

DETECCIÓN DE *SHIGELLA SPP.* EN MUESTRAS DE CARNE DE POLLO QUE SE EXPENDE EN EL CANTÓN AMBATO

DETECTION OF *SHIGELLA SPP.* IN SAMPLES OF CHICKEN MEAT THAT ARE SPENT IN THE AMBATO CANTON

Dayana Peñafiel Altamirano ^{1*}

¹ Tesista, Departamento Medicina Veterinaria, Facultad Ciencias Agropecuarias. Universidad Técnica de Ambato. Ecuador. ORCID: <https://orcid.org/0009-0001-5411-2644>. Correo: dpenafiel4065@uta.edu.ec

Solange Escobar Aguilar ²

² Tesista, 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 Tesista, 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 Tesista, 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 Docente. 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: dpenafiel4065@uta.edu.ec

Resumen

Shigella spp. es el agente causal de infecciones gástricas comúnmente adquiridas por el consumo de alimentos contaminados. La carne de pollo constituye una fuente importante de contagio de shigelosis debido a su alta demanda y consumo. El presente artículo tiene como finalidad la detección de *Shigella spp.* en carne de pollo que se expende en Ambato de diferentes establecimientos. Se tomaron 135 muestras, 45 de locales con

permiso de funcionamiento, 45 de locales de venta informal y 45 de camales que abastecen la ciudad de Ambato. Se realizó identificación fenotípica mediante siembra en medios selectivos, tinción de Gram y TSI, las probables *Shigella* spp. se enviaron a identificación molecular mediante amplificación de la región 16S del ADN ribosomal en donde se demostró la presencia de *Shigella sonnei* (10), *Shigella flexneri* (5) y *Shigella dysenteriae* (2), mientras que *Shigella boydii* no se presentó en ninguna de las muestras. Concluyendo, se identificaron tres especies de *Shigella* predominando *S. sonnei* , y con mayor afectación en camales y puntos de expendio informales, lo que puede representar un grave problema para la Salud Pública.

Palabras clave: *Shigella* spp.; carne de pollo; aislamiento; identificación molecular; Salud Pública

Abstract

Shigella spp. is the causative agent of gastric infections commonly acquired by the consumption of contaminated food. Chicken meat is an important transmission source of shigellosis due to its high demand and consumption. The purpose of this article is the detection of *Shigella* spp in chicken meat that is sold in Ambato from different markets. 135 samples were taken, 45 from places with an operating licence, 45 from informal food markets and 45 from slaughterhouses that supply the city of Ambato. Phenotypic identification was performed by culturing bacteria on selective medium, Gram staining and TSI. *Shigella* spp. candidates were sent for molecular identification by amplification of the 16S region of ribosomal DNA, where the presence of *Shigella sonnei* (10), *Shigella flexneri* (5) and *Shigella dysenteriae* (2) was demonstrated, whereas that *Shigella boydii* was not in any of the samples. In summary, three species of *Shigella* were identified, predominantly *S. sonnei* with greater inclination in slaughterhouses and informal outlets, which can mean a serious problem for Public Health.

Keywords: *Shigella* spp.; chicken meat; isolation; molecular identification; Public Health

Fecha de recibido: 27/05/2023

Fecha de aceptado: 18/07/2023

Fecha de publicado: 20/07/2023

Introducción

En Ecuador la industria cárnica abarca una amplia gama de eslabones en la cadena productiva de diferentes especies animales entre ellas: porcino, caprino, bovino y pollo principalmente. El pollo se constituye en un alimento altamente cotizado debido a la cantidad de vitaminas (B1, B2, B3, B6, D), minerales (fósforo, zinc, hierro y potasio) y nutrientes que aporta (Rahimi, Shirazi, & Khamesipour, 2016).

Al poseer componentes nutricionalmente balanceados se ha sugerido que la ingesta dietética regular de la carne de pollo reduce la incidencia de un sin número de enfermedades y ejerce un efecto beneficioso sobre la salud humana. Sin embargo, varios estudios demuestran que la carne de pollo se constituye como una fuente

importante de microorganismos. Bantawa, Rai, & Subba (2018) mencionan que la contaminación se produce principalmente por condiciones higiénicas inadecuadas y la mala manipulación en mataderos.

