

IDENTIFICACIÓN DE *PROTEUS MIRABILIS* EN CARNE DE POLLO PROCEDENTE DE COMERCIOS EN CANTÓN AMBATO

PROTEUS MIRABILIS IDENTIFICATION IN POULTRY MEAT OBTAINED IN RETAIL CENTERS IN AMBATO

Dayanara Cortez Guerra ^{1*}

¹ Tesista, Departamento Medicina Veterinaria, Facultad Ciencias Agropecuarias. Universidad Técnica de Ambato. Ecuador. ORCID: <https://orcid.org/0009-0008-3979-975X>. Correo: dcortez1616@uta.edu.ec

Solange Escobar Aguilar ²

² Departamento Medicina Veterinaria, Facultad Ciencias Agropecuarias. Universidad Técnica de Ambato. Ecuador. ORCID: <https://orcid.org/0009-0005-5864-9034>. Correo: sescobar6118@uta.edu.ec

Jennifer Gómez Usiña ³

³ Departamento Medicina Veterinaria, Facultad Ciencias Agropecuarias. Universidad Técnica de Ambato. Ecuador. ORCID: <https://orcid.org/0009-0002-7157-6739>. Correo: jgomez3741@uta.edu.ec

Carolina Manzanilla Miranda ⁴

⁴ Departamento Medicina Veterinaria, Facultad Ciencias Agropecuarias. Universidad Técnica de Ambato. Ecuador. ORCID: <https://orcid.org/0009-0007-9956-3784>. Correo: cmanzanillas2073@uta.edu.ec

Sandra Cruz Quintana ⁵

⁵ Departamento Medicina Veterinaria, Facultad Ciencias Agropecuarias. Universidad Técnica de Ambato. Ecuador. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8510-1294>. Correo: sm.cruz@uta.edu.ec

* Autor para correspondencia: dcortez1616@uta.edu.ec

Resumen

Proteus mirabilis es una bacteria capaz de causar patologías de interés en salud pública. Se presenta de forma común en la carne de pollo. *P. mirabilis* no destaca por sus niveles de patogenicidad, pero sí por su difícil abordaje terapéutico una vez desarrollada la infección, debido a la resistencia a antibióticos que ha presentado.

En este estudio se recolectaron 135 muestras de carne de pollo en distintos centros de expendio de Ambato (45 formales, 45 informales y 45 camales). Se sembró en medios de cultivo selectivo (Agar McConkey y Agar XLD), se usó Tinción de Gram y se realizaron pruebas bioquímicas (Prueba Oxidasa y TSI) e identificación molecular mediante la amplificación de la región 16S del ADN ribosomal, resultando 48 muestras de *P. mirabilis* con 17 cepas diferentes, siendo la más prevalente NCTC 11938. *P. mirabilis* se identificó sobre todo en centros de expendio formales, seguido por camales y centros de expendio informales. Esta contaminación se relaciona con el incumplimiento de protocolos de procesamiento de alimentos. La gran prevalencia de esta bacteria representa una problemática de interés público, por los peligros que se relacionan a la contaminación de la carne con ella.

Palabras clave: *Proteus mirabilis*; carne de pollo; identificación molecular; comercio formal; comercio informal

Abstract

Proteus mirabilis is a bacterium capable of causing pathologies of interest in public health. It occurs commonly in chicken meat. *P. mirabilis* does not stand out for its pathogenicity levels, but it does stand out for its difficult therapeutic approach once the infection has developed, due to its antibiotic resistance. In this study, 135 samples of chicken meat were collected in several retail centers in Ambato (45 formal sales, 45 informal sales and 45 slaughterhouses). Samples were seeded in selective culture media (McConkey Agar and XLD Agar), Gram staining was used, as well as biochemical tests (Oxidase Test and TSI) and molecular identification were performed by amplifying the 16S DNA ribosomal region, consequently there were 48 samples of *P. mirabilis* with 17 different strains, NCTC 11938 was the most common. *P. mirabilis* was mainly identified in formal retail centers, followed by slaughterhouses and informal retail centers. Meat contamination is related to food processing protocols breach. The great prevalence of this bacterium portrays a public concern issue, due to hazards related to meat contamination with it.

Keywords: *Proteus mirabilis*; chicken meat; molecular identification; formal trade; informal trade

Fecha de recibido: 24/05/2023

Fecha de aceptado: 19/07/2023

Fecha de publicado: 20/07/2023

Introducción

Una de las principales, y más famosas, fuentes de proteína en la zona occidente es la carne de pollo (Katiyo et al., 2020). Ecuador no es la excepción dentro de esta premisa y en los últimos años la demanda por este tipo de producto cárnico ha ido en alza, sobre todo en 2022 (Moreta, 2023). Todo ello, debido a sus bajos costos, facilidad de cocción y sabor; lo que lo convierten en un plato accesible al consumidor. De igual forma, la creencia popular de que este producto provoca un menor impacto a nivel medioambiental, lo ha posicionado

como uno de los alimentos predilectos (Pinto da Rosa et al., 2021). En Ecuador, el consumo de pollo se redujo en 2020; probablemente relacionado a la crisis sanitaria de Covid-19 (Moreta, 2023).

