



## **ELEMENTOS REPETITIVOS BOX PARA LA TIPIFICACIÓN GENÉTICO-MOLECULAR DE CEPAS DE *Salmonella enterica* Y SU ASOCIACIÓN CON EL FENOTIPO**

Nayarit Emérita Ballesteros Nova<sup>1</sup>, María Soledad Vázquez Garcidueñas<sup>2</sup>, Gloria Alicia Figueroa Aguilar<sup>3</sup>, Lilia Chávez Castañeda<sup>3</sup> y Gerardo Vázquez Marrufo<sup>1</sup>

1 CMEB, Facultad de Medicina veterinaria y zootecnia. UMSNH, 2 División de Estudios de Posgrado, Facultad de Ciencias Médicas y Biológicas "Dr. Ignacio Chávez". UMSNH, 3 LESP del Estado de Michoacán. candelilla\_rm2@yahoo.es

La salmonelosis es una enfermedad asociada con la ingestión de alimentos contaminados, generando altas tasas de morbilidad y mortalidad a nivel mundial. La combinación de métodos de tipificación genética con técnicas de tipificación fenotípica se ha aplicado con éxito en estudios epidemiológico-moleculares para determinar mecanismos de dispersión de especies/cepas de relevancia en salud pública. En este trabajo se determinó el serotipo, la resistencia a antibióticos y los patrones genéticos de BOX-PCR de 130 cepas de *Salmonella enterica* aisladas durante 2013-2014 de alimentos en Michoacán, buscando posibles relaciones entre genotipo y fenotipo. Se identificaron 33 serotipos, siendo los más frecuentes Anatum (n=23), Agona (n=18), Enteritidis (n=14), Typhimurium (n=11) y Serogroup B (n=8). En relación a años anteriores se observa un cambio en el serotipo más prevalente (Typhimurium a Anatum) y la aparición del serotipo Enteritidis en el grupo mayoritario. Las resistencias más prevalentes fueron hacia sulfam trimetoprim (45/130), ampicilina (30/130), ampicilina con sulbactam (16/130) y moxifloxacina (10/130), con un 7% (9/130) de cepas multi-resistentes. Una cepa del serotipo Typhimurium presentó resistencia a ceftriaxona, cefalosporina de tercera generación de importancia clínica. Los patrones BOX-PCR permitieron calcular el valor de similitud (S) entre las cepas mediante el algoritmo Dice y el dendrograma generado mediante el criterio UPGMA agrupó a todas las cepas de *S. Typhimurium*, presentando 4 grupos principales con 68 genotipos a un corte de similitud de 90%. No se observó relación entre el genotipo BOX-PCR con el serotipo o los perfiles de resistencia de las cepas.