Las enfermedades causadas por la ingesta de alimentos contaminados constituyen un grave problema de salud pública que afecta a la población mundial, teniendo gran influencia en la tasa de morbilidad y mortalidad (Ruiz & Pons, 2018). Entre los patógenos de mayor impacto a nivel mundial se encuentra *Salmonella* spp., *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*, *Campylobacter jejuni*, *Listeria monocytogenes*, *Clostridium perfringens*, *Yersinia enterocolitica* y *Shigella* spp. (Rahimi, Shirazi, & Khamesipour, 2016).

Kiyoshi Shiga es el médico japonés al que se le atribuye el descubrimiento del bacilo de la disentería en Japón en 1898 motivo por el cual la bacteria lleva su nombre. Kiyoshi cultivó por primera vez la bacteria de una muestra extraída de las heces de un paciente durante una epidemia de disentería en Japón (Bani, Payel, & Moumita, 2021). *Shigella* spp. es un bacilo gramnegativo perteneciente a la familia *Enterobacteriaceae*, inmóvil, anaerobio facultativo y no formador de esporas. Contiene cuatro especies: *Shigella dysenteriae*, *Shigella flexneri*, *Shigella boydii* y *Shigella sonnei* (Baker & Chung, 2018).

Las especies de *Shigella* son los agentes causales de shigelosis con alrededor de 80-165 millones de casos de infecciones entéricas en todo el mundo y aproximadamente 600.000 muertes anuales, de las cuales el 60% de dichas muertes ocurren en niños menores de 5 años. González-Corona (2017) menciona a la shigelosis como una infección entérica que se manifiesta clínicamente por diarrea sanguinolenta, fiebre, tenesmo, cólicos y dolor abdominal. Esta enfermedad es endémica en muchos países en desarrollo, sin embargo, también puede presentarse en países industrializados donde la asepsia es deficiente (Bani, Payel, & Moumita, 2021).

S. dysenteriae es una de las especies más patógenas que ocasiona cuadros clínicos graves y se caracteriza por la presencia de sangre y moco en las deposiciones teniendo como origen una colitis infecciosa. Sin embargo, las especies que causan mayor número de contagios a nivel mundial son *S. flexneri* y *S. sonnei* (Lampel, Formal, & Maurelli, 2018). El diagnóstico de shigelosis se logra a través de la identificación de la bacteria. El PCR o Reacción en Cadena de la Polimerasa es el método más utilizado para la detección específica del patógeno debido a su alta sensibilidad y especificidad (Rahman, Haque, Ahmad, & et_al, 2019).

El presente artículo tiene como finalidad la detección de *Shigella* spp en carne de pollo que se expende en Ambato en diferentes establecimientos y cómo afecta la Salud Pública al transmitirse por alimentos contaminados.

Materiales y métodos

Localización

El presente trabajo de investigación se realizó en el Laboratorio de Microbiología Veterinaria y Biología Molecular de la Facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Técnica de Ambato, Provincia de Tungurahua.

Toma de muestras

En total se tomaron 135 muestras de carne de pollo, 45 muestras fueron de locales con permiso de funcionamiento, 45 de locales de venta informal y 45 de camales que abastecen la ciudad de Ambato. Posteriormente estas muestras fueron depositadas en bolsas ziploc con su identificación respectiva y colocadas en un cooler hasta su procesamiento.

Procesamiento de las muestras

Se realizó el pre-enriquecimiento en Agua Peptonada Bufferada, utilizando 25g de carne de pollo en 225ml del medio, incubando a 37° por 24 horas. Posteriormente se sembró en medios de cultivo selectivos para enterobacterias como agar MacConkey y XLD (Xilosa-Lisina-Desoxicolato) y se incubó de igual forma a 37° por 24 horas. Al término de este tiempo se seleccionaron las colonias transparentes o translúcidas (lactosas negativas) y se les realizó la tinción de Gram y prueba TSI (hierro triple azúcar) para diferenciar enterobacterias que tienen la capacidad de fermentar glucosa, lactosa y sacarosa produciendo ácido sulfídrico (H₂S). También se comprobó que las presuntas colonias de *Shigella* spp. fueran oxidasa negativa y catalasa positiva.

Las posibles colonias de *Shigella* spp. se enviaron a identificación molecular por amplificación del gen 16S del ADNr con el siguiente protocolo:

Extracción del ADN

Una vez realizada la incubación de los cultivos bacterianos se esperó 24 horas y se procedió a tomar las colonias aisladas de *Shigella* spp. para la extracción de su ADN.