Dada la gran aceptación de carne de pollo en el mercado, la producción de esta proteína ha ido en aumento, así como su expendio (CONAVE, 2022). Esta necesidad de cubrir el requerimiento del consumidor mientras se reducen aún más los costos de venta del producto han llevado a optar por su compra en centros no regulados o informales (Quispe Fernández et al., 2020). Esto representa un problema a nivel de salud pública, dado que la informalidad en la producción, distribución y venta de alimentos dispuestos para consumo humano estaría relacionada con la contaminación de éstos con microorganismos, deviniendo en la aparición de enfermedades de transmisión alimentaria (ETAs) o similares (Organización Panamericana de la Salud, s.f.).

La Organización Panamericana de la Salud (OPS) (s.f.), menciona que los alimentos relacionados a Enfermedades Transmitidas por Alimentos (ETA) son, en su mayoría, de origen animal; destacando vehículos como la carne de bovinos, porcinos, aves y los derivados de estas especies (huevos y lácteos) (Organización Panamericana de la Salud, s.f.). Las ETA son un problema de importancia de salud poblacional, puesto que diariamente se reportan casos de enfermedades por productos contaminados ya sea con virus, hongos, bacterias o sus respectivas toxinas. Esto implica una amenaza importante al sector de la salud, puesto que los grupos vulnerables; infantes, mujeres gestantes, geriátricos y personas inmunodeprimidas, son los más afectados (Organización Panamericana de la Salud, s.f.).

La inocuidad de los alimentos es el tema fundamental para tener en cuenta como mecanismo para batallar contra las ETA y las subsecuentes pérdidas humanas que ocasionan, sobre todo en sectores de bajos recursos y limitado acceso a medicamentos, como zonas de Medio Oriente, África y/o sectores rurales de Latinoamérica (World Health Organization, 2003). Esta inocuidad puede obtenerse mediante la aplicación tanto de Buenas Prácticas Agropecuarias como de Manufactura, las cuales velan por la seguridad alimentaria mediante la aplicación de protocolos eficaces de desinfección, limpieza, mantenimiento y control, tanto de las áreas de obtención y producción de la carne, como el expendio de la misma (Gallo et al., 2020).

Uno de los microorganismos con el cual podría verse contaminada la línea de producción es *Proteus mirabilis* (Wan-Qing et al., 2022). Esta bacteria es capaz de causar enfermedades infecciosas serias en humanos y está presente en alimentos de consumo masivo (Sanches et al., 2021). *P. mirabilis* tiene la capacidad de afectar el tracto urinario y el sistema circulatorio causando infecciones de relevancia, puesto que desencadenan procesos de bacteriemia o sepsis. Estas infecciones suelen observarse de manera frecuente en pacientes cateterizados por largos periodos de tiempo y pueden provocar daños importantes a la médula espinal de no llegar a controlarse (Kwiecińska-Piróg et al., 2018). Los cuadros pueden complicarse si las infecciones del tracto urinario concurren con la formación de urolitiasis y daño renal. La disposición anatómica del sistema urinario y del sistema excretor facilita la contaminación por estas vías.

La presencia de *P. mirabilis* en el aparato digestivo se da de manera frecuente debido a la contaminación de alimentos procesados y distribuidos en condiciones de poca o nula salubridad (Gallo et al., 2020). Aun cuando *P. mirabilis* no encabeza la lista de microorganismos que pueden desencadenar infecciones de relevancia, las patologías producidas por esta bacteria son de difícil manejo y control clínico y pueden observarse de forma común. La inspección e identificación oportuna de centros de distribución de alimentos que efectúen

actividades con bajos estándares de calidad disminuye la incidencia de enfermedades bacterianas relacionadas y de problemas a la salud pública.

Presentadas las anteriores premisas, el objetivo principal de este artículo es identificar *P. mirabilis* en muestras de carne de pollo de venta al público en comercios formales e informales de la ciudad de Ambato, empleando pruebas microbiológicas, bioquímicas e identificación molecular para lograrlo.

Materiales y métodos

Localización y Toma de muestras

La recolección de muestras de carnes de pollo se llevó a cabo en la ciudad de Ambato- Ecuador, eligiendo de manera aleatoria 45 centros de expendio formales y 45 informales. También se recolectaron 45 muestras de camales que abastecen la ciudad de Ambato. Tras la recolección, las muestras se empaquetaron en bolsas de plástico Ziploc y se transportaron al laboratorio de la Universidad Técnica de Ambato, Campus Querochaca donde se realizaron los análisis. En total se adquirieron 135 muestras de carne de pollo.

Procesamiento

Una vez dispuestas las muestras, se procedió a obtener 25 g de carne para procesar. Las piezas fueron colocadas en un matraz Erlenmeyer acompañadas de 225 ml de agua peptonada y se llevaron a la incubadora a una temperatura de 37°C por 24 horas.

Siembra en Medios Selectivos

Se emplearon 2 tipos de agares selectivos: agar MacConkey y Agar XLD (Xilosa-Lisina-Desoxicolato). Cada una de las muestras se repitió 2 veces y se llevó a la incubadora por 24 horas a 37°C. Al salir de la incubadora, se identificaron y emplearon las colonias de color negro, característica compatible con *P. mirabilis*, se les realizó Tinción de Gram, Oxidasa y la prueba TSI (Triple Sugar Iron Agar).

