



**Universidad Nacional Mayor de San Marcos**

**Universidad del Perú. Decana de América**

**Facultad de Ciencias Biológicas**

**Escuela Profesional de Genética y Biotecnología**

**Análisis genómico de la cepa patógena *Salmonella enterica* serotipo Enteritidis aislada de una granja avícola en Lima: virulencia y resistencia antimicrobiana**

**TRABAJO DE INVESTIGACIÓN**

Para optar el Grado de Bachiller en Genética y Biotecnología

**AUTOR**

Carmen Lizeth RODRÍGUEZ CUEVA

**ASESOR**

Dr. Abelardo Lenin MATURRANO HERNÁNDEZ

Lima, Perú

2021

## Referencia bibliográfica

---

Rodríguez, C. (2021). *Análisis genómico de la cepa patógena Salmonella enterica serotipo Enteritidis aislada de una granja avícola en Lima: virulencia y resistencia antimicrobiana*. [Trabajo de investigación de bachiller, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Ciencias Biológicas, Escuela Profesional de Genética y Biotecnología]. Repositorio institucional Cybertesis UNMSM.

---

## Metadatos complementarios

<b>Datos de autor</b>	
Nombres y apellidos	Carmen Lizeth Rodríguez Cueva
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	76097962
URL de ORCID	<a href="https://orcid.org/0000-0003-0975-6122">https://orcid.org/0000-0003-0975-6122</a>
<b>Datos de asesor</b>	
Nombres y apellidos	Abelardo Lenin Maturrano Hernández.
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	15725076
URL de ORCID	<a href="https://orcid.org/0000-0001-8819-7335">https://orcid.org/0000-0001-8819-7335</a>
<b>Datos del jurado</b>	
<b>Presidente del jurado</b>	
Nombres y apellidos	Jorge Luis Ramírez Malaver
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	433524808
<b>Miembro del jurado 1</b>	
Nombres y apellidos	Julio Solís Sarmiento
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	09671619
<b>Miembro del jurado 2</b>	
Nombres y apellidos	José Ricardo Linares Gonzales
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	44352620
<b>Datos de investigación</b>	

Línea de investigación	A.1.3.1. Salud Pública
Grupo de investigación	Biotecnología Aplicada a la Conservación, Sanidad y Producción Animal - SANIGEN
Agencia de financiamiento	Perú. Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Vicerrectorado de Investigación y Posgrado. Programa de Promoción de Tesis de Pregrado. Código de Proyecto B20100100a.
Ubicación geográfica de la investigación	Edificio: Facultad de Medicina Veterinaria, Unidad de Genética y Biología Molecular. País: Perú Departamento: Lima Provincia: Lima Distrito: San Borja Urbanización: Av Circunvalación 28, San Borja 15021 Latitud: -12.0811845425 Longitud: -76.987531327
Año o rango de años en que se realizó la investigación	Junio 2020 - Enero 2021
URL de disciplinas OCDE	Biología celular, Microbiología <a href="https://purl.org/pe-repo/ocde/ford#1.06.01">https://purl.org/pe-repo/ocde/ford#1.06.01</a>



**Universidad Nacional Mayor de San Marcos**  
(Universidad del Perú, Decana de América)

**FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS**

**ACTA DE SESIÓN PARA OPTAR AL GRADO ACADÉMICO DE  
BACHILLER EN GENÉTICA Y BIOTECNOLOGÍA  
(MODALIDAD: SUSTENTACIÓN VIRTUAL DE TRABAJO DE INVESTIGACIÓN)**

Siendo las 15:13 horas del 22 de diciembre de 2021, en el Salón de Grados Virtual de la Facultad de Ciencias Biológicas cuya dirección electrónica fue <https://meet.google.com/dgw-ddfb-udw>, y en presencia del Jurado formado por los profesores que suscriben, se inició la sesión para optar al **Grado Académico de Bachiller en Genética y Biotecnología (Modalidad: Trabajo de Investigación)** de **CARMEN LIZETH RODRÍGUEZ CUEVA**.

