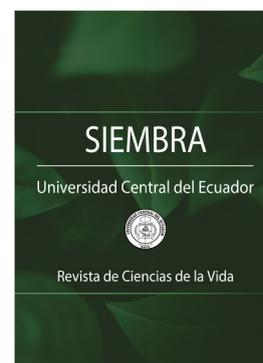


Identificación de genes de resistencia antimicrobianos (bla_{CTX-M} , *cfr*, *qnrS* y *mcr-1*) mediante PCR en muestras de suelo pertenecientes a la parroquia La Esperanza, cantón Pedro Moncayo, provincia de Pichincha, Ecuador



Carolina Benítez-Ruano¹

Siembra 12 (3) (2025): Edición especial: Memorias del II Congreso Internacional: Resistencia a los Antimicrobianos con Enfoque One Health

¹ Universidad Central del Ecuador, Ecuador.
✉ clbenitez@uce.edu.ec
 <https://orcid.org/0009-0005-2423-3049>

Introducción

El suelo es un hábitat complejo donde habitan múltiples microorganismos, inclusive aquellos que presentan resistencia. Sin embargo, el uso excesivo de antimicrobianos le ha generado una presión influyendo en que adquieran resistencia de forma acelerada. Los genes de resistencia antimicrobianos a cefotaxima (bla_{CTX-M}), cloranfenicol (*cfr*), quinolona (*qnrS*) y colistina (*mcr-1*), pueden indicar contaminación y ser producto de actividades agropecuarias. Por ello, el objetivo del presente estudio fue analizar la presencia de los 4 genes de resistencia en 5 tipologías de uso del suelo de la parroquia La Esperanza, Pichincha, Ecuador.

Materiales y métodos

Este estudio fue hecho en 2023, con la extracción de ADN de las 25 muestras congeladas pertenecientes a: bosque nativo, bosque plantado, pastizal, zona agrícola y vegetación regenerativa. Las muestras fueron colectadas en febrero del 2019 en la comunidad de Guaraquí, parroquia La Esperanza, Cantón Pedro Moncayo, Provincia Pichincha. Cada muestra se formó con la toma de 5 secciones de un transecto de 50x2m mediante calicatas de 30x30x15cm de profundidad (Rosero Gómez, 2022).

Ahora bien, se utilizó el marcador universal del gen 16S ribosomal, para asegurar la presencia de bacterias, un par de cebadores para cada gen de resistencia, ya descritos en literatura, y la reacción en cadena de la polimerasa [PCR]. La presencia o ausencia de los genes fueron comprobados mediante tres repeticiones de la reacción por cada gen, manteniendo el tiempo y temperatura de la PCR, resultado representado con estadística descriptiva.

Resultados

Se detectó la presencia de los genes bla_{CTX-M} y *cfr* en el 4% de las

SIEMBRA
<https://revistadigital.uce.edu.ec/index.php/SIEMBRA>
ISSN-e: 2477-8850
Periodicidad: semestral
vol. 12, núm 3, 2025
siembra.fag@uce.edu.ec
DOI: [https://doi.org/10.29166/siembra.v12i3\(Especial\)](https://doi.org/10.29166/siembra.v12i3(Especial))



Esta obra está bajo licencia internacional Creative Commons Atribución-No Comercial

muestras (1/25), en bosque nativo, mientras que los genes *qnrS* y *mcr-1* no fueron detectados en ninguna de las muestras.

Conclusiones

Para concluir, la presencia de *bla*_{CTX-M} y *cfr* en una tipología sugiere que el suelo estuvo influenciado por algún tipo de contaminante agropecuario que probablemente pudo haber conservado los genes de resistencia. Por otro lado, la ausencia de los genes *bla*_{CTX-M}, *cfr*, *qnrS* y *mcr-1* en bosque plantado, pastizal, zona agrícola y vegetación regenerativa podría indicar que la contaminación por estos genes es mínima o se necesita explorar con metodologías complementarias.

Referencias

Rosero Gómez, C. A. (2022). *Abundancia, actividad microbiana y su relación con los servicios ecosistémicos asociados al suelo en un gradiente de intensidad de uso de la tierra, en la parroquia La Esperanza, provincia de Pichincha – Ecuador*. Universidad Central del Ecuador. <http://www.dspace.uce.edu.ec/handle/25000/26467>

Palabras clave: Genes de resistencia, tipologías de suelo, cebadores, ADN