

Universidad Autónoma de Querétaro
Facultad de Medicina
Maestría en Ciencias en Biomedicina

**Determinación de la presencia de bacterias zoonóticas de
interés clínico y el perfil de resistencia antimicrobiana en
muestras gastrointestinales de tortugas domésticas**

Tesis

Que como parte de los requisitos para obtener el grado de
Maestro en Ciencias en Biomedicina

Presenta

Biol. Kevin Alejandro Márquez Matla

Dirigido por:

Dra. Rosa Martha Pérez Serrano

Querétaro, Qro. A 17 de Julio del 2025



Universidad Autónoma de Querétaro
Facultad de Medicina

La presente obra está bajo la licencia:
<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/deed.es>



CC BY-NC-ND 4.0 DEED

Atribución-NoComercial-SinDerivadas 4.0 Internacional

Usted es libre de:

Compartir — copiar y redistribuir el material en cualquier medio o formato

La licenciante no puede revocar estas libertades en tanto usted siga los términos de la licencia

Bajo los siguientes términos:



Atribución — Usted debe dar [crédito de manera adecuada](#), brindar un enlace a la licencia, e [indicar si se han realizado cambios](#). Puede hacerlo en cualquier forma razonable, pero no de forma tal que sugiera que usted o su uso tienen el apoyo de la licenciante.



NoComercial — Usted no puede hacer uso del material con [propósitos comerciales](#).



SinDerivadas — Si [remezcla, transforma o crea a partir](#) del material, no podrá distribuir el material modificado.

No hay restricciones adicionales — No puede aplicar términos legales ni [medidas tecnológicas](#) que restrinjan legalmente a otras a hacer cualquier uso permitido por la licencia.

Avisos:

No tiene que cumplir con la licencia para elementos del material en el dominio público o cuando su uso esté permitido por una [excepción o limitación](#) aplicable.

No se dan garantías. La licencia podría no darle todos los permisos que necesita para el uso que tenga previsto. Por ejemplo, otros derechos como [publicidad, privacidad, o derechos morales](#) pueden limitar la forma en que utilice el material.

Maestría en Ciencias en Biomedicina

Determinación de la presencia de bacterias zoonóticas de interés clínico y el perfil de resistencia antimicrobiana en muestras gastrointestinales de tortugas domésticas

Tesis

Que como parte de los requisitos para obtener el grado de
Maestro en Ciencias en Biomedicina

Presenta

Biol. Kevin Alejandro Márquez Matla

Dirigido por:

Dra. Rosa Martha Pérez Serrano

Dra. Rosa Martha Pérez Serrano
Presidenta

Dra. Rubén Abraham Domínguez Pérez
Secretario

Dra. María Daniela Frade Pérez
Vocal

Dra. María Ofelia Mora Izaguirre
Suplente

Dr. Juan Carlos Solís Sáinz
Suplente

Centro Universitario, Querétaro, Qro.

RESUMEN

Las tortugas como mascotas constituyen una interfaz clave entre la salud humana, animal y ambiental. Aunque percibidas como de bajo riesgo, pueden portar bacterias zoonóticas y liberar microorganismos potencialmente patógenos en el agua, lo que genera una exposición directa e indirecta al manipularlas o al limpiar sus hábitats. Desde la perspectiva de One Health, la presencia de bacterias y genes de resistencia en tortugas y en su agua debe analizarse como parte de un sistema que involucra al animal, el ambiente, la higiene y las conductas humanas. El estudio buscó detectar bacterias potencialmente zoonóticas de interés clínico y genes de resistencia antimicrobiana en muestras de tortugas *Trachemys scripta scripta* y en el agua en la que viven como mascotas, así como en acuarios e instituciones públicas de resguardo. Se realizó un estudio observacional, transversal, descriptivo, analítico y prospectivo en 30 hogares con tortugas domésticas, así como en muestras de dos instituciones públicas y de acuarios. La detección bacteriana y de genes de resistencia se realizó mediante PCR. En hogares, se recopilaban datos sociodemográficos, historia clínica básica, prácticas de manejo e higiene. Se usaron modelos GEE y pruebas pareadas para analizar diferencias y asociaciones. En los hogares, la presencia de bacterias fue mayor en el agua que en las muestras de las tortugas, aunque no se observaron diferencias significativas. *Salmonella spp.* fue más frecuente en el agua. Los genes de resistencia antimicrobiana aumentaron en ambas muestras, con una mayor carga en el agua, destacando *ermC*. Los resultados de los modelos registraron una mayor carga de genes en agua y que la limpieza frecuente reduce la carga bacteriana y la presencia de genes de resistencia. Estos resultados indican que las tortugas y su agua actúan como reservorios de bacterias zoonóticas y de genes de resistencia. La evidencia subraya la importancia de la educación en tenencia responsable, limpieza del hábitat, disposición segura del agua, higiene y separación entre el área de manejo y la de preparación de alimentos. Desde la perspectiva de One Health, vigilar estos ambientes puede reducir los riesgos zoonóticos y limitar la diseminación ambiental de la resistencia antimicrobiana.