Luego de dar lectura y conformidad al expediente N° UNMSM-20210045132, la graduanda expuso su Trabajo de Investigación: “**ANÁLISIS GENÓMICO DE LA CEPA PATÓGENA *Salmonella enterica* serotipo Enteritidis AISLADA DE UNA GRANJA AVÍCOLA EN LIMA: VIRULENCIA Y RESISTENCIA ANTIMICROBIANA**”, y el Jurado efectuó las preguntas del caso calificando la exposición con la nota 19, calificativo: Aprobado con máximos honores.

Finalmente, el expediente será enviado a la Escuela Profesional de Genética y Biotecnología y al Consejo de Facultad para que se apruebe otorgar el **Grado Académico de Bachiller en Genética y Biotecnología (Modalidad: Trabajo de Investigación)** a **CARMEN LIZETH RODRÍGUEZ CUEVA** y se eleve lo actuado al Rectorado para conferir el respectivo grado, conforme a ley.

Siendo las 16:20 horas se levantó la sesión.

Ciudad Universitaria, 22 de diciembre de 2021.

---

**Dr. JORGE RAMIREZ MALAVER**  
(PRESIDENTE)

---

**Dr. LENIN MATURRANO HERNANDEZ**  
(ASESOR)

---

**Dr. JULIO SOLIS SARMIENTO**  
(MIEMBRO)

---

**Mg. JOSE LINARES GONZALES**  
(MIEMBRO)

## RESUMEN

Las zoonosis originadas por bacterias constituyen el segundo mayor grupo de microorganismos asociados a infecciones epidémicas con un fuerte impacto en la salud pública en todo el mundo. En el Perú, existen reportes recientes de Salmonelosis provocadas por *Salmonella enterica* serotipo Enteritidis (*S. Enteritidis*), una bacteria patógena zoonótica transmitida a humanos mediante el consumo o contacto con productos y animales contaminados. Debido a su potencial virulento, el presente trabajo de investigación tiene como finalidad realizar el análisis genómico de una cepa de *S. Enteritidis* aislada de una granja avícola de Lima (cepa SMVET14), para identificar los factores genéticos involucrados en la virulencia de este patógeno y genes de resistencia a antibióticos en el genoma que le confieran capacidad para generar brotes epidémicos en animales de granja y poblaciones humanas. En este estudio, el genoma de *S. Enteritidis* cepa SMVET14 se sometió a un análisis *in silico* el cual comenzó con el análisis de cobertura, calidad y limpieza de los datos generados por el secuenciamiento con BMap, FASTQC y Trimmomatic, respectivamente. Las lecturas fueron ensambladas usando dos softwares SPAdes y Velvet, y se contrastó la calidad de ambos ensamblajes utilizando QUAST. Se escogió el ensamblaje generado por SPAdes, el cual generó 25 *contigs* con una cobertura promedio de 81.26, un tamaño del genoma de 4701879 bp (4.71Mb), y un contenido de %GC fue 52.13%. La anotación génica con Prokka mostró 4513 genes de los cuales 4421 fueron secuencias codificantes (CDS) y 94 ARN. La tipificación de la cepa se realizó con MLST y fue asignada al ST11. Por otro lado, el mapeo genómico y el análisis filogenómico mostró que la cepa SMVET14 está estrechamente relacionada con las cepas P125109 y 17927, ambos implicados en brotes epidémicos de Salmonelosis. Asimismo, se identificaron 105 factores de virulencia, siendo principalmente asociados al sistema de secreción tipo III (TTSS) y a adherencia celular. También, se identificaron 6 genes de resistencia a antibióticos que son utilizados en primera línea en el tratamiento en humanos y animales. Además, se identificó el plásmido pSEN de

59.350 kb característico de esta especie. Por último, con el servidor PHASTER se identificaron 2 secuencias profagos intactos, incluyendo Gifsy\_2 y Salmon\_118970\_sal3. Por lo tanto, se logró la caracterización e identificación de los factores de virulencia y resistencia dentro del genoma de *S. Enteritidis* cepa SMVET14 con potencial de generar brotes epidémicos.

**Palabras clave:** *Salmonella enterica* serotipo Enteritidis, genómica, factores de virulencia, resistencia a antibióticos, granja avícola de Lima-Perú.