos de importancia médica. (Boeckel et al., 2015)

Dado que, la resistencia antimicrobiana puede darse de manera natural a lo largo del tiempo y/o provocado de manera acelerada por el uso indiscriminado de medicamentos antimicrobianos, se categoriza en dos principales tipos.

2.2.1. Tipo de resistencia

La habilidad que poseen las bacterias para adaptarse a su entorno se manifiesta en la evolución de múltiples estrategias que les permiten resistir la acción de los antibióticos. Esta resistencia, responsable de la reducción de la eficacia del tratamiento, al representar un desafío en la salud pública en el control de las infecciones bacteriana, resulta de gran importancia comprender las diferentes formas de resistencia con el objetivo de implementar estrategias efectivas de tratamiento y control. Por ello, en esta sección se definen los dos tipos de resistencia que pueden presentar estos microorganismos.

2.1.1.1. Resistencia Intrínseca. También denominado *natural* o *primaria*, se presenta en los casos que no hubo contacto previo con el antibiótico. Es una característica que se encuentra presente de manera constitutiva en la especie bacteriana. Por ejemplo, en esta categoría se ubican aquellas bacterias que carecen de diana para un antibiótico como la falta de pared en el *Mycoplasma* y la acción de los betalactámicos (Daza, 1998).

2.1.1.2. Resistencia adquirida. También denominada *secundaria*, se caracteriza por ser variable y conlleva la utilización de un mismo antibiótico como tratamiento a un individuo, esto produce resistencia a causa del antibiótico en la cepa de una especie bacteriana que produce la infección.

2.1.1.3. Resistencia transmisible. Se produce por transferencia de un germen a otro, no necesariamente por el mismo género o especie, por medio de factores extracromosómicos. Esta transferencia es mediada por la acción de los plásmidos confiriendo resistencia a microorganismos.

2.2.2. Mecanismos de resistencia bacteriana

Principalmente se adquiere la resistencia de antibióticos a través de dos mecanismos: la capacidad de adaptación de las bacterias que son cambios genéticos y por medio de la transferencia génica horizontal (Davies y Davies, 2010).

2.1.2.1. Horizontal. La transferencia genética entre bacterias facilita una propagación veloz y generalizada de los genes relacionados con la resistencia. Esta adquisición de nuevo material genético se conoce como “evolución horizontal”, que consta de 3 procesos:

A. Transformación. Fragmentos desnudos de ADN que transportan genes de resistencia antimicrobiana, estos son introducidos e incorporados en el cromosoma de la célula huésped por recombinación y la célula resultante es resistente.

B. Conjugación. A través de los elementos móviles genéticos, el más común denominado plásmido, se encargan de transportar los genes de resistencia antimicrobiana. Ante la proximidad de dos células bacterianas se produce el puente conocido como pili que transfiere la información genética por medio de la copia del plásmido, conllevando que la bacteria exprese la resistencia antimicrobiana codificada en el plásmido.

C. Transducción. Cuando los virus bacterianos (bacteriófagos) se están multiplicando en el citoplasma de una bacteria, la información genética de ADN de plásmidos o cromosomas podrían empacarse en una cápsula viral y entrar en otra célula huésped. De tal manera, estos fragmentos de ADN podrían contener genes de resistencia y así ser traspasados a la nueva célula huésped.

2.1.2.2. Vertical. Este mecanismo se produce durante la reproducción bacteriana, cuando una bacteria madre transfiere genes de resistencia a sus células hijas durante la reproducción asexual, generalmente por fisión binaria. Y ocurre los cambios genéticos que son mutaciones que determinan el paso de evolución de las especies. Usualmente se da por errores que cometen las enzimas, incorporando nucleótidos en el proceso replicativo del DNA. Existen zonas genómicas donde son más frecuentes las mutaciones conocidas como “hotspots” que

afectan a diversos genes. Por ejemplo, Mendoza (2011) reporta que la resistencia a rifampicina se debe a la mutación en el gen de la subunidad b que genera cambios conformacionales en la enzima que impiden la unión con el antibiótico, lo que produce un fenotipo de resistencia al antibiótico.

2.2.3. Resistencia de los antibióticos en estudio

2.1.3.1. Betalactámicos. La resistencia en este grupo de antibióticos se produce por el mecanismo de “hidrólisis enzimática”. Estos compuestos fueron los primeros utilizados para tratar infecciones bacterianas. Su acción se basa en inhibir enzimas como las D-alanil-D-alanincaroipeptidasas, esenciales en la síntesis de la pared celular, lo que conduce a la deformación de las bacterias (filamentación) y, finalmente, a su destrucción mediante lisis. Es ampliamente distribuido la resistencia a los betalactámicos en las bacterias gramnegativas, la prevalencia de este grupo se encuentra en aumento afectando el control de las enfermedades infecciosas y el carecimiento de la asistencia médica.

2.1.3.2. Aminoglucósidos. Principalmente la modificación enzimática de antibióticos es el mecanismo responsable de la resistencia en aminoglucósidos. En este grupo se encuentran la estreptomina, gentamicina, tobramicina, netilmicina, neomicina, amikacina, entre otros; que son empleados contra gérmenes gramnegativos.

2.2 Métodos actuales de identificación de resistencia bacteriana

Para una respuesta articulada de vigilancia de la resistencia a los antimicrobianos se debe realizar de forma continua un monitoreo y evaluación de cada detección y/o mecanismo emergente de resistencia de microorganismos aislados en seres humanos, alimentos, animales, etc. Por ello, se establecen dos principales técnicas de identificación de patógenos y su caracterización de resistencia bacteriana sea a nivel fenotípica y molecular.

2.2.1. Microbiología convencional

Se emplea de forma habitual y rutinaria en laboratorios encargados del aislamiento y caracterización fenotípica de resistencia bacteriana de diversos microorganismos de interés en salud pública.

El método de difusión por disco se emplea para pruebas de susceptibilidad antimicrobiana, considerado como método *gold standar* permitiendo la caracterización de resistencia a los antibióticos a través de las zonas de inhibición (Clinical and Laboratory Standards Institute [CLSI] , 2025) .

2.2.2. Biología molecular

Se ha logrado avances notables a través de la detección molecular para la identificación de patógenos bacterianos y de genes de resistencia antimicrobiana mediante técnicas como PCR convencional, PCR Tiempo Real, NGS, etc.

La caracterización de la resistencia de cada patógeno no solo debe realizarse a través de las técnicas microbiológicas sino confirmar la fenotipificación de resistencia a nivel molecular (Banerjee y Patel, 2022). Por ejemplo, la prueba molecular para el gen *mecA*, se realiza un ensayo de reacción en cadena de polimerasa (PCR) confirmando así, el fenotipo resistente a oxacilina en el caso de los estafilococos.

2.2.2.1. PCR en tiempo real. La técnica de PCR en tiempo real por sus siglas qPCR, conocido como la PCR de segunda generación, permite la detección fluorescente de nucleótidos durante la amplificación. La qPCR es la más empleada para la identificación y cuantificación de ácidos nucleicos. Para su cuantificación sea absoluta o relativa de ácidos nucleicos se basa en los valores de Ct (valor umbral de ciclo) de las muestras, esto ha tenido un amplio uso en análisis científicos en los campos alimentario, agrícolas, médico y ambiental (Park et al., 2021). Por ejemplo Tiffanent et al. (2022) demostraron que la qPCR permitió detectar la presencia de *Pseudomonas aeruginosa* y la abundancia relativa del gen *aadA2*, demostrando la efectividad de la qPCR en la cuantificación de patógenos y genes RAM.

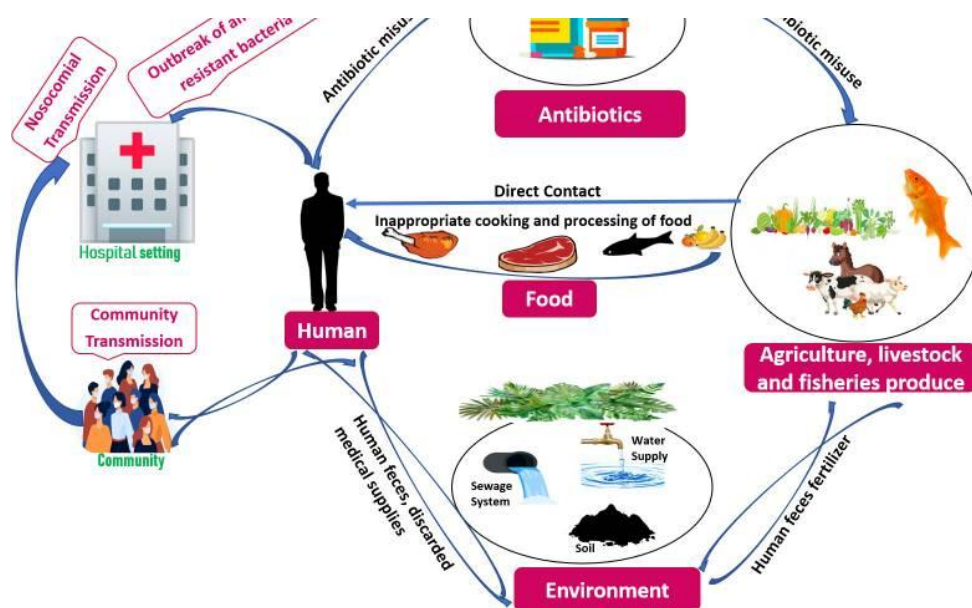
2.3 Enfoque “Una Salud”

De acuerdo con los lineamientos propuestos por la Agenda 2030 de las Naciones Unidas, uno de los objetivos de desarrollo sostenible es garantizar modalidades de consumo y producción sostenible. Este enfoque adopta la necesidad de garantizar la seguridad alimentaria incluye, además de los peligros microbiológicos, la preocupación por las bacterias RAM.

Se han encontrado bacterias resistentes en seres humanos, animales, alimentos y el medio ambiente, lo que lleva a la transmisión de genes de resistencia a través de especies bacterianas y los diferentes sectores ya mencionados (Martak et al., 2024). La estrategia de “Una Salud” es adoptado por la OMS frente a la crisis de la resistencia a los antimicrobianos, funciona a nivel local, nacional y mundial. La fácil propagación de bacterias altamente resistentes desde el sector ambiental a humanos y animales se disemina a través de una variedad de reservorios. (Véase figura 1)

Figura 1

Factores que contribuyen a la resistencia a los antibióticos en el marco de Una Salud



Nota. El esquema representa los diferentes reservorios de resistencia, lo que resulta en la persistencia de genes de resistencia en el medio ambiente. Tomado de *Evolution and implementation of One Health to control the dissemination of antibiotic-resistant bacteria and resistance genes: A review*, por Ahmad et al., 2022, *frontiers in cellular and infection microbiology*, 12

Es por ello, Essack (2018) que sostiene que es necesario estimar la carga de la resistencia a los antibióticos para implementar medidas biológicas, clínicas, de diseño de fármacos, socioconductuales y políticas para combatirla.

2.4 Vigilancia epidemiológica

Se tiene por objetivo proporcionar datos e información para la toma de decisiones que conlleva a los planes nacionales de acción.

En 1996, la OPS y la OMS impulsaron la creación de la Red Latinoamericana para la Vigilancia de la Resistencia a los Antimicrobianos (ReLAVRA). Esta red tiene como objetivo recolectar información confiable sobre los patrones de resistencia en la región, con el propósito de respaldar decisiones estratégicas y fortalecer las políticas de salud pública frente a esta amenaza creciente.

El enfoque “Una Salud” propone una visión integral para el abordaje de la resistencia antimicrobiana, considerando de manera articulada el uso de antibióticos en humanos, animales y el entorno. Este marco facilita la vigilancia coordinada de microorganismos resistentes en alimentos, poblaciones animales y humanas, permitiendo una respuesta más efectiva frente a esta problemática global.

En esta investigación se adopta este enfoque debido que diferentes estudios señalan creciente interés en los análisis ecológicos microbianos de la resistencia a los antimicrobianos por el riesgo potencial asociado con la RAM originada en animales destinados a la alimentación, por lo que microorganismos comensales pueden considerarse grandes

reservorios de genes de RAM aumentando la diseminación por transferencia horizontal, no solo entre comensales sino también a patógenos.

2.5 Uso de antibióticos en animales

Se calcula que alrededor del 80 % de los antibióticos considerados críticos para la salud humana se emplean en la producción animal, ya sea como tratamiento terapéutico o para promover el crecimiento. Este uso excesivo y muchas veces no regulado favorece la aparición y propagación de bacterias resistentes, que pueden llegar a los seres humanos mediante el consumo de alimentos contaminados o por vías ambientales (Boeckel et al., 2015).

La OMS ha sugerido implementar medidas para disminuir progresivamente el uso de antibióticos en animales destinados a la producción de alimentos, con el fin de preservar su eficacia en la medicina humana.

III. MÉTODO

3.1 Tipo de investigación

El diseño de esta investigación es de tipo exploratorio-correlacional porque se busca encontrar una asociación significativa entre las variables estudiadas. Presenta un enfoque cuantitativo, con un diseño no experimental y de corte transversal, al recolectar los datos en un periodo de tiempo definido, según Ruiz-Roldán et al. (2018).

3.2 Ámbito temporal y espacial

La presente investigación se realizó durante el mes de abril de 2024 hasta mayo de 2025 en laboratorio de Bioquímica y Biología molecular de la Facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas de la Universidad Nacional Federico Villareal (UNFV).

3.3 Variables

Las variables en este estudio se esquematizaron en la siguiente tabla:

Tabla 1

Clasificación de variables empleadas en este estudio

Variable	Tipo de Variable	Definición
Tipo de muestra	Variable independiente-cualitativa	Carcasas de pollo procedentes del mercado “Los Incas” y “Año Nuevo”, ubicados en el distrito de Comas, Lima Metropolitana
Carga de gen de resistencia	Variable dependiente-cuantitativa	Es la cuantificación relativa normalizada al gen 16s rRNA mediante qPCR
Carga de bacterias patógenas	Variable independiente-cuantitativa	Es la cuantificación de <i>E.coli</i> y <i>Salmonella enterica sp</i> a partir de la curva estándar mediante qPCR

3.4 Población y muestra

3.4.1. Población

La población de estudio estuvo conformada por las carcasas de pollo expandidas diariamente en los mercados vecinales “*Los Incas*” y “*Año Nuevo*” a partir de puestos seleccionados por representatividad en función al flujo y volumen de venta regular, durante el periodo de el mes de abril de 2024 hasta mayo de 2025.