Este proceso se llevó a cabo en una serie de pasos, tomando como referencia el estudio publicado por (Moposita-Molina, 2017):

- Como primer paso se seleccionó 50 mg de muestra con ayuda de un asa de siembra estéril y se colocó en un microtubo de 1,5 mL conjuntamente con tres piedras de vidrio estériles, se adicionó 2 µL de β-mercaptano y 500 µL de buffer de extracción.
- Se pulverizó la muestra con la utilización de BeadBeater.
- Se colocó en baño María (60 °C) por un tiempo de media hora, invirtiendo las muestras cada 10 minutos.
- Se agregó 500µL de cloroformo congelado y se homogenizó, con ayuda de un Vortex, por el tiempo de 30 segundos y se dejó reposar por 2 minutos.
- Se llevó a la centrifugadora y se colocó a 14 500 xg 5-10 por el tiempo de 10 minutos.
- Se seleccionó 400 µL del sobrenadante con ayuda de una micropipeta y posteriormente se volvió a colocar el microtubo estéril de 1,5 mL.
- Para lograr la precipitación del ADN al sobrenadante se adicionó un volumen igual de etanol absoluto frío, 300 µL de etanol 70% filtrado, 150 µL de Acetato de sodio 3M durante 12 horas a -20°C.
- Una vez transcurrida las 12 horas se centrifugó a 14 500 xg por un tiempo de 11 a 17 minutos para luego descartar el sobrenadante.
- Se lavó con etanol al 70% por dos ocasiones, empleando 200 µL en cada lavado, se pipeteó y se eliminó el etanol mediante inversión.
- Se secó el pellet de ADN por un tiempo de 15 a 20 minutos.
- Posteriormente para resuspender el pellet con 25 µL de agua DEPC se colocó 1 µL de RNAsa y esto se incubó por 30 minutos a 37°C.
- Como último paso se almacenaron las muestras a -20°C.

PCR Convencional

Para la elaboración del PCR convencional se empleó la metodología de (Clermont, Christenson, & Gordon, 2013):

El termociclador fue programado en relación del ADN y primers a emplearse y los parámetros fueron los siguientes:

- Paso uno: Desnaturalización inicial a 95 °C durante 3 minutos.
- Paso dos: Desnaturalización a 95 °C durante 3 segundos, de 30 a 40 ciclos.
- Paso tres: Alineamiento a $T_m-5^{\circ}\text{C}$ durante 45 segundos, de 30 a 40 ciclos.
- Paso cuatro: Extensión a 72 °C durante 1min/kb, de 30 a 40 ciclos.
- Paso cinco: Extensión final a 72 °C durante 5 minutos.
- Paso 6: Almacenamiento a 10 °C por tiempo indefinido.

Posteriormente se elaboró un mix de reacción mX sin ADN en un ajuste para un volumen de 25 μL . Los primers utilizados fueron 27F y 1492R con marcador ARN ribosomal de tamaño de 1500 pb.

En otros tubos de PCR se pipeteó varias veces (25-c) μL del mix de reacción. Siendo c equivalente al volumen de ADN para ingresar al rango de 10 – 250 ng.

Se colocó μL de ADN en tubos nuevos de PCR y como control negativo en el tubo de mix de reacción se colocó 3 μL de agua de PCR.

Electroforesis horizontal en gel de agarosa

Los productos PCR fueron analizados con electroforesis horizontal en gel de agarosa. Los fragmentos de ADN se visualizaron usando etidio tinción con bromuro (0,5 mg/ml, 10 min) (Bing-Mu, Shu-Fen, Shih-Wei, & et al, 2009).

Secuenciación de producto de PCR

Los amplicones se remitieron a Macrogen Kores para lograr la secuenciación con el método Sanger.

Análisis bioinformático de las secuencias (Blast)

Se empleó el programa BLAST para la identificación específica de cada microorganismo aislado.

Resultados y discusión

En la Tabla 1 se muestra la presencia de *Shigella* en 17 muestras de carne de pollo que se expende en el cantón Ambato obteniendo como resultado la identificación de tres especies de este género, *Shigella flexneri* en una muestra de local de venta informal y cuatro en camales. *Shigella dysenteriae* se identificó en una muestra de local de venta informal y una de camal, mientras que se encontró *Shigella sonnei* en seis muestras de locales de venta informal y cuatro de camales convirtiéndola en la especie más abundante.

Tabla 1. Número de muestras contaminadas con *Shigella* en los diferentes establecimientos.