Tinción Gram

Se aplicó la tinción para identificar las bacterias que se tinturaban de color rojo y tenían forma de bacilos relacionandolas así con *P. mirabilis*.

TSI

P. mirabilis suele presentar un pico rosado con una base amarilla y negra a causa de la producción de ácido sulfhídrico tras la fermentación de azúcares (sacarosa, lactosa y glucosa).

Oxidasa

Tras comprobar que las muestras fueran bacilos gram – y TSI con coloración rojo y amarilla y negras por la producción de sulfhídrico y que fueran oxidasa –.

Las colonias potencialmente compatibles con *P. mirabilis* se dispusieron para su análisis e identificación molecular.

Identificación Molecular

Extracción de DNA

Se identificaron colonias aisladas de los cultivos y se llevó a cabo la extracción de material genético. Para ello, se empleó un aproximado de 50 mg de la muestra usando el asa de siembra y se dispuso la misma en un microtubo de 1,5 ml junto a piedras de vidrio estériles (#3) 500 µL de sustancia tampón y 2 µL de 2-mercaptoetanol. Las muestras fueron agitadas empleando un homogeneizador de laboratorio en su máxima velocidad hasta que la muestra llegó a pulverizarse.

Este contenido se incubó por 30 minutos a 60 °C procurando invertir las muestras cada 10 minutos. Luego, se dispuso 500 µL de cloroformo congelado y empleando un Vortex por 30 seg. Se homogeneizó la muestra y dejó reposar por 2 minutos. Tras ello, se llevó a la centrifugadora por 5 o 19 minutos a 14 500xg. Se usaron 400 µL del sobrenadante y se transportaron a un nuevo microtubo de 1,5 ml previamente esterilizado usando una micropipeta. A esta muestra se le añadió una cantidad igual de etanol absoluto frío, 150 µL de acetato de Na y 300 µL de etanol al 70% ya filtrado. De esta manera, se llegó a precipitar el DNA. Se permitió reposar la muestra por 12 horas a -20 °C para luego centrifugarla por un lapso de 11 a 17 minutos a 14500xg y se descartó el sobrenadante. Se realizaron 2 lavados empleando etanol al 70%, luego este se pipetea y se descartó por inversión. Se permitió secar el pellet por 20 minutos, para después suspenderlo una vez más el mismo en DNA con 25 µL de agua trata con dietilpirocarbonato (DEPC), incluyendo 1 µL de ARNsA y luego se incubó por 30 minutos a 37°C para, finalmente, dejar en almacenamiento la muestra a -20°C (Moposita Molina, 2017).

PCR Convencional

El proceso de PCR se inició ajustando un programa en un termociclador basándose en el DNA y los cebadores a emplearse. Se inició con una primera desnaturalización a la temperatura referida por Clermont et al. (2017), es decir 95°C por 3 minutos.

Se prosiguió con una segunda desnaturalización bajo las mismas características, luego un alineamiento por 30 segundos a una temperatura de 3 a 5°C y una extensión por 1 min/kb a 72°C. Estos procesos se repiten por 30 a 40 ciclos. Se realizó otro proceso de extensión a la misma temperatura, pero por un lapso de 5 minutos. Se almacenaron las muestras a 10°C hasta necesitarlas.

Como segundo paso, se realizó un mix de reacción mX ausente de DNA en un volumen de 25 µL. Sus componentes fueron Go Taq Greaster Mix, 2X (1X), primer forward, 10 µM (0.1-1.0 µM), primer reverse, 10 µM (0.1-1.0 µM), DNA (10-250 ng) y agua de PCR cuyo volumen fue 25 µL. Los cebadores empleados para la identificación fueron 27F y 1492R con 1500pb y cuyo marcador fue RNA Ribosomal.

Realizado esto, se procedió a pipetear 25*c (c=volumen DNA para ingresar en rango) µL del compuesto anterior (mix) las veces que se requiera en tubo de PCR. Se dispuso cµL de DNA en tubos nuevos y a los tubos de mix se añadió 3µL de agua de PCR para control.

Electroforesis horizontal en gel de agarosa

Se creó una mezcla con la solución TBE 1X madre usando agua desionizada. Se empleó una proporción 1:4. El volumen de sustancia tampón TBE 1X para combinar con agarosa se calculó tras determinar los volúmenes

apropiados para las cubetas de gel y las cámaras de electroforesis a usar. Se dejó enfriar y se incluyó el Bromuro de Etidio a 0.5 µg/ml como colorante visualizador. La solución se dispuso en una cubeta de gel, se impidió el paso de la luz y se secó al medio ambiente (Moposita Molina, 2017).

Secuenciación de PCR

Los amplicones obtenidos se enviaron a Macrogen Kores para secuenciar usando el método Sanger de dos hebras para cada fragmento de DNA.

Análisis Blast

Los resultados de las secuencias se emplearon para su búsqueda e identificación en BLAST.

Resultados y discusión

En la tabla 1, se sintetizan los resultados obtenidos tras la realización de pruebas microbiológicas y bioquímicas en 135 muestras recolectadas que coinciden con características esperadas para *P. mirabilis*. Con estas pruebas se determinan 58 posibles candidatos a *P. mirabilis*. Para ello, se tomaron en cuenta los resultados más altos y se sumaron para relacionarlos con la presencia de *P. mirabilis*. Dando como resultado 30 muestras de expendio formal, 11 de informal y 17 de camales, es decir, el 38% de presencia de la bacteria, destacando en el expendio con registro.

