



UNIVERSIDAD AGRARIA DEL ECUADOR

FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA

CARRERA DE MEDICINA VETERINARIA

**TRABAJO DE TITULACIÓN COMO REQUISITO PREVIO PARA LA
OBTENCIÓN DEL TÍTULO DE
MÉDICO VETERINARIO**

**RESISTENCIA ANTIMICROBIANA DE *SALMONELLA* SPP. EN
ANIMALES DEL CENTRO DE PASO DE FAUNA SILVESTRE
DE LA UNIVERSIDAD AGRARIA DEL ECUADOR**

AUTOR

LEONARDO FRANCISCO VIÑAN VELASCO

TUTOR

Dr. ANGEL MAURICIO VALLE GARAY, MSc.

GUAYAQUIL, ECUADOR

2026



UNIVERSIDAD AGRARIA DEL ECUADOR
FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA
CARRERA MEDICINA VETERINARIA

APROBACIÓN DEL TUTOR

Yo, **DR. ANGEL MAURICIO VALLE GARAY, MSc.**, docente de la Universidad Agraria del Ecuador, en mi calidad de Tutor, certifico que el presente trabajo de titulación: **RESISTENCIA ANTIMICROBIANA DE SALMONELLA SPP. EN ANIMALES DEL CENTRO DE PASO DE FAUNA SILVESTRE DE LA UNIVERSIDAD AGRARIA DEL ECUADOR**, realizado por el estudiante **VIÑAN VELASCO LEONARDO FRANCISCO**; con cédula de identidad N°**0932557929** de la carrera **MEDICINA VETERINARIA**, Unidad Académica Guayaquil, ha sido orientado y revisado durante su ejecución; y cumple con los requisitos técnicos y legales exigidos por la Universidad Agraria del Ecuador; por lo tanto, se aprueba la presentación del mismo.

El estudiante presenta certificados de haber culminado exitosamente su trabajo de campo en el **Centro de Paso UAE de la Universidad Agraria del Ecuador y en el Laboratorio Hexagonal UAE.**

Atentamente,

Dr. ANGEL MAURICIO VALLE GARAY, MSc.

Guayaquil, 12 febrero
del 2026



UNIVERSIDAD AGRARIA DEL ECUADOR
FACULTAD DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA CARRERA
MEDICINA VETERINARIA

APROBACIÓN DEL TRIBUNAL DE SUSTENTACIÓN

Los abajo firmantes, docentes designados por el H. Consejo Directivo como miembros del Tribunal de Sustentación, aprobamos la defensa del trabajo de titulación: **“RESISTENCIA ANTIMICROBIANA DE *SALMONELLA* SPP. EN ANIMALES DEL CENTRO DE PASO DE FAUNA SILVESTRE DE LA UNIVERSIDAD AGRARIA DEL ECUADOR”**, realizado por el estudiante **VIÑAN VELASCO LEONARDO FRANCISCO**, el mismo que cumple con los requisitos exigidos por la Universidad Agraria del Ecuador.

Atentamente,

MVZ, Cesar Carrillo Cedeño, MS.c

PRESIDENTE

MVZ. María Maridueña Zavala, MS.c

EXAMINADOR PRINCIPAL

ING, Cesar Saenz Flores, Ph.D

EXAMINADOR PRINCIPAL

DR. Angel Valle Garay, MSC

EXAMINADOR SUPLENTE

Guayaquil, 11 de mayo del 2026

DEDICATORIA

Dedico esta tesis, en primer lugar, a dios, por darme salud, fuerza y constancia para seguir adelante aun en los momentos de mayor cansancio.

A mis padres, por ser mi base y mi refugio. gracias por el apoyo incondicional, cada esfuerzo y cada palabra de aliento fueron parte esencial de este logro.

AGRADECIMIENTO

Agradezco a Dios por darme salud, fortaleza y perseverancia para culminar esta tesis. A mi familia, por su apoyo, paciencia y confianza durante todo el proceso; su compañía fue clave para no rendirme. También agradezco a las personas que me acompañaron durante este largo proceso, amigos y docentes que con sus consejos y conocimientos me permitieron alcanzar este logro en mi vida.

De manera especial expreso mi gratitud a mis compañeros Mauricio Figueroa y Dayanna Zurita por el trabajo y apoyo que nos ofrecimos durante este trabajo. Al MVZ. Bryan Vásquez, MsC, por toda su guía y orientación durante la realización de este trabajo, a mi tutor el Dr. Ángel Valle Garay, MsC. por su colaboración, a la MVZ. Verónica Macías, MsC, quien me ayudó en la estadística. A la Dra. Ana piña, MsC, quien me brindó la oportunidad de realizar este trabajo en Centro de Paso de Fauna Silvestre y a todas las personas que colaboraron directa o indirectamente en el desarrollo de esta investigación, facilitando la logística, el manejo y el trabajo de campo necesario.

AUTORIZACIÓN DE AUTORÍA INTELECTUAL

Yo **VIÑAN VELASCO LEONARDO FRANCISCO**, en calidad de autor del proyecto realizado, sobre “**RESISTENCIA ANTIMICROBIANA DE *SALMONELLA SPP.* EN ANIMALES DEL CENTRO DE PASO DE FAUNA SILVESTRE DE LA UNIVERSIDAD AGRARIA DEL ECUADOR**” para optar el título de **MEDICO VETERINARIO**, por la presente autorizo a la **UNIVERSIDAD AGRARIA DEL ECUADOR**, hacer uso de todos los contenidos que me pertenecen o parte de los que contienen esta obra, con fines estrictamente académicos o de investigación.

Los derechos que como autor me correspondan, con excepción de la presente autorización, seguirán vigentes a mi favor, de conformidad con lo establecido en los artículos 5, 6, 8; 19 y demás pertinentes de la Ley de Propiedad Intelectual y su Reglamento.

Guayaquil, 11 de mayo del 2026

VIÑAN VELASCO LEONARDO FRANCISCO
C.I. 0932557929

RESUMEN

El centro de paso de fauna silvestre de la Universidad Agraria del Ecuador (UAE) alberga aves y tortugas que por su origen y manejo, pueden actuar como reservorios de patógenos zoonóticos; por ello, esta investigación abordó como problema la circulación de *Salmonella* spp. y su resistencia antimicrobiana, considerando el enfoque de *One Health* y la evidencia previa que describe a los reptiles y aves como fuentes potenciales de dispersión y contaminación ambiental. Se realizó un estudio descriptivo con muestreo de 40 animales (20 tortugas y 20 aves), a partir de muestras biológicas procesadas mediante cultivo bacteriológico para el crecimiento de *Salmonella* spp.; las cepas fueron sometidas a prueba de susceptibilidad por difusión en disco e interpretación bajo criterios CLSI. Se obtuvo una prevalencia global de *Salmonella* spp. del 30% (12/40), con mayor positividad en tortugas (50%; 10/20) frente a aves (10%; 2/20). En el análisis de resistencia se observó que Tetraciclina y Ampicilina/Ácido Sulbactam concentró los hallazgos de resistencia, identificándose patrones repetidos como TET+SAM (n=2) y un patrón adicional TET+GEN+SAM (n=1); además, los perfiles “intermedios” mostraron combinaciones recurrentes en aminoglucósidos y β -lactámicos. Los resultados evidencian circulación de *Salmonella* spp. con perfiles de susceptibilidad variables, lo que sustenta la necesidad de vigilancia, bioseguridad y uso prudente de antimicrobianos en el centro.

Palabras clave: *Salmonella* spp., centro de paso, tortugas, aves, resistencia antimicrobiana

ABSTRACT

The wildlife crossing center at the Agrarian University of Ecuador (UAE) houses birds and turtles that, due to their origin and management, can act as reservoirs of zoonotic pathogens. Therefore, this research addressed the circulation of *Salmonella* spp. and its antimicrobial resistance, considering the One Health approach and previous evidence describing reptiles and birds as potential sources of dispersion and environmental contamination. A descriptive study was conducted with a sample of 40 animals (20 turtles and 20 birds), based on biological samples processed by bacteriological culture for the growth of *Salmonella* spp. The strains were subjected to susceptibility testing by disc diffusion and interpretation under CLSI criteria. An overall prevalence of *Salmonella* spp. of 30% (12/40) was obtained, with higher positivity in turtles (50%; 10/20) than in birds (10%; 2/20). Resistance analysis showed that tetracycline and ampicillin/sulbactam acid concentrated the resistance findings, with repeated patterns such as TET+SAM (n=2) and an additional pattern TET+GEN+SAM (n=1) being identified; in addition, “intermediate” profiles showed recurrent combinations in aminoglycosides and β -lactams. The results show the circulation of *Salmonella* spp. with variable susceptibility profiles, which supports the need for surveillance, biosecurity, and prudent use of antimicrobials at the center.

Keywords: *Salmonella* spp., transit center, turtles, birds, antimicrobial resistance.

ÍNDICE GENERAL

1. INTRODUCCIÓN	13
1.1 Antecedentes del Problema.....	13
1.2 Planteamiento y Formulación del Problema	14
1.2.1 Planteamiento del Problema	14
1.3 Justificación de la Investigación.....	15
1.4 Delimitación del Problema	15
1.5 Formulación del Problema	15
1.6 Objetivo General.....	16
1.7 Objetivos Específicos.....	16
1.8 Hipótesis	16
2. MARCO TEÓRICO	17
2.1 Estado del Arte	17
2.2 Bases Teóricas	18
2.2.1 Generalidades de Salmonella	18
2.2.2 Salmonella spp. en Fauna Silvestre	21
2.2.3 Resistencia Antimicrobiana (RAM).....	23
2.2.4 Sensibilidad Frente a Agentes Antimicrobianos	24
2.2.5 Mecanismo de Acción de los Antimicrobianos	24
2.3 Marco Legal	25
2.3.1 Legislación Sobre el Manejo de Fauna Silvestre	25
2.3.2 Plan Nacional para la Prevención y Control	25
2.3.3 Resolución DAJ-202325E-0201	25
2.3.4 Recomendaciones Internacionales (OIE, WHO, FAO).....	26
3. MATERIALES Y MÉTODOS.....	27
3.1 Enfoque de la Investigación.....	27
3.1.1 Tipo y Alcance de la Investigación	27
3.1.2 Diseño de la Investigación	27
3.2 Metodología.....	27
3.2.1 Variables	27

3.2.2 Recolección de Datos	28
3.2.3 Población y Muestra	31
3.2.4 Análisis Estadístico	32
4. RESULTADOS.....	33
4.1 Determinación de Prevalencia de <i>Salmonella</i> spp. en los Animales del Centro de Paso de la UAE	33
4.3 Descripción de Resistencia Antimicrobiana de <i>Salmonella</i> spp. en Tortugas según los Parámetros Establecidos por el CLSI.....	34
4.3 Descripción de Resistencia Antimicrobiana de <i>Salmonella</i> spp. en Aves Según los Parámetros Establecidos por el CLSI	36
4.3.1 Patrones de Resistencia Encontrados	37
5. DISCUSIÓN	39
6. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES	42
6.1 Conclusiones	42
6.2 Recomendaciones	42
BIBLIOGRAFIA	42
ANEXOS	53

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Tabla de Operacionalización de Variables Independientes	27
Tabla 2. Tabla de Operacionalización de Variables dependientes.	28
Tabla 3. Valores de gastos realizados.	29
Tabla 4. Presencia de Salmonella spp. en aves y tortugas	33
Tabla 5. Presencia de Salmonella spp. según la especie	33
Tabla 6. Resistencia Antimicrobiana Determinada Mediante la Técnica de Kirby y Bauer en Tortugas.....	34
Tabla 7. Sensibilidad a antibióticos de las muestras positivas a Salmonella spp.....	35
Tabla 8. Sensibilidad Intermedia a antibióticos de las muestras positivas a Salmonella spp.....	35
Tabla 9. Resistencia a antibióticos de las muestras positivas a Salmonella spp.....	36
Tabla 10. Resistencia antimicrobiana determinada mediante la técnica de Kirby y Bauer en Aves.	36
Tabla 11. Patrones de resistencia encontrados	37
Tabla 12. Patrones de susceptibilidad intermedia encontrados	37