Especie	Establecimiento	Número de muestras contaminadas con <i>Shigella</i>
<i>Shigella flexneri</i>	Locales de venta informal	1
	Camales	4
<i>Shigella dysenteriae</i>	Locales de venta informal	1
	Camales	1
<i>Shigella sonnei</i>	Locales de venta informal	6
	Camales	4
Total		17

A pesar de que los camales de donde se tomaron las muestras son establecimientos regulados por Agrocalidad y con permiso de funcionamiento se obtuvo que estos cuentan con un mayor número de contaminación con *Shigella* en la carne de pollo (9). Bantawa, Rai, & Subba (2018) explican que los músculos de los animales sanos carecen de la presencia de microorganismos, sin embargo, la carne puede contaminarse durante el sacrificio y transporte, además, que esta contaminación se puede producir fácilmente por fuentes externas durante el sangrado, la manipulación y el procesamiento a través de cuchillos, herramientas, manos, ropa e inclusive aire.

En los puntos de venta informales donde no hay ningún tipo de regulación se identifican 8 muestras contaminadas por *Shigella* demostrando que el incumplimiento de medidas higiénico sanitarias propician la contaminación de la carne de pollo. La carne es considerada como un medio de transporte y ambiente propicio para el crecimiento de microorganismos debido a su alto contenido en agua y nutrientes, la mala práctica de manipulación y la deficiencia de técnicas higiénicas al momento de expender el producto hacen que los patógenos como *Shigella spp.* pueden transferirse con facilidad (Cortés-Sánchez, Espinosa-Chaurand, Garcia-Barrientos, & et_al, 2021). No lavarse las manos, comercializar la carne informalmente o en la calle, procesar la carne con agua contaminada, la presencia de insectos y animales también contribuyen a la contaminación (Haileselassie, Taddele, Adhana, & et_al, 2021).

Por tanto, podemos mencionar que la carne de pollo constituye una fuente de contagio importante de shigelosis y pone en riesgo al Sistema de Salud Público. El estudio realizado por Bantawa, Rai, & Subba (2018), analizó un total de 50 muestras de carne cruda expendida en carnicerías, 15 fueron de pollo, 15 de cerdo, 10 de búfalo y 10 de carne de cabra y se demostró que el 6% total de estas muestras se encontraban contaminadas con *Shigella spp.* de las cuales el 4% correspondía a las muestras de carne de pollo crudo y únicamente el 2% a la carne de búfalo.

En cuanto a las especies de *Shigella* aisladas se demostró que *S. sonnei* (58.9%) presenta un mayor número de muestras contaminadas, seguida de *S. flexneri* (29.4%) y *S. dysenteriae* (11.7%), sin encontrarse *S. boydii* en ninguna de las muestras. En el artículo publicado por Shahin, Zhang, & Soleimani (2021) mencionan que *S. dysenteriae* es la especie causante de los cuadros más severos de shigelosis a nivel mundial debido a que el serotipo A contiene la toxina shiga convirtiéndola en la más patógena. Sin embargo, *S. sonnei* y *S. flexneri*

son las más predominantes en los brotes en países desarrollados y subdesarrollados durante las últimas décadas.

Shigella es un bacilo gramnegativo corto que miden entre 1 y 3 μm x 0,5 μm , inmóvil, no encapsulado, ni formador de esporas. La prueba de Hierro de Triple Azúcar (TSI) en colonias de *Shigella* presenta una coloración roja/amarilla debido a que no existe la producción de sulfuro de hidrógeno ni formación de gas. La prueba de oxidasa es negativa, mientras que la de catalasa es positiva. En Agar Xilosa Lisina Desoxicolato (XLD) producen colonias rosadas rojas de 1-2 mm de diámetro ya que el microorganismo tiene la capacidad de descarboxilar la lisina sin centros negros. En Agar MacConkey las colonias no fermentan lactosa (excepto *S. sonnei*) son incoloras o traslucidas, grandes, circulares, convexas y lisas. Todas las especies de *Shigella* fermentan glucosa (Girma, 2015).

Identificación Molecular:

Una vez identificadas las diferentes especies del género *Shigella*, se analiza las características de sus genomas.

Tabla 2. Características del genoma de las especies de *Shigella* obtenidas mediante la identificación molecular.

Especie	Tipo	Forma (Mb)	GC%	Proteína
<i>Shigella flexneri</i>	Cromosoma	4.61	50.9	4.051
	Plásmido	0.22	45.8	262
<i>Shigella dysenteriae</i>	Cromosoma	5.08	50.9	4.624
	Plásmido	0.12	48.9	117
<i>Shigella sonnei</i>	Cromosoma	4.76	50.7	4.322

La Tabla 2 indica que el ADN cromosómico de *S. dysenteriae* es el de mayor tamaño con 5.08 Mb y que tanto *S. dysenteriae* como *S. flexneri* tienen plásmidos, pero el de esta última es de mayor tamaño con 0.22 Mb y ambas tienen el mismo porcentaje de guaninas y citosinas con 50.9% mientras que *S. sonnei* tiene 50.7%.