Tabla 1. Identificación de posible *Proteus mirabilis* en centros de expendio de carne.

Centros de expendio	Tinción Gram (-)	Morfología (Bacilar)	Oxidasa (-)	Agar (XLD – Colonias negras)	Prueba TSI (+) (Amarillo negro)	Posible Microorganismo (<i>P. mirabilis</i>)
Expendio formal (45)	100 % (45/45)	100 % (45/45)	100 % (45/45)	64.4 % (29/45)	66,7 % (30/45)	66.7 % (30/45)
Expendio informal (45)	100 % (45/45)	100 % (45/45)	100 % (45/45)	13.3 % (6/45)	24.4 % (11/45)	24.4 % (11/45)
Camales (45)	100 % (45/45)	100 % (45/45)	100 % (45/45)	31.1% (14/45)	(37.8%) (17/45)	37.8 % (17/45)
Total muestras compatibles	135	135	135	49	58	58

Los resultados obtenidos varían del estudio realizado por Sanches et al. (2021), pues en su investigación menciona la recolección de 920 muestras de diferentes tipos de carne, entre las que se encuentran 200 piezas de pollo y el 100% de ellas se encontraban contaminadas con *P. mirabilis*. Esto puede estar relacionado, a la presencia *P. mirabilis* en aves previa al consumo humano, lo cual Silva Sanches et al. (2020) refiere tras hallar 34 cepas de *P. mirabilis* en lesiones en abdomen, muslo y pecho en pollos de engorde no sacrificados.

Esto muestra la coexistencia ya presente entre el microorganismo y la carne de pollo, lo cual, vuelve altamente susceptible a este producto proteico a la contaminación en cualquiera de las fases de producción a las que se verá sometidas. Asimismo, Eshamah et al. (2020) menciona que, aún es un reto importante la eliminación de componentes bacterianos en la carne de consumo relacionado, por una parte, al rigurosos sistema y control de la cadena de frío que es necesario mantener para evitar el crecimiento bacteriano y, también, al excesivo manejo manual al que la carne se ve expuesta antes de venderse.

En los centros de expendio sin registro se identificaron 12 muestras contaminadas con *P. mirabilis*, lo cual puede relacionarse a un manejo deficiente de la cadena de producción, donde los protocolos de sacrificio, desangrado, desplumado, esviceración, lavado y empaquetado; como Meleán Romero et al. (2008) menciona, no son respetados de forma adecuada; resultando así, en la contaminación de los productos cárnicos con este microorganismo.

La exposición de la carne a medio ambiente, sin tener en cuenta las normas sanitarias ni protocolos de temperatura que impida la proliferación bacteriana, es también un gran factor a tomar en cuenta cuando valoramos los puntos de venta informales asegura Salazar Llorente et al. (2021) en su estudio, pues la interacción con polvo, fauna urbana o insectos aseguran la contaminación de este artículo. En canales se identificaron 17 muestras contaminadas con *P. mirabilis*, lo que se relaciona, como se menciona anteriormente, con protocolos pobres de seguridad en la carne. La poca higiene de operarios, el empleo de maquinaria en mal estado o sucia, el uso inapropiado de batas, botas, guantes o artículos de corte son grandes causas de la presencia de agentes bacterianos, como menciona Eshamah et al. (2020).

Los datos presentados varían de los redactados en un estudio llevado a cabo en mercados de China por Wan-Qing et al. (2022), donde se recolectaron 347 muestras en 14 distintos puntos de venta y se obtuvieron 89 coincidencias con *P. mirabilis* tras las pruebas, es decir, el 25% de las muestras. También contrasta de la investigación desarrollada en puntos de venta de comida informal en Quito, Guayaquil y Cuenca escrito por Salazar Llorente et al. (2021), donde se observó una alta presencia de microorganismos oportunistas, como *P. mirabilis*, en las muestras recolectadas y un aproximado del 30% de prevalencia de esta bacteria en carne de pollo de la ciudad de Cuenca y Guayaquil; así como, en las muestras de queso de la ciudad de Cuenca. De igual forma, los resultados obtenidos en el análisis de Dota Cabrera (2017), discrepan de los hallazgos del presente estudio, puesto que refiere la presencia de *P. mirabilis* en un 5,56 % de las 72 muestras recolectadas. Sin embargo, Dota Cabrera (2017), también refiere la recolección de 18 pollos de un proveedor cuyo análisis lanzó un 22,22% de prevalencia de la bacteria *P. mirabilis*.

Identificación Molecular

En la tabla 2 y 3, se muestran los resultados obtenidos tras el proceso de identificación molecular. De las 58 muestras obtenidas como posibles candidatos a *P. mirabilis* se determinaron que 48 de ellas coincidían molecularmente con dicho microorganismo. Estos aislados corresponden a 17 cepas diferentes de *P. mirabilis*, siendo la más predominante la cepa NCTC 11938 con un 50% de prevalencia. A esta cepa la sigue la cepa MPE5203, JCM 1669, MPE4069 y HN2p con 6,25% de prevalencia cada una.