ÍNDICE DE ANEXOS

Anexo N°1: Recolección de muestra cloacal con transport swabs carbón. .	53
Anexo N°2: Recolección por muestreo cloacal.	53
Anexo N°3: Técnica de envoltura con toalla para la sujeción de ave.....	54
Anexo N°4: Medición de volumen de agua destilada para la preparación de agar.....	54
Anexo N°5: Calentando hasta punto de ebullición del agar Salmonella/Shigella en matraz Erlenmeyer.	55
Anexo N°6: Preparación de agar en vaso de precipitado.	55
Anexo N°7: Colocación de agar en matraz Elenmayer.	56
Anexo N°8: Colocación del agar en cajas monopetri.....	56
Anexo N°9: Sembrado de muestras en Agar.	57
Anexo N°10: Agar con resultado positivo.....	57
Anexo N°11: Agar con resultado negativo.....	58
Anexo N°12: Rotulación para antibiograma.....	58
Anexo N°13: Medición de halos en antibiograma.....	59
Anexo N°14: Preparación de tubos para autoclave.....	59
Anexo N°15: Loro del recinto Cabeciazul	59
Anexo N°16: Resultado de antibiograma	59
Anexo N°17: Resultado del sembrado en agar SS	60
Anexo N°18: Ubicación del centro de paso UAE	60

1. INTRODUCCIÓN

1.1 ANTECEDENTES DEL PROBLEMA

La creciente preocupación por la resistencia antimicrobiana (RAM) en entornos naturales y centros de paso animal destaca la relevancia de estudiar patógenos como *Salmonella* spp. en animales silvestres, especialmente en aquellos que frecuentan instalaciones de paso o de rehabilitación. Las aves y tortugas que suelen ser admitidas en estos centros representan no solo una amenaza zoonótica sino también un riesgo potencial para la propagación de bacterias resistentes a los antibióticos entre la fauna, los humanos y también a nuestros animales domésticos.

La bacteria *Salmonella* spp. es un problema de salud pública de entre las más graves a nivel global, esto debido a que afecta a millones de personas cada año y lo cual se correlaciona con la creciente frecuencia de mantener animales exóticos como anfibios, reptiles y aves como mascotas; los cuales tienen un papel importante en la transmisión de la *Salmonella* spp. a las personas (Drózdź et al., 2021).

Estudios recientes han demostrado que la presencia de *Salmonella* spp. en tortugas y otros reptiles puede ser asintomática, convirtiéndolos en reservorios de este patógeno. Por ejemplo, una investigación sobre tortugas de caja orientales en poblaciones libres reportó una baja prevalencia, pero identificó serotipos patógenos tanto para humanos como para animales, lo cual indica que estos reptiles pueden actuar como reservorios silenciosos de patógenos (Vorbach et al., 2022). A esto se suma la creciente evidencia de RAM en la fauna silvestre, donde cepas resistentes han sido halladas en múltiples especies, incluyendo aves y reptiles, debido a su exposición directa o indirecta a antibióticos a través del contacto con ambientes urbanos o intervención humana (Benavides et al., 2024).

Las infecciones por *Salmonella* spp. son consideradas como un grave peligro para la salud humana sumado al incremento constante de la resistencia a los antibióticos lo cual resulta en un empeoramiento de la situación. El aumento en la resistencia a *Salmonella* spp. es considerada multifactorial al producirse por mecanismos intrínsecos como la limitación de la materia orgánica, bombas de flujo y enzimas inactivadoras de antibióticos; también adquiridos como las mutaciones y la adquisición de genes resistentes (Zhou et al., 2023). Es importante destacar que

el uso prolongado y continuo de antibióticos ha llevado al desarrollo de cepas bacterianas resistentes en diversas regiones del mundo. Esto resalta la necesidad urgente de adherirse a protocolos de manejo adecuados y de fomentar una educación rigurosa sobre el uso adecuado de los antimicrobianos en pacientes que reciben estas terapias (Alfaro, 2018).

El estudio de la resistencia antimicrobiana en animales silvestres dentro de centros de paso es fundamental para enfrentar la creciente amenaza sanitaria que representa la diseminación de bacterias resistentes como *Salmonella* spp.. Estos centros, que reciben fauna rescatada del tráfico ilegal, funcionan como nodos temporales donde convergen animales de diversos orígenes y con diferentes niveles de exposición a patógenos y antibióticos. Este contexto aumenta el riesgo de transmisión cruzada de bacterias resistentes entre animales y humanos (Benavides et al., 2024).

El impacto de la RAM en la fauna tiene repercusiones dentro del marco de *One Health*, que reconoce la interdependencia de la salud humana, animal y ambiental. La diseminación de patógenos resistentes desde los animales hacia las personas en centros de rehabilitación es un riesgo que aún no ha sido lo suficientemente estudiado, particularmente en regiones como Ecuador, en donde la fauna silvestre tiene contacto frecuente con humanos. Además, los centros de paso representan una oportunidad única para detectar y controlar tempranamente estas cepas, evitando su liberación al entorno y minimizando el impacto en ecosistemas vulnerables (Benavides et al., 2024; Camacho Silvas, 2023).

1.2 PLANTEAMIENTO Y FORMULACIÓN DEL PROBLEMA

1.2.1 PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

En Ecuador, se reportaron 956 casos de salmonelosis en humanos en 2019, siendo las provincias de Guayas y Morona Santiago las más afectadas (*Gobierno de Ecuador, Ministerio de Salud Pública, Subsecretaría de vigilancia de la salud pública, 2019*). Este dato resulta relevante ya que reptiles como las tortugas pueden albergar *Salmonella* spp. sin presentar signos clínicos, lo que convierte su manipulación en un riesgo para los cuidadores. Además, las aves, al ser vectores potenciales de diversas enfermedades, pueden facilitar la diseminación de cepas

resistentes, tanto dentro del centro de paso como hacia otros animales o ecosistemas.

1.3 JUSTIFICACIÓN DE LA INVESTIGACIÓN

Esta investigación busca identificar el perfil de resistencia antimicrobiana de cepas de *Salmonella* spp. aisladas de aves y tortugas en el centro de paso de fauna silvestre de la Universidad Agraria del Ecuador, con el objetivo de proporcionar datos relevantes sobre la efectividad de diferentes antibióticos y evaluar el potencial de estas especies como reservorios de bacterias resistentes. Esto permitirá orientar protocolos de tratamiento en entornos de rehabilitación y fortalecer estrategias de bioseguridad, contribuyendo a la mitigación del riesgo zoonótico en el manejo de fauna silvestre.

Este estudio puede servir como base para implementar un sistema de monitoreo constante en centros de paso de fauna silvestre, como el de la UAE. La creación de una base de datos con información sobre la presencia y resistencia de *Salmonella* spp. permitirá observar tendencias en el tiempo y responder a posibles brotes con rapidez y eficiencia. Esto es crucial para reducir los riesgos de transmisión de bacterias resistentes y para implementar protocolos que protejan tanto a los animales como a los humanos que interactúan con ellos.

1.4 DELIMITACIÓN DEL PROBLEMA

-Espacio: Centro de paso de fauna silvestre de la Universidad Agraria del Ecuador (UAE).

-Tiempo: Entre los meses de agosto y septiembre del 2025.

-Población: Tortugas y aves del centro de paso de fauna silvestre de la UAE.

1.5 FORMULACIÓN DEL PROBLEMA

¿Cuáles son los perfiles de resistencia antimicrobiana de las cepas de *Salmonella* spp? aisladas en los animales del centro de paso de la UAE?

1.6 OBJETIVO GENERAL

Evaluar los perfiles de resistencia antimicrobiana de las cepas de *Salmonella* spp. aisladas en los animales del centro de paso de fauna silvestre de la UAE.

1.7 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Determinar la prevalencia de *Salmonella* spp. en los animales del centro de paso de la UAE.
- Describir resistencia antimicrobiana de cepas de *Salmonella* spp en aves según los parámetros establecidos por el CLSI.
- Describir resistencia antimicrobiana de cepas de *Salmonella* spp en tortugas según los parámetros establecidos por el CLSI.

1.8 HIPÓTESIS

Existe una resistencia antimicrobiana en las cepas de *Salmonella* spp. aisladas en los animales del centro de paso de la UAE.

2. MARCO TEÓRICO

2.1 ESTADO DEL ARTE

La resistencia antimicrobiana (RAM) se ha consolidado como una amenaza creciente para la salud pública, la sanidad animal y el medio ambiente. Entre los patógenos involucrados, *Salmonella* spp. destaca por su amplia distribución, cualidades zoonóticas y rápida capacidad de generar resistencia a múltiples antimicrobianos (Akwongo et al., 2025).

En centros de rehabilitación de fauna silvestre, el uso frecuente y prolongado de antimicrobianos a menudo en condiciones subóptimas de manejo puede favorecer la emergencia y diseminación de cepas resistentes (Baros Jorquera et al., 2021). Un estudio en Chile identificó enterobacterias con resistencia a múltiples antibióticos, incluidos carbapenémicos, tanto en animales silvestres bajo cuidado como en el ambiente del centro (Baros Jorquera et al., 2021).

Asimismo, se han detectado cepas de *Salmonella* spp. en aves silvestres capturadas en centros de rehabilitación en Turquía, con resistencia notable a antimicrobianos comunes y presencia de genes “tet” que confieren resistencia a Tetraciclinas (Şahan Yapicier et al., 2022).

En un estudio realizado en Chile, se aislaron 106 cepas de *Salmonella* spp. en animales domésticos y silvestres. De estas, el 44,3 % mostraron resistencia a al menos un antimicrobiano y el 17,9 % fueron multirresistentes, especialmente frente a Ampicilina, Estreptomicina y Tetraciclina (Rivera et al., 2021).

Un estudio en Costa Rica, en 10 centros de vida silvestre para primates, encontró *Salmonella* spp. en 13,9 % de heces y 11,3 % del ambiente. De los aislados fecales, el 14,6 % no fueron susceptibles a ciprofloxacina y el 2,4 % exhibieron resistencia a nitrofurantoína (Rojas-Sánchez et al., 2023).

Investigaciones en centros de rehabilitación de fauna silvestre en España destacan la detección de cepas de *Salmonella* spp. multirresistentes en quelonios admitidos al ingreso (Sevilla-Navarro et al., 2021). Este estudio subraya el riesgo que representan los centros de paso y rehabilitación como focos potenciales de dispersión de cepas resistentes.

Una revisión sistemática reciente, enfocada en mamíferos silvestres, reportó una prevalencia global del 59,8 % de resistencia en cepas de *Salmonella* spp.

recuperadas de especies cinegéticas, con un 17,2 % de ellas MDR (*MULTIDRUG RESISTANCE*) (Akwongo et al., 2025). Sorprendentemente, se observó que los niveles de resistencia eran más altos en hábitats remotos comparados con zonas antropizadas, sugiriendo que la diseminación de genes de resistencia ya está muy avanzada en ecosistemas supuestamente prístinos.

Un análisis reciente mediante secuenciación genómica de más de 930 genomas de *Salmonella* spp. reveló que más del 25 % eran resistentes a Tetraciclinas y no susceptibles a fluoroquinolonas, con regiones en Chile, Brasil y EE.UU. mostrando tasas de resistencia muy altas (MD > 34 % global; Asia alcanzó 51 %) También se detectó una elevada presencia de genes como “bla_CTX-M, qnrB19” y mutaciones en *gyrA/parC*, indicando diseminación internacional de mecanismos genéticos complejos de resistencia (Wang et al., 2025).

