



FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD

Trabajo de fin de Carrera titulado:

Caracterización genómica de factores de virulencia, mecanismos de resistencia y plásmidos en cepas de *Salmonella enterica* serovar Infantis aisladas de urocultivos en el periodo 2022-2024 en Ecuador

Realizado por:

Heydi Liliana Tonguino Chasipanta

Director del proyecto:

Ing. Andrés Herrera-Yela, MSc.

Como requisito para la obtención del título de:

MAGISTER EN BIOMEDICINA

QUITO, 18 de marzo del 2026

DECLARACIÓN JURAMENTADA

Yo, Heydi Liliana Tonguino Chasipanta, ecuatoriano, con Cédula de ciudadanía N° 1725890121, declaro bajo juramento que el trabajo aquí desarrollado 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.

Heydi Liliana Tonguino Chasipanta
C.I.: 1725890121

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.

Ing. Andrés Herrera-Yela, MSc.

LOS PROFESORES INFORMANTES:

José Rubén Ramírez Iglesias. PhD.

Rubén Alexander Maldonado Orbe. MSc.

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

José Rubén Ramírez Iglesias. PhD.

Rubén Alexander Maldonado Orbe MSc.

Quito, 01 de Abril de 2026

DECLARACIÓN DE AUTORÍA DEL ESTUDIANTE

Declaro que este trabajo es original, de mi autoría, que se han citado las fuentes correspondientes y que en su ejecución se respetaron las disposiciones legales que protegen los derechos de autor vigentes.

Heydi Liliana Tinguino Chasipanta
C.I.: 1725890121

DEDICATORIA

A Dios, mis padres Norma y Roque,

mi hermana Milena

y mi prima Romina.

AGRADECIMIENTO

A mi familia y amigos por su amor y apoyo incondicional.

*A mis profesores del programa de maestría de Biomedicina, por compartir sus
conocimientos.*

*Al grupo de investigación de la Unidad de Investigaciones en Biomedicina, al
área de Biología Molecular y Microbiología de Zurita & Zurita Laboratorios.*

*En especial a la Dra. Jeannete Zurita, por su invaluable respaldo profesional y
académico.*

*A la Ing. Gabriela Sevillano MSc. por su acompañamiento incondicional a nivel
académico, profesional y personal.*

Artículo de tesis

Caracterización genómica de factores de virulencia, mecanismos de resistencia y plásmidos en cepas de *Salmonella enterica* serovar Infantis aisladas de urocultivos en el periodo 2022-2024 en Ecuador

Heydi Tonguino^{1,2}, Andrés Herrea-Yela¹, Gabriela Sevillano², José Rubén Ramírez-Iglesias¹, José Luis Medina³, Jeannete Zurita²

1. Facultad de Ciencias de la Salud, Maestría en Biomedicina. Universidad Internacional SEK (UISEK), Quito 170302, Ecuador.
2. Unidad de Investigaciones en Biomedicina Zurita & Zurita Laboratorios, Quito 170104, Ecuador.
3. Unidad de Investigación de Enfermedades Transmitidas por Alimentos y Resistencia a los Antimicrobianos (UNIETAR), Universidad Central del Ecuador, Quito 170521, Ecuador.

Resumen:

Salmonella entérica serovar Infantis se ha consolidado como un patógeno emergente siendo una de las principales causas de salmonelosis humana, este patógeno se destaca por su estrecha relación con las aves de corral y la alta prevalencia de multirresistencia, siendo el principal causante de infecciones gastrointestinales. La capacidad infectiva que presenta lo ha llevado a provocar infecciones extraintestinales como el tracto urinario. Esta investigación tuvo como objetivo caracterizar el perfil genómico de aislados de *Salmonella entérica* serovar Infantis provenientes de urocultivos con el fin de comprender su dinámica de patogenicidad y transmisión, y a su vez, establecer una relación filogenética con cepas provenientes de las industrias avícolas del país. Se realizó un estudio observacional transversal que incluyó 12 cepas de *Salmonella Infantis* aisladas de urocultivos en Ecuador durante el periodo 2022–2024, mediante secuenciación de genoma completo empleando la tecnología de Oxford Nanopore se caracterizaron los determinantes de resistencia antimicrobiana, factores de virulencia y perfiles plasmídicos de los aislados. Los análisis mostraron que la totalidad de las cepas pertenecen al linaje clonal ST32 y albergan al replicón IncFIB característico del megaplásmido pESI. El 91.6% de los aislados presentó un genotipo MDR frente a distintas familias de antibióticos, junto con un perfil de virulencia altamente conservado mediado por genes como *shdA*, *sipA*, y *sifA*. El análisis filogenético demostró que las cepas de este estudio están estrechamente relacionadas con aislamientos de la industria avícola nacional. Concluyendo así que existe la circulación de un linaje clonal bien establecido de *Salmonella entérica* serovar Infantis en Ecuador tanto en la industria avícola como en el ámbito clínico. Estos clones poseen una alta prevalencia de multirresistencia y virulencia que se encuentra impulsada por la presencia de plásmidos similares a pESI. Estos hallazgos proporcionan una evidencia más sólida de una posible transmisión zoonótica desde la industria avícola hacia el ser humano con cepas cuyas características genotípicas pueden provocar infecciones extraintestinales, mostrando la necesidad de mantener una vigilancia y control de este patógeno mediante el enfoque de One Health.

Palabras clave: Secuenciación, multirresistencia, genoma completo, clon ST32, patogenicidad, plásmidos.

Abstract:

Salmonella enterica serovar Infantis has become an established emerging pathogen and a leading cause of human salmonellosis. This pathogen is notable for its association with poultry and the high prevalence of multidrug resistance, making it a major cause of gastrointestinal infections. Its infectious capacity has also led to extraintestinal infections, such as urinary tract infections. This research aimed to characterize the genomic profile of *Salmonella enterica* serovar Infantis isolates from urine cultures in order to understand their pathogenicity and transmission dynamics, also to establish a phylogenetic relationship with strains from the country's poultry industry. A cross-sectional observational study was conducted with 12 *Salmonella infantis* strains isolated from urine cultures in Ecuador during the period 2022–2024. Through whole-genome sequencing using Oxford Nanopore technology and bioinformatics tools, resistance factors, virulence, and plasmids were characterized in the isolates. Analyses showed that all strains belong to the ST32 clonal lineage and harbor the IncFIB replicon characteristic of the pESI megaplasmid. 91.6% of the isolates exhibited an MDR genotype against various antibiotic families, along with a highly conserved virulence profile mediated by genes such as *shdA*, *sipA*, and *sifA*. Phylogenetic analysis demonstrated that the strains in this study are closely related to isolates from the national poultry industry. Thus, it was concluded that a well-established clonal lineage of *Salmonella enterica* serovar Infantis is circulating in Ecuador, both in the poultry industry and in clinical settings. These clones exhibit a high prevalence of multidrug resistance and virulence driven by the presence of pESI-like plasmids. These findings provide further evidence of zoonotic transmission from the poultry industry to humans with strains whose genotypic characteristics can cause extraintestinal infections, highlighting the need for surveillance and control of this pathogen through a One Health approach.

Keywords: Sequencing, multidrug resistance, whole genome, ST32 clone, pathogenicity, plasmids.