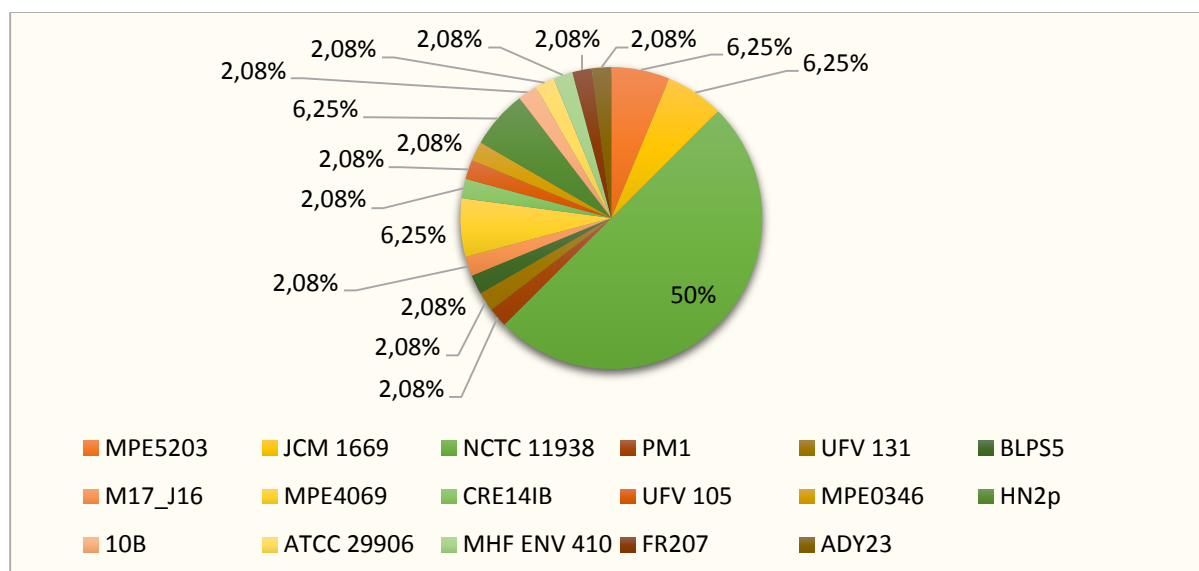


Figura 1. Porcentajes de cepas aisladas de *P. mirabilis* presentes en carne de pollo.

Tabla 2. Cepas aisladas de *P. mirabilis* con sus características genómicas.

Organismo	# de cepas identificadas	Cepa identificada	Tamaño (Mb)	GC %	CDS (Proteína)
<i>Proteus mirabilis</i>	3	MPE5203	3,92	38,5 %	3,421
	3	JCM 1669	4,06	38,8 %	3,581
	24	NCTC 11938	4,07	38,8 %	5,093
	1	PM1	3,96	38,7 %	3,540
	1	UFV 131	4,06	38,8 %	3,581
	1	BLPS5	4,06	38,8 %	3,581
	1	M17_J16	4,06	38,8 %	3,581
	3	MPE4069	4,06	39 %	3,583
	1	CRE14IB	4,12	38,73 %	3,674
	1	UFV 105	4,06	39 %	3,583
	1	MPE0346	4,20	39,1 %	3,791
	3	HN2p	4,17	39,3 %	3,680
	1	10B	4,06	39 %	3,583
	1	ATCC 29906	4,03	38,7 %	3,541
	1	MHF ENV 410	4,06	38,8 %	3,541
	1	FR207	4,06	38,8 %	3,541
	1	ADY23	4,06	39 %	3,541
Total muestras compatibles	48				
Total cepas	17				

Al analizar las características del genoma, cada una de las cepas presenta un tamaño, un porcentaje de GC (guanina-citosina) y una secuencia de codificación (CDS) diferentes. La cepa NCTC 11928 destaca, no sólo

por su prevalencia, sino también por el número de secuencias de codificación presentes en su genoma (5,093), lo cual varía de los otros aislados. Por otra parte, la cepa HN2p varía ligeramente en el porcentaje de GC identificado (39,3 %). Como se observa en la tabla 3, las características genómicas entre cepas no varían de manera drástica como se esperaría al comparar especies de la misma bacteria.

Según Merino Velasco (2018), un genoma rico en guanina – citosina está altamente relacionado con genes que aportan virulencia a la cepa bacteriana, es decir el grado de patogenicidad de la misma; necesitando así, una cantidad menor de microorganismos para causar la enfermedad. No obstante, como puede observarse en la tabla 2, estos niveles varían muy poco entre cepas y, de forma general, se presenta en un porcentaje relativamente bajo en *P. mirabilis* si se compara con otras bacterias como *Shigella fleneri* con 50.5% GC o *Salmonella enterica* que cuenta con un 52.1% de GC como media. Este tipo de características determina a *P. mirabilis* más como un agente oportunista que como uno patógeno. De igual forma, la cantidad de secuencias proteicas de codificación en el genoma se encuentra ligado a la capacidad selectiva de la célula de incluir marcadores de resistencia a antimicrobianos (Elena et al., 2020).