Una revisión sistemática en América del Sur mostró que los ambientes con mayor intervención humana presentaban significativamente más RAM en *Salmonella* spp. y otras Enterobacterias aisladas de fauna silvestre (Pérez Maldonado et al., 2025). En Brasil se detectaron bacterias con resistencia a penicilinas con inhibidor de β -lactamasa en especies silvestres del bosque Atlántico (Santos et al., 2024). Este patrón refuerza que los centros de paso, ubicados en zonas periurbanas o sometidas a gestión humana, podrían funcionar como nodos críticos de resistencia.

En el Ecuador un estudio piloto nacional en mataderos de pollo (2019) analizó 383 muestras en 199 centrales de faenamiento de Ecuador. Encontraron *Salmonella* spp. en el 5 % de muestras, con un 90 % de resistencia a al menos un antimicrobiano crítico, siendo eritromicina (85 %) y Tetraciclina (90 %) los más frecuentes (Amancha et al., 2023). Los resultados resaltan la presión selectiva ejercida por la ganadería industrial, que podría influir indirectamente en la fauna silvestre circundante.

2.2 BASES TEÓRICAS

2.2.1 GENERALIDADES DE SALMONELLA SPP.

El género *Salmonella* spp. agrupa bacterias Gramnegativas pertenecientes a la familia *Enterobacteriaceae*, de distribución mundial y conocidas por causar infecciones intestinales, septicémicas y localizadas tanto en humanos como en

animales. Estas infecciones, conocidas generalmente como salmonelosis, son consideradas enfermedades zoonóticas relevantes a nivel global, transmitidas principalmente por vía fecal-oral, alimentos contaminados, contacto directo con animales infectados o el medio ambiente contaminado (Jajere, 2019; Issenhuth-Jeanjean et al., 2014).

Las especies animales y los ambientes silvestres pueden actuar como reservorios importantes de *Salmonella* spp., facilitando su transmisión cruzada entre ecosistemas.

2.2.1.1 Taxonomía.

El género *Salmonella* spp. fue descrito inicialmente por Daniel Elmer Salmon y Theobald Smith en 1885. Actualmente, la clasificación taxonómica reconoce dos especies principales: *Salmonella entérica* y *Salmonella bongori*. La especie *Salmonella entérica* se subdivide en seis subespecies (*entérica*, *salamae*, *arizonae*, *diarizonae*, *houtenae* e *indica*), siendo la subespecie *entérica* la que contiene la mayoría de los serovares patógenos humanos y veterinarios (Issenhuth-Jeanjean et al., 2014). Los serovares más comúnmente reportados incluyen *S. Typhimurium*, *S. Enteritidis*, *S. Infantis* y *S. Heidelberg*, siendo particularmente relevantes desde una perspectiva de resistencia antimicrobiana (Gal-Mor et al., 2014; Grimont & Weill, 2007).

2.2.1.2 Morfología.

La especie *Salmonella* spp. son bacilos Gram-negativos, no formadores de esporas y anaerobios facultativos, que miden entre 0,7–1,5 µm de ancho y 2–5 µm de largo. Presentan flagelos peritricos, lo que les confiere movilidad, aunque algunos serovares (como *S. Gallinarum* y *S. Pullorum*) son no móviles (Oludario et al., 2022). Se cultivan fácilmente en medios como agar nutritivo, MacConkey o SS, formando colonias convexas, translúcidas y rodeadas de halos característicos según el medio. En análisis bioquímicos, suelen ser oxidasa negativa, catalasa positiva, reducen nitratos y fermentan glucosa con producción de ácido y gas (Yang et al., 2025).

2.2.1.3 Caracterización Antigénica.

La caracterización antigénica de *Salmonella spp.* se basa principalmente en la variabilidad de dos estructuras superficiales: el antígeno O, un polisacárido del lipopolisacárido de la membrana externa y el antígeno H, una proteína flagelar. El antígeno O presenta una notable diversidad estructural, sustentando la clasificación en 46 serogrupos y contribuyendo a la virulencia y la evasión inmunológica; su variabilidad se debe a diferencias genéticas en los clústeres de genes responsables de su biosíntesis, con eventos frecuentes de duplicación, delección y recombinación genética que generan nuevos serotipos y variantes dentro de la especie (Seif et al., 2019).

El antígeno H, codificado principalmente por los genes *fliC* y *fliB*, también muestra una considerable heterogeneidad, permitiendo la identificación de múltiples serotipos mediante métodos moleculares como PCR multiplex y arrays de ADN, que han mejorado la rapidez y precisión respecto a los métodos serológicos tradicionales (Field et al., 2010).

Además, se han identificado antígenos transitorios como el T1, cuya expresión es regulada por mecanismos de inversión genética y que está presente en muchas cepas, aunque ausente en serovares tifoídicos (Whitfield et al., 2024).

2.2.1.4 Epidemiología.

Salmonella spp. es un patógeno zoonótico de distribución mundial, con una epidemiología compleja debido a su capacidad para infectar una amplia gama de hospedadores, incluyendo mamíferos, aves, reptiles y anfibios (Eng et al., 2015). En animales silvestres, su presencia puede ser asintomática, lo que permite una diseminación silenciosa del patógeno a través de heces, secreciones o contacto indirecto con superficies contaminadas.

2.2.1.5 Reservorios.

Diversos estudios han identificado a la fauna silvestre como un reservorio significativo de *Salmonella spp.*, con presencia de cepas multirresistentes y amplia dispersión ecológica. Un metaanálisis sobre mamíferos salvajes mostró que aproximadamente el 70 % de los aislamientos de *Salmonella spp.* presentaban

resistencia a al menos un antimicrobiano, siendo también comunes las resistencias múltiples (Akwongo et al., 2025).

En aves de presa alojadas en centros de rehabilitación en Italia, se detectaron diferentes serovares de *S. entérica* con resistencia antimicrobiana, sugiriendo que tanto la exposición al entorno natural como la alimentación con presas contaminadas contribuyen al mantenimiento y transmisión de estas cepas (Corradini et al., 2024).

2.2.1.6 Transmisión.

La fauna salvaje no solo actúa como reservorio, sino también como vector de diseminación ambiental de *Salmonella* spp. resistente. En Brasil, se aisló *Salmonella* spp. en animales silvestres con resistencias a penicilinas de amplio espectro y beta-lactamasas inhibitorias de betalactámicos, demostrando transmisión probable desde ambientes antropizados hacia áreas naturales (Santos et al., 2024). Además, las aves migratorias facilitan la dispersión a larga distancia de genes de resistencia, actuando como vehículos potenciales de estos patógenos entre ecosistemas diversos.

2.2.2 SALMONELLA SPP. EN FAUNA SILVESTRE

La mayoría de las serovariedades de *Salmonella* spp. poseen un amplio rango de hospedadores y pueden causar enfermedad en diversas especies animales, existen algunas que muestran una especificidad o adaptación marcada a un hospedador particular; algunos ejemplos notables incluyen *Salmonella Typhi* en humanos, *Salmonella Pullorum* en aves de corral, *Salmonella Choleraesuis* en cerdos y *Salmonella Abortusovis* en ovejas (Jullia Eudoxia dos Santos et al., 2022). Esta diversidad taxonómica y la capacidad de las bacterias para adaptarse a múltiples hospedadores o especializarse en uno, son características intrínsecas que explican su éxito como patógeno zoonótico y su amplia distribución en la naturaleza.

2.2.2.1 Especies Silvestres como Reservorios.

Las especies silvestres juegan un papel clave como reservorios naturales de *Salmonella* spp., manteniendo la bacteria en su tracto gastrointestinal sin mostrar

signos clínicos evidentes. Las especies exóticas y autóctonas de reptiles, como serpientes, lagartos y tortugas, presentan tasas de portación altas, reportando una prevalencia entre 56 % en serpientes, 37 % en lagartos y 34 % en tortugas en estudios recientes (Pees et al., 2023).

En aves silvestres representan reservorios naturales importantes de *Salmonella* spp., actuando como vectores de dispersión en ecosistemas naturales y periurbanos. Diversos estudios han demostrado que aves de distintas familias incluyendo rapaces, paseriformes, acuáticas y carroñeras pueden portar serotipos zoonóticos como *Salmonella Enteritidis*, *Typhimurium*, *Infantis* y *Bredeney*, con o sin signos clínicos aparentes (Corradini et al., 2024).

2.2.2.2 Signos Clínicos y Forma de Presentación.

La presentación clínica de salmonelosis en fauna silvestre puede ser muy variable. Aunque muchos animales son portadores asintomáticos, algunos presentan signos como enteritis aguda, septicemia, letargia y deshidratación. Un caso documentado en aves paseriformes, captoras de tráfico ilegal, desarrolló esofagitis e ingluvitis con lesiones necróticas tras infección por *Salmonella Typhimurium*, confirmada en necropsia (Soares et al., 2024).

2.2.2.3 Diagnóstico de *Salmonella* spp. en Animales Silvestres.

El diagnóstico de *Salmonella* spp. en fauna silvestre se basa en la combinación de métodos microbiológicos tradicionales y técnicas moleculares modernas, con el fin de lograr una identificación rápida, sensible y específica del patógeno. La elección del método depende de los recursos disponibles, el tipo de muestra y el propósito del diagnóstico (aislamiento, monitoreo o caracterización genética).

El proceso diagnóstico inicia con la obtención de muestras, que pueden ser fecales, cloacales o de órganos internos, generalmente recolectadas durante necropsias. Estas muestras se someten primero a una fase de preenriquecimiento en caldo lactosado o en agua peptonada tamponada (BPW) y posteriormente a un enriquecimiento selectivo utilizando medios como Rappaport-Vassiliadis o caldo tetrionato. Luego, se realiza la siembra en medios selectivos como agar XLD

(Xylose Lysine Deoxycholate), Hektoen o SS, con el fin de favorecer el crecimiento de colonias características de *Salmonella* spp. (Yang et al., 2025).

Una vez aisladas las colonias sospechosas, se procede con su identificación bioquímica utilizando pruebas como TSI (Triple Sugar Iron), LIA (Lysine Iron Agar), movilidad, ureasa y utilización de citrato. Este conjunto de análisis puede demorar entre 4 y 7 días desde la recolección de la muestra hasta la obtención de un diagnóstico confirmado (Oludairo et al., 2022).

2.2.3 RESISTENCIA ANTIMICROBIANA (RAM)

La resistencia antimicrobiana (RAM) es la capacidad adquirida por microorganismos como bacterias, virus, hongos y parásitos, para resistir el efecto de medicamentos antimicrobianos diseñados para eliminarlos o inhibir su crecimiento (OMS, 2021). En un estudio realizado por Salam et al. (2023), concluyó que la evolución de la resistencia a los antimicrobianos de las bacterias es el resultado de un fenómeno continuo producido por nuevas mutaciones cromosómicas o por la adquisición de genes de resistencia a los fármacos.

2.2.3.1 Mecanismos de Resistencia a Antibióticos.

Un mecanismo común de resistencia en *Salmonella* spp. es la producción de enzimas que modifican o degradan el antibiótico, neutralizando su efecto. Por ejemplo, las β -lactamasas hidrolizan el anillo β -lactámico, haciendo ineficaz a los antibióticos β -lactámicos, mientras que las acetiltransferasas, nucleotidiltransferasas y fosfotransferasas inactivan aminosicósidos y cloranfenicol (Chaudhari et al., 2023).