Palabras clave: Tortugas domésticas; zoonosis; *Salmonella spp.*; resistencia antimicrobiana; genes de resistencia antimicrobiana; One Health.

ABSTRACT

Turtles kept as pets represent a key interface between human, animal, and environmental health. Although perceived as low-risk, they can carry zoonotic bacteria and release potentially pathogenic microorganisms into the water, leading to direct and indirect exposure when handling them or cleaning their habitats. From a One Health perspective, the presence of bacteria and resistance genes in turtles and their water should be analyzed as part of a system involving the animal, the environment, hygiene, and human behavior. This study aimed to detect potentially zoonotic bacteria of clinical interest and antimicrobial resistance genes in samples from *Trachemys scripta scripta* turtles and the water in which they live as pets, as well as in aquariums and public sanctuaries. An observational, cross-sectional, descriptive, analytical, and prospective study was conducted in 30 households with pet turtles, along with samples from two public institutions and aquariums. Bacterial and resistance gene detection was performed using PCR. In households, sociodemographic data, basic medical history, and information on management and hygiene practices were collected. GEE models and paired tests were used to analyze differences and associations. In households, the presence of bacteria was higher in the water than in the turtle samples, although no significant differences were observed. *Salmonella* spp. was more frequent in the water. Antimicrobial resistance genes were elevated in both samples, with a higher load in the water, particularly *ermC*. The model results showed a higher gene load in the water and that frequent cleaning reduces the bacterial load and the presence of resistance genes. These results indicate that turtles and their water act as reservoirs of zoonotic bacteria and resistance genes. The evidence underscores the importance of education on responsible ownership, habitat cleanliness, safe water disposal, hygiene, and separation between the handling area and the food preparation area. From a One Health perspective, monitoring these environments can reduce zoonotic risks and limit the environmental spread of antimicrobial resistance.

Keywords: Domestic turtles; zoonosis: *Salmonella* spp.; antimicrobial resistance: antimicrobial resistance genes: One Health.

DEDICATORIA

A mi madre, por cuidarme en cada paso de mi vida, por cada sacrificio silencioso y por enseñarme, con su ejemplo, que el amor incondicional existe.

A mi padre, porque a su manera, pudo apoyarme en este reto y sembró en mí la idea de que las metas se pueden cumplir con mucho esfuerzo y determinación.

A Moni, mi prometida, el amor y luz de mi vida, que creyó siempre en mí. Tu amor, tu paciencia y tu fe me han sostenido, eres y serás siempre mi mayor motivo para seguir creciendo. Nuestro futuro será inefable, PPS.

Y a Dios, por guiarme, protegerme y darme la fuerza necesaria para alcanzar esta meta.

A todos ustedes, mi más profunda gratitud. Este logro también es suyo.

AGRADECIMIENTOS

Al Consejo Nacional de Humanidades Ciencia y Tecnología por la beca otorgada para realizar mis estudios de maestría.

Al Laboratorio de Genética y Biología Molecular de la Facultad de Medicina de la Universidad Autónoma de Querétaro por brindarme las instalaciones y el material para llevar a cabo los experimentos realizados en este trabajo

A la Maestría en Ciencias en Biomedicina de la Universidad Autónoma de Querétaro, por haberme permitido formar parte de la generación, en beneficio de mi formación académica y profesional.

A mi directora de tesis, la Dra. Rosa Martha Pérez Serrano por haberme aceptado en su laboratorio, por la dirección de esta tesis, por su disposición, y paciencia incondicional durante la realización de este proyecto; así como por sus consejos, su apoyo y confianza.

A los doctores que me guiaron con su asesoría, la Dra. María Daniela Frade Pérez y el Dr. Rubén Abraham Domínguez Pérez por su tiempo y dedicación en la revisión de esta tesis, aportado valiosos comentarios que ayudaron a mejorar este proyecto.

A mis amigos que me dejó esta maestría, la Radióloga Samanta Herrada y el fisioterapeuta Eduardo Anaya, por su amistad, pláticas, risas y apoyo que me brindaron a lo largo de estos dos años.