Aun cuando *P. mirabilis* no destaca en las características genómicas de patogenicidad, las infecciones relacionadas a esta bacteria representan una complicación importante en el campo médico, como lo establece Sanches et al. (2021) en su estudio. Según Kim et al. (2005), esto es debido al incremento en la resistencia a antibióticos y al empleo de estos fármacos en el campo agropecuario y productivo, que lleva a la exposición accidental del ser humano a antimicrobianos de uso diario. Incluso HN2p, una cepa identificada en el presente estudio, ya muestra resistencia a quinolonas debido a la presencia de la proteína QnrA1 (National Institutes of Health, 2020).

Facciolá et al. (2022), menciona que *P. mirabilis* ya ha mostrado resistencia a cefalosporinas, carbapenémicos y betalactámicos de amplio espectro. Por otra parte, Cantón et al. (2006), establece que muchas especies de *Proteus spp.*, incluyendo *P. mirabilis*, son resistentes por excelencia a penicilinas y cefalosporinas, especialmente a la cefuroxima. Esta resistencia a betalactámicos en bacterias que no poseen enzima cromosómica de tipo C, está mediada a la aparición de betalactamasas plasmídicas (Rodríguez et al., 2005).

En la tabla 4, se muestra el porcentaje de presencia *P. mirabilis* en distintos centros de expendio. Obtenido 50% en centros con registro, 25% en centros sin registro y 25% en camales. El alto número de muestras identificadas con *P. mirabilis* en centros formales y camales, aún cuando son estos quienes más reglamentaciones siguen, es de interés en el sector de salud pública.

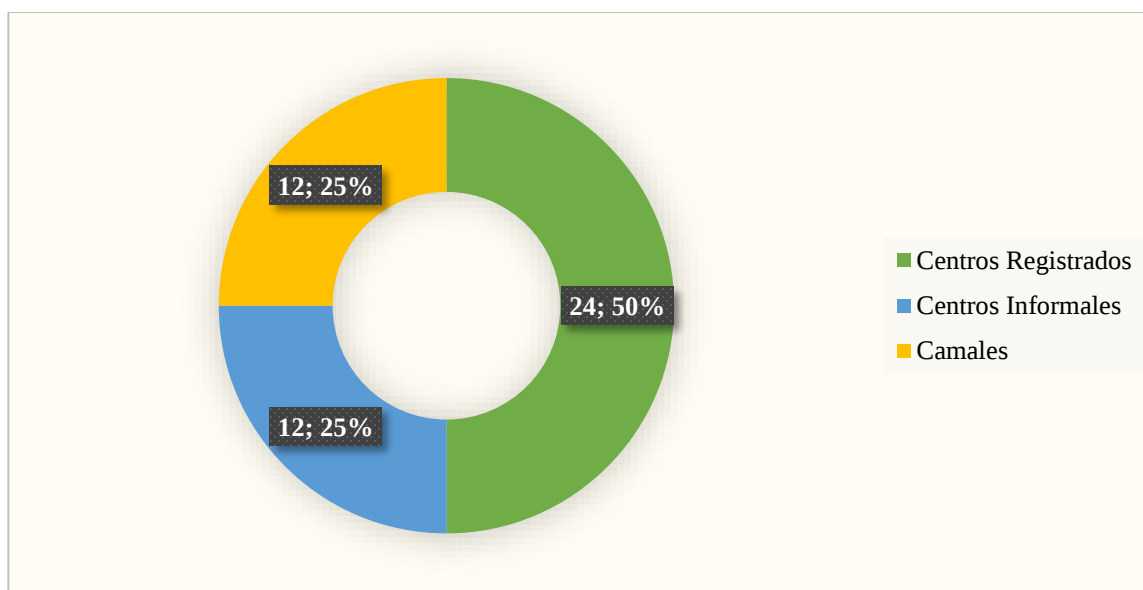


Figura 2. Porcentaje de muestras compatibles con *P. mirabilis* en base a los lugares de recolección tras la Identificación Molecular.

P. mirabilis es un agente presente en aves de consumo humano de manera previa a la cadena productiva como lo estipula Silva Sanches et al. (2020) en su estudio y, al ser poco patógeno, rara vez se encuentra involucrado en la aparición de enfermedades (Sanches et al., 2021). No obstante, la presencia de *P. mirabilis* en todas las cadenas de producción, incluso aquellas que cuentan con un registro y control sanitario, es un factor a destacar. Puesto que, si bien no genera patologías de forma tan constante como otras enterobacterias, su abordaje es altamente desafiante debido a la resistencia antimicrobiana a la que la medicina se enfrenta actualmente, con esta premisa concuerda de Oliverira et al. (2020).

Kwiecińska-Piróg et al. (2018), en su estudio analiza 93 casos de bacteremia producida por *P. mirabilis* y 5 por *Proteus vulgaris*, la mayoría secundarias a infecciones urinarias o cateterizaciones, donde establece una tasa de mortalidad de 28,9 % tras 14 días de hospitalización relacionado a *P. mirabilis* a causa de la resistencia a antimicrobianos de primer orden cuya tendencia aumenta conforme avanzan los años. La dificultad para brindar tratamientos efectivos contra este microorganismo una vez presente la patología, es la razón de la importancia de sus estudio y apropiado abordaje.