3.4.2. Muestra

Para la determinación de la muestra, en el marco de un estudio piloto, se empleó la fórmula de muestreo para poblaciones finitas. El cálculo se basó en una cantidad aproximada de carcasas expandidas diariamente en los mercados del distrito de Comas, estimada en 35 carcasas: 15 del mercado “*Los Incas*” y 20 del mercado “*Año Nuevo*”. Esta estimación sirvió como referencia inicial, aunque idealmente debió basarse en un promedio obtenido durante un periodo definido. A partir de ello, se aplicó la siguiente fórmula:

$$n = \frac{N * Z^2(p * q)}{d^2(N - 1) + Z^2(p * q)}$$

Donde:
 N=35
 Z= 1.96
 p= 0.5
 e=0.05

$$n = 31.68$$

Dado que los mercados vecinales se caracterizan por su pequeño volumen de venta, se aplicó un muestreo estratificado proporcional, asignando la muestra en función del tamaño poblacional de cada estrato. Siendo cada establecimiento participante del estudio: mercado “*Los Incas*” y “*Año Nuevo*”.

Por lo cual, la distribución proporcional por estrato viene dada por:

$$n_h = n * \frac{N_h}{N}$$

Donde:
 n_h =Tamaño muestral asignado al estrato
 N= Población total
 N_h = Tamaño población del estrato

La distribución teórica del mercado “*Los Incas*” y “*Año Nuevo*” fue de 13.5 y 18.1, respectivamente. Sin embargo, debido a la disponibilidad de recursos, se logró recolectar un total de 28 carcasas, distribuidas proporcionalmente en cada estrato por conveniencia: 13 muestras del mercado “*Los Incas*” y 15 del mercado “*Año Nuevo*”, de tal manera que mantenga la tendencia para estudios de tipo exploratorio conservando la representatividad proporcional entre ambos estratos.

3.5 Instrumentos

3.5.1. Recolección de muestras

- Bolsas estériles herméticas: bolsa ziploc de 17x 15 cm para transporte de muestras al laboratorio.
- Rotulador: marcador indeleble para etiquetar cada bolsa ya sea la procedencia de la muestra (tipo de mercado) y fecha de compra y proceso.
- Cooler : contenedor térmico junto con packs de gel frío que permite la conservación de la muestra manteniendo una temperatura aproximada de 4°C durante el traslado.

3.5.2. Etapa experimental

➤ Preparación de medios y reactivos empleados

- Caldo Tripticasa de Soya (TSB, por sus siglas en inglés)
- Agar Triptona de Soya (TSA, por sus siglas en inglés)
- Agua peptonada
- Agar MacConckey
- Solución de NaCl estéril
- Escala McFarland
- Kit de extracción ADN bacterial
- Kit de SyberGreen para qPCR

➤ Equipos

- Balanza analítica
- Incubadora
- Agitador orbital
- Autoclave
- Vortex
- Termociclador PCR en tiempo Real- LightCycler 96 Roche

3.6 Procedimiento

En primera instancia, previo al análisis molecular, se evaluaron características organolépticas observacionales como el color, olor, textura y la presencia de grasa visible. Estos aspectos constituyen los primeros criterios que el consumidor toma en cuenta al momento de adquirir las carcasas de pollo. Esta clasificación se realizó con base en lo propuesto por Gómez-Portilla (2015).

3.6.1. Cuantificación de bacterias

3.6.1.1. Construcción de la curva estándar. La generación de curvas estándar facilitará la cuantificación de la población bacteriana en las muestras. Estas curvas correlacionarán la concentración de ADN extraído de las diluciones de cepas bacterianas con la cantidad de unidades formadores de colonias (UFC/ml). Esto permitirá cuantificar la carga bacteriana en las muestras analizadas.

A. Preparación del inóculo y conteo de UFC de las bacterias en estudio. Se emplearán cepas ATCC y/o referenciales: *Escherichia coli* O157:H7 donada por el Laboratorio Referencial de Bacteriología Clínica del Instituto Nacional de Salud (INS), *Escherichia coli* ATCC 25922 y *Salmonella sp* ATCC 13076 provenientes del laboratorio de Bioquímica y Biología molecular de la facultad de Ciencias Naturales y Matemáticas de la UNFV. Cada bacteria se sembrará en medio de cultivo tripteína soya agar (TSA) y se incubará durante 24 horas. Para la creación de la curva estándar, se ajustará la concentración bacteriana

a un valor conocido utilizando la solución de McFarland, y posteriormente se diluirá en solución salina hasta alcanzar 10^{-8} . Finalmente, se sembrará en medio TSA para el conteo de unidades formadoras de colonias (CFU) tras una incubación adicional de 24 horas.

B. Extracción y dilución del ADN. Se extraerá el ADN de 1 ml de la colonia de cada cepa bacteriana, después de 24 horas de incubación en medio TSA. A continuación, se llevará a cabo la obtención de ADN utilizando el kit de Qiagen, siguiendo las instrucciones del fabricante. A partir de cada dilución en placa, se prepararán las diluciones estándar de ADN hasta alcanzar 10^{-8} .

C. Reacción de PCR en tiempo real. La mezcla de reacción para la PCR incluye 12.5 μ l de mezcla de PCR 2x SYBR Green I, 0.5 μ l de primers específicos para cada especie mostrados en la *Tabla 2*, y agua libre de nucleasas hasta completar un volumen total de 17 μ l. Se añaden 3 μ l de ADN de cada dilución a los tubos de PCR, completando así el volumen total de 20 μ l por reacción. Esta preparación permite la generación de curvas estándar para correlacionar CFU/ml con la concentración de ADN extraído de las cepas bacterianas específicas: Carga Bacteriana Total (gen 16S), *Escherichia Coli*, *Salmonella sp.*

Además, se corroborará la curva de melting para evidenciar la especificidad de cada reacción y la eficiencia de reacción utilizando la fórmula:

$$E=10^{(-1/\text{pendiente})} - 1$$

donde *E* representa la eficiencia de la reacción y la pendiente corresponde al valor obtenido de la curva estándar (Ct vs log (UFC/ml)).

3.6.1.2. Extracción de ADN total de la carcasa de pollo. Se llevará a cabo la extracción de ADN total de muestras de pollo utilizando un protocolo estandarizado establecido por DIGESA y según el método del enguaje modificado empleado por Asensi et al. (2009). A partir de la carcasa de pollo, en cada muestra se agregarán 225 ml de agua peptonada. A continuación, se procederá a la homogeneización de la mezcla, para ello se

empleará el agitador orbital durante 30 min para liberar el ADN bacteriano presente en la muestra. Luego, se utilizará el kit de extracción de ADN de Qiagen, siguiendo las instrucciones del fabricante para asegurar la obtención de ADN de alta calidad.

A. Reacción de PCR en tiempo real. Se llevarán a cabo tres reacciones de PCR en tiempo real (Carga Bacteriana, *Escherichia coli* y *Salmonella sp.*), cada una realizada por triplicado para asegurar la replicabilidad y precisión de los resultados. La mezcla de reacción incluirá 20 μ l en total, compuesta por 12.5 μ l de mezcla de PCR 2x SYBR Green I, 0.5 μ l de primers específicos para cada especie bacteriana (Tabla 2), 3 μ l de ADN extraído de las muestras y agua libre de nucleasas para completar el volumen. Cada reacción se configurará en un tubo de PCR y se someterá a condiciones de amplificación específicas para cada objetivo.

El ciclo de threshold (Ct) obtenido de cada reacción se relacionará con la curva estándar realizada previamente, permitiendo así la cuantificación precisa de la carga bacteriana en las muestras analizadas.

3.6.2. Detección de Genes de Resistencia

Tras la extracción de ADN, se llevará a cabo una qPCR para cuantificar la abundancia de tres genes de resistencia a antibióticos: *bla_CTX-M*, *bla_TEM*, *strA* (Tabla 3), junto con el gen 16S rRNA como medida referencial del ADN bacteriano total.

El valor Ct (umbral de ciclo) se utilizará para calcular la abundancia relativa de los ARGs. Para ello, se empleará el 16S rRNA como un marcador de la biomasa bacteriana para lo cual se considera que el número de copias de genes es aproximadamente similar entre bacterias. El cálculo de la abundancia relativa se sustenta bajo la cuantificación relativa sustentada por Livak y Schmittgen (2001), representada por:

$$Abudancia\ relativa = 2^{-(\Delta Ct)} = 2^{-(Ct_{gen\ de\ interés} - Ct_{16s})}$$

Donde:

Ct_{gen} de interés: es el valor del ciclo umbral de amplificación del primer específico de cada especie bacteriana y genes de resistencia antimicrobiano en estudio.

Ct_{16s}: es el valor del ciclo umbral de amplificación del primer 16s rRNA.

Tabla 2

Primers de identificación de especie bacteriana

Primer	Secuencia (5'-3')	Tamaño de bp	Identificado en	Referencias
<i>16s rRNA</i>	F GTG CCA GCM GCC GCG GTA A	900	<i>Escherichia coli str. K-12</i>	(Abellan et al., 2021)
	R TAC GGY TAC CTT GTT ACG ACT T			
<i>fliC</i>	F ATAATCTACGCCGCAACT	284	<i>Escherichia coli O157: H7</i>	(Suria et al., 2012)
	R GACTCCATCCAGGACGAAA			
<i>invA</i>	F ACAGTGCTCGTTTACGACCTGAAT	381	<i>Salmonella enterica</i>	(Kumar et al., 2021)
	R AGACGACTGGTACTGATCGATAAT			

Nota. Secuencias de los primer de genes de virulencia caracterizados por ser específicos para cada especie bacteriana y del primer *16s rRNA* para la identificación de la carga bacteriana total que se utilizará en este estudio. Elaboración propia.

Tabla 3

Primers de genes de resistencia antimicrobiana

Primer	Secuencia (5'-3')	Tamaño de bp	Referencias
blaCTX-M	F CGCTTTGCGATGTGCAG	550	(Ahmed et al., 2007)
	R ACCGCGATATCGTTGGT		
blaTEM	F ATCAGCAATAAACCAGC	516	(Ahmed et al., 2007)
	R CCCCGAAGAACGTTTTTC		
<i>strA</i>	F CCTGGTGATAACGGCAATTC	548	(Shiori, Y. et al., 2013)
	R CCAATCGCAGATAGAAGGC		

Nota. Secuencias de genes de resistencia a antibióticos que se utilizarán para identificar en la muestra de ADN total extraído a partir de la carne de pollo. Elaboración propia.

3.7 Análisis de datos

Los resultados obtenidos se incorporaron en una base de datos excel, posteriormente se empleó el paquete estadístico SPSS 25 y GraphPad Prism 10, para el estudio de asociación de variables mediante la correlación de Spearman. Realizando prueba t-test y Mann-Whitney dependiendo de los datos si los datos presentaban distribución normal. Se consideró estadísticamente significativa una diferencia cuando $p < 0.05$; de lo contrario, se aceptó la hipótesis nula, interpretando que no hubo evidencia suficiente para afirmar una diferencia entre los grupos.

3.8 Consideraciones éticas

Todos los procedimientos realizados se ajustaron rigurosamente a los principios éticos de la investigación científica, así como la transparencia en la recolección, análisis y presentación de los datos.

IV. RESULTADOS

4.1 Descripción general de las muestras

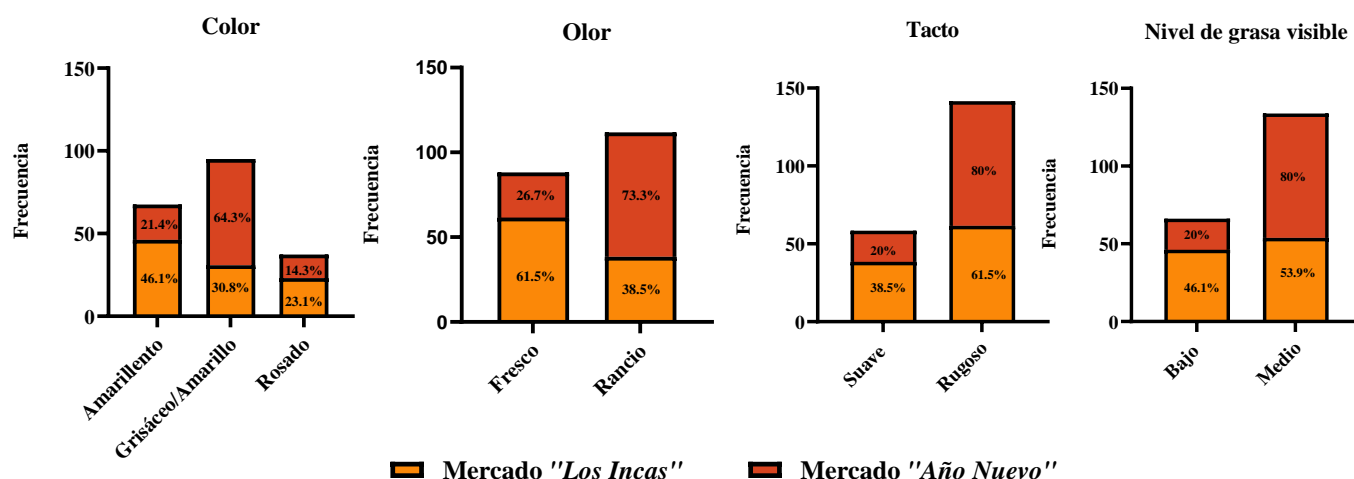
De acuerdo con los criterios establecidos en la Norma Técnica Sanitaria NTS N° 071-MINSA/DIGESA-V.01, que regula los parámetros microbiológicos en alimentos, se consideraron los lineamientos descritos en el punto X, referido a “Carnes y productos cárnicos”, en relación con la presencia de *Escherichia coli* O157:H7 y *Salmonella spp.* Además se siguió la metodología adaptada de Gómez-Portilla (2015), donde se describe la condición organoléptica de cada carcasa de pollo recolectada en los puntos de venta de cada mercado. Esta evaluación consideró la condición de calidad de producto que son comercializados para el consumo humano a través de atributos sensoriales como color, olor, textura y nivel de grasa visible.

4.1.1. Características descriptivas de las muestras

En la figura 2 se representa la distribución porcentual de las diferentes características organolépticas observadas en las carcasas de pollo, considerando un total de 13 muestras del mercado “*Los Incas*” y 15 muestras del mercado “*Año Nuevo*”. Se registraron las categorías observadas para cada característica (color, olor, textura y nivel de grasa visible) para cada mercado, evidenciando las similitudes o diferencias en las condiciones del producto expendido para consumo humano.

