



**FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD**

Trabajo de Fin de Carrera Titulado:

**“ IDENTIFICACION MOLECULAR DE MICROORGANISMOS CON  
RESISTENCIA ANTIMICROBIANA AISLADOS DE MUESTRAS CLÍNICAS,  
EN UN CENTRO DE SALUD DE SEGUNDO NIVEL DE AMBATO, ECUADOR”**

Realizado por:

**Samantha Analía Vasco Yáñez**

Director del proyecto:

**Dr. PhD José Rubén Ramírez Iglesias**

Como requisito para la obtención del título de:

**MAGISTER EN BIOMEDICINA**

Quito, 17 de agosto de 2022

## DECLARACIÓN JURAMENTADA

Yo, **SAMANTHA ANALÍA VASCO YÁNEZ**, ecuatoriana, con cédula de ciudadanía N° **1804130969** , declaro bajo juramento que el Proyecto de Desarrollo titulado: **IDENTIFICACION MOLECULAR DE MICROORGANISMOS CON RESISTENCIA ANTIMICROBIANA AISLADOS DE MUESTRAS CLÍNICAS, EN UN CENTRO DE SALUD DE SEGUNDO NIVEL DE AMBATO, ECUADOR** es de mi autoría, que no ha sido presentado anteriormente para ningún grado o calificación profesional, y se basa en las referencias bibliográficas descritas en este documento.

A través de esta declaración, cedo los derechos de propiedad intelectual a la UNIVERSIDAD INTERNACIONAL SEK, según lo establecido en la Ley de Propiedad Intelectual, reglamento y normativa institucional vigente.



Firmado electrónicamente por:

**SAMANTHA  
ANALIA VASCO  
YANEZ**

-----  
SAMANTHA ANALÍA

VASCO YÁNEZ

C.I.: 1804130969

## DECLARACIÓN DEL DIRECTOR DE TESIS

Declaro haber dirigido este trabajo a través de reuniones periódicas con el estudiante, orientando sus conocimientos y competencias para un eficiente desarrollo del tema escogido y dando cumplimiento a todas las disposiciones vigentes que regulan los Trabajos de Titulación.



-----  
José Rubén Ramírez Iglesias

C.I.:

## **LOS PROFESORES INFORMANTES**

Los Profesores Informantes:

**Juan Carlos Navarro Castro**

**Lino Arisqueta Herranza**

Después de revisar el Proyecto de Desarrollo presentado,  
lo han calificado como apto para su defensa oral  
ante el tribunal examinador.



---

**Juan Carlos Navarro Castro**



---

**Lino Arisqueta Herranz**

Quito, 17 de agosto de 2022

## Resumen

Las infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS), son consideradas un problema importante de salud pública alrededor del mundo, ya que genera la aparición de patologías con resistencia microbiana a antibióticos de especial atención en investigación. Sólo en Estados Unidos representan un alto coste hospitalario, en Europa en varios estudios se reportado el aislamiento de microorganismos, como *K. pneumoniae*, con alta resistencia a antibióticos; en México un análisis retrospectivo de 2009 a 2012, reportó 1300 gérmenes resistentes. En Ecuador, el instituto nacional de investigación en salud pública, Izquierda – Pérez, al año 2020, realizó una aproximación referente a tipificación bacteriana, interpretación de pruebas de sensibilidad y mecanismo de resistencia, en hospitales centinelas. Es por ello, que es necesario un análisis de resistencia microbiana, ya que diferentes bacterias como *K. pneumoniae*, *E. coli*, *P. aeruginosa*; desarrollan una resistencia a diferentes antimicrobianos, y profundiza la problemática actual de elección farmacológica, sin una caracterización epidemiológica y molecular de estos microorganismos mencionados. De esta manera la secuenciación genómica de últimas generaciones, por medio de protocolos de análisis bacterianos, en amplicones del gen ARN ribosómico 16S (ARNr), ha mostrado ser una elección fiable y eficiente para esta caracterización. **Objetivos:** El principal objetivo del presente proyecto es identificar por técnicas moleculares, aislados bacterianos resistentes, procedentes de muestras clínicas de pacientes de un hospital de segundo nivel. **Materiales y Métodos:** el proyecto propuesto es de tipo experimental, se realizará aislamiento de muestras clínicas, extracción de ADN, reacción de amplificación, amplificación del ADNr16S, secuenciación del amplicón, análisis de secuencias de última generación. **Resultados esperados:** Obtener datos epidemiológicos fenotípicos y genotípicos acorde a nuestra realidad; que nos orienten de manera adecuada a la aplicación de estrategias de vigilancia epidemiológica y molecular, además de datos de los gérmenes con mayor resistencia y según la epidemiología hospitalaria.

**Palabras clave:** resistencia bacteriana; genética, mecanismos de resistencia, fenotipo y genotipo bacteriano.

La información detallada del presente proyecto de desarrollo reposa en la Facultad de  
Ciencia de la Salud de la UISEK.

## **Abstract**

Infections associated with health care (HAIs), are considered an important public health problem around the world, since they generate the appearance of pathologies with microbial resistance to antibiotics of special attention in research. Only in the United States do they represent a high hospital cost, in Europe several studies have reported the isolation of microorganisms, such as *K. pneumoniae*, with high resistance to antibiotics; In Mexico, a retrospective analysis from 2009 to 2012 reported 1,300 resistant germs. In Ecuador, the national public health research institute, Izquieta - Pérez, by 2020, carried out an approach regarding bacterial typing, interpretation of sensitivity tests and resistance mechanism, in sentinel hospitals. For this reason, a microbial resistance analysis is necessary, since different bacteria such as *K. pneumoniae*, *E. coli*, *P. aeruginosa*; develop resistance to different antimicrobials, and deepens the current problem of pharmacological choice, without an epidemiological and molecular characterization of these mentioned microorganisms. In this way, the genomic sequencing of the latest generations, by means of bacterial analysis protocols, in amplicons of the 16S ribosomal RNA gene (rRNA), has shown to be a reliable and efficient choice for this characterization. **Objectives:** The main objective of this project is to identify, by molecular techniques, resistant bacterial isolates from clinical samples of patients from a second level hospital. **Materials and Methods:** the proposed project is of an experimental type, isolation of clinical samples, DNA extraction, amplification reaction, amplification of 16SrDNA, amplicon sequencing, next-generation sequence analysis will be carried out. **Expected results:** Obtain phenotypic and genotypic epidemiological data according to our reality; that guide us adequately to the application of epidemiological and molecular surveillance strategies, in addition to data of the germs with greater resistance and according to hospital epidemiology.

**Key words:** bacterial resistance; genetics, resistance mechanisms, bacterial phenotype, and genotype.

The detailed information of the present Development Project rests in the Faculty of  
Health Science of the UISEK.