Otro mecanismo esencial es la sobreexpresión de bombas de expulsión, especialmente del superfamilia RND (Resistance-Nodulation-Division). Estas estructuras transmembrana activas expulsan una amplia gama de antimicrobianos fuera de la célula, reduciendo su concentración intracelular (Punchihewage-Don et al., 2024).

Las bacterias también desarrollan resistencia alterando los sitios sobre los que actúan los antibióticos o reduciendo la entrada de los mismos. Mutaciones en genes que codifican el ADN girasa o la subunidad ribosomal pueden disminuir la afinidad de fármacos como fluoroquinolonas y Tetraciclinas. Además, reducciones

en la expresión de porinas en la membrana externa de bacterias gramnegativas disminuyen la permeabilidad a antibióticos (Chaudhari et al., 2023).

2.2.4 SENSIBILIDAD FRENTE A AGENTES ANTIMICROBIANOS

La sensibilidad antimicrobiana en *Salmonella* spp. ha mostrado patrones variables dependiendo de la región geográfica, las especies hospedadoras y el entorno de exposición. Estudios recientes destacan que la sensibilidad a diferentes clases de antibióticos como fluoroquinolonas, Tetraciclinas y β -lactámicos; puede variar significativamente, dependiendo en gran medida del uso histórico y actual de antimicrobianos en áreas específicas (Pérez Maldonado et al., 2025; Wang et al., 2025). Un análisis genómico realizado por Wang et al. (2025), que evaluó más de 930 cepas aisladas a nivel global, reveló que más del 25 % presentaron resistencia significativa a las Tetraciclinas y una susceptibilidad reducida frente a fluoroquinolonas, particularmente en regiones como Brasil y EE.UU.

2.2.5 MECANISMO DE ACCIÓN DE LOS ANTIMICROBIANOS

Los antimicrobianos empleados en medicina veterinaria contra infecciones por *Salmonella* spp. poseen diversos mecanismos de acción que permiten inhibir o eliminar las bacterias patógenas. Entre los grupos más comúnmente utilizados se encuentran los β -lactámicos, aminoglucósidos, Tetraciclinas y fluoroquinolonas (Chaudhari et al., 2023).

Las Tetraciclinas, por su parte, ejercen su efecto bacteriostático mediante la inhibición de la síntesis proteica bacteriana. Estas moléculas se unen reversiblemente a la subunidad ribosomal 30S, impidiendo la incorporación de nuevos aminoácidos a la cadena proteica en formación y evitando así la proliferación bacteriana (Salam et al., 2023).

Los antibióticos β -lactámicos, incluyendo penicilinas y cefalosporinas, actúan inhibiendo la síntesis de la pared celular bacteriana. Específicamente, bloquean las enzimas conocidas como proteínas fijadoras de penicilina (PBPs), esenciales para la formación y estabilidad del peptidoglicano, causando así la lisis bacteriana debido a la presión osmótica interna (Punchihewage-Don et al., 2024).

Finalmente, las fluoroquinolonas, como ciprofloxacina y enrofloxacin, actúan sobre el ADN bacteriano, específicamente sobre las enzimas ADN girasa

(topoisomerasa II) y topoisomerasa IV. Estas enzimas son esenciales para el enrollamiento y desenrollamiento del ADN durante la replicación bacteriana. Al inhibir estas enzimas, las fluoroquinolonas inducen rupturas en el ADN bacteriano, generando una rápida muerte celular bacteriana (Salam et al., 2023).

2.3 MARCO LEGAL

2.3.1 LEGISLACIÓN SOBRE EL MANEJO DE FAUNA SILVESTRE

En Ecuador, la regulación de centros de manejo rescate y rehabilitación de fauna silvestre está establecida en el Código Orgánico del Ambiente (COA) y su reglamento, el Texto Unificado de Legislación Ambiental Secundaria (TULAS, 2003). El TULAS (Libro IV, artículos 121–143) define los requisitos para la habilitación y funcionamiento de dichos centros y asigna al Ministerio del Ambiente la función de supervisión ambiental.

Adicionalmente, la Política Nacional para la Gestión de la Vida Silvestre (Acuerdo 029, 2018) promueve la sostenibilidad y control de especies silvestres. Estipula que las entidades estatales y centros autorizados deben aplicar medidas de vigilancia epidemiológica para prevenir la propagación de agentes patógenos en poblaciones silvestres.

2.3.2 PLAN NACIONAL PARA LA PREVENCIÓN Y CONTROL

El Plan Nacional para la Prevención y Control de la Resistencia Antimicrobiana (RAM 2019–2023), emitido por el Ministerio de Salud Pública, define un esquema de acción multisectorial (One Health) que incluye indicadores de consumo veterinario y la vigilancia en fauna silvestre. Este plan subraya la obligación de optimizar el uso de antimicrobianos en salud humana y animal (Ministerio de Salud Pública, 2019).

2.3.3 RESOLUCIÓN DAJ-202325E-0201

La Resolución DAJ-202325E-0201 (Agrocalidad, jun 2023), prohíbe el registro, importación, fabricación, formulación, comercialización y uso de antimicrobianos de importancia crítica para la salud humana como promotores de crecimiento o conservantes en la producción animal (Artículo 2 y 3), incluye cefalosporinas de 3ª a 5ª generación, macrólidos, quinolonas, entre otros. Entró en

vigor el 6 de junio de 2023 y establece sanciones según la Ley Orgánica de Sanidad Agropecuaria.

2.3.4 RECOMENDACIONES INTERNACIONALES (OIE, WHO, FAO)

La Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE), la Organización Mundial de la Salud (WHO) y la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) han desarrollado marcos y directrices internacionales para el control y monitoreo de la resistencia antimicrobiana (RAM), considerando la interrelación entre la salud humana, animal y ambiental, bajo el enfoque One Health.

La OIE establece directrices claras para el uso responsable de antimicrobianos en animales, incentivando vigilancia activa de la RAM en animales domésticos y silvestres fomentando la implementación de sistemas de monitoreo en centros de manejo animal, incluidos los centros de rehabilitación de fauna silvestre. Además, la OIE proporciona lineamientos para la bioseguridad, el diagnóstico estandarizado y la notificación rápida de brotes relacionados con bacterias resistentes, contribuyendo a minimizar la diseminación de patógenos zoonóticos como *Salmonella* spp. (OIE, 2021).

Por su parte, la WHO ha publicado el Plan de Acción Mundial sobre la Resistencia a los Antimicrobianos, que impulsa la colaboración multisectorial internacional para optimizar el uso de antimicrobianos y fortalecer la vigilancia epidemiológica. En este contexto, la WHO destaca la importancia de incluir a la fauna silvestre como componente clave en los programas de monitoreo, debido a su papel en la transmisión y mantenimiento de bacterias resistentes que afectan tanto a animales domésticos como a humanos (WHO, 2022).

La FAO complementa estas recomendaciones promoviendo prácticas agrícolas sostenibles y responsables, orientadas a reducir el uso innecesario de antimicrobianos en la producción animal. En su estrategia global, la FAO enfatiza la integración de fauna silvestre en los planes nacionales de acción contra la RAM, así como la necesidad de educación y capacitación para profesionales veterinarios y gestores de fauna sobre manejo adecuado de antimicrobianos y control de infecciones (FAO, 2023).

3. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1 ENFOQUE DE LA INVESTIGACIÓN

El enfoque del presente estudio fue cuantitativo ya que buscaba medir de forma objetiva la presencia de *Salmonella* spp. y de determinar resistencia antimicrobiana en los animales silvestres ingresados al centro de paso de la UAE. Este enfoque permitió generar datos numéricos que facilitaron su análisis estadístico y la identificación de posibles patrones o asociaciones entre las variables.

3.1.1 TIPO Y ALCANCE DE LA INVESTIGACIÓN

Este trabajo es una investigación de campo con apoyo de análisis de laboratorio. Su alcance es descriptivo y transversal dado que se buscó caracterizar la presencia de *Salmonella* spp. y su resistencia a antimicrobianos en un único punto temporal, sin la manipulación de variables.

3.1.2 DISEÑO DE LA INVESTIGACIÓN

El diseño es no experimental de corte transversal, ya que no se aplicaron tratamientos ni se realizó seguimiento longitudinal. Se describió lo observado en un momento determinado con fines analíticos.

3.2 METODOLOGÍA

3.2.1 VARIABLES

3.2.1.1 Variable Independiente.

Tabla 1.

Tabla de Operacionalización de Variables Independientes

Objetivo específico	Variable	Tipo	Nivel de medida	Descripción
Identificar las especies presentes	Especie	Cualitativa	Nominal	Clasificación taxonomica del animal.
	Procedencia	Cualitativa	Nominal	Lugar de origen del animal.

en el centro de paso	Sexo	Cualitativa	Nominal	Sexo biológico del animal (macho o hembra).
----------------------	------	-------------	---------	---

Elaborado por: Viñan, 2026

3.2.1.2 Variable Dependiente.

Tabla 2.

Tabla de Operacionalización de Variables dependientes.

Objetivo	Variable	Tipo	Nivel de medida	Descripción
Determinar la prevalencia de <i>Salmonella spp.</i>	Presencia de <i>Salmonella spp.</i>	Cualitativa	Nominal	Determinación si el animal porta o no a la bacteria <i>Salmonella spp.</i> .
Comparar perfiles de resistencia entre las especies.	Resistencia a los antibióticos Perfil de resistencia	Cualitativa	Ordinal Nominal	Resistencia según antibiograma. Patrón específico de sensibilidad/resistencia frente a un conjunto de antibióticos evaluados.

Elaborado por: Viñan, 2026

3.2.2 RECOLECCIÓN DE DATOS

3.2.2.1 Recursos.

Equipos de laboratorio: Estufa bacteriológica, autoclave, refrigeradora, microscopio óptico, incubadora, soporte metálico para tubos.

Materiales e insumos: Hisopos con y sin medio de transporte, cajas Petri, placas de Agar Salmonella-Shigella (SS), discos antimicrobianos, agar Mueller-Hinton, asas microbiológicas estériles.

Instrumentos de recolección: guantes estériles, marcadores permanentes, etiquetas, bolsas de bioseguridad, toallas, fichas de registro.

Humano

Tesista: Leonardo Viñan Velasco

Tutor de tesis: Dr. Angel Valle Gara, Msc.

Tutor estadístico: Dra. Verónica Macías, Msc.

Docente bacteriología: Mvz. Bryan Vásquez, Msc.

Financiero: Presupuesto para la compra de materiales de bacteriología y transporte de muestra, construcción y mantenimiento de recintos o jaulas, transporte personal, medios de protección personal y mantenimiento de aves.

Tabla 3.

Valores de gastos realizados.

Ítem / Insumo	Cantidad	Valor unitario (USD)	Valor total (USD)
Discos para antibiograma (6 fármacos)	6	3,75	22,50
Matraz Erlenmeyer	1	4,75	4,75
Medio de transporte AMIES con carbón (OXOID)	40	1,50	60,00
Caja monopetri	4	1,50	6,00
Caja de guantes	1	5,00	5,00
Cofias	1	5,00	5,00
Papel aluminio	1	2,50	2,50
Agua destilada	1	7,50	7,50
Termómetro	1	10,00	10,00
Agar deshidratado Salmonella/Shigella (SS)	1	150,00	150,00
Mueller Hinton Agar	12	2,00	24,00
Hisopos (isopos)	1	1,00	1,00
		SUBTOTAL	298.25
		IVA 15%	44.75
		VALOR TOTAL	343.00

Elaborado por: Viñan, 2026

3.2.2.2 Métodos y Técnicas.

La recolección de muestras se llevó a cabo siguiendo protocolos de bioseguridad, bienestar animal y estándares microbiológicos para el diagnóstico de *Salmonella* spp. en fauna silvestre. Las técnicas aplicadas se detallan a continuación:

a) Preparación previa a la toma de muestra

- Se preparó un área específica dentro del centro de paso para la toma de muestras, con superficies limpias, material estéril y contenedores rotulados.
- Se utilizó equipo de protección personal (EPP) obligatorio: guantes, mascarilla, bata desechable y gafas.
- Cada animal se evaluó previamente por el personal veterinario para garantizar que esté clínicamente estable y en condiciones adecuadas para ser manipulado.

b) Manipulación de animales

La sujeción se realizó por personal capacitado, minimizando el estrés del animal.