Figura 2

Frecuencia de características organolépticas en las carcasas de pollo por mercados vecinales



Nota. Distribución porcentual de las características organolépticas donde el porcentaje representa la frecuencia relativa de cada categoría en cada mercado. Elaboración propia.

4.2 Cuantificación de carga bacteriana por PCR en tiempo real

La determinación de la carga bacteriana se realiza mediante la cuantificación absoluta por qPCR, relacionando el logaritmo de las unidades formadoras de colonias por mililitro (UFC/ml) con los valores de Ct (ciclo umbral) obtenidos por la señal de fluorescencia del ADN. Esta relación se establece a partir de una curva estándar generada mediante diluciones seriadas de una muestra control.

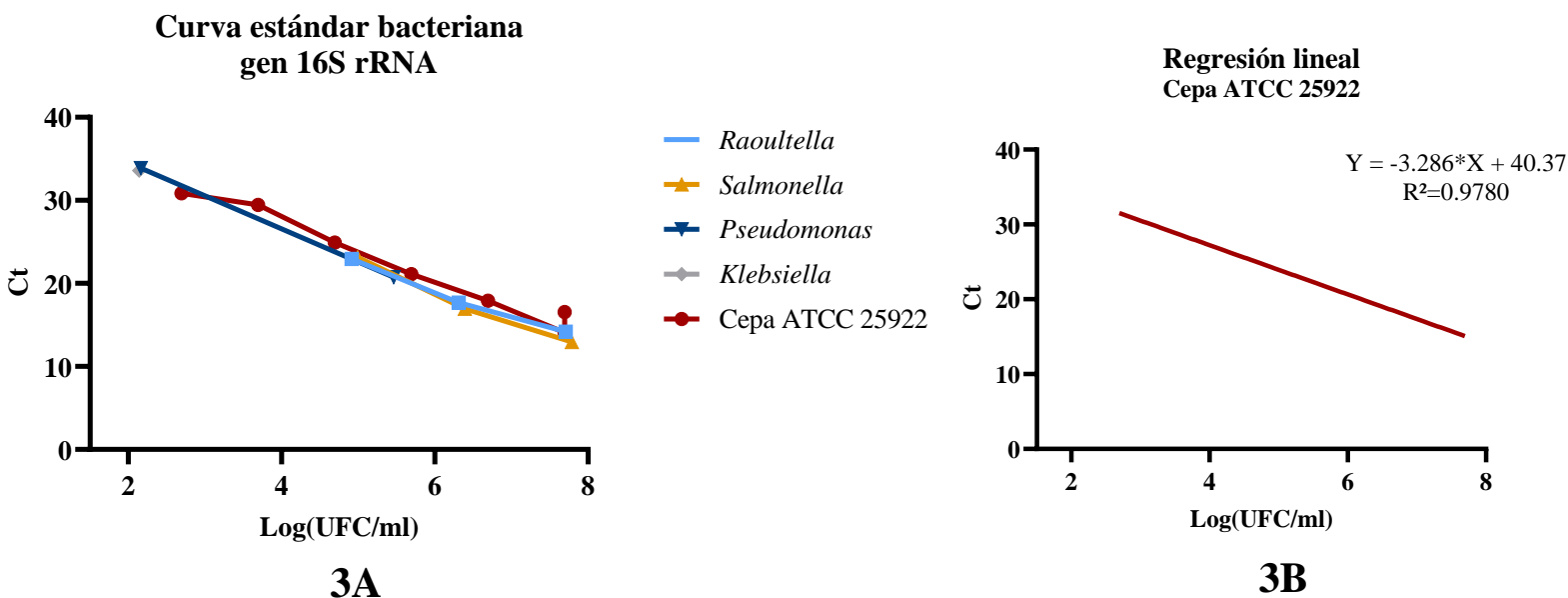
4.2.1. Determinación de curva estándar

4.2.1.1. Curva estándar para la población bacteriana total. Se estableció una curva estándar para cuantificar la población bacteriana total de cada muestra empleando la cepa control *Escherichia coli* ATCC 25922 y el *primer* dirigido al gen *16S rRNA*. Previamente, se evaluaron cepas representativas de los géneros *Salmonella*, *Raoultella*, *Pseudomonas* y *Klebsiella* con el objetivo de confirmar la ausencia de variaciones significativas en los valores de amplificación del gen *16S rRNA* (Véase Figura 3A). A partir de los valores de Ct obtenidos de las diluciones seriadas de la cepa ATCC 25922, se realizó un análisis de regresión lineal para generar la ecuación de la curva estándar, basada en la relación entre los valores de Ct y el

log (UFC/ml). Véase Figura 3B y Tabla 4. A partir de la ecuación de la curva estándar se determinó la eficiencia de reacción correspondiente a 95.3 %.

Figura 3

Curva estándar para la cuantificación absoluta de la población bacteriana



Nota. La figura 3A muestra la evaluación de las cepas representativas de los géneros *Raoultella*, *Salmonella*, *Pseudomonas*, *Klebsiella* y *Escherichia coli* ATCC 25922, evidenciando la correspondencia entre las diluciones seriadas y los valores de Ct.

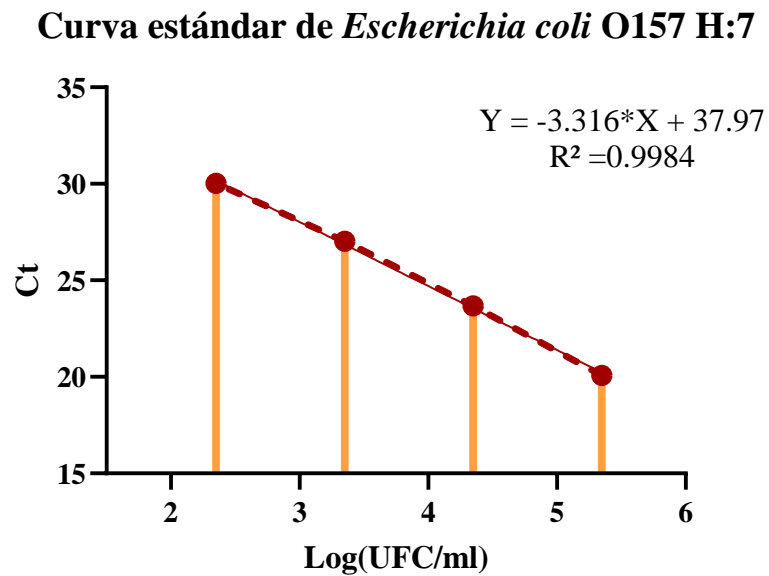
La figura 3B presenta el análisis de regresión lineal correspondiente a la *Escherichia coli* ATCC 25922, incluyendo su ecuación lineal y valor de R^2 empleado para el cálculo de eficiencia de reacción y estimar de la carga poblacional bacteriana notal.

Elaboración propia.

4.2.1.2. Curva estándar para *Escherichia coli* O157:H7 y *Salmonella enterica* ATCC 13076. Se determinó la curva estándar mediante diluciones seriadas empleando la cepa de *Escherichia coli* O157:H7 (figura 4) y *Salmonella enterica* ATCC 13076 (figura 5). La eficiencia de reacción, calculada a partir de la ecuación de la curva estándar, fue de 100.2 % para *E. coli* O157:H7 y de 95.3 % para *S. enterica* ATCC 13076.

Figura 4

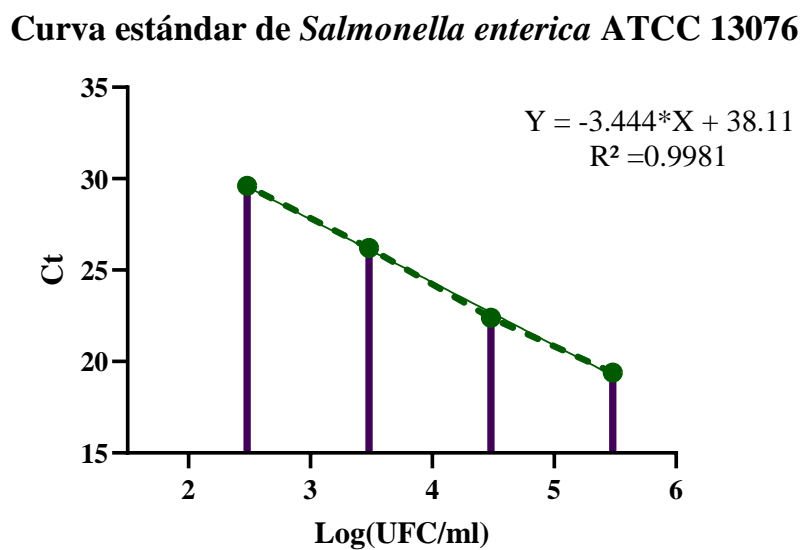
Curva estándar para la cuantificación absoluta de *Escherichia coli* O157:H7



Nota. Se muestran los puntos correspondientes a cada dilución respecto a su valor de Ct, así como la ecuación de la curva estándar y el valor de R², utilizados para el cálculo de eficiencia y la estimación de la carga bacteriana de *Escherichia coli* O157:H7. Elaboración propia.

Figura 5

Curva estándar para la cuantificación absoluta de *Salmonella enterica* ATCC 13076



Nota. Se muestran los puntos correspondientes a cada dilución respecto a su valor de Ct, así como la ecuación de la curva estándar y el valor de R^2 , utilizados para el cálculo de eficiencia y la estimación de la carga bacteriana de *Salmonella enterica* ATCC 13076.

Elaboración propia.

4.2.2. Determinación de la carga bacteriana en los mercados “Los Incas” y “Año Nuevo”

Se estimó la carga bacteriana de cada mercado empleando la ecuación de curva estándar por cada valor de Ct (ciclo umbral de amplificación).

4.2.2.1. Cuantificación de la carga bacteriana. A partir de las carcasas de pollo recolectadas se cuantificó la carga absoluta de la carga bacteriana total (*16s rRNA*), carga absoluta de *Escherichia coli* O157:H7 (*fliC*) y de *Salmonella entérica* spp (*invA*). En las tablas 4, 5 y 6 se presentan los estadísticos descriptivos de las muestras positivas amplificadas. Se precisa los datos completos en la tabla 12 del Anexo E.

Se observó una carga bacteriana total elevada en ambos mercados, con un promedio de 5.062 Log UFC/ml en el mercado “Los Incas” y de 3.875 Log UFC/ml en el mercado “Año Nuevo”, este último con mayor variabilidad. Para *E.coli* O157: H7, el mercado “Año Nuevo” presentó más muestras positivas (86.6%), pero con menor concentración promedio (1.251 Log UFC/ml) que el mercado “Los Incas” (1.676 Log UFC/ml). En el caso de *Salmonella enterica* spp., ambas procedencias mostraron baja positividad (15.4% y 13.3%) y concentración (0.935 y 0.650 Log UFC/ml, respectivamente).

Tabla 4*Cuantificación absoluta de la carga bacteriana total*

Procedencia	Cantidad	Ciclo	Cuantificación absoluta: Log (UFC/ml)			
		umbral (Ct)	$y = -3.2863x + 40.3701$			
		Promedio	Promedio	Desviación estándar	Min	Max
Mercado "Los Incas"	13(100%)	23.74	5.062	2.239	1.988	7.929
Mercado "Año Nuevo"	15(100%)	27.63	3.875	2.438	0.4657	8.839

Nota. Se describe los parámetros evaluados para el cálculo de cuantificación del log(UFC/ml) de las muestras positivas por mercado en estudio mediante la ecuación de curva estándar donde “y” es el valor de ciclo umbral de amplificación y “x” es log (UFC/ml). Elaboración propia. Seguidamente se realiza la cuantificación de los patógenos bacterianos en estudio (Tabla 5 y 6).

Tabla 5*Cuantificación absoluta de la carga bacteriana de Escherichia coli O157:H7*

Procedencia	Cantidad	Ciclo	Cuantificación absoluta: Log (UFC/ml)			
		umbral (Ct)	$y = -3.316x + 37.969$			
		Promedio	Promedio	Desviación estándar	Min	Max
Mercado "Los Incas"	10(76.9%)	32.41	1.676	0.997	0.253	2.955
Mercado "Año Nuevo"	13 (86.6%)	33.82	1.251	0.511	0.409	2.047

Nota. Se describe la cuantificación promedio de las muestras positivas por cada mercado. Elaboración propia.

Tabla 6

Cuantificación absoluta de la carga bacteriana de Salmonella enterica spp

Procedencia	Cantidad	Ciclo umbral (Ct)	Cuantificación absoluta: Log (UFC/ml) $y = -3.4447x + 38.1$			
		Promedio	Promedio	Desviación estándar	Min	Max
Mercado "Los Incas"	2(15.4%)	34.88	0.935	1.228	0.067	1.803
Mercado "Año Nuevo"	2(13.3%)	35.86	0.650	0.476	0.314	0.987

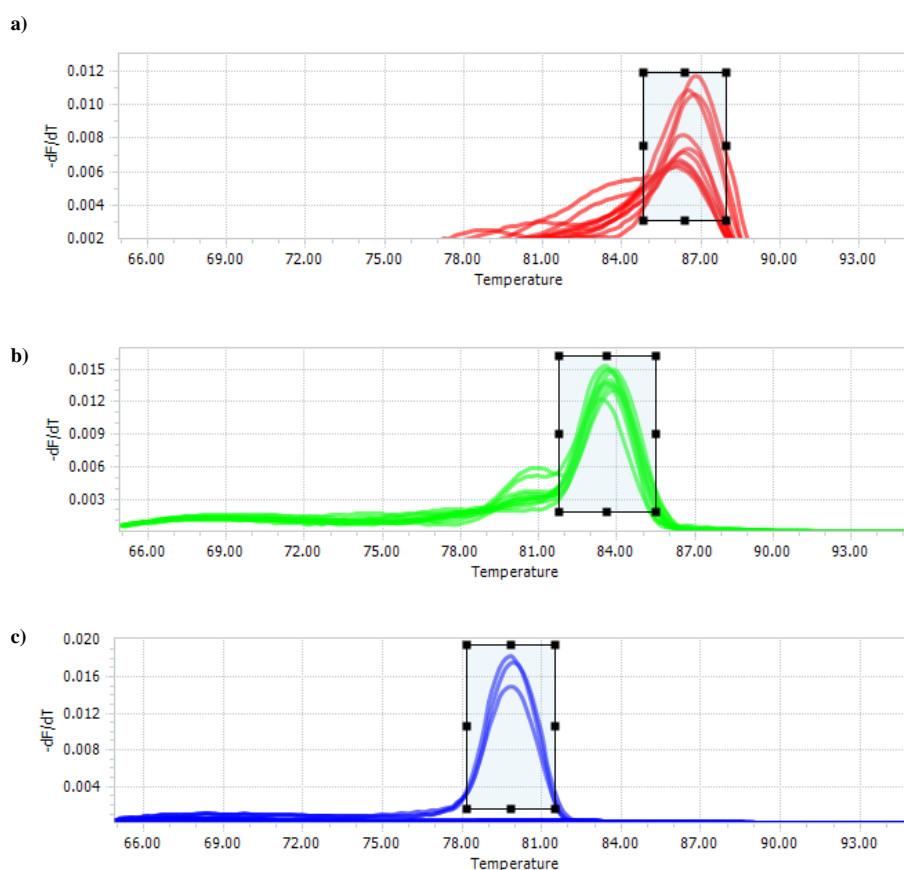
Nota. Se describe la cuantificación promedio de las muestras positivas por cada mercado.