A la familia Cywiak Sastré, sin su apoyo, esta meta hubiera sido mucho más difícil, mi más grande agradecimiento.

ÍNDICE

RESUMEN	i
ABSTRACT	ii
DEDICATORIA	iii
AGRADECIMIENTOS	iv
ÍNDICE DE FIGURAS	vi
ÍNDICE DE TABLAS	vii
ABREVIATURAS Y SIGLAS	ix
INTRODUCCIÓN	1
ANTECEDENTES	3
Una Salud (One Health)	3
Zoonosis	6
Relación Humano-Mascota	8
Animales domésticos en los hogares	9
Tortugas	10
Bacterias	11
Principales Bacterias Zoonóticas Causantes de Enfermedades	15
Diarreicas	
Resistencia Antimicrobiana	21
Genes de resistencia antimicrobiana	22
JUSTIFICACIÓN	30
HIPÓTESIS	31
OBJETIVO GENERAL	31
OBJETIVOS ESPECÍFICOS	31
MATERIALES Y MÉTODOS	32
Tipo de estudio	32
Definición del universo	32
Tamaño de la muestra	32
Criterios de Selección	32
Definición de variables y de unidades de medida	33
Procesamiento del estudio	38
Análisis estadístico	44
RESULTADOS	47
DISCUSIÓN	60
CONCLUSIÓN	64
BIBLIOGRAFÍA	65

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Morfología de las bacterias	12
Figura 2. Diferencia colorimétrica por tinción de Gram en bacterias Gram-negativas y Gram-positivas	13
Figura 3 Fases del crecimiento bacteriano	14
Figura 4 Imagen ilustrativa de la morfología de la bacteria <i>Salmonella spp</i>	17
Figura 5 Imagen ilustrativa de la morfología de la bacteria <i>Campylobacter spp</i>	18
Figura 6 Imagen ilustrativa de la morfología de la bacteria <i>Enterococcus spp</i>	19
Figura 7 Imagen ilustrativa de la morfología de la bacteria <i>E. coli</i>	20
Figura 8 Imagen ilustrativa de la morfología de la bacteria <i>Yersinia spp</i>	21
Figura 9 Mecanismo de creación de enzimas	27
Figura 10 Mecanismo de mutación en el sitio diana	27
Figura 11 Mecanismo de permeabilidad de membrana	28
Figura 12 Mecanismo de bombas de eflujo	29
Figura 13 Metodología general realizada	43

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Genes de resistencia y sus mecanismos de resistencia	23
Tabla 2. Definición de Variables y de Unidades de Medida	34
Tabla 3. Condiciones de un oligonucleótido óptimo	40
Tabla 4. Condiciones estandarizadas para realizar PCR	41
Tabla 5. Oligonucleótidos diseñados para genes de resistencia	41
Tabla 6. Oligonucleótidos diseñados para bacterias de interés	42
Tabla 7. Características sociodemográficas y de salud de los participantes y de los hogares (n = 30).	48
Tabla 8. Prácticas de limpieza del hábitat, manejo del agua e higiene en los hogares con tortugas (n = 30).	49
Tabla 9. Frecuencia de bacterias detectadas en muestras de agua y de tortugas de acuarios y de instituciones públicas.	51
Tabla 10. Frecuencia de ARGs detectadas en muestras de agua y de tortugas de acuarios e instituciones públicas	53
Tabla 11. Comparación descriptiva no ajustada de la detección bacteriana y de los ARGs entre muestras de agua y de tortuga.	53
Tabla 12. Comparación de la detección bacteriana y ARGs entre muestras de agua y tortuga	55
Tabla 13. Comparación de la detección bacteriana y ARGs entre muestras de agua y tortuga	56
Tabla 14. Comparación pareada del número de bacterias y ARGs detectados entre muestras de agua y tortuga	57
Tabla 15. Modelos GEE de Poisson para el número de bacterias y de ARGs detectados según el tipo de muestra y las prácticas de higiene del hábitat en los hogares.	59

ABREVIATURAS Y SIGLAS

ADN: Ácido desoxirribonucleico
ARG: Genes de resistencia Antimicrobiana
ARN: Ácido ribonucleico
CDC: Centro para control y prevención de enfermedades
°C: Grados centígrados
cm: Centímetros
CO₂: Dióxido de Carbono
EDTA: Ácido Etilendiaminotetraacético
E.U.: Estados Unidos de América
FAO: Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura
GC: Grupo Control
GE: Grupo Expuesto
GENBIOM: Laboratorio de Genética y Biología Molecular
Kg: Kilogramo
Mm: Milímetro
µm: Micrómetro
µl: Microlitro
NIH: National Institute of Health
Ng: nanogramo
OMS: Organización Mundial de la Salud
OMSA: Organización Mundial de Salud Animal
Pb: Pares de bases
PH: Potencial de Hidrógeno
PBS: Buffer de fosfatos
PROFEPA: Procuraduría Federal de Protección al Ambiente
RAM: Resistencia a los Antimicrobianos
Rpm: Revoluciones por minuto
SARS COV-2: Virus de la enfermedad Covid-19
TAE: Tris-acetato
UAQ: Universidad Autónoma de Querétaro