Esta diferencia radica en su patogenicidad y grado de virulencia debido a que las cepas que contienen plásmidos son capaces de invadir el tejido blanco, diseminarse intracelularmente e incrementar los factores de virulencia. Las bacterias invaden el revestimiento epitelial del colon, preferentemente a las criptas colónicas, ocasionando una inflamación aguda al entrar en el citoplasma de la célula huésped y propagarse entre las células (Bachir, Rafei, Osman, & et_al, 2021).

Las especies del género *Shigella* son organismos extremadamente virulentos que requieren muy pocas células para causar lesiones, la función de virulencia está contenida en la isla de patogenicidad (PAI) que está dispersa en el cromosoma o en los plásmidos (Henríquez, Salazar, Marvasi, & et_al, 2020). La isla de patogenicidad del locus de resistencia de *Shigella* es una región genómica de 66 kb insertada en el gen serX a la cual se le atribuye como una de las principales causantes de resistencia de *Shigella* a múltiples fármacos, además, que facilita su transferencia horizontal a una amplia gama de patógenos. La presencia de plásmidos e integrones en *Shigella* también confieren un mayor grado de virulencia y resistencia antimicrobiana (Toro, Salazar, Montero, & et_al, 2022).

Actualmente el género *Shigella* comprende 4 especies (*S. dysenteriae*, *S. flexneri*, *S. sonnei* y *S. boydii*) y 54 serotipos. Las infecciones por *S. boydii* son poco comunes por lo que existen datos epidemiológicos limitados de esta especie. En cuanto a la *S. dysenteriae*, particularmente *S. dysenteriae* tipo 1, se le atribuye como la principal causante de múltiples epidemias de disentería desde su primer aislamiento en 1897. Sin embargo, actualmente esta especie es rara vez aislada y su decadencia se debe a las mejoras en el saneamiento y al acceso a antimicrobianos. Por otro lado *S. sonnei* y *S. flexneri* presentan un alto impacto mundial en la salud humana ya que se les implica como causantes principales de shigelosis, siendo esta última predominante en la etiología de la enfermedad (Baker & Chung, 2018), coincidiendo con nuestros resultados ya que *S. sonnei* y *S. flexneri* fueron las especies que se presentaron con mayor frecuencia en la carne de pollo.

A lo largo de los años *Shigella* spp. se ha aislado en diferentes alimentos de consumo humano tales como: carne de pollo, productos lácteos, verduras, frutas e inclusive en recursos hídricos. Hoy en día se sabe que la contaminación de estos productos se debe a un mal manejo y a la falta de higienización, convirtiendo a la shigelosis en una de las patologías más recurrentes en países pobres o subdesarrollados. The Global Enteric Multicenter Study (GEMS) es un amplio estudio que se llevó a cabo durante tres años en el cual se examinó las enfermedades diarreicas pediátricas en el África subsahariana y el sur de Asia debido a que en estas regiones ocurre más del 80% de muertes en menores de cinco años. La investigación dio como resultado que *Shigella* era una de las cuatro principales enfermedades que causan diarrea de moderada a severa en infantes. El rotavirus fue la principal causa de muertes, seguidas por *Cryptosporidium* spp, *Shigella* spp. y *Salmonella* spp (Levine, Kotloff, Nataro, & et_al, 2012).

El análisis detallado de las especies de *Shigella* en el estudio GEMS mostró que *S. flexneri* fue la más predominante con 65,9% de casos aislados, seguido de *S. sonnei* con 23,7%, *S. boydii* con 5,4% y finalmente *S. dysenteriae* con 5,0%. Por otro lado, Cetinkaya, Cibik, & Soyutemiz, (2008) en su artículo mencionan que la disentería bacilar o shigelosis en su mayoría es producida por *S. sonnei* causando aproximadamente el 70% de infecciones a nivel mundial y *S. flexneri* el 25%, mientras que otras especies rara vez están involucradas.

Tabla 3. Cepas identificadas en cada especie de *Shigella*.