Elaboración propia.

4.2.2.2. Validación de especificidad mediante temperatura de disociación (Tm)

Figura 6

Curva de disociación (Melting Curve) de qPCR para la especificidad del producto amplificado



Nota. (a) El valor de T_m de los amplicones específicos de la carga bacteriana total fue de 86.53 ± 0.23 °C. (b) El valor de T_m de la detección de *Escherichia coli* O157:H7 fue de 83.69 ± 0.27 °C. (c) El valor de T_m de la detección de *Salmonella enterica spp* fue de 80.08 ± 0.27 °C. Elaboración propia.

4.3 Cuantificación de genes de resistencia antimicrobiana

4.3.1. Abundancia relativa de genes RAM en los mercados “Los Incas” y “Año nuevo”

La cuantificación relativa por qPCR se realiza para el cálculo de la abundancia relativa para cada gen de resistencia antimicrobiana en estudio. Para ello, se calculó empleando como normalizador el valor de Ct_{16s} rRNA para cada muestra recolectada y se determina a partir de la formula detallada en la sección 3.6.2 del presente trabajo de investigación. Se precisa los datos completos en la tabla 13 del Anexo E.

4.3.1.1. Cuantificación de abundancia relativa. Se estimó la abundancia relativa promedio de cada gen RAM (Tabla 7,8 y 9), asimismo se comparó las diferencias de la abundancia relativa por cada gen RAM respecto a los mercados “Los Incas” y “Año nuevo” (Figura 7).

En el caso del gen *bla*_{CTX-M}, el mercado “Año Nuevo” presentó una mayor abundancia relativa promedio ($0.107 \text{ Log}_{10}(\text{AR})$) en comparación con el mercado “Los Incas” ($-1.205 \text{ Log}_{10}(\text{AR})$). De manera similar, para el gen *bla*_{TEM}, el mercado “Año Nuevo” mostró una abundancia relativa promedio más elevada (1.199) que el de “Los Incas” (-0.464). Finalmente, en el gen *strA*, también se observó mayor abundancia relativa en “Año Nuevo” (0.847) respecto a “Los Incas” (-0.072). Estos resultados indican una tendencia consistente a una mayor expresión relativa de genes RAM en las muestras del mercado “Año Nuevo”.

Tabla 7

Cuantificación de la abundancia relativa del gen blaCTX-M

Procedencia	Cantidad	Ciclo umbral (Ct)	Cuantificación relativa: Log10 (AR) $2^{(Ct(16s)-Ct)}$ (gen blaCTX-M)			
		Promedio	Promedio	Desviación estándar	Min	Max
Mercado "Los Incas"	11 (84.6%)	26.17	-1.205	0.943	-2.381	0.614
Mercado "Año Nuevo"	13 (86.67%)	26.58	0.107	2.373	-3.320	3.763

Nota. Se describe la abundancia relativa promedio de las muestras positivas por cada mercado.

Elaboración propia.

Tabla 8

Cuantificación de la abundancia relativa del gen blaTEM

Procedencia	Cantidad	Ciclo umbral (Ct)	Cuantificación relativa: Log10 (AR) $2^{(Ct(16s)-Ct)}$ (gen blaTEM)			
		Promedio	Promedio	Desviación estándar	Min	Max
Mercado "Los Incas"	12 (92.3%)	24.69	-0.464	0.908	-1.529	1.054
Mercado "Año Nuevo"	14 (93.3%)	24.02	1.199	2.455	-2.201	4.979

Nota. Se describe la abundancia relativa promedio de las muestras positivas por cada mercado.

Elaboración propia.

Tabla 9

Cuantificación de la abundancia relativa del gen *srtA*

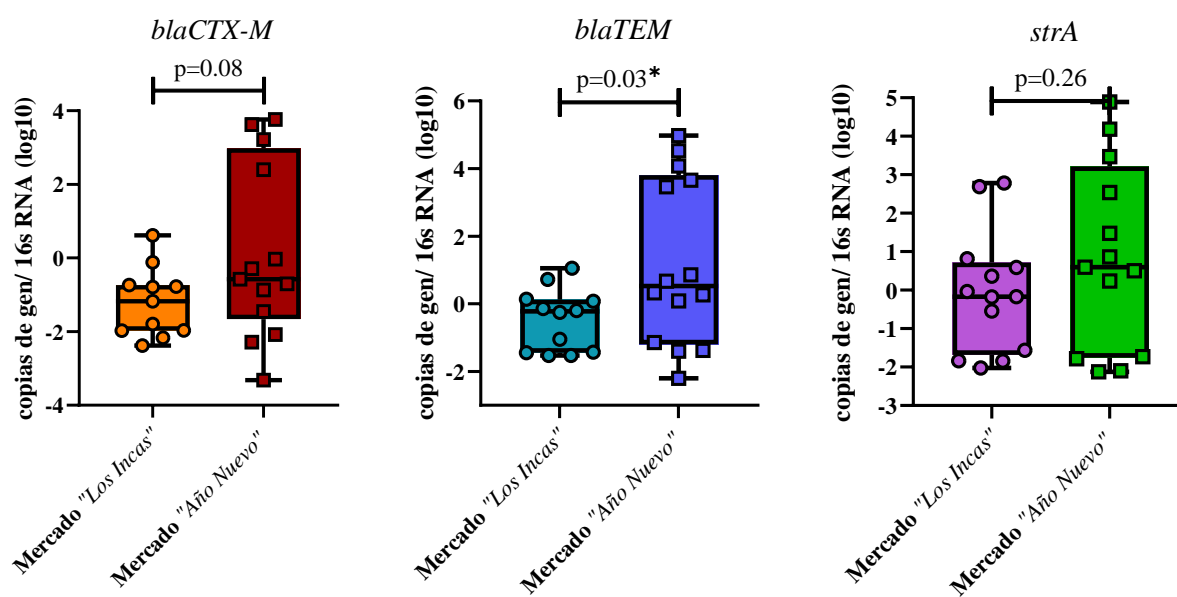
Procedencia	Cantidad	Ciclo umbral (Ct)		Cuantificación relativa: Log10 (AR) $2^{(Ct(16s)-Ct(\text{gen } strA))}$		
		Promedio	Promedio	Desviación estándar	Min	Max
Mercado "Los Incas"	13 (100%)	23.98	-0.072	1.574	-2.026	2.782
Mercado "Año Nuevo"	13 (86.67%)	24.82	0.847	2.401	-2.125	4.889

Nota. Se describe la abundancia relativa promedio de las muestras positivas por cada mercado.

Elaboración propia.

Figura 7

Comparación de la abundancia relativa de genes de resistencia en carcasas de pollo en los mercados "Los Incas" y "Año Nuevo"

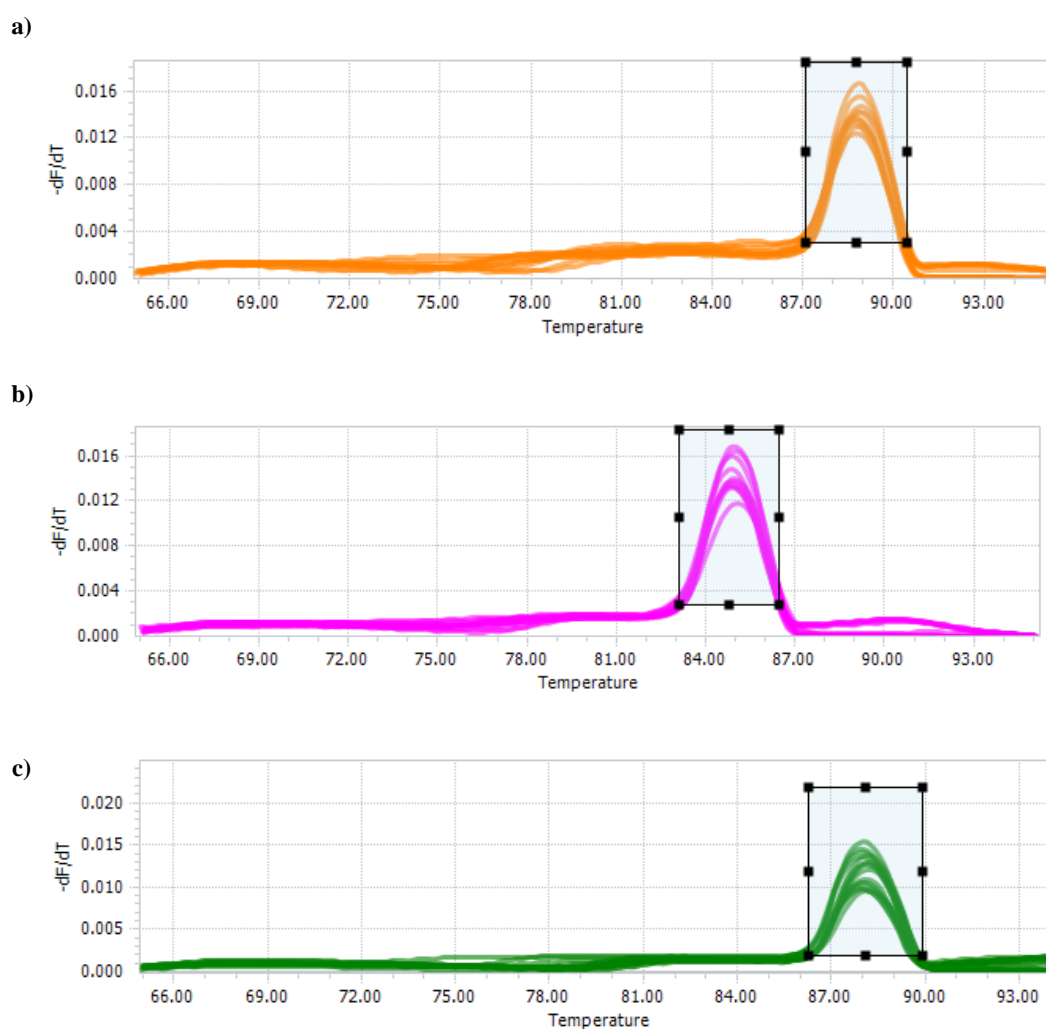


Nota. Se muestran los gráficos correspondientes a la diferenciación de la abundancia relativa, representada mediante diagramas de cajas y bigotes (*boxplots*). La línea negra dentro de cada caja indica la mediana de los datos. Los valores de p que señalan diferencias significativas fueron calculados mediante la prueba t-test de Student o la prueba de Mann-Whitney, según la distribución de los datos evaluada previamente.

4.3.1.2. Validación de especificidad mediante temperatura de disociación

Figura 8

Curva de disociación (Melting Curve) de qPCR para la especificidad del producto amplificado



Nota. (a) El valor de T_m de los amplicones específicos del gen *blaCTX-M* fue de 88.78 ± 0.13 °C. (b) El valor de T_m de la detección del gen *blaTEM* fue de 84.82 ± 0.12 °C. (c) El valor de T_m de la detección del gen *strA* fue de 87.90 ± 0.21 °C. Elaboración propia.

4.4 Análisis relacional de carga bacteriana y genes de resistencia antimicrobiana

4.4.1. Correlación entre carga bacteriana y abundancia relativa de genes RAM

Mediante pruebas estadísticas se evaluó la asociación entre la presencia de bacterias patógenas y la abundancia relativa de cada gen de resistencia antimicrobiana analizado. La correlación se calculó únicamente entre todos los valores de la carga de *Escherichia coli* y los genes de resistencia debido a que el número de muestras positivas para *Salmonella* spp. no fue suficiente para realizar una evaluación estadística válida (Tabla 10 y 11).

En el mercado “*Los Incas*” (Tabla 10), se observaron correlaciones significativamente positivas entre la carga de *E. coli* O157:H7 y los genes *blaCTX-M* ($r = 0.927$), *blaTEM* ($r = 0.945$) y *strA* ($r = 0.904$). Asimismo, se hallaron asociaciones significativas entre los genes entre sí, destacando una alta correlación entre *blaCTX-M* y *blaTEM* ($r = 0.982$).

Por otro lado, en el mercado “*Año Nuevo*” (Tabla 11), también se identificaron correlaciones positivas significativas entre la carga de *E. coli* O157:H7 y los genes *blaCTX-M* ($r = 0.794$), *blaTEM* ($r = 0.844$) y *strA* ($r = 0.920$). En este mercado, la correlación entre *blaCTX-M* y *blaTEM* fue aún más alta ($r = 0.995$, $p < 0.05$), lo cual sugiere una posible co-ocurrencia de estos genes de resistencia.

Tabla 10

Coefficientes de correlación de Pearson de la carga de Escherichia coli O157:H7 y la abundancia relativa de cada gen evaluado en las carcasas de pollo del Mercado “Los Incas”

Variables	Carga de <i>E.coli</i> O157:H7	<i>blaCTX-M</i>	<i>blaTEM</i>	<i>strA</i>
Carga de <i>E.coli</i> O157:H7	1	0.927 (*)	0.945 (*)	0.904 (*)
<i>blaCTX-M</i>		1	0.982(*)	0.957 (*)
<i>blaTEM</i>			1	0.859 (*)
<i>strA</i>				1

Nota. (*) indica un coeficiente de correlación significativo (valor $p < 0.05$). Elaboración propia.