Para tortugas, se empleó una sujeción firme del caparazón sin comprimir la cavidad corporal. Se colocaron sobre superficies acolchadas, evitando movimientos bruscos.

En el caso de aves, se utilizó técnica de envoltura con toalla o tela suave, sujetando con firmeza, pero sin comprometer la respiración. Las extremidades fueron controladas para evitar autolesiones o escape.

Cada individuo fue manipulado solo por el tiempo necesario para evitar el estrés prolongado.

c) Toma de muestra microbiológica: Se emplearon hisopos estériles con medio de transporte para cada animal.

En tortugas, se introdujo suavemente el hisopo en la cloaca, rotando ligeramente para asegurar una muestra representativa del contenido.

En aves, se tomó muestra cloacal de la misma manera, evitando lesiones o contaminación cruzada.

En animales que defecaron en el contenedor de retención recientemente se procedió a recolectar muestra fecal fresca directa con espátula estéril.

d) Transporte de muestras

Los hisopos fueron colocados inmediatamente en tubos Falcon o viales con medio de transporte.

Cada muestra se etiquetó según la especie.

La investigación aplicó técnicas microbiológicas convencionales para identificación de *Salmonella* spp. Las muestras de heces o hisopos cloacales fueron recolectadas en condiciones de bioseguridad y transportadas refrigeradas al laboratorio.

Paso 1: Toma de muestra.

Paso 2: Siembra en agar selectivo Salmonella-Shigella (SS).

Paso 3: Observación de colonias típicas (centro negro, translúcidas).

Paso 4: A las colonias se les realizó antibiograma por el método de Kirby-Bauer en agar Mueller-Hinton, según lineamientos del CLSI (2023).

3.2.3 POBLACIÓN Y MUESTRA

3.2.3.1 Población.

La población estuvo conformada por tortugas y aves silvestres albergadas en el centro de paso de fauna silvestre de la UAE durante el período de estudio. Estos animales ingresaron por procesos de rescate, decomiso o entrega voluntaria y representaron un grupo relevante para la vigilancia sanitaria por su frecuente contacto con ambientes contaminados o actividades humanas.

3.2.3.2 Muestra.

La muestra se seleccionó mediante un muestreo no probabilístico por conveniencia y cuya condición permitió la recolección segura de muestra fecal o cloacal.

El tamaño muestral estuvo sujeto a la disponibilidad de animales durante el periodo de estudio, recolectando un total de 40 muestras, distribuidas entre aves y tortugas. Esta muestra es adecuada debido a la naturaleza no controlada del

ingreso de ejemplares al centro, lo que limita la aplicación de técnicas de muestreo probabilístico.

3.2.4 ANÁLISIS ESTADÍSTICO

1. Análisis descriptivo como frecuencias y porcentajes para describir la distribución de especies animales en el centro de paso y la proporción de muestras positivas a *Salmonella* spp.

2. Cálculo de prevalencia como prevalencia puntual: Número de animales positivos dividido entre el total muestreado.

4. Tablas de contingencia para visualizar la distribución cruzada entre especies y resistencia o sensibilidad a cada antibiótico.

5. Análisis cualitativo como perfil de resistencia para presentar descripciones y comparaciones cualitativas de los patrones de resistencia observados.

4. RESULTADOS

4.1 DETERMINACIÓN DE PREVALENCIA DE *SALMONELLA* SPP. EN LOS ANIMALES DEL CENTRO DE PASO DE LA UAE

Tabla 4.

Presencia de Salmonella spp. en aves y tortugas

Muestras	Frecuencia Absoluta (n)	Frecuencia Relativa (%)
Positivos	12	30
Negativos	28	70
Total	40	100

Elaborado por: Viñan, 2026

En la tabla 4, se analizaron 40 muestras para determinar la presencia de *Salmonella* spp. en los animales del Centro de Paso de la UAE, correspondientes a 20 tortugas y 20 aves; se empleó el medio de cultivo Agar *Salmonella*/Shigella, dando como resultado la identificación de 12 muestras positivas, lo que representa una prevalencia del 30%, mientras que 28 fueron negativas lo que corresponde al 70%.

Tabla 5.

Presencia de Salmonella spp. según la especie

Especie	Positivos		Negativos		Total (n)
	(n)	(%)	(n)	(%)	
Aves	2	5	18	45	20
Tortugas	10	25	10	25	20
Total	12	30	28	70	40

Elaborado por: Viñan, 2026

La tabla 5 encontramos los resultados de las 40 muestras analizadas divididas para la especie correspondiente, se encontró que de las 20 muestras pertenecientes a aves el 5% resultaron positivos correspondiente a 2 muestras y el restante de 18 muestras resultaron negativas representando el 45%; en contraste con las tortugas donde se encontró 10 de las 20 muestras positivas representando un 50%, mientras el restante de 10 muestras resultó negativo.

4.2 DESCRIPCIÓN DE RESISTENCIA ANTIMICROBIANA DE *SALMONELLA* SPP. EN TORTUGAS SEGÚN LOS PARÁMETROS ESTABLECIDOS POR EL CLSI

Tabla 6.

Resistencia Antimicrobiana Determinada Mediante la Técnica de Kirby y Bauer en Tortugas.

ANTIBIÓTICO	MUESTRAS	% SENSIBLE	%INTERMEDIO	%RESISTENTE
TETRACICLINA (30 ug)	10	40 (4)	20 (2)	40 (4)
AMIKACIN (30 ug)	10	70 (7)	30 (3)	0
GENTAMICINA (10 mcg)	10	10 (1)	80 (8)	10 (1)
AMPICILINA + AC. SULBACTAM (10/10 ug)	10	20 (2)	60 (6)	20 (2)
CEFOXITIN (30 mcg)	10	80 (8)	20 (2)	0
LEVOFLOXACIN (5 mcg)	10	50 (5)	50 (5)	0

Elaborado por: Viñan, 2026

En la tabla 6 encontramos las 10 muestras evaluadas e interpretadas con criterios CLSI, la Tetraciclina (30 µg) mostró 40% (4/10) resistencia, 20% (2/10) intermedio y 40% (4/10) sensibilidad; la Amikacina (30 µg) presentó 70% (7/10) sensibles y 30% (3/10) intermedios, sin resistencia. Para Gentamicina (10 µg) predominó el perfil intermedio con 80% (8/10), mientras 10% (1/10) fue sensible y 10% (1/10) resistente; en Ampicilina + Ac. Sulbactam (10/10 µg) se observó 60% (6/10) intermedio con 20% (2/10) sensibles y 20% (2/10) resistentes. En contraste, Cefoxitina (30 µg) evidenció 80% (8/10) sensibilidad y 20% (2/10) intermedio, sin aislamientos resistentes y la Levofloxacina (5 µg) se distribuyó en 50% (5/10) sensibles y 50% (5/10) intermedios, también sin resistencia.

Tabla 7.***Sensibilidad a antibióticos de las muestras positivas a Salmonella spp.***

ANTIBIÓTICOS	N=12 POSITIVOS	% SENSIBLE
TETRACICLINA (30 ug)	4	33.33
AMIKACIN (30 ug)	9	75
GENTAMICINA (10 mcg)	3	25
AMPICILINA + AC. SULBACTAM (10/10 ug)	2	16.66
CEFOXITIN (30 mcg)	10	83.33
LEVOFLOXACIN (5 mcg)	7	58.33

Elaborado por: Viñan, 2026

La tabla 7 encontramos valores de sensibilidad ante los antibióticos en el total de positivos (12), en donde se identificó que el valor más alto está en el Cefoxitin, el cual presentó una sensibilidad del 83.33%, seguido por el Levofloxacin con valor de sensibilidad del 58.33%. En contraste el valor más bajo se encontró en el antibiótico Ampicilina + Ac. Sulbactam con un valor de 16.66%.

Tabla 8.***Sensibilidad Intermedia a antibióticos de las muestras positivas a Salmonella spp.***

ANTIBIÓTICOS	N=12 POSITIVOS	% INTERMEDIO
TETRACICLINA (30 ug)	3	25
AMIKACIN (30 ug)	3	25
GENTAMICINA (10 mcg)	8	66.66
AMPICILINA + AC. SULBACTAM (10/10 ug)	7	58.33
CEFOXITIN (30 mcg)	2	16.66
LEVOFLOXACIN (5 mcg)	5	41.66

Elaborado por: Viñan, 2026

La tabla 8 muestra los valores de susceptibilidad intermedia frente los antibióticos en el total de positivos (12), en donde se encontró que el valor más alto está en la Gentamicina con 66.66%, seguido de Ampicilina + Ac. Sulbactam con un 58.33%; a diferencia del Cefoxitin que mostró el valor más bajo con un 16.66%.

Tabla 9.

Resistencia a antibióticos de las muestras positivas a *Salmonella* spp.

ANTIBIÓTICOS	N=12 POSITIVOS	% RESISTENCIA
TETRACICLINA (30 ug)	5	41.66
AMIKACIN (30 ug)	0	0
GENTAMICINA (10 mcg)	1	8.33
AMPICILINA + AC. SULBACTAM (10/10 ug)	3	25
CEFOXITIN (30 mcg)	0	0
LEVOFLOXACIN (5 mcg)	0	0

Elaborado por: Viñan, 2026

La tabla 9 muestra la resistencia encontrada frente a los antibióticos del total de 12 muestras positivas, siendo el valor más alto del de la Tetraciclina con un 41.66%, seguido de Ampicilina + Ac. Sulbactam con un valor de 25%; finalmente el valor más bajo encontrado fue del 8.33% correspondiente a la Gentamicina.

4.3 DESCRIPCIÓN DE RESISTENCIA ANTIMICROBIANA DE *SALMONELLA* SPP. EN AVES SEGÚN LOS PARÁMETROS ESTABLECIDOS POR EL CLSI

Tabla 10.

Resistencia antimicrobiana determinada mediante la técnica de Kirby y Bauer en Aves.

ANTIBIÓTICO	MUESTRAS	%SENSIBLE	%INTERMEDIO	%RESISTENTE
TETRACICLINA (30 ug)	2	0	50 (1)	50 (1)
AMIKACIN (30 ug)	2	100 (2)	0	0
GENTAMICINA (10 mcg)	2	100 (2)	0	0
AMPICILINA + AC. SULBACTAM (10/10 ug)	2	0	50 (1)	50 (1)
CEFOXITIN (30 mcg)	2	100 (2)	0	0
LEVOFLOXACIN (5 mcg)	2	100 (2)	0	0

Elaborado por: Viñan, 2026

En tabla 10 encontramos las 2 muestras evaluadas e interpretadas con criterios CLSI, la Tetraciclina (30 µg) y la Ampicilina + Ac. Sulbactam no registraron sensibilidad, con 50% (1/2) intermedio y 50% (1/2) resistente. En contraste, Amikacina (30 µg), Gentamicina (10 µg), Cefoxitina (30 µg) y Levofloxacin (5 µg) presentaron 100% (2/2) de sensibilidad, sin aislamientos intermedios ni resistentes.

4.3.1 PATRONES DE RESISTENCIA ENCONTRADOS

Tabla 11.

Patrones de resistencia encontrados

PATRÓN DE RESISTENCIA	FRECUENCIA	% PORCENTAJE
TET + SAM	1	33
TET + GEM + SAM	2	67

Notas: Tetraciclina 30 ug (TET), Gentamicina 10 mgc (GEM), Ampicilina + Ac. Sulbactam 10/10 ug (SAM).