Especie	Cepa	Número de muestras
<i>Shigella flexneri</i>	ATCC 29903	1
	ATCC 29903	3
	T87	1
<i>Shigella dysenteriae</i>	1657	2
<i>Shigella sonnei</i>	Uyi_30	5
	SE6-1	1
	ATCC 29930	3
	1915	1
Total		17

En la Tabla 3 se describen las principales cepas identificadas en cada especie de *Shigella*. De la especie *S. flexneri* se detectó tres cepas; ATCC 29903 en una muestra, ATCC 29903 en tres muestras y T87 en una muestra. De *S. dysenteriae* se detectó la cepa 1657 en una muestra. Y en *S. flexneri* se detectó cuatro cepas; Uyi_30 en cinco muestras, SE6-1 en una muestra, ATCC 29930 en tres muestras y 1915 en una muestra.

Uno de los métodos más empleados para el diagnóstico de shigelosis es la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), la cual nos permite detectar la presencia de *Shigella* o sus toxinas. Para ello es importante saber que *Shigella* spp. consta de cuatro especies y se dividen en serotipos y subserotipos según su antígeno O. *Shigella dysenteriae* (subgrupo A) tiene 15 serotipos, *Shigella flexneri* (subgrupo B) tiene 18 serotipos, *Shigella boydii* (subgrupo C) tiene 20 serotipos y *Shigella sonnei* (subgrupo D) tiene un solo serotipo (Bachir, Rafei, Osman, & et al, 2021).

Las toxinas Shiga (Stx) son un grupo de exotoxinas bacterianas expresadas por *Shigella dysenteriae* serotipo 1 y STEC. Se clasifican como tipo 1 (Stx1) o verotoxina 1 (VT1) y tipo 2 (Stx2) o verotoxina 2 (VT2), existiendo varios subtipos y variantes de Stx1/Stx2 según la preferencia del receptor y la potencia de la toxina. Stx2 es más agresiva que Stx1 ya que causa pérdida de peso clínicamente grave y lesión renal. Estas toxinas son consideradas como los factores de virulencia primarios responsables de ocasionar complicaciones potencialmente letales incluido el síndrome urémico hemolítico (HUS) asociado con diarrea sanguinolenta, disfunción renal aguda y trastornos del SNC. Al aislar las cepas en amplia variedad de especies animales se han revelado que la fuente y la ruta de transmisión de las infecciones por STEC en humanos se debe a causa de zoonosis, estableciendo así que los animales son los portadores más importantes de esta toxina (Jun-Seob, Moo-Seung, & Ji-Hyung, 2020).

Por otro lado, la isla de patogenicidad (PAI) *Shigella* es un elemento cromosómico de 46 kb de la cepa YSH6000 del serotipo 2a de *Shigella flexneri* que porta una serie de genes con potencial virulencia bacteriana. Actualmente se sabe que la distribución de PAI *Shigella* está presente en todas las cepas del serotipo 2a y en algunas cepas del serotipo 2b y 3c de *S. flexneri*. Además, que otras bacterias como: *E. coli*, *Yersinia* spp., *Helicobacter pylori* y *Salmonella* spp. también poseen islas de patogenicidad (Toro, Salazar, Montero, & et al, 2022).

En la identificación molecular del presente artículo no se encontró la cepa YSH6000 sin embargo los autores Al-Hasani, Henderson, & Sakellaris (2000) en el aislamiento de dicha cepa y en la evaluación de la isla de patogenicidad demostraron que *Shigella flexneri* 2a posee la enterotoxina ShET1 la cual desempeñan un papel importante en la fase de diarrea acuosa de la shigelosis al igual que la enterotoxina ShET2, la cual está presente en más del 80% de cepas de *Shigella* de diversos serotipos (Sakellaris, Luck, Al-Hasan, & et al, 2004).

La Organización Mundial de la Salud (OMS) recomienda a las fluoroquinolonas como fármaco de elección para tratar la shigelosis sin embargo el artículo publicado en 2016 “Propiedades de resistencia de las especies de *Shigella* en carne y productos cárnicos en Iran” obtuvo como resultado la resistencia de *Shigella* a diez fármacos comúnmente empleados como son la gentamicina (100,00%), tetraciclina (92,30%), ampicilina (84,61%), cefixima (46,15%), ciprofloxacina (38,46%), amikacina (38,46%), cefalotina (38,46 %), ofloxacino (23,07 %), cotrimoxazol (23,07 %) e imipenem (7,69%). Los autores manifiestan que especialmente *S. dysenteriae* y *S. flexneri* mostraron mayor resistencia a estos antibióticos (Rahimi, Shirazi, & Khamesipour, 2016). Así mismo un estudio publicado en 2019 nos muestra que *Shigella* tiene mayor resistencia a la amoxicilina con 100%, seguido del cloranfenicol con 80%, tetraciclina con 60% y ácido nalidíxico con 20% (Bantawa, Rai, & Subba, 2018).