Tabla 11

Coefficientes de correlación de Pearson de la carga de Escherichia coli O157:H7 y la abundancia relativa de cada gen evaluado en las carcasas de pollo del Mercado “Año Nuevo”

Variables	Carga de <i>E.coli</i> O157: H7	<i>blaCTX-M</i>	<i>blaTEM</i>	<i>strA</i>
Carga de <i>E.coli</i> O157:H7	1	0.794 (*)	0.844(*)	0.920 (*)
<i>blaCTX-M</i>		1	0.995 (*)	0.959 (*)
<i>blaTEM</i>			1	0.979 (*)
<i>strA</i>				1

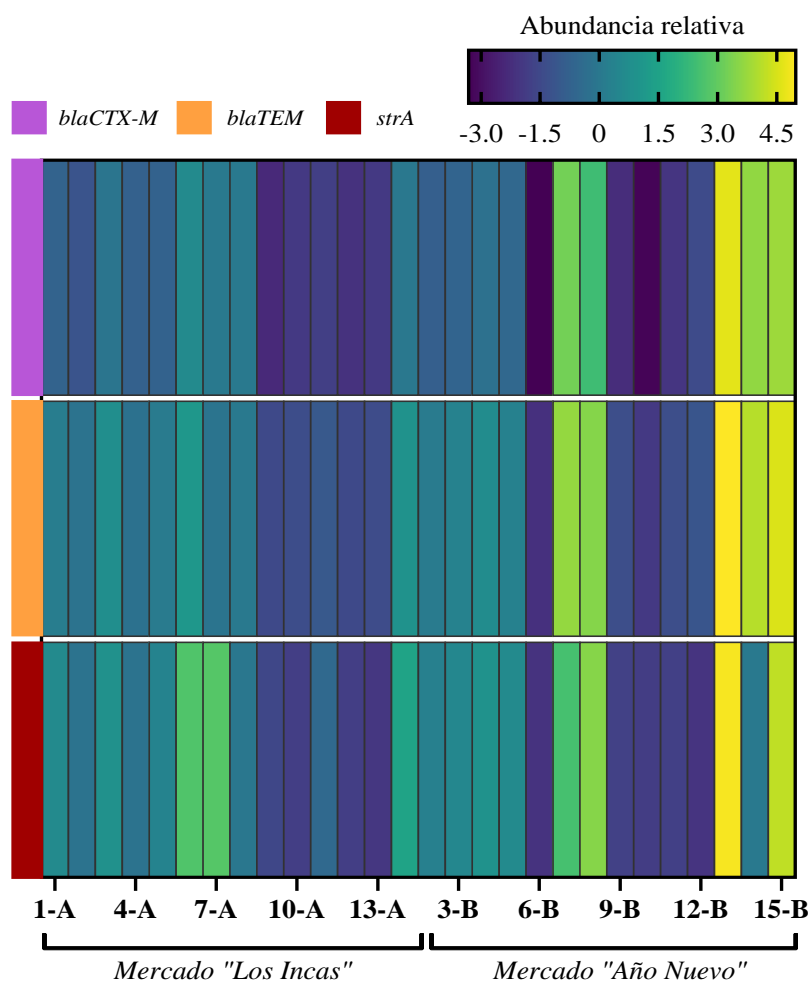
Nota. (*) indica un coeficiente de correlación significativo (valor $p < 0.05$). Elaboración propia.

4.4.2. Distribución de genes de resistencia en las carcasas de pollo

En esta sección se analiza la distribución diferencial de la abundancia relativa de los genes de resistencia antimicrobiana identificados en las carcasas de pollo, según el mercado de procedencia. La visualización permite evidenciar patrones de abundancia relativa que podrían estar asociados a condiciones específicas de manejo, comercialización o uso de antibióticos en cada punto de muestreo (Figura 9).

Figura 9

Perfil de abundancia relativa de genes de resistencia antimicrobiana en carcasas de pollo



Nota. Mapa de calor que muestra la distribución de la abundancia relativa de los genes de resistencia antimicrobiana evaluados, en función del total de las muestras de carcasas de pollo recolectadas en cada mercado analizado. Elaboración propia

V. DISCUSIÓN DE RESULTADOS

En el presente trabajo se analizaron un total de 28 carcasas de pollo procedentes de los mercados “*Los Incas*” y “*Año nuevo*”. Se realizó la extracción de ADN total de cada muestra y se empleó la técnica de qPCR como método de detección tanto de patógenos bacterianos como de genes de resistencia antimicrobiana. Esta perspectiva se alinea con el enfoque “Una Salud”, que destaca la relación estrecha entre la salud humana, la sanidad animal y el equilibrio ambiental. En este contexto, los productos avícolas pueden actuar como un canal potencial para la transferencia de bacterias resistentes al consumidor. La aplicación de herramientas moleculares en esta investigación busca optimizar los procesos de monitoreo y vigilancia de la RAM, considerando que dicha resistencia puede pasar desapercibida con metodologías microbiológicas convencionales. Según Foddai y Grant (2020), diversos microorganismos presentes en matrices alimentarias y ambientales, al encontrarse en bajas concentraciones (UFC/mL) o en estado viable pero no cultivable (VBNC), pueden no ser detectados mediante técnicas convencionales de cultivo, lo que conlleva a resultados falsos negativos y a un potencial riesgo de exposición para la salud pública.

En primera instancia, se evaluaron las características organolépticas de las muestras recolectadas por cada mercado en estudio (Figura 2). El mercado “*Los Incas*”, al encontrarse en un entorno cerrado y delimitado, presentó con mayor frecuencia carcasas en condiciones consideradas óptimas: por ejemplo, un 61.5% de las muestras mostraron olor fresco, un 46.1% presentaron color amarillento, y el 46.1% evidenció un nivel bajo de grasa visible. En contraste, el mercado “*Año Nuevo*”, clasificado como ambulatorio por su ubicación en una cuadra abierta sin delimitación clara, exhibió un predominio de características organolépticas deterioradas. Particularmente, el 73.3% de las carcasas evaluadas mostraron olor rancio, y un 80% presentaron textura rugosa y niveles medios de grasa visible, lo que sugiere exposición

prolongada al ambiente antes del expendio. Este hallazgo es consistente con lo reportado por Vásquez y Tasayco (2020), quienes identificaron mayores niveles de contaminación por bacterias como *E.coli* y *Salmonella* spp. en carne cruda de pollo proveniente de mercados avícolas informales operando en espacios abiertos y en condiciones sanitarias deficientes en la ciudad de Huánuco, Perú. De acuerdo con lo reportado por Murray et al. (2021), las condiciones en las que se desarrolla actualmente la producción avícola en zonas periféricas del sur de Lima estarían favoreciendo la emergencia y dispersión de genes de resistencia a los antibióticos en cepas de *Escherichia coli* detectadas tanto en aves como en personas. Dichas condiciones no solo implican mayor deterioro físico del alimento, evidenciado inicialmente en sus características organolépticas, sino que, a nivel microbiológico, favorecen la proliferación de patógenos bacterianos, de tal manera que haya mayor riesgo de exposición de alimentos contaminados hacia la salud del ser humano.

Se ha reportado estudios similares en otros países, por ejemplo Zhu et al. (2016) analizaron productos avícolas en siete provincias en China, específicamente en puestos al aire libre, determinando que establecimientos sin una cadena de refrigeración continua y constante manipulación de los productos, favorece la proliferación bacteriana y, por tanto, representa un riesgo significativo para la inocuidad alimentaria.

En base a los resultados presentados en la tabla 4, el promedio de cuantificación absoluta de la población bacteriana total fue de 5.06 log UFC/ml para el mercado “*Los Incas*” y de 3.87 log UFC/ml para el mercado “*Año Nuevo*”. Esta cuantificación se realizó a partir de la curva estándar obtenida (Figura 3), la cual presentó una eficiencia del 95.3%. Además, la especificidad del amplicón 16s rRNA fue confirmada mediante la curva de disociación (Figura 6a). Dicho resultado fue superior a los 3.3-3.9 log UFC/ml reportado por Pérez y Serrano (2013) mediante el método de enjuague de carcasas, aplicado en dos centros de faenamiento de la región Huancavelica, Perú.

La determinación de la carga bacteriana de los patógenos *Escherichia coli* O157:H7 y *Salmonella enterica* spp. se realizó mediante la cuantificación absoluta a partir de la construcción de curvas estándar específicas para cada microorganismo. Esto permitió estimar con precisión la concentración bacteriana en las muestras, obteniendo eficiencias de amplificación del 100.2% para *E. coli* O157:H7 y 95.3% para *S. enterica* spp. (Figura 4 y Figura 5).

La carga bacteriana de *E. coli* O157:H7 calculada en la tabla 5 para ambos mercados, fue considerada moderada-baja, con un rango promedio de 1.25-1.67 log UFC/ml. De acuerdo con la NTS. °071, aprobada mediante la R.M 591-2008/MINSA/DIGESA-V-01, que establece como límite microbiológico permitido para *E. coli* en carnes crudas picadas y molidas ($5 \times 10^2 \sim 0.7-1.70$ log UFC/ml), los resultados obtenidos reflejan una baja frecuencia de carga bacteriana de este patógeno en la mayoría de las muestras. Sin embargo, la presencia de *E. coli* O157:H7 en ambos mercados representa una fuente potencial de diseminación de enterobacterias productoras de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE). En concordancia con este hallazgo, Cortez-Sandoval et al. (2022) identificaron la presencia de genes de resistencia como *CTX-M-1*, *CTX-M-2*, *CTX-M-9*, *TEM* y *SHV* en cepas de *Escherichia coli* y *Salmonella* spp. obtenidas de muestras de carne de pollo vendidas en mercados de abasto del distrito de Santiago de Surco, en Lima Metropolitana. A pesar del bajo recuento bacteriano, dichos aislamientos resultaron ser portadores de genes de resistencia antimicrobiana, lo cual enfatiza la necesidad de mayores estudios en el Perú que puedan detectar algún tipo de correlación o asociación específica entre patógenos bacterianos y los genes RAM.

La frecuencia de *detección* de *E.coli* O157:H7 fue de 76.9% y 86.6% del total de muestras analizadas en los mercados “*Los Incas*” y “*Año Nuevo*”, respectivamente. La especificidad de la detección molecular fue validada mediante la curva de disociación, con una temperatura de fusión (T_m) de 83.69 ± 0.27 °C (Figura 6b). La elevada frecuencia observada

en este estudio coincide con diversos trabajos que han empleado qPCR como herramienta para la detección de *E. coli* O157:H7 en productos cárnicos. Por ejemplo, Alhadlaq et al. (2023) reportaron evidencia de que la carne importada puede ser portadora de *E. coli* O157:H7. En su estudio realizado en Arabia Saudita, se observó que los productos a base de carne representaron el 15.71% del total de alimentos importados, dentro de los cuales se identificó la presencia de este patógeno. Específicamente, se detectó *E. coli* O157:H7 en muestras de carnes de res con un 6.8% y 2.2% importadas desde India y Brasil, respectivamente, mientras las muestras se identificó una prevalencia del 6.96% y 3.57% en productos procedentes de Brasil y Ucrania, respectivamente.

De acuerdo con los *resultados* presentados en la Tabla 6, se observó una baja frecuencia de la detección de *Salmonella enterica* spp. en las carcasas de pollo analizadas. En el mercado “*Los Incas*”, el 15.4% de las muestras resultaron positivas, mientras que en el mercado “*Año Nuevo*” se detectó una frecuencia del 13.3%. La especificidad de los amplicones generados para la detección molecular presentó una T_m de 80.08 ± 0.27 °C (Figura 6c). En cuanto a la carga bacteriana de este patógeno, esta también fue baja, presentando valores de 0.93 log UFC/ml y 0.65 log UFC/ml, respectivamente. Estos hallazgos reflejan una presencia limitada del patógeno en las muestras analizadas, aunque su detección sigue representando un riesgo potencial para la salud pública. La metodología empleada en esta investigación concuerda con la desarrollada por Heymans et al. (2018), quienes evaluaron una técnica de PCR cuantitativa (qPCR) de especies de *Salmonella entérica* spp. para la detección rápida a partir de varias matrices alimentarias como carne de pollo, aves de corral, carne picada, entre otros.

La abundancia relativa *de* los genes de resistencia evaluados, tales como *blaCTX-M*, *blaTEM* y *strA*, se calculó utilizando el gen 16s rRNA como normalizador, estableciendo así los valores mínimos y máximos de cada uno de los genes cuantificados. Además, la especificidad de cada amplicón se evidenció en la Figura 8 donde se describen los valores de

Tm correspondientes. En la tabla 7, la abundancia relativa del gen *blaCTX-M* presentó una desviación estándar menor en el mercado “Los Incas” (0.9) en comparación con el mercado “Año Nuevo” (2.3), lo cual sugiere una mayor dispersión de la abundancia relativa en entornos abiertos. Del mismo modo, para el gen *blaTEM*, la abundancia relativa registró un patrón similar de mayor variabilidad de los datos en el mercado ambulatorio (Tabla 8).

De acuerdo con la literatura, la diversificación de la abundancia de los genes de resistencia está influenciada por condiciones ambientales externas, siendo los espacios abiertos más propensos a una mayor heterogeneidad. En ese sentido, Wang et al. (2021) al comparar diferentes entornos entre granjas avícolas abiertas y cerradas en China, reportaron que las granjas abiertas albergaban una mayor variedad y diversidad de genes de resistencias antimicrobiana. Este hallazgo respalda los resultados obtenidos en la presente investigación, indicando que en ambientes abiertos existe una mayor dispersión y heterogeneidad de genes de resistencia reflejado en la variabilidad de la abundancia relativa registrada en los mercados analizados. Adicionalmente, las diferencias en la variabilidad entre ambos mercados (Figura 7) mostraron un comportamiento estadísticamente significativo ($p < 0.05$) para el gen *blaTEM*, mientras que para los genes *blaCTX-M* y *strA* se observó un patrón diferencial no significativo, lo que refuerza la influencia de las condiciones estructurales del entorno de expendio de carne de pollo en la distribución de genes de resistencia antimicrobiana.

Por otro lado, la cuantificación relativa del gen *strA*, perteneciente a la familia de aminoglucósidos, antibióticos utilizados frecuentemente en la crianza y producción avícola, no presentó una alta variabilidad de la carga génica entre ambos mercados (Tabla 9). Este comportamiento sugiere una distribución más homogénea, posiblemente al uso generalizado y sistemático de este tipo de antimicrobiano en la crianza intensiva de aves de corral presentando una mayor prevalencia y abundancia tal como lo reportó Paul et al. (2022). Como resultado, no

se observaron diferencias estadísticamente significativas en la abundancia relativa de *strA* entre ambos mercados.

Con relación al análisis relacional entre la detección de patógenos y la abundancia relativa génica, este se centró únicamente en *E.coli* O157:H7. Esto se debió a que el número de muestras positivas de *Salmonella enterica* spp. fue mínimo, lo cual representó una limitante metodológica al no cumplir con el tamaño mínimo requerido para realizar un análisis estadístico de asociación.