Elaborado por: Viñan, 2026

En la tabla 11, de las 12 muestras positivas se observó que presentaron resistencia a dos o más antimicrobianos el 25% (3/12), el patrón más frecuente fue Tetraciclina + Ampicilina/Ácido Sulbactam (TET+SAM) observado en 2 muestras (66,67%). En menor proporción se identificó un patrón más amplio, TET+GEN+SAM, presente en 1 muestra (33,33%).

Tabla 12.

Patrones de susceptibilidad intermedia encontrados

PATRONES INTERMEDIOS	FRECUENCIA	PORCENTAJE
AMK + GEM	2	22.22
GEM + SAM + LEV	2	22.22
GEM + SAM + FOX	2	22.22
TET + GEM + SAM + LEV	1	11.11
TET + AMK + GEM + SAM + LEV	1	11.11
TET + SAM	1	11.11

Notas: Tetraciclina 30 ug (TET), Gentamicina 10 mgc (GEM), Ampicilina + Ac. Sulbactam 10/10 ug (SAM), Amikacin 30 ug (AMK), Levofloxacin 5 mcg (LEV), Cefoxitin 30 mcg (FOX).

Elaborado por: Viñan, 2026

En la tabla 12, observamos que de las 12 muestras positivas se observó aislamientos con dos o más antibióticos clasificados como intermedios ($n = 9$), predominan tres combinaciones con la misma frecuencia: AMK+GEN, GEN+SAM+LEV y GEN+SAM+FOX, cada una presente en 2 muestras (22,22%). Los demás patrones aparecieron de forma aislada (1 muestra; 11,11%), lo que indica que la categoría intermedia se distribuye en varias combinaciones, pero con mayor recurrencia alrededor de Gentamicina asociada a otros fármacos.

5. DISCUSIÓN

Se obtuvieron un total de 12 muestras positivas a *Salmonella* spp. (12/40), dentro de las cuales se reportó una prevalencia del 50% en tortugas (10/20); este valor coincide con reportados por Dipineto et al. (2012), quienes encontraron una prevalencia del 49.1% en tortugas terrestres criadas al sur de Italia. Asimismo, Back et al. (2016), encontraron *Salmonella* spp. en 17 de 34 tortugas adquiridas en comercios (50%), mostrando que en animales mantenidos bajo manejo o comercio la positividad puede alcanzar proporciones comparables a las observadas en el presente estudio. En contraste, una revisión sistemática con metaanálisis estimó una prevalencia global de 30,4% en reptiles y de 37,8% en reptiles en cautiverio, lo que sugiere que la magnitud hallada en el estudio se ubica por encima del promedio reportado en síntesis internacionales (Muslin et al., 2025).

En aves se obtuvieron 2 aislamientos positivos (2/20), equivalente al 10%, una proporción que es cercana a la descrita en aves costeras en Barcelona, donde se recuperó *Salmonella* spp. en 9,3% de gaviotas patiamarillas, lo que sugiere que en escenarios con alta interacción con residuos urbanos la positividad puede ubicarse alrededor de cifras como las obtenidas en este estudio (Vergara et al., 2025).

En la investigación la Tetraciclina fue el fármaco con el patrón más consistente de pérdida de actividad; en tortugas se observó 40% de resistencia, y en aves hubo no susceptibilidad, lo que va en la misma línea de lo reportado por Begum et al. (2024), quienes encontraron 100% de resistencia a Tetraciclina en *Salmonella* spp. de aves, mientras que Levofloxacin mantuvo 100% de sensibilidad. También no se encontró resistencia a Levofloxacin, aunque en tortugas se encontró un grupo importante de “intermedio” (50%), señal de una susceptibilidad menos sólida. Esta lectura se refuerza al comparar con Colón et al. (2022), donde se documentó resistencia a ciprofloxacina en 19% (4/21) y resistencia intermedia en otro 19% (4/21), mostrando que dentro de las fluoroquinolonas puede existir un desplazamiento gradual hacia una menor respuesta según el contexto de exposición.

El predominio de categorías intermedias y la resistencia puntual en tortugas es coherente con lo descrito por Marin et al. (2022), en quelonios ingresados a instituciones zoológicas donde 69% (20/29) de los aislamientos fueron resistentes

al menos a un antimicrobiano y 34% (10/29) fueron MDR, evidenciando que estos centros pueden recibir animales portadores de perfiles de resistencia que exigen vigilancia permanente.

En la Amikacina, en los aislamientos del estudio no se registró resistencia (0/12); sin embargo, en tortugas se evidenció 30% de sensibilidad intermedia (3/10), mientras que en aves la sensibilidad fue del 100% (2/2). Este comportamiento se alinea con lo reportado en reptiles de compañía en Portugal, donde la susceptibilidad a Amikacina fue 96,87% (Cota et al., 2021). También es comparable con hallazgos en reptiles cautivos de Beijing, en los que la resistencia a Amikacina fue baja (2,13%) (Song et al., 2023). De forma similar, en tortugas de vida libre muestreadas en Tailandia no se observó resistencia a este fármaco, lo que respalda que la Amikacina conserva buena actividad en estos reservorios (Rattanadilok Na Phuket et al., 2024). Aun así, se encontró un grupo con actividad “intermedia” detectada en tortugas, lo que sugiere que conviene vigilar la tendencia, porque pequeños cambios de susceptibilidad pueden anticipar la selección de resistencia en el tiempo.

Analizando perfiles de resistencia se observó un comportamiento que se repitió con mayor frecuencia: tres aislamientos (25%; 3/12) presentaron resistencia simultánea a Tetraciclina y Ampicilina + Ácido Sulbactam, patrón identificado en 3 muestras. La recurrencia de esta combinación sugiere una presión selectiva sostenida sobre ambos grupos farmacológicos y es relevante desde el punto de vista sanitario, porque involucra un antimicrobiano de uso amplio como la Tetraciclina y un β -lactámico con inhibidor que suele considerarse alternativa terapéutica. Un hallazgo comparable se reportó en tortugas muestreadas en Shanghái, donde Zhang et al. (2016) encontraron que entre 82 aislamientos de *Salmonella* spp., la resistencia fue alta para Tetraciclina (70%) y Ampicilina (63%) y una proporción importante presentó resistencia múltiple (84,1% resistentes a ≥ 3 antimicrobianos). En contraste, en el presente estudio la repetición del binomio Tetraciclina + β -lactámico se concentró en una cuarta parte de los aislados positivos, lo que permite discutirlo como un patrón dominante local.

Además, el perfil completo no fue idéntico entre aislamientos: en la muestra 6 se sumó resistencia a Gentamicina, lo que indica que dentro de un mismo patrón dominante, pueden coexistir variaciones que incrementen la no respuesta y

refuercen la necesidad de vigilancia periódica y uso prudente de antimicrobianos en el manejo de los animales del centro.

6. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

6.1 CONCLUSIONES

Se determinó la prevalencia de *Salmonella* spp. en los animales evaluados del centro de paso de la UAE, evidenciándose una positividad global del 30% (12/40). Al desagregar por grupo, la prevalencia fue mayor en tortugas con 50% (10/20) en comparación con aves con 10% (2/20), lo cual indica que dentro del muestreo realizado, las tortugas representaron el principal reservorio de *Salmonella* spp.

En aves, la resistencia antimicrobiana de las cepas mostró un patrón concentrado, ya que se observó no susceptibilidad frente a Tetraciclina y Ampicilina/Ácido Sulbactam, mientras que se mantuvo sensibilidad para Amikacina, Gentamicina, Cefoxitina y Levofloxacina. En consecuencia, los resultados sugieren que para este grupo la disminución de eficacia se asoció principalmente a Tetraciclinas y a β -lactámicos evaluados.

En tortugas, la resistencia antimicrobiana evidenció mayor variabilidad, destacándose la resistencia a Tetraciclina y la presencia frecuente de respuestas intermedias, especialmente en Gentamicina y Ampicilina/Ácido Sulbactam. Sin embargo, no se registró resistencia a Amikacina, Cefoxitina ni Levofloxacina, aunque la categoría intermedia en algunos de estos antimicrobianos indica que la susceptibilidad no fue completamente uniforme y refuerza la necesidad de seguimiento sanitario.

6.2 RECOMENDACIONES

Según la prevalencia identificada, se recomienda instaurar un monitoreo periódico de *Salmonella* spp. en el centro, priorizando tortugas, fortalecer la cuarentena y la desinfección de recintos, agua y utensilios para reducir la transmisión.

En aves, se recomienda evitar tratamientos empíricos y orientar cualquier decisión terapéutica con antibiograma e interpretación CLSI, además de reforzar el uso prudente de antibióticos mediante capacitación y registros de administración.

En tortugas, se recomienda priorizar medidas preventivas (higiene del agua, manejo de heces, segregación y reducción del estrés) para disminuir el riesgo de infección y la necesidad de antimicrobianos. Además, se propone investigar la

posible persistencia ambiental del agente y la presencia de cepas resistentes en agua y superficies del centro para ajustar protocolos de bioseguridad.

BIBLIOGRAFÍA

- Agencia de Regulación y Control Fito-Zoosanitario (Agrocalidad). Resolución DAJ-202325E-0201; 6 jun 2023.
- Akwongo, C. J., Borrelli, L., Houf, K., Fioretti, A., Peruzzy, M. F., & Murru, N. (2025). Antimicrobial resistance in wild game mammals: a glimpse into the contamination of wild habitats in a systematic review and meta-analysis. *BMC Veterinary Research*, 21(1), 14. <https://doi.org/10.1186/s12917-024-04462-5>
- Alfaro-Mora, Ramsés. (2018). Aspectos relevantes sobre Salmonella sp en humanos. *Revista Cubana de Medicina General Integral*, 34(3), 110-122. Recuperado en 03 de noviembre de 2024, de http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0864-21252018000300012&lng=es&tlng=es.
- Amancha, G., Celis, Y., Irazabal, J., Falconi, M., Villacis, K., Thekkur, P., Nair, D., Perez, F., & Verdonck, K. (2023). High levels of antimicrobial resistance in Escherichia coli and Salmonella from poultry in Ecuador. *Revista Panamericana de Salud Pública [Pan American Journal of Public Health]*, 47, e15. <https://doi.org/10.26633/RPSP.2023.15>
- Back, D. S., Shin, G. W., Wendt, M., & Heo, G. J. (2016). Prevalence of *Salmonella* spp. in pet turtles and their environment. *Laboratory animal research*, 32(3), 166–170. <https://doi.org/10.5625/lar.2016.32.3.166>
- Baros Jorquera, C., Moreno-Switt, A. I., Sallaberry-Pincheira, N., Munita, J. M., Flores Navarro, C., Tardone, R., González-Rocha, G., Singer, R. S., & Bueno, I. (2021). Antimicrobial resistance in wildlife and in the built environment in a wildlife rehabilitation center. *One Health (Amsterdam, Netherlands)*, 13(100298), 100298. <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2021.100298>
- Begum, R., Asha, N. A., Dipu, D. C. C., Roy, M., Rahman, A., Chowdhury, M. S. R., Hossain, H., Islam, M. R., Uddin, M. B., Rahman, M. M., & Hossain, M. M. (2024). Virulence and Antimicrobial Resistance Patterns of Salmonella spp.