P. mirabilis suele afectar, sobre todo, a los grupos más vulnerables; es decir, neonatos, niños y niñas, personas de la tercera edad y personas inmucomprometidas que cursan con patologías previas a la infección de esta bacteria (Organización Panamericana de la Salud, s.f.). Esto concuerda con Kwiecińska-Piróg et al. (2018), quien menciona que la media de edad en casos mortales en personas con un proceso de bacteremia fue de 71 años. Esto es especialmente preocupante en países de tercer mundo o zonas con poco acceso a medicamentos o un sistema de salud, pues reduce sus posibilidades de supervivencia ante una bacteria que, en teoría, es poco patógena.

Conclusiones

El estudio determinó la gran prevalencia de *P. mirabilis* en carne de pollo, encontrándose en un 36% de las muestras analizadas. Estos datos pueden relacionarse con la contaminación en la cadena de producción de este producto cárnico. El empleo apropiado de técnicas microbiológicas y bioquímicas es fundamental para la identificación de este microorganismo. Sin embargo, la identificación por medio de técnicas moleculares es definitiva a la hora de establecer la existencia de cualquier microorganismo, ya sea oportunista o patógeno. Así, se identificaron 17 cepas distintas de *P. mirabilis* cuyas características genómicas son altamente similares.

La presencia *P. mirabilis* tanto en centros formales como informales, así como centros de faenamiento demuestra un pobre control en las etapas de producción a nivel general, sin embargo, existe una posibilidad de mayor contaminación en centros informales debido a la exposición de factores medio ambientales como temperatura. Finalmente, la presencia de *P. mirabilis* representa una problemática para el sistema de salud, pues las infecciones relacionadas a este microorganismo, aunque poco comunes por consumo de productos cárnicos, son de difícil manejo debido a los elementos genéticos de la bacteria que le permite hacer resistencia a una amplia gama de antibióticos.

Agradecimientos

Se extiende un profundo agradecimiento a la Dirección de Investigación y Desarrollo de la Universidad Técnica de Ambato por el financiamiento gestionado para la realización de este estudio y a la Facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Técnica de Ambato.

Referencias

- Bonilla Salinas, M., Pajares Moreno, S., Viguera Ramírez, J. G., Sigala Alanís, J. C., y Le Borgne, S. (2016). *Material Didáctico Manual de Prácticas de Microbiología Básica*. Universidad Autónoma Metropolitana.
- Cantón, R., Sánchez Moreno, M. P., y Morosini Reilly, M. I. (2006). *Proteus peneri*. *Enfermedades Infecciosas Microbiología Clínica*, 24(1), 8-13. [https://doi.org/10.1016/S0210-5705\(09\)71003-9](https://doi.org/10.1016/S0210-5705(09)71003-9)
- Clermont, O., Christenson, J. K., Denamur, E., y Gordon, D. M. (2017). The Clermont *Escherichia coli* phylotyping method revisited: improvement of specificity and detection of new phylo-groups. *Environmental Microbiology Reports*, 5(1), 58-65. <https://doi.org/https://doi.org/10.1111/1758-2229.12019>
- CONAVE. (2022). *Corporación Nacional de Avicultores del Ecuador*. Estadísticas del Sector Avícola: <https://conave.org/informacion-sector-avicola-publico/>
- de Oliverira, W. D., Lopes Barboza, M. G., Faustino, G., Yamanaka Inagaki, W. T., Silva Sanches, M., Takayama Kobayashi, R. K., . . . Dejato Rocha, S. P. (2020). Virulence, resistance and clonality of *Proteus mirabilis* isolated from patients with community-acquired urinary tract infection (CA-UTI) in Brazil. *Journal Microbial Pathogenesis*. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2020.104642>
- Dota Cabrera, C. S. (2017). *Resistencia a antibióticos de uso veterinario en Enterobacterias y Campylobacter aisladas de Pollos faenados expendidos en el Mercado "El arenal" de Cuenca*. Universidad del Azuay.