La correlación entre la carga bacteriana de *Escherichia coli* O157 H:7 y abundancia relativa de los genes de resistencia antimicrobiana fue evaluada mediante el coeficiente de correlación de Pearson. Los resultados mostraron en ambos mercados una asociación significativa positiva ($r > 0.5$) aceptando la hipótesis alternativa planteada en este trabajo de investigación respecto a la asociación de carga relativa de *Escherichia coli* O157 H:7 y carga relativa de los genes RAM, esto indica que un aumento en la carga bacteriana se relaciona directamente con una mayor abundancia de los genes de resistencia antimicrobiana analizados. Como se observa en la correlación del mercado “*Los Incas*” (Tabla 10), se presentó una correlación positiva fuerte ($r > 0.9$) entre la asociación de la carga bacteriana y la abundancia relativa de los genes responsables de la resistencia a antimicrobianos analizados. Además, se evidenció una fuerte correlación entre los propios genes de resistencia, lo que sugiere una posible coabundancia y coocurrencia de estos determinantes genéticos en las bacterias presentes en las carcasas de pollo. Este patrón puede explicarse por mecanismos de coselección, los cuales han sido descritos en estudios recientes del resistoma, donde se reporta una alta conectividad entre genes de resistencia a betalactámicos y aminoglucósidos, favorecida por elementos genéticos móviles (Martiny et al., 2024).

Para la correlación determinada en el mercado “*Año Nuevo*” (Tabla 11), además de mostrar un comportamiento asociativo significativo similar al observado en el mercado “*Los*

Incas”, se evidenció una variación en la intensidad de la correlación. En este caso, se registró una correlación positiva fuerte, aunque de menor magnitud, con un coeficiente de Pearson (r) en el rango de 0.794 a 0.920 entre los genes de resistencia antimicrobiana evaluados y la carga bacteriana de *E.coli* O157:H7. Esta menor fuerza de asociación podría estar relacionada con la exposición ambiental característica de los entornos abiertos, como en el caso del mercado “Año Nuevo”. Esta variabilidad también se refleja en la Figura 9, donde la distribución de la abundancia relativa de los genes de resistencia presenta una mayor dispersión en la mayoría de las muestras recolectadas. No obstante, a pesar de esta heterogeneidad, la asociación entre las variables sigue siendo estadísticamente significativa y de carácter positivo, lo que corrobora la posible relación entre la presencia del patógeno y la expresión génica de resistencia.

VI. CONCLUSIONES

- Se demostró que, bajo las condiciones de ensayo evaluadas, la obtención de ADN total a partir de las carcasas de pollo recolectadas permitió la identificación y cuantificación, mediante la técnica de PCR tiempo real utilizando el fluoróforo SYBR Green, de los patógenos bacterianos en estudio (*Escherichia coli* O157: H7 y *Salmonella enterica* spp) en la población bacteriana total de cada carcasa de pollo.
- Se logró determinar y cuantificar los genes de resistencia antimicrobiana evaluados (*blaCTX-M*, *blaTEM* y *strA*), con altos niveles de eficiencia y especificidad.
- Las carcasas de pollos recolectadas evidenciaron variaciones en la abundancia relativa de genes de resistencia antimicrobiana, asociadas a las condiciones ambientales de exposición. Estas variaciones fueron mayores en el mercado “*Año Nuevo*”, caracterizado por su condición de mercado ambulatorio.
- Se identificaron asociaciones estadísticamente significativas entre la carga bacteriana de *Escherichia coli* O157:H7 y la abundancia relativa de los genes de resistencia antimicrobiana evaluados. La correlación positiva encontrada sugiere una tendencia ante mayor carga bacteriana con un incremento potencial de la carga génica relativa de resistencia antimicrobiana.

VII. RECOMENDACIONES

- Se recomienda realizar el análisis de cuantificación con un mayor número muestral de carcasas de pollo en distintos mercados del distrito de Comas, Lima Metropolitana, con el fin de confirmar si la tendencia de correlación positiva significativa se mantiene con un tamaño muestral más amplio. Asimismo, se sugiere ampliar la evaluación a otros patógenos bacterianos.
- Se sugiere complementar el estudio con una PCR cuantitativa de viabilidad (v-qPCR), lo cual permitiría corroborar la viabilidad de la carga bacteriana detectada y, en consecuencia, evaluar con mayor precisión el riesgo potencial para el consumidor.
- Para la estandarización de la PCR en tiempo real, se recomienda optimizar las reacciones hacia un formato de qPCR multiplex. En este estudio se emplearon reacciones en formato monoplex, lo cual implicó limitaciones en el uso de reactivos. Ante un mayor tamaño muestral, el uso de reacciones multiplex sería más eficiente tanto para la cuantificación bacteriana como para la detección de genes de resistencia antimicrobiana.

VIII. REFERENCIAS

- Abellan-Schneyder, I., Machado, M. S., Reitmeier, S., Sommer, A., Sewald, Z., Baumbach, J., List, M., & Neuhaus, K. (2021). Primer, Pipelines, Parameters: Issues in 16S rRNA Gene Sequencing. *mSphere*, 6(1). <https://doi.org/10.1128/msphere.01202-20>
- Alhadlaq, M. A., Mujallad, M. I. y Alajel, S. M. I. (2023). Detection of Escherichia coli O157:H7 in imported meat products from Saudi Arabian ports in 2017. *Scientific Reports*, 13(1). <https://doi.org/10.1038/s41598-023-30486-2>
- Andina. (9 de Diciembre de 2019). Prohíben potente antibiótico usado para promover crecimiento de animales de consumo masivo. pág. 1. <https://andina.pe/agencia/noticia-prohiben-potente-antibiotico-usado-para-promover-crecimiento-animales-consumo-masivo-777630.aspx>
- Asensi, G., Reis, E. D., Del Aguila, E., Rodrigues, D. D. P., Silva, J. y Paschoalin, V. (2009). Detection of Escherichia coli and Salmonella in chicken rinse carcasses. *British Food Journal*, 111(6), 517-527. <https://doi.org/10.1108/00070700910965989>
- Azineiro, S., Carvalho, J., Prado, M. y Garrido-Maestu, A. (2020). Multiplex Detection of Salmonella spp., E. coli O157 and L. monocytogenes by qPCR Melt Curve Analysis in Spiked Infant Formula. *Microorganisms*, 8(9), 1359. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8091359>
- Banerjee, R., & Patel, R. (2022). Molecular diagnostics for genotypic detection of antibiotic resistance: current landscape and future directions. *JAC-Antimicrobial Resistance*, 5(1). <https://doi.org/10.1093/jacamr/dlad018>
- Baquero, F., Coque, T. M., Martínez, J., Aracil-Gisbert, S. y Lanza, V. F. (2019). Gene Transmission in the One Health Microbiosphere and the Channels of Antimicrobial

Resistance. *Frontiers In Microbiology*, 10.

<https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02892>

Berman, T. S., Barnett-Itzhaki, Z., Berman, T. y Marom, E. (2023). Antimicrobial resistance in food-producing animals: towards implementing a one health based national action plan in Israel. *Israel Journal Of Health Policy Research*, 12(1).

<https://doi.org/10.1186/s13584-023-00562-z>

Boeckel, T., Brower, C., Gilbert, M., Grenfell, B., Levin, S., Robinson, T., Laxminarayan. (2015). Global trends in antimicrobial use in food animals. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 112(8), 5649-5654.

<https://doi.org/https://doi.org/10.1073%2Fpnas.1503141112>

Boerlin, P., Travis, R., Gyles, C., Reid, R., Janecko, N., Lim, H., Archambault, M. (2005). Antimicrobial resistance and virulence genes of *Escherichia coli* isolates from swine in Ontario. *Applied and environmental microbiology*, 71(11), 6753-6761.

<https://doi.org/https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16269706/>

Cao, H., Bougouffa, S., Park, T., Lau, A., Tong, M., Chow, K. y Ho, P. (2022). Sharing of Antimicrobial Resistance Genes between Humans and Food Animals. *mSystems*, 7(6). <https://doi.org/10.1128/msystems.00775-22>

Chapela, M., Garrido-Maestu, A. y Cabado, A. G. (2015). Detection of foodborne pathogens by qPCR: A practical approach for food industry applications. *Cogent Food & Agriculture*, 1(1), 1013771.

<https://doi.org/10.1080/23311932.2015.1013771>

Clinical and Laboratory Standards Institute. (2025). *Performance standards for antimicrobial susceptibility testing* (35th ed., CLSI supplement M100). Clinical and Laboratory Standards Institute.

- Conceição, S., Queiroga, M., y Laranjo, M. (2023). Antimicrobial Resistance in Bacteria from Meat and Meat Products: A One Health Perspective. *microorganism*, 11(10), 1-21. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11102581>
- Cortez-Sandoval, V., González, R., Ramos, D. (2022). Detección de enterobacterias productoras de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) aisladas en carne de pollo de mercados de abasto de un distrito de Lima, Perú. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 33(3), e22899. <https://doi.org/10.15381/rivep.v33i3.22899>
- Davies, J., Davies, D. (2010). Origins and Evolution of Antibiotic Resistance. *Microbiology And Molecular Biology Reviews*, 74(3), 417-433. <https://doi.org/10.1128/mubr.00016-10>
- Daza, R. (1998). Resistencia bacteriana a antimicrobianos: su importancia en la toma de decisiones en la práctica diaria . *Información Terapéutica del Sistema Nacional de Salud*, 22(3), 57-67. <https://doi.org/https://www.sanidad.gob.es/biblioPublic/publicaciones/docs/bacterias.pdf>
- Defensoria del Pueblo . (2020). Condiciones de salubridad en mercados de abastos, supermercados y bodegas para prevenir el covid-19. *Serie Informes Especiales N° 010-2020-DP*, 1-34. <https://doi.org/https://www.defensoria.gob.pe/wp-content/uploads/2020/05/Serie-Informes-Especiales-N%C2%BA-010-2020-DPV2.pdf>
- Espinoza, J. A. R., Marino, C. T. C., García, N. L., Grandez, L. L. G. y De la Torre Villanueva, M. (2021). Evaluación microbiológica de carcasas de pollo y ambientes de centros de faenamiento en una provincia de la Amazonía Peruana. *Revista Facultad de Ciencias Agropecuarias -FAGROPEC*, 13(2), 100-113. <https://doi.org/10.47847/fagropec.v13n2a2>

Essack, S. (2018). Resistencia a los antibióticos y una sola salud: un proyecto de mapeo .

Lancet Global Health , 6. [https://doi.org/10.1016/S2214-109X\(18\)30156-6](https://doi.org/10.1016/S2214-109X(18)30156-6)

Foddai, A. C. G., Grant, I. R. (2020). Methods for detection of viable foodborne pathogens:

current state-of-art and future prospects. *Applied Microbiology And Biotechnology*,

104(10), 4281-4288. <https://doi.org/10.1007/s00253-020-10542-x>

Gómez Portilla, M. P. (2015). *Evaluación de la calidad microbiológica y organoléptica de*

carne de pollo comercializada en plazas de mercado de la ciudad de Pasto [Trabajo de grado, Universidad de Nariño]. Repositorio Institucional Universidad de Nariño.

<https://sired.udenar.edu.co/3226/1/89692.pdf>

Heymans, R., Vila, A., Van Heerwaarden, C. A. M., Jansen, C. C. C., Castelijm, G. A. A.,

Van Der Voort, M. y Biesta-Peters, E. G. (2018). Rapid detection and

differentiation of Salmonella species, Salmonella Typhimurium and Salmonella

Enteritidis by multiplex quantitative PCR. *PLoS ONE*, 13(10), e0206316.

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0206316>

Instituto Nacional de Estadística e Informática . (2018). La informalidad y la fuerza de trabajo . 100-112.

https://doi.org/https://www.inei.gob.pe/media/MenuRecursivo/publicaciones_digita/es/Est/Lib1764/cap04.pdf

Kakkar, M., Chatterjee, P., Chauhan, A., Grace, D., Lindahl, J., Beeche, A., Chotinan, S.

(2018). Antimicrobial resistance in South East Asia: time to ask the right questions.

Global Health Action , 11(1), 1-5.

<https://doi.org/https://doi.org/10.1080%2F16549716.2018.1483637>

Lavado Castro, D. E. (2017). Estudio comparativo de la carga bacteriana en carcasas de

pollo provenientes de diferentes sistemas de beneficio y comercialización en el

distrito de Trujillo . *Universidad Privada Antenor Orrego* , 1-57.

<https://repositorio.upao.edu.pe/item/7b1b96c5-e584-f7ab-e050-010a1c030756>

Li, L., Xiao, Y., Wang, C., Olsen, R. H., Meng, H. y Shi, L. (2022). Exploring the resistome, virulome, mobilome and microbiome along pork production chain using metagenomics. *International Journal Of Food Microbiology*, 371, 109674.

<https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2022.109674>

Livak, K. J., & Schmittgen, T. D. (2001). Analysis of Relative Gene Expression Data Using Real-Time Quantitative PCR and the $2^{-\Delta\Delta CT}$ Method. *Methods*, 25(4), 402-408.

<https://doi.org/10.1006/meth.2001.1262>

Lucas, J. R. , Cauti, S. M., Campos, C. E. y 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.

<https://doi.org/10.15381/rivep.v27i3.12000>

Martak, D., Henriot, C. P., & Hocquet, D. (2024). Environment, animals, and food as reservoirs of antibiotic-resistant bacteria for humans: One health or more? *Infectious Diseases Now*, 54(4), 104895. <https://doi.org/10.1016/j.idnow.2024.104895>

Martiny, H., Munk, P., Brinch, C., Aarestrup, F. M., Calle, M. L. y Petersen, T. N. (2024). Utilizing co-abundances of antimicrobial resistance genes to identify potential co-selection in the resistome. *Microbiology Spectrum*, 12(7).

<https://doi.org/10.1128/spectrum.04108-23>

Medina-Pizzali, M. L., Hartinger, S. M., Salmon-Mulanovich, G., Larson, A., Riveros, M. y Mäusezahl, D. (2021). Antimicrobial Resistance in Rural Settings in Latin America: A Scoping Review with a One Health Lens. *International Journal Of Environmental Research And Public Health*, 18(18), 9837. <https://doi.org/10.3390/ijerph18189837>

Mejia, E. (2018). Antibióticos Prohibidos en Estados Unidos (EE.UU.) y La Unión Europea (UE), Autorizados Para Uso Veterinario en Producción Avícola, Bovina y Porcina en el Perú. *Universidad Peruana Cayetano Heredia* , 1-38.