Shigella flexneri 2b induce resistencia al proteger la acción inhibitoria de fluoroquinolonas en ADN girasa y topoisomerasa IV. La cepa YSH6000 de *Shigella flexneri* 2a confiere resistencia a los antibióticos como

estreptomicina, ampicilina, cloranfenicol y tetraciclina. Por tanto, podemos mencionar que la isla de patogenicidad del locus de resistencia de *Shigella* (SRL PAI), los integrones y los plásmidos posicionan a *Shigella* como una de las bacterias pertenecientes al grupo Multidrug resistant (MDR) o resistentes a múltiples fármacos (Toro, Salazar, Montero, & et_al, 2022).

La presencia de *Shigella* spp. en la carne de pollo puede constituir un severo problema de salud pública por la enfermedad que produce principalmente en niños, además posee varios factores de virulencia que le aportan patogenicidad y no menos importante los genes de resistencia a los antibióticos que presenta y pueden dificultar su tratamiento.

Conclusiones

De las cuatro especies del género *Shigella*, en nuestro estudio se identificaron tres, diez pertenecen a *Shigella sonnei*, cinco a *Shigella flexneri* y dos a *Shigella dysenteriae*. En el análisis de las características del genoma se comprobó que *S. dysenteriae* y *S. flexneri* presentan plásmidos e islas de patogenicidad convirtiéndolas en especies más virulentas. Mientras que la cepa más frecuente aislada fue Uyi_30 perteneciente a la especie *S. sonnei*. Además, quedó evidenciado en la investigación que el procesamiento antihigiénico y saneamiento deficiente son los principales factores de riesgo asociados a la contaminación de la carne de pollo con *Shigella* spp, como ocurrió en puntos de venta informales y centros de faenamiento, demostrando que la shigelosis puede representar un grave problema para la Salud Pública.

Agradecimientos

Se extiende un profundo agradecimiento a la Dirección de Investigación y Desarrollo de la Universidad Técnica de Ambato por el financiamiento otorgado y a la Facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Técnica de Ambato.

Referencias

- Al-Hasani, K., Henderson, I., & Sakellaris, H. (2000). The sigA gene which is borne on the she pathogenicity island of *Shigella flexneri* 2a encodes an exported cytopathic protease involved in intestinal fluid accumulation. *Infection and Immunity*, 68(5). doi:<https://10.1128/IAI.68.5.2457-2463.2000>
- Bachir, F., Rafei, R., Osman, M., & et_al. (15 de september de 2021). *Historical, current, and emerging tools for identification and serotyping of Shigella*. doi:<https://10.1007/s42770-021-00573-5>.
- Baker, Stephen; Chung, Hao. (06 de septiembre de 2018). *Recent insights into Shigella: a major contributor to the global diarrhoeal disease burden*. doi:<https://10.1097/QCO.0000000000000475>
- Bani, M., Payel, M., & Moumita, D. (2021). Morphological, biological, and genomic characterization of a newly isolated lytic phage Sfk20 infecting *Shigella flexneri*, *Shigella sonnei*, and *Shigella dysenteriae*1. *Scientific Reports*. doi:<https://10.1038/s41598-021-98910-z>
- Bantawa, K., Rai, K., & Subba, D. (2018). Food-borne bacterial pathogens in marketed raw meat of Dharan, eastern Nepal. *BMC Research Notes*. doi:<https://10.1186/s13104-018-3722-x>