- Elena, A., Quinteros, M., Di Conza, J., Gutkind, G., Cejas, D., y Radice, M. A. (2020). Full characterization of an IncR plasmid harboring qnrS1 recovered from a VIM-11-producing *Pseudomonas aeruginosa*. *Revista Argentina de Microbiología*, 52(4), 298-304. <https://doi.org/10.1016/j.ram.2019.12.001>
- Eshamah, H. L., Naas, H. T., Garbaj, A. M., Azwai, S. M., Gammoudi, F. T., Barbieri, I., y Eldaghayes, I. M. (2020). Extent of pathogenic and spoilage microorganisms in whole muscle meat, meat products and seafood sold in Libyan market. *Open Veterinary Journal*, 10(3), 276-288. <https://doi.org/http://dx.doi.org/10.4314/ovj.v10i3.6>
- Facciola, A., Giofrè, M. E., Chiera, D., Ferlazzo, M., Virga, A., y Laganà, P. (2022). Evaluation of antibiotic resistance in *Proteus* spp: a growing trend that worries Public Health. Results of 10 Years of Analysis. *Journal New Microbiologica*, 45(4), 269-277.
- Gallo, M., Ferrara, L., Calogero, A., Montesano, D., y Naviglio, D. (9 de Junio de 2020). Relationships between food and diseases: What to know to ensure food safety. *Food Research International*. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2020.109414>
- Katiyo, W., Coorey, R., Buys, E. M., y Kock, H. L. (2020). Consumers' perceptions of intrinsic and extrinsic attributes as indicators of safety and quality of chicken meat: Actionable information for public health authorities and the chicken industry. *Journal of Food Science*, 1750-3841. <https://doi.org/10.1111/1750-3841.15125>
- Kim, S.-H., Wei, C., y An, H. (2005). Molecular Characterization of Multidrug-Resistant *Proteus mirabilis* Isolates from Retail Meat Products. *Journal of Food Protection*, 68(7), 1408-1413. <https://doi.org/doi.org/10.4315/0362-028X-68.7.1408>
- Kwiecińska-Piróg, J., Skowron, K., y Gospodarek-Komkowska, E. (2018). Primary and Secondary Bacteremia Caused by *Proteus* spp.: Epidemiology, Strains Susceptibility and Biofilm Formation. *Polish Journal of Microbiology*, 67(4), 471-478. <https://doi.org/10.21307/pjm-2018-055>
- Meleán Romero, R., Bonomie Sánchez, M. E., y Rodríguez Medina, G. (2008). Procesos productivos de la industria avícola zuliana: Fases de alimento, engorde y beneficio. *Revista de la Facultad de Agronomía de la Universidad del Zulia*, 25, 160-184. https://www.revfacagronluz.org.ve/PDF/enero_marzo2008/v25n1089.pdf
- Merino Velasco, I. (2018). *Resistencia, virulencia y estructura poblacional de Escherichia coli uropatógeno*. Universidad Complutense de Madrid. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=7503493>
- Moposita Molina, F. D. (2017). Identificación de bacterias, microalgas y hongos termófilos de la fuente geotermal "Chachimbiro" mediante técnicas microbiológicas y moleculares. *Universidad de las Fuerzas Armadas*, 1-81.
- Moreta, M. (25 de Marzo de 2023). *El Comercio*. Retrieved 22 de Mayo de 2023, from En Ecuador el consumo de carne de pollo aumentó en el 3,14% en el 2022: <https://www.elcomercio.com/actualidad/ecuador/ecuador-consumo-carne-pollo-aumento-2022.html>

- National Institutes of Health. (18 de Junio de 2020). *National Library of Medicine*. *Proteus mirabilis* strain HN2p chromosome HN2p, complete sequence: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/CP046048.1>
- Organización Panamericana de la Salud. (s.f.). *Enfermedades transmitidas por alimentos (ETA)*. Retrieved 8 de Febrero de 2023, from OPS Organización Panamericana de la Salud: <https://www.paho.org/es/temas/enfermedades-transmitidas-por-alimentos>
- Pinto da Rosa, P., Pio Ávila, B., Veber Angelo, I. D., Garavaglia Chesini, R., Albandes Fernandes, T., da Silva Camacho, J., . . . Arocha Gularte, M. (2021). Impact of different chicken meat production systems on consumers' purchase perception. *British Poultry Science*, 2-3. <https://doi.org/10.1080/00071668.2020.1857335>
- Quispe Fernández, G. M., Ayaviri Nina, V. D., Villa Villa, M. V., y Velarde Flores, R. (2020). Comercio informal en ciudades intermedias del Ecuador efectos socioeconómicos y tributarios. *Revista de Ciencias Sociales*, 26(3), 207-230.
- Rodríguez, C., Radice, M., Perazzi, B., Castro, S., Juárez, J., Santini, P., . . . Gutking, G. (2005). Resistencia enzimática a betalactámicos en el género *Proteus* y evaluación de los fenotipos y genotipos de resistencia a cefalosporinas de tercera y cuarta generación en *Proteus mirabilis*. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 23(3), 122-126. <https://doi.org/10.1157/13072160>
- Salazar Llorente, E., Morales, M., Sornoza, I., Mariduela Zavala, M., Ganyu, G., Ziangwu, N., . . . Cevallos Cevallos, J. M. (2021). Microbiological Quality of High-Demand Food from Three Major Cities in Ecuador. *Journal of Food Protection*, 84(1), 128-138. <https://doi.org/https://doi.org/10.4315/JFP-20-271>
- Sanches, M. S., Rodrigues da Silva, C., Silva, L. C., Montini, V. H., Lopes Barboza, M. G., Miglorini Guidone, G. H., . . . Vespero, E. C. (2021). *Proteus mirabilis* from community-acquired urinary tract infections (UTI-CA) shares genetic similarity and virulence factors with isolates from chicken, beef and pork meat. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2021.105098>
- Silva Sanches, M., Sampaio Baptista, A. A., de Souza, M., Menck-Costa, M. F., Justino, L., Kenji Nishio, E., . . . Dejato Rocha, S. P. (2020). *Proteus mirabilis* causing cellulitis in broiler chickens. *Brazilian Journal of Microbiology*, 51(3), 1353 - 1362. <https://doi.org/10.1007/s42770-020-00240-1>
- Wan-Qing, M., Ying-Yue, H., Lin, Z., Wen-Qi, P., Ling-Ya, M., Xue, Y., . . . Chang-Wei, L. (2022). Contamination of *Proteus mirabilis* harbouring various clinically important antimicrobial resistance genes in retail meat and aquatic products from food markets in China. *Frontiers in Microbiology*, 16(13), 1-9. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1086800>
- World Health Organization. (2003). *Diet, Nutrition and the Prevention of Chronic Disease*. Ginebra: World Health Organization. Retrieved 5 de Febrero de 2023, from https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/42665/WHO_TRS_916.pdf