<https://doi.org/https://repositorio.upch.edu.pe/handle/20.500.12866/4566?show=full>

Mendoza Medellin, A. (2011). El formidable reto de la resistencia bacteriana a los antibióticos. *Revista de la Facultad de Medicina (México)*, 54(1), 1-5.

https://doi.org/https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0026-17422011000100003

M'ikanatha, N., Sandt, C., Localio, A., Tewari, D., Rankin, S., Whichard, J., McDermott, P. (2010). Multidrug-resistant Salmonella isolates from retail chicken meat compared with human clinical isolates. *Foodborne Pathogens and Disease*, 7(8), 929-934.

<https://doi.org/https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/20443729/>

Ministerio de Agricultura y Riego . (2020). Sistema Integrado de Estadísticas Agraria: MINAGRI – DGESEP – DEA. *Boletín Estadístico Mensual de la Producción y Comercialización de Productos Avícolas*.

<https://doi.org/http://siea.minagri.gob.pe/siea/?q=publicaciones/boletin-estadistico-mensual-de-la-produccion-y-comercializacion-avicola>

Ministerio de Desarrollo Agrario y Riego. (Agosto de 2024). Producción Ganadera y Avícola 2023. págs. 1-157.

https://siea.midagri.gob.pe/portal/phocadownload/datos_estadisticas/anuarios/pecuaria/pecuaria_2023.pdf

Moawad, A., Hotzel, H., Awad, O., Tomaso, H., Neubauer, H., Hafez, M., y Adawy, H.

(2017). Occurrence of Salmonella enterica and Escherichia coli in raw chicken and beef meat in northern Egypt and dissemination of their antibiotic resistance markers.

Gut Pathogens, 9(57), 1-13.

<https://doi.org/https://link.springer.com/article/10.1186/s13099-017-0206-9>

Mohsin, M., Boeckel, T., Saleemi, M., Umair, M., Naseem, M., He, C., Laxminarayan, R. (2019). Excessive use of medically important antimicrobials in food animals in Pakistan: a five-year surveillance survey. *Global Health Action*, 12, 1-5.

<https://doi.org/https://doi.org/10.1080%2F16549716.2019.1697541>

Monte, D. F., Mem, A., Fernandes, M. R., Cerdeira, L., Esposito, F., Galvão, J. A., Franco, B. D. G. M., Lincopan, N., & Landgraf, M. (2017). Chicken Meat as a Reservoir of Colistin-Resistant *Escherichia coli* Strains Carrying *mcr-1* Genes in South America. *Antimicrobial Agents And Chemotherapy*, 61(5). [https://doi.org/10.1128/aac.02718-](https://doi.org/10.1128/aac.02718-16)

[16](https://doi.org/10.1128/aac.02718-16)

Mouiche, M. M. M., Moffo, F., Akoachere, J. T. K., Okah-Nnane, N. H., Mapiefou, N. P., Ndze, V. N., Wade, A., Djuikwo-Teukeng, F. F., Toghua, D. G. T., Zambou, H. R., Feussom, J. M. K., LeBreton, M. y Awah-Ndukum, J. (2019). Antimicrobial resistance from a one health perspective in Cameroon: a systematic review and meta-analysis. *BMC Public Health*, 19(1). [https://doi.org/10.1186/s12889-019-7450-](https://doi.org/10.1186/s12889-019-7450-5)

[5](https://doi.org/10.1186/s12889-019-7450-5)

Murray, M., Salvatierra, G., Dávila-Barclay, A., Ayzanoa, B., Castillo-Vilcahuaman, C., Huang, M., Pajuelo, M. J., Lescano, A. G., Cabrera, L., Calderón, M., Berg, D. E., Gilman, R. H., & Tsukayama, P. (2021). Market Chickens as a Source of Antibiotic-Resistant *Escherichia coli* in a Peri-Urban Community in Lima, Peru. *Frontiers In Microbiology*, 12. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.635871>

Ndraha, N., Lin, H., Wang, C., Hsiao, H. y Lin H. (2023). Rapid detection methods for foodborne pathogens based on nucleic acid amplification: Recent advances,

remaining challenges, and possible opportunities. *Food Chemistry Molecular Sciences*, 7, 100183. <https://doi.org/10.1016/j.fochms.2023.100183>

Organización Mundial de la Salud. (2019). Un nuevo informe insta a actuar con urgencia para prevenir una crisis causada por la resistencia antimicrobiana.

<https://doi.org/https://www.who.int/es/news/item/29-04-2019-new-report-calls-for-urgent-action-to-avert-antimicrobial-resistance-crisis>

Organización Panamericana de la Salud . (2022). Resistencia antimicrobiana en producción animal . *Centro Panamericano de Fiebre Aftosa y Salud Pública Veterinaria* , 1-2.

<https://doi.org/https://www.paho.org/es/panaftosa/resistencia-antimicrobiana-produccion-animal>

Park, S., Rana, A., Sung, W. y Munir, M. (2021). Competitiveness of Quantitative Polymerase Chain Reaction (qPCR) and Droplet Digital Polymerase Chain Reaction (ddPCR) Technologies, with a Particular Focus on Detection of Antibiotic Resistance Genes (ARGs). *Applied Microbiology*, 1(3), 426-444.

<https://doi.org/10.3390/applmicrobiol1030028>

Paul, S. S., Rao, S. V. R., Hegde, N., Williams, N. J., Chatterjee, R. N., Raju, M. V. L. N., Reddy, G. N., Kumar, V., Kumar, P. S. P., Mallick, S. y Gargi, M. (2022). Effects of Dietary Antimicrobial Growth Promoters on Performance Parameters and Abundance and Diversity of Broiler Chicken Gut Microbiome and Selection of Antibiotic Resistance Genes. *Frontiers In Microbiology*, 13.

<https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.905050>

Pérez, J. y Serrano, F. (2013). Calidad microbiológica de la carne de pollo (*Gallus gallus*) comercializada en la ciudad de Huancavelica. [Tesis de pregrado, Universidad Nacional de Huancavelica-Perú]. <http://repositorio.unh.edu.pe/handle/UNH/743>

- Robinson, T., Wertheim, H., Kakkar, M., Kariuki, S., y Bu, D. (2016). Animal production and antimicrobial resistance in the clinic. *The Lancet*, 387(20024), 1-3.
[https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(15\)00730-8](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S0140-6736(15)00730-8)
- Rocchetti, G., Ferronato, G., Sarv, V., Kerner, K., Venskutonis, P. R. y Lucini, L. (2022). Meat extenders from different sources as protein-rich alternatives to improve the technological properties and functional quality of meat products. *Current Opinion In Food Science*, 49, 100967. <https://doi.org/10.1016/j.cofs.2022.100967>
- Ruiz-Roldán, L., Martínez-Puchol, S., Gomes, C., Palma, N., Riveros, M., Ocampo, K., Durand, D., Ochoa, T. J., Ruiz, J., & Pons, M. J. (2018). Presencia de *Enterobacteriaceae* y *Escherichia coli* multirresistente a antimicrobianos en carne adquirida en mercados tradicionales en Lima. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 35(3), 425. <https://doi.org/10.17843/rpmesp.2018.353.3737>
- Shiori, Y., Eriko, I., Megumi, H., Hidetake, E., Masatake, M., Norio, H., y Hirai, K. (2013). Prevalence and Molecular Epidemiological Characterization of Antimicrobial-Resistant *Escherichia coli* Isolates from Japanese Black Beef Cattle. *Journal of Food Protection*, 73(3), 394-404.
<https://doi.org/https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0362028X23054753>
- Suria, M. S., Azlina, A. K. A., Zamri, I., Afendy, M. A. T., Lau, H. Y., Mariana, N. S. y Raha, A. R. (2012). Real-time PCR for detection of *fliC* gene of *Escherichia coli* O157:H7 in beef and chicken meat. *Journal of Tropical Agriculture and Food Science*, 40(1), 81–88.
<https://agris.fao.org/search/en/providers/122640/records/6474739e2d3f560f80ab908>

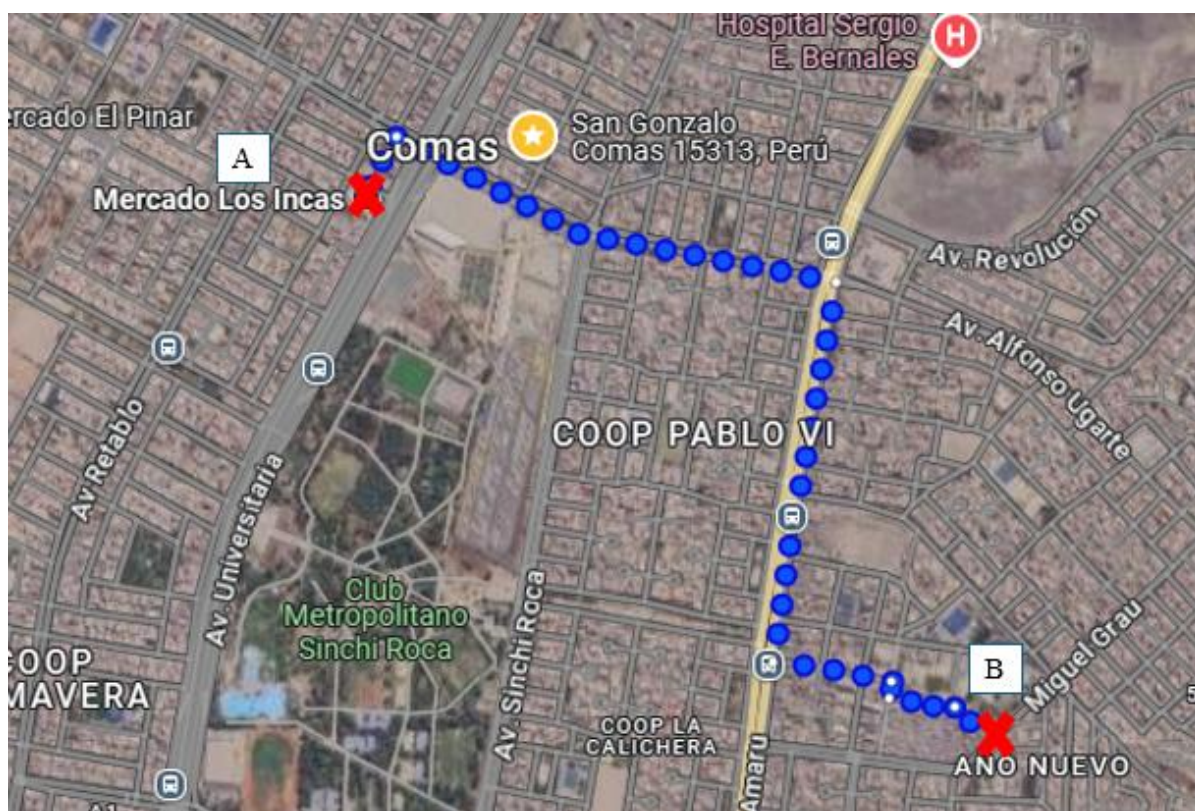
- Tan, S. J., Nordin, S., Esah, E. M. y Mahrer, N. (2022). Salmonella spp. in Chicken: Prevalence, Antimicrobial Resistance, and Detection Methods. *Microbiology Research*, 13(4), 691-705. <https://doi.org/10.3390/microbiolres13040050>
- The World Counts. (2025). *World consumption of meat*. <https://www.theworldcounts.com/challenges/foods-and-beverages/world-consumption-of-meat>
- Tiffanent, R., Irawati, R., Tjampakasari, C. R., Fithriyah, M., Muziasari, W. y Karuniawati, A. (2022). The qPCR assay for detecting the presence and relative abundance of *Pseudomonas aeruginosa* and antibiotic resistance gene *aadA2* in hospital wastewater of National Reference Hospital Dr. Cipto Mangunkusumo (RSCM). *Microbiology Indonesia*, 16(2), 24–30. <https://doi.org/10.5454/mi.16.2.2>
- Vásquez-Ampuero, J. M., Tasayco-Alcántara, W. R. (2020). *Presence of pathogens in raw chicken meat in retail centers, Huánuco-Peru: A health problem*. <https://doi.org/0.36610/j.jsars.2020.110200130x>
- Verraes, C., Van Boxstael, S., Van Meervenue, E., Van Coillie, E., Butaye, P., Catry, B., De Schaetzen, M., Van Huffel, X., Imberechts, H., Dierick, K., Daube, G., Saegerman, C., De Block, J., Dewulf, J. y Herman, L. (2013). Antimicrobial Resistance in the Food Chain: A Review. *International Journal Of Environmental Research And Public Health*, 10(7), 2643-2669. <https://doi.org/10.3390/ijerph10072643>
- Wang, Y., Lyu, N., Liu, F., Liu, W. J., Bi, Y., Zhang, Z., Ma, S., Cao, J., Song, X., Wang, A., Zhang, G., Hu, Y., Zhu, B. y Gao, G. F. (2021). More diversified antibiotic resistance genes in chickens and workers of the live poultry markets. *Environment International*, 153, 106534. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2021.106534>

- Woolhouse, M. ., Bunnik, B., Farrar, J. (2015). Antimicrobial resistance in humans, livestock and the wider environment. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*, 370(1670), 1-7. <https://doi.org/10.1098/rstb.2014.0083>
- Yang, D., Heederik, D. J. J., Scherpenisse, P., Van Gompel, L., Luiken, R. E. C., Wadepohl, K., Skarżyńska, M., Van Heijnsbergen, E., Wouters, I. M., Greve, G. D., Jongerius-Gortemaker, B. G. M., Tersteeg-Zijderveld, M., Portengen, L., Juraschek, K., Fischer, J., Zając, M., Wasyl, D., Wagenaar, J. A., Mevius, D. J., . . . Schmitt, H. (2022). Antimicrobial resistance genes *aph(3')-III*, *erm(B)*, *sul2* and *tet(W)* abundance in animal faeces, meat, production environments and human faeces in Europe. *Journal Of Antimicrobial Chemotherapy*, 77(7), 1883-1893. <https://doi.org/10.1093/jac/dkac133>
- Zambrano F., H., Lucas L., J., Vilca L., M., & Ramos D., D. (2013). *Determinación de Salmonella spp en centros de beneficio clandestino de pollos de engorde en Lima, Perú*. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 24(3), 337–345. <https://doi.org/10.15381/rivep.v24i3.2582>
- Zhu, J., Yao, B., Song, X., Wang, Y., Cui, S., Xu, H., Yang, B., Huang, J., Liu, G., Yang, X., Gong, P., Chen, Q. y Li, F. (2016). Prevalence and quantification of *Campylobacter* contamination on raw chicken carcasses for retail sale in China. *Food Control*, 75, 196-202. <https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2016.12.007>

IX. ANEXOS

Anexo A.