Recovered From Migratory and Captive Wild Birds. *Veterinary medicine and science*, 10(6), e70102. <https://doi.org/10.1002/vms3.70102>

Benavides, J. A., Salgado-Caxito, M., Torres, C., & Godreuil, S. (2024). Public Health Implications of Antimicrobial Resistance in Wildlife at the One Health Interface. *Medical Sciences Forum*. <https://doi.org/10.3390/msf2024025001>

Camacho Silvas, Luis Arturo. (2023). Resistencia bacteriana, una crisis actual. *Revista Española de Salud Pública*, 97, e202302013. Epub 28 de octubre de 2024. Recuperado en 30 de octubre de 2024, de http://scielo.isciii.es/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1135-57272023000100307&lng=es&tlng=es.

Chaudhari, R., Singh, K., & Kodgire, P. (2023). Biochemical and molecular mechanisms of antibiotic resistance in *Salmonella* spp. *Research in Microbiology*, 174(1–2), 103985. <https://doi.org/10.1016/j.resmic.2022.103985>

Colón, V. A., Lugsomya, K., Lam, H. K., Wahl, L. C., Parkes, R. S. V., Cormack, C. A., Horlbog, J. A., Stevens, M., Stephan, R., & Magouras, I. (2022). Serotype Diversity and Antimicrobial Resistance Profile of *Salmonella enterica* Isolates From Freshwater Turtles Sold for Human Consumption in Wet Markets in Hong Kong. *Frontiers in veterinary science*, 9, 912693. <https://doi.org/10.3389/fvets.2022.912693>

Corradini, C., De Bene, A. F., Russini, V., Carfora, V., Alba, P., Cordaro, G., Senese, M., Terracciano, G., Fabbri, I., Di Sirio, A., Di Giamberardino, F., Boria, P., De Marchis, M. L., & Bossù, T. (2024). Detection of *Salmonella* Reservoirs in Birds of Prey Hosted in an Italian Wildlife Centre: Molecular and Antimicrobial Resistance Characterisation. *Microorganisms*, 12(6), 1169. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12061169>

Cota, J. B., Carvalho, A. C., Dias, I., Reisinho, A., Bernardo, F., & Oliveira, M. (2021). *Salmonella* spp. in Pet Reptiles in Portugal: Prevalence and Chlorhexidine Gluconate Antimicrobial Efficacy. *Antibiotics*, 10(3), 324. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10030324>

- Drózdź, M., Małaszczuk, M., Paluch, E., y Pawlak, A. (2021). Zoonotic potential and prevalence of *Salmonella* serovars isolated from pets. *Infection Ecology & Epidemiology*, 11(1). <https://doi.org/10.1080/20008686.2021.1975530m>
- Dipineto, L., Capasso, M., Maurelli, M.P. et al. Estudio de la coinfección por Salmonellay oxiúridos en tortugas. *BMC Vet Res* 8, 69 (2012). <https://doi.org/10.1186/1746-6148-8-69>
- Eng, S. K., Pusparajah, P., Ab Mutalib, N. S., Ser, H. L., Chan, K. G., & Lee, L. H. (2015). *Salmonella*: A review on pathogenesis, epidemiology and antibiotic resistance. *Frontiers in Life Science*, 8(3), 284–293. <https://doi.org/10.1080/21553769.2015.1051243>
- FAO (Food and Agriculture Organization). (2023). *The FAO Action Plan on Antimicrobial Resistance 2021–2025*. Rome: FAO. Retrieved from <https://www.fao.org/antimicrobial-resistance/en/>
- Fields, P., Mikoleit, M., McQuiston, J., Dinsmore, B., & Waters, R. (2010). Molecular Determination of H Antigens of Salmonella by Use of a Microsphere-Based Liquid Array. *Journal of Clinical Microbiology*, 49, 565 - 573. <https://doi.org/10.1128/JCM.01323-10>.
- Gal-Mor, O., Boyle, E. C., & Grassl, G. A. (2014). Same species, different diseases: how and why typhoidal and non-typhoidal Salmonella entérica serovars differ. *Frontiers in microbiology*, 5, 391. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2014.00391>
- Gobierno de Ecuador, Ministerio de Salud Pública, Subsecretaría de vifitancia de la salud pública, dirección nacional de vigilancia epidemilógica. (2019). ENFERMEDADESTRANSMITIDAS POR AGUA Y ALIMENTOS. INFECCIONES DEBIDAS ASalmonella.
- Grimont, Patrick & Weill, François-Xavier. (2007). *Antigenic Formulae of the Salmonella serovars*, (9th ed.) Paris: WHO Collaborating Centre for Reference and Research on Salmonella. Institute Pasteur. 1-166.

- Issenhuth-Jeanjean, S., Roggentin, P., Mikoleit, M., Guibourdenche, M., de Pinna, E., Nair, S., Fields, P. I., & Weill, F. X. (2014). Supplement 2008-2010 (no. 48) to the White-Kauffmann-Le Minor scheme. *Research in microbiology*, 165(7), 526–530. <https://doi.org/10.1016/j.resmic.2014.07.004>
- Jajere S. M. (2019). A review of *Salmonella enterica* with particular focus on the pathogenicity and virulence factors, host specificity and antimicrobial resistance including multidrug resistance. *Veterinary world*, 12(4), 504–521. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2019.504-521>
- Jullia Eudoxia dos Santos, E., Teixeira Sampaio Lopes, A., & Mendes Maciel, B. (2022). *Salmonella* in wild animals: A public health concern. In S. B. Bhardwaj (Ed.), *Enterobacteria*. IntechOpen.
- Marin, C., Martín-Maldonado, B., Cerdà-Cuéllar, M., Sevilla-Navarro, S., Lorenzo-Rebenaque, L., Montoro-Dasi, L., Manzanares, A., Ayats, T., Mencía-Gutiérrez, A., Jordá, J., González, F., Rojo-Solís, C., Barros, C., García-Párraga, D., & Vega, S. (2022). Antimicrobial Resistant *Salmonella* in Chelonians: Assessing Its Potential Risk in Zoological Institutions in Spain. *Veterinary Sciences*, 9(6), 264. <https://doi.org/10.3390/vetsci9060264>
- Ministerio de Salud Pública del Ecuador. (2019). *MSP presentó Plan Nacional para la Prevención y Control de la Resistencia Antimicrobiana (RAM) 2019 – 2023: Ministerio de Salud Pública del Ecuador*. [MSP presentó Plan Nacional para la Prevención y Control de la Resistencia Antimicrobiana \(RAM\) 2019 – 2023 – Ministerio de Salud Pública](https://doi.org/10.3390/vetsci9060264)
- Ministerio del Ambiente. (2017). *POLITICA NACIONAL PARA LA GESTION DE LA VIDA SILVESTRE*. Gob.Ec. Retrieved July 9, 2025, from https://www.ambiente.gob.ec/wp-content/uploads/downloads/2018/04/Acuerdo-029-Politica-Nacional-para-la-Gestion-de-Vida-Silvestre.pdf?utm_source=
- Muslin, C., Salas-Brito, P., Coello, D., Morales-Jadán, D., Viteri-Dávila, C., & Coral-Almeida, M. (2025). *Prevalencia de salmonela y distribución de serovar en*

reptiles: una revisión sistemática y metaanálisis. *Patógenos intestinales*, 17(1), 52. <https://doi.org/10.1186/s13099-025-00699-z>

OIE (World Organisation for Animal Health). (2021). *OIE Standards and Guidelines on Antimicrobial Resistance*. Retrieved from <https://www.woah.org/en/what-we-do/global-initiatives/antimicrobial-resistance/>

Oludairo, Oladapo & Kwaga, Jacob & Kabir, Junaid & Abdu, Paul & Gitanjali, A. & Perrets, Ann & Cibir, Veronica & Lettini, Antonia & Aiyedun, Julius. (2022). *Review of Salmonella Characteristics, History, Taxonomy, Nomenclature, Non Typhoidal Salmonellosis (NTS) and Typhoidal Salmonellosis (TS)*. *Zagazig Veterinary Journal*. 50. 160-171. 10.21608/zvjz.2022.137946.1179.

OMS (Organización Mundial de la Salud). (2021). *Resistencia a los antimicrobianos*. Recuperado de: <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/antimicrobial-resistance>.

Pees, M., Brockmann, M., Steiner, N., & Marschang, R. E. (2023). *Salmonella in reptiles: a review of occurrence, interactions, shedding and risk factors for human infections*. *Frontiers in cell and developmental biology*, 11, 1251036. <https://doi.org/10.3389/fcell.2023.1251036>

Pérez Maldonado, M., Urzúa-Encina, C., Ariyama, N., & Retamal, P. (2025). *Anthropogenic Impact and Antimicrobial Resistance Occurrence in South American Wild Animals: A Systematic Review and Meta-Analysis*. *Wild*, 2(2), 14. <https://doi.org/10.3390/wild2020014>

Porwollik, S., Boyd, E. F., Choy, C., Cheng, P., Florea, L., Proctor, E., & McClelland, M. (2004). *Characterization of Salmonella enterica subspecies I genovars by use of microarrays*. *Journal of bacteriology*, 186(17), 5883–5898. <https://doi.org/10.1128/JB.186.17.5883-5898.2004>

Punchihewage-Don, A. J., Ranaweera, P. N., & Parveen, S. (2024). *Defense mechanisms of Salmonella against antibiotics: a review*. *Frontiers in Antibiotics*, 3, 1448796. <https://doi.org/10.3389/frabi.2024.1448796>

- Rattanadilok Na Phuket, N., Buahom, J., Senaphan, K., Sukon, P., Sringam, S., Angkititrakul, S., & Sringam, P. (2024). Serovars and antimicrobial resistance of salmonella isolated from free-living turtles in the turtle village, northeastern Thailand: One health perspective. *International Journal of Veterinary Science*. <https://doi.org/10.47278/journal.ijvs/2024.229>
- Rivera, D., Allel, K., Dueñas, F., Tardone, R., Soza, P., Hamilton-West, C., & Moreno-Switt, A. I. (2021). Detección de la presencia de salmonela no tifoidea en diferentes sistemas animales y evaluación de la resistencia a los antimicrobianos. *Animales*, 11(6), 1532. <https://doi.org/10.3390/ani11061532>
- Rojas-Sánchez, E., Jiménez-Soto, M., Barquero-Calvo, E., Duarte-Martínez, F., Mollenkopf, D. F., Wittum, T. E., & Muñoz-Vargas, L. (2023). Prevalence Estimation, Antimicrobial Susceptibility, and Serotyping of *Salmonella enterica* Recovered from New World Non-Human Primates (*Platyrrhini*), Feed, and Environmental Surfaces from Wildlife Centers in Costa Rica. *Antibiotics*, 12(5), 844. <https://doi.org/10.3390/antibiotics12050844>
- Şahan Yapicier, O., Hesna Kandir, E., & Öztürk, D. (2022). Antimicrobial resistance of E. coli and Salmonella isolated from wild birds in a rehabilitation center in Turkey. *Archives of Razi Institute*, 77(1), 257–267. <https://doi.org/10.22092/ARI.2021.356322.1823>
- Salam, M. A., Al-Amin, M. Y., Salam, M. T., Pawar, J. S., Akhter, N., Rabaan, A. A., & Alqumber, M. A. A. (2023). Resistencia a los antimicrobianos: una amenaza cada vez más grave para la salud pública mundial. *Healthcare (Basilea, Suiza)*, 11(13), 1946. <https://doi.org/10.3390/healthcare11131946>
- Santos, E. J. E. d., Lopes, A. T. S., Fehlberg, H. F., Rocha, J. M., Brito Júnior, P. d. A., Bernardes, F. C. S., Costa, T. d. S. O., Guilherme, E. A., Vleeschouwer, K. M. D., Oliveira, L. d. C., Rosa, B. F., Amorim, B. S. d., Filho, L. M. C., Rios, E. O., Ferreira, S. S., Rodrigues, D. d. P., Albuquerque, G. R., Miranda, F. R., Alvarez, M. R. D. V., ... Maciel, B. M. (2024). Low Occurrence of *Salmonella* spp. in Wild Animals in Bahia, Brazil—Population Assessment