- Bing-Mu, Shu-Fen, Shih-Wei, & et_al. (2010). *Differentiation and identification of Shigella spp. and enteroinvasive Escherichia coli in environmental waters by a molecular method and biochemical test*. doi:<https://doi.org/10.1016/j.watres.2009.10.004>
- Cetinkaya, F., Cibik, R., & Soyutemiz, E. (noviembre de 2008). *Shigella and Salmonella contamination in various foodstuffs in Turkey*. doi:<https://doi.org/10.1016/j.foodcont.2007.11.004>
- Clermont, O., Christenson, J., & Gordon, D. (5 de febrero de 2013). *The Clermont Escherichia coli phylo-typing method revisited: improvement of specificity and detection of new phylo-groups*. doi:<https://doi.org/10.1111/1758-2229.12019>
- Cortés-Sánchez, Espinosa-Chaurand, Garcia-Barrientos, & et_al. (abril de 2021). Fish, Tilapia, and Shigellosis. *AGRICULTURAL RESEARCH*, 17(4). doi:<https://doi.org/10.5897/AJAR2021.15436>
- González-Corona. (2017). *Diarrea aguda, prolongada y persistente en niños y su diferencia de la diarrea crónica*. Obtenido de Scielo: http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1029-30192017000900012
- Gosa, G. (s.f.). Antibigram and Growth Potential of Salmonella and Shigella in Ethiopia: Implications for Public Health: A Review. *Research Journal of Microbiology*, 10(7), 288-307. doi:<https://doi.org/10.3923/jm.2015.288.307>
- Haileselassie, M., Taddele, H., Adhana, K., & et_al. (s.f.). Food safety knowledge and practices of abattoir and butchery shops and the microbial profile of meat in Mekelle City, Ethiopia. *ELSEVIER*, 3(5), 407-412. doi:[https://doi.org/10.1016/S2221-1691\(13\)60085-4](https://doi.org/10.1016/S2221-1691(13)60085-4)
- Henríquez, T., Salazar, J., Marvasi, M., & et_al. (24 de enero de 2020). SRL pathogenicity island contributes to the metabolism of D-aspartate via an aspartate racemase in *Shigella flexneri* YSH6000. *PLOS ONE*. doi:<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0228178>
- Jun-Seob, Moo-Seung, & Ji-Hyung. (04 de junio de 2020). Recent Updates on Outbreaks of Shiga Toxin-Producing *Escherichia coli* and Its Potential Reservoirs. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 10(273). doi:<https://doi.org/10.3389/fcimb.2020.00273>
- Lampel, K., Formal, S., & Maurelli, A. (08 de enero de 2018). A Brief History of *Shigella*. *EcoSal Plus*. doi:<https://doi.org/10.1128/ecosalplus.ESP-0006-2017>
- Levine, M., Kotloff, K., Nataro, J., & et_al. (2012). The Global Enteric Multicenter Study (GEMS). *Clinical Infectious Diseases*, 215-221. doi:<https://doi.org/10.1093/cid/cis761>
- Moposita-Molina. (2017). *Moposita Molina, F.D. (2017) Identificación de bacterias, microalgas y hongos termófilos de la fuente geotermal "Chachimbiro" mediante técnicas microbiológicas y moleculares*. [Obtenido de Universidad de las Fuerzas Armadas: <https://repositorio.espe.edu.ec/bitstream/21000/13127/1/T-ESPE-057258.pdf>
- Rahimi, E., Shirazi, F., & Khamesipour, F. (07 de enero de 2016). Isolation and Study of the Antibiotic Resistance Properties of *Shigella* Species in Meat and Meat Products. *Journal of Food Processing and Preservation*. doi:<https://doi.org/10.1111/jfpp.12947>
- Rahman, A., Haque, A., Ahmad, T., & et_al. (01 de noviembre de 2019). Isolation, Identification and Antibiotic Sensitivity Pattern of *Salmonella* spp. *ELSEVIER*, 175-180. doi:<https://doi.org/10.1016/j.micpath.2019.03.037>

- Ruiz, L., & Pons, M. (septiembre de 2018). Presencia de Enterobacteriaceae y Escherichia coli multirresistente a antimicrobianos en carne adquirida en mercados tradicionales en Lima. *Rev Peru Med Exp Salud Publica*, 425-432. doi:<https://doi.org/10.17843/rpmesp.2018.353.3737>
- Sakellaris, H., Luck, S., Al-Hasan, K., & et_al. (2004). Regulated site-specific recombination of the pathogenicity island of. *Molecular Microbiology*, 52(5), 1329–1336. doi:<https://doi.org/10.1111/j.1365-2958.2004.04048.x>
- Shahin, K., Zhang, L., & Soleimani, A. (junio de 2021). *Effective control of Shigella contamination in different foods using a novel six-phage cocktail*. doi:<https://doi.org/10.1016/j.lwt.2021.111137>
- Toro, C., Salazar, J., Montero, D., & et_al. (04 de febrero de 2022). Antimicrobial Resistance Dynamics in Chilean Shigella sonnei Strains Within Two Decades: Role of Shigella Resistance Locus Pathogenicity Island and Class 1 and Class 2 Integrans. *Frontiers in Microbiology* , 12. doi:<https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.794470>