Ubicación geográfica de los mercados “Los Incas” y “Año Nuevo” del distrito de Comas, Lima Metropolitana.



Nota. (A) El mercado “Los Incas” se encuentra ubicado en Los Naranjos, Comas (15316), con coordenadas geográficas aproximadas -11.91583 , -77.04899 .

(B) El mercado “Año Nuevo” está situado en el distrito de Comas (15326), con coordenadas geográficas aproximadas -11.92467 , -77.03869 . Elaboración propia.

Anexo B.

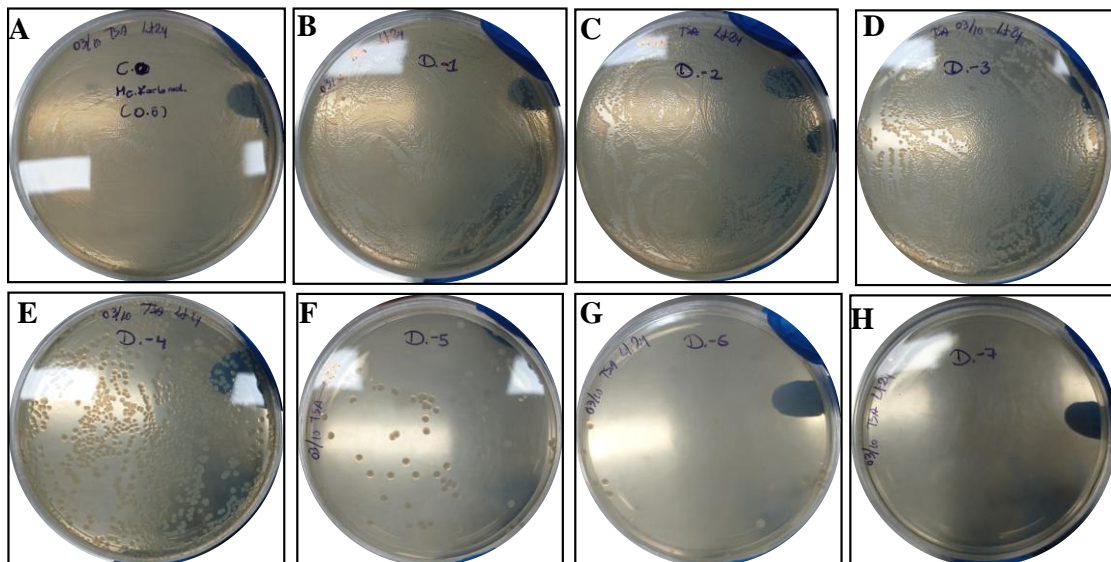
Imagen referencial de la carcasa de pollo



Nota. Elaboración propia.

Anexo C.

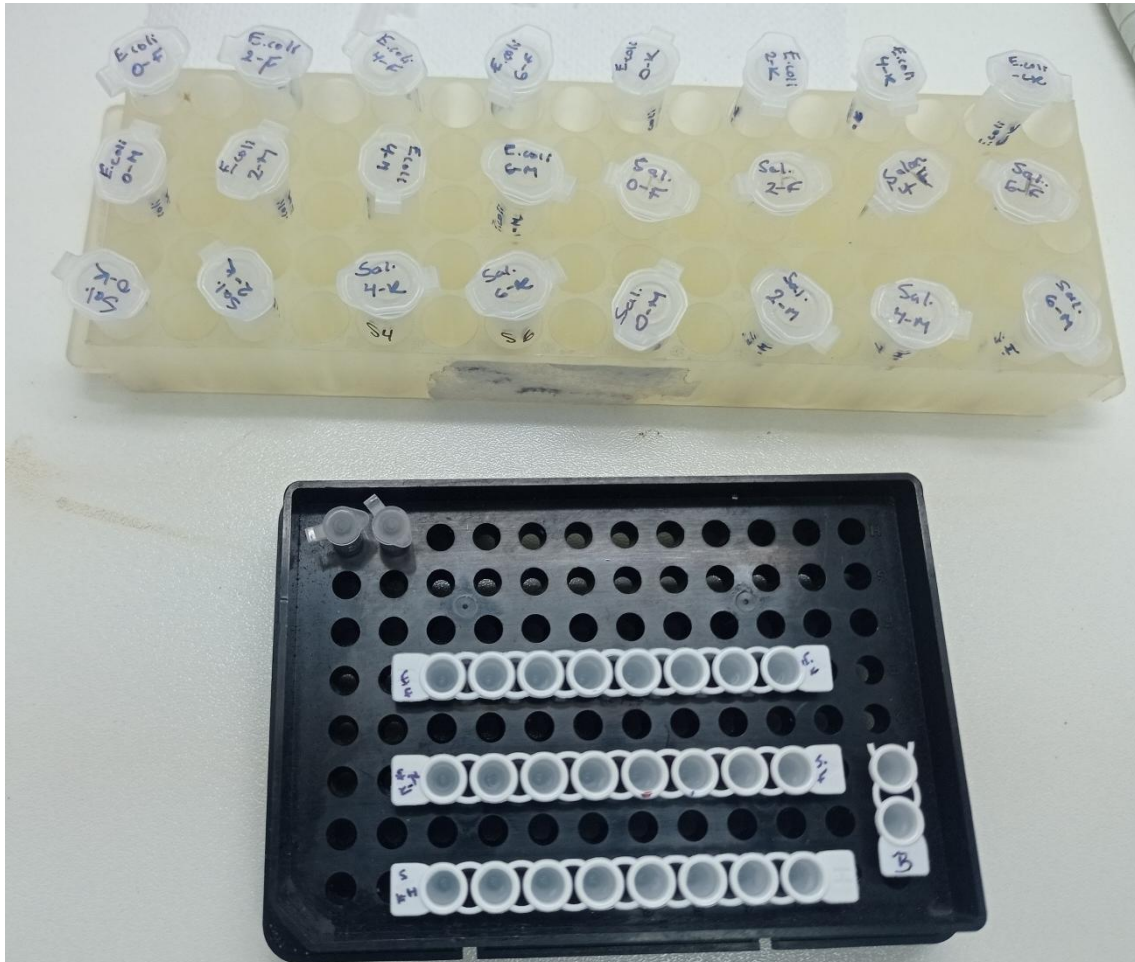
Diluciones seriadas para la construcción de la curva estándar



Nota. Fotografía propia que muestra la placa correspondiente a la concentración inicial (A) y las diluciones seriadas (B-H), utilizadas para la construcción de la curva estándar en el análisis de cuantificación bacteriana en medio TSA. Elaboración propia.

Anexo D.

Obtención de ADN total bacteriano y preparación del mix para qPCR



Nota. Elaboración propia.

Anexo E.

Carga de las muestras en el termociclador



Nota. Elaboración propia.

Anexo F.

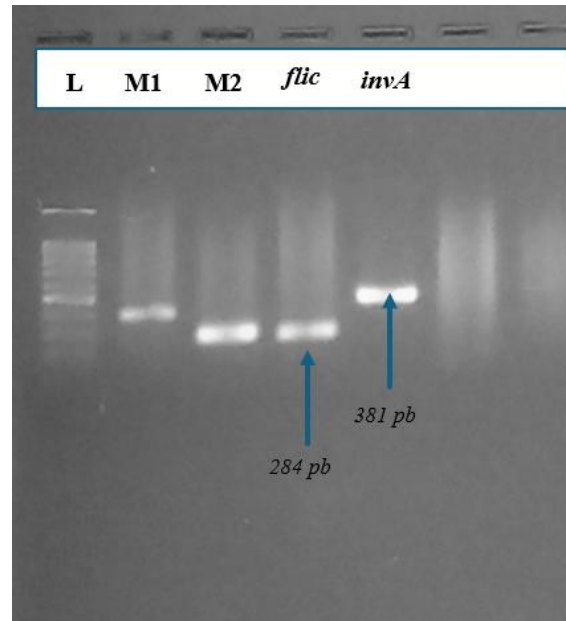
Termociclador empleado para la PCR tiempo real



Nota. Elaboración propia.

Anexo G.

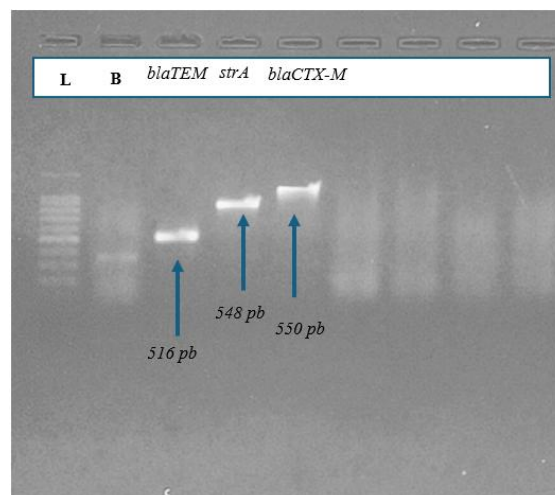
Confirmación de productos amplificados con el primer *flic* para *Escherichia coli* O157:H7 y primer *invA* para *Salmonella enterica* spp. Gel de agarosa al 2%.



Nota. Elaboración propia.

Anexo H.

Confirmación de productos amplificados con el primer *blaCTX-M*, *blaTEM*, *strA*. Gel de agarosa al 2%.



Nota. Elaboración propia.

Anexo I.*Resultados de la cuantificación absoluta de la carga bacteriana total y de bacterias**patógenas en carcasas de pollo*

Lugar	Muestra	Carga Bacteriana Total (16s)		Carga Bacteriana <i>E.coli</i> <i>0157:H7-fliC</i>		Carga Bacteriana <i>Salmonella enterica spp-</i> <i>invA</i>	
		Ct	Log (CFU/ml)	Ct	Log (CFU/ml)	Ct	Log (CFU/ml)
Mercado "Los Incas"	1-A	27.31	6.276	37.13	0.253	N.A	0.000
	2-A	26.05	6.660	34.79	0.959	N.A	0.000
	3-A	28.86	5.805	35.82	0.648	31.89	1.803
	4-A	25.97	6.684	34.44	1.064	N.A	0.000
	5-A	26.73	6.453	34.91	0.922	N.A	0.000
	6-A	32.51	4.694	N.A	N.A	N.A	0.000
	7-A	33.84	4.289	N.A	N.A	N.A	0.000
	8-A	30.91	5.181	N.A	N.A	N.A	0.000
	9-A	15.61	9.838	29.6	2.524	N.A	0.000
	10-A	14.53	10.166	30.5	2.252	N.A	0.000
	11-A	16.8	9.475	29.92	2.427	N.A	0.000
	12-A	14.32	10.230	28.17	2.955	37.87	0.067
	13-A	15.2	9.962	28.84	2.753	N.A	0.000
Mercado "Año Nuevo"	1-B	30.64	5.263	33.9	1.227	N.A	0.000
	2-B	27.94	6.085	34.76	0.968	N.A	0.000
	3-B	29.19	5.704	34.04	1.185	N.A	0.000
	4-B	30.33	5.357	33.85	1.242	N.A	0.000
	5-B	29.22	5.695	32.44	1.667	N.A	0.000
	6-B	20.79	8.261	35.9	0.624	37.02	0.314
	7-B	35.43	3.805	36.17	0.543	N.A	0.000
	8-B	38.84	2.767	N.A	N.A	N.A	0.000
	9-B	23.69	7.378	N.A	N.A	N.A	0.000
	10-B	22.5	7.740	36.61	0.410	N.A	0.000
	11-B	13.06	10.614	31.18	2.047	34.7	0.987
	12-B	11.33	11.140	33.05	1.483	N.A	0.000
	13-B	35.96	3.643	32.87	1.538	N.A	0.000
	14-B	32.78	4.611	33.42	1.372	N.A	0.000
	15-B	32.87	4.584	31.48	1.957	N.A	0.000

Nota. Se asignó "N.A." a los casos donde no se obtuvo amplificación o se observó inespecificidad en el producto. Elaboración propia.

Anexo J.*Resultados de la cuantificación relativa de los genes de resistencia en carcasas de pollo*

Lugar	Muestra	<i>blaCTX-M</i>		<i>blaTEM</i>		<i>strA</i>	
		Ct	Log (CFU/ml)	Ct	Log (CFU/ml)	Ct	Log (CFU/ml)
Mercado "Los Incas"	1-A	29.75	-0.734	26.86	0.135	25.35	0.590
	2-A	29.95	-1.174	26.70	-0.195	26.63	-0.174
	3-A	29.25	-0.117	26.45	0.725	26.14	0.818
	4-A	28.58	-0.785	26.80	-0.249	26.53	-0.168
	5-A	29.30	-0.773	26.47	0.078	25.52	0.364
	6-A	30.47	0.614	29.01	1.053	23.58	2.688
	7-A	N.A	N.A	34.31	-0.141	24.6	2.781
	8-A	N.A	N.A	N.A	N.A	31.03	-0.036
	9-A	23.52	-2.381	20.68	-1.526	20.81	-1.565
	10-A	21.06	-1.965	19.27	-1.426	20.65	-1.842
	11-A	22.76	-1.794	20.28	-1.047	18.6	-0.541
	12-A	21.51	-2.164	19.40	-1.529	20.42	-1.836
	13-A	21.76	-1.974	20.00	-1.444	21.93	-2.025
Mercado "Año Nuevo"	1-B	30.73	-0.027	27.78	0.860	25.74	1.475
	2-B	30.83	-0.869	27.66	0.084	27.15	0.237
	3-B	31.52	-0.701	28.10	0.328	27.52	0.502
	4-B	31.30	-0.291	28.11	0.668	27.47	0.860
	5-B	31.14	-0.577	28.33	0.267	27.23	0.599
	6-B	31.82	-3.320	28.10	-2.200	27.85	-2.125
	7-B	24.74	3.218	23.28	3.657	27.01	2.534
	8-B	30.88	2.396	27.34	3.461	27.31	3.470
	9-B	31.28	-2.284	28.33	-1.396	29.44	-1.730
	10-B	N.A	N.A	N.A	N.A	N.A	N.A
	11-B	19.96	-2.077	17.64	-1.378	18.98	-1.782
	12-B	16.16	-1.453	15.14	-1.146	18.29	-2.095
	13-B	20.57	4.632	19.42	4.979	19.72	4.888
	14-B	N.A	N.A	19.24	4.075	N.A	N.A
	15-B	20.37	3.762	17.83	4.527	18.97	4.184

Nota. Se asignó "N.A." a los casos donde no se obtuvo amplificación o se observó inespecificidad en el producto. Elaboración propia.