- and Characterization in the Caatinga and Atlantic Forest Biomes. *Animals*, 14(1), 21. <https://doi.org/10.3390/ani14010021>
- Seif, Y., Kavvas, E., Palsson, B., Monk, J., & Machado, H. (2019). Systems Biology and Pangenome of Salmonella O-Antigens. *mBio*, 10. <https://doi.org/10.1128/mBio.01247-19>.
- Sevilla-Navarro, Sandra & Martín-Maldonado, Bárbara & Tiburón, Natalia & López, Irene & Suarez, Laura & Moraleda, Virginia & Ruiz, Alicia & González, Fernando & Marin, Clara. (2021). ANTIMICROBIAL RESISTANT SALMONELLA ISOLATED FROM CHELONIANS ADMITTED TO A WILDLIFE RESCUE CENTER IN CENTRAL SPAIN.
- Soares, K. L., Lucena, R. B., Lima, E. S., Firmino, M. d. O., Eloy, L. R. C., Silva, R. A. F., Sousa, M. S., Sousa, I. V., Silva, W. D. Q., Fernandes, A. C. d. C., & Ramos-Sanchez, E. M. (2024). Outbreak of Esophagitis and Inguvitis Caused by *Salmonella* Typhimurium in Passeriform Birds of the Genus *Sporophila* Seized from Wildlife Trafficking. *Veterinary Sciences*, 11(11), 582. <https://doi.org/10.3390/vetsci11110582>
- Song, D., He, X., Chi, Y., Zhang, Z., Shuai, J., Wang, H., Li, Q., y Du, M. (2023). Citotoxicidad y resistencia antimicrobiana de la subespecie de *Salmonella enterica* aisladas de reptiles criados en Pekín, China. *Animales*, 13(2), 315. <https://doi.org/10.3390/ani13020315>
- TULAS, T. U. (2003). Texto Unificado de Legislación Secundaria Ambiental TULAS. En Libro IV (Artículos 121 – 143).
- Vergara, A., Montalvo, T., Sabaté, S., Villanueva-Cañas, J. L., Vilanova, D., Planell, R., Roca, I., Ballesté, C., Hurtado, J. C., Figuerola, J., González, R., & Vila, J. (2025). Prevalence of *Salmonella* spp. isolated from seagulls and pigeons in Barcelona, Spain and its genetic relatedness with *Salmonella* human clinical isolates. *Journal of Infection and Public Health*, 18(10), 102933. <https://doi.org/10.1016/j.jiph.2025.102933>
- Vorbach, B. S., Clayton, L. A., Roosenburg, W. M., Norton, T. M., Adamovicz, L., Hadfield, C. A., & Allender, M. C. (2022). PREVALENCE OF MULTIPLE

REPTILIAN PATHOGENS IN THE OROPHARYNGEAL MUCOSA, CLOACAL MUCOSA, AND BLOOD OF DIAMONDBACK TERRAPIN (*MALACLEMYS TERRAPIN*) POPULATIONS FROM MARYLAND AND GEORGIA, USA. *Journal Of Wildlife Diseases*, 58(4). <https://doi.org/10.7589/jwd-d-21-00107>

- Wang, Y., Xu, X., Jia, S., Qu, M., Pei, Y., Qiu, S., Zhang, J., Liu, Y., Ma, S., Lyu, N., Hu, Y., Li, J., Zhang, E., Wan, B., Zhu, B., & Gao, G. F. (2025). A global atlas and drivers of antimicrobial resistance in *Salmonella* during 1900-2023. *Nature Communications*, 16(1), 4611. <https://doi.org/10.1038/s41467-025-59758-3>
- Whitfield, C., Allas, M., Kelly, S., Goodridge, L., & Lowary, T. (2024). Structure, biosynthesis and regulation of the T1 antigen, a phase-variable surface polysaccharide conserved in many *Salmonella* serovars. *Nature Communications*, 15. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-50957-y>.
- WHO (World Health Organization). (2022). *Global Action Plan on Antimicrobial Resistance*. Geneva: WHO. Retrieved from <https://www.who.int/publications/i/item/9789241509763>
- Xu, Y., Tao, S., Hinkle, N., Harrison, M., & Chen, J. (2017). *Salmonella*, including antibiotic-resistant *Salmonella*, from flies captured from cattle farms in Georgia, U.S.A. *The Science Of The Total Environment*, 616-617, 90-96. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2017.10.324>
- Yang L, Samut H, Kemmerling L, Orsi RH, Wiedmann M, Chen R and Resendiz-Moctezuma C (2025) Phylogeny and divergence of the 100 most common *Salmonella* serovars available in the NCBI Pathogen Detection database. *Front. Microbiol.* 16:1547190. doi:10.3389/fmicb.2025.1547190
- Zhang, J., Kuang, D., Wang, F., Meng, J., Jin, H., Yang, X., Liao, M., Klena, J. D., Wu, S., Zhang, Y., & Xu, X. (2016). Turtles as a Possible Reservoir of Nontyphoidal *Salmonella* in Shanghai, China. *Foodborne pathogens and disease*, 13(8), 428–433. <https://doi.org/10.1089/fpd.2015.2107>

Zhou, K., Sun, L., Zhang, X., Xu, X., Mi, K., Ma, W., Zhang, L., & Huang, L. (2023). Salmonella antimicrobials inherited and the non-inherited resistance: mechanisms and alternative therapeutic strategies. *Frontiers In Microbiology*, 14. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1176317>

ANEXOS

Anexo N°1: Recolección de muestra cloacal con transport swabs carbón.



Elaborado por: Viñan, 2026

Anexo N°2: Recolección por muestreo cloacal.



Elaborado por: Viñan, 2026

Anexo N°3: Técnica de envoltura con toalla para la sujeción de ave.

Elaborado por: Viñan, 2026

Anexo N°4: Medición de volumen de agua destilada para la preparación de agar.

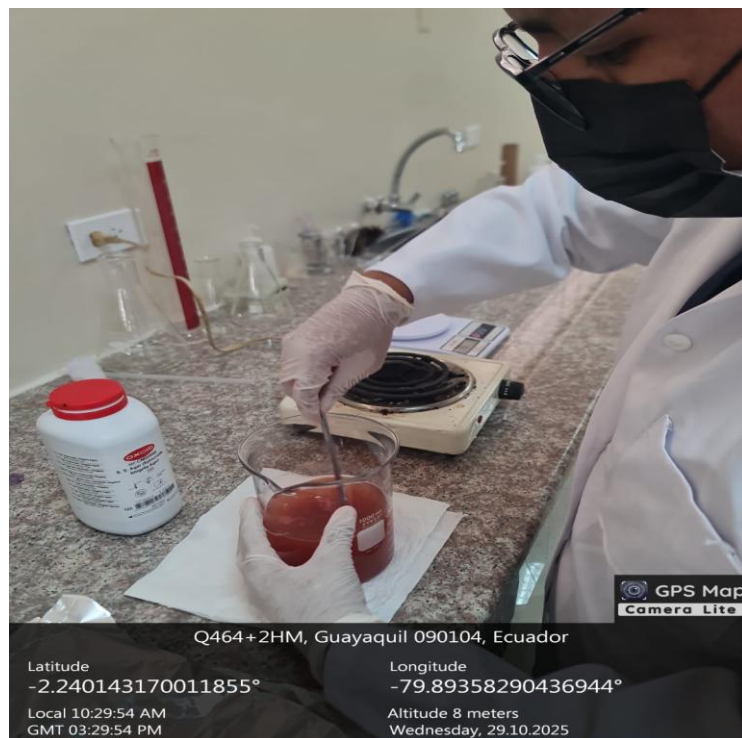
Elaborado por: Viñan, 2026

Anexo N°5: Calentando hasta punto de ebullición del agar Salmonella/Shigella en matraz Erlenmeyer.

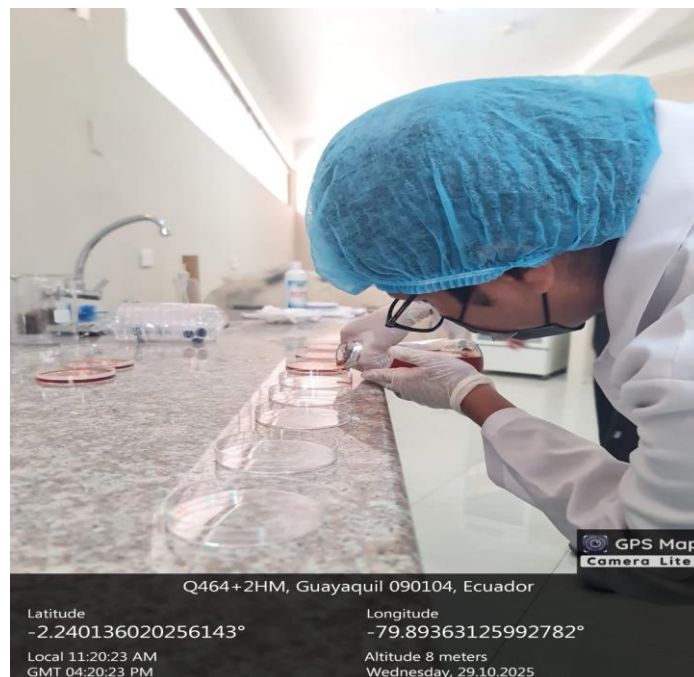


Elaborado por: Viñan, 2026

Anexo N°6: Preparación de agar en vaso de precipitado.



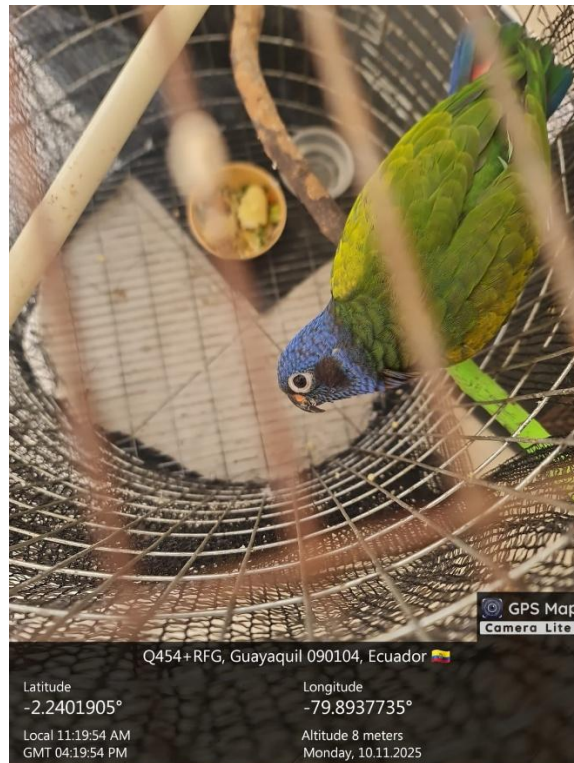
Elaborado por: Viñan, 2026

Anexo N°7: Colocación de agar en matraz Elenmayer.**Elaborado por: Viñan, 2026****Anexo N°8: Colocación del agar en cajas monopetri.****Elaborado por: Viñan, 2026**

Anexo N°9: Sembrado de muestras en Agar.**Anexo N°10: Agar con resultado positivo.**

Anexo N°11: Agar con resultado negativo.**Anexo N°12: Rotulación para antibiograma.**

Anexo N°13: Medición de halos en antibiograma**Anexo N°14: Preparación de tubos para autoclave.**

Anexo N°15: Loro del recinto, cabeciazul.**Anexo N°16: Resultado de antibiograma.**

Anexo N°17: Resultado de sembrado en agar SS.



Anexo N°18: Ubicación del Centro de paso UAE.