I. INTRODUCCIÓN

La Organización Mundial de la Salud (OMS) define las zoonosis como cualquier infección transmisible de forma natural de los animales vertebrados o invertebrados al hombre, ya sea por bacterias, virus, parásitos u hongos (Haider *et al.*, 2020). La transmisión zoonótica puede producirse por contacto directo o indirecto con animales y sus entornos. Es esencial mantener un monitoreo constante de estas enfermedades, ya que actualmente más del 75% de las enfermedades emergentes tienen origen zoonótico (Hernández *et al.*, 2021). Ejemplos comunes de estas infecciones zoonóticas son: la gripe aviar, la rabia, el ébola y la salmonelosis, por mencionar algunas (Dodson, 2023).

Factores como la deforestación y la pérdida de biodiversidad, que provocan cambios ambientales, aumentan la exposición y el contacto con animales silvestres, lo que contribuye a la aparición de enfermedades zoonóticas. Los cambios climáticos y eventos como sequías e inundaciones facilitan la diseminación de vectores y patógenos zoonóticos, y la movilidad global, los viajes internacionales y el comercio favorecen la dispersión de distintas enfermedades (Esposito *et al.*, 2023)

Los humanos han estado en estrecho contacto con los animales desde la prehistoria, una relación que se ha intensificado con el proceso de domesticación. Esta proximidad, que persiste hasta nuestros días, incrementa la susceptibilidad a la transmisión de enfermedades zoonóticas. Entre estas enfermedades, destacan algunas causadas por bacterias, que pueden desarrollar un fenómeno conocido como “Resistencia a los Antimicrobianos” (RAM) (Antimicrobial resistance, AMR por sus siglas en inglés), un desafío significativo para la salud pública global. La resistencia a los antibióticos ocurre cuando las bacterias adquieren la capacidad de evadir los mecanismos de acción de los antibióticos. Las infecciones causadas por patógenos resistentes a estos fármacos suelen ser más difíciles de tratar y conllevan un aumento

notable de la morbilidad y la mortalidad (Christaki *et al.*, 2020). Esta capacidad está asociada a la presencia de “genes de resistencia” (Antibiotic Resistance Genes, ARGs por sus siglas en inglés); estos genes se comparten mediante plásmidos o por transferencia horizontal (Pereira *et al.*, 2024). Se ha informado sobre la presencia y el rápido crecimiento de la RAM a nivel mundial, así como sobre el aumento de su difusión de un país a otro. Las bacterias multirresistentes y las superbacterias resistentes a múltiples fármacos son comunes en muchas regiones del mundo (Salam *et al.*, 2023).

Los animales exóticos, como los reptiles domésticos, específicamente la especie *Trachemys scripta scripta* (tortugas de orejas rojas), han aumentado su popularidad como mascotas en hogares de todo el mundo (Carpio, 2021). Sin embargo, su potencial como portadoras de microorganismos patógenos, incluidas bacterias resistentes a antimicrobianos, plantea preocupaciones significativas para la salud pública. El manejo inadecuado de las tortugas como mascotas, la falta de higiene y la exposición directa o indirecta a sus heces pueden facilitar la transmisión de estas bacterias a los humanos. Las infecciones pueden manifestarse, en la mayoría de los casos, como gastroenteritis y, en casos graves, como septicemia. Por ello, se recomienda respetar las medidas de higiene y de medicina preventiva para una correcta manipulación, especialmente en niños y personas vulnerables (Thomas *et al.*, 2020). Estas estrategias forman parte de las directrices de “Una sola salud” (One Health). Este concepto global se basa en un enfoque multidisciplinario que reconoce que la salud pública abarca la salud humana, animal y el medio ambiente. También incluye áreas clave como la detección, el tratamiento y la prevención de enfermedades zoonóticas, así como su monitoreo y seguimiento continuos. (Mackenzie *et al.*, 2019).

A pesar del creciente interés en adquirir las tortugas como mascotas, existe una falta de información y, en especial, de comprensión sobre la carga microbiológica y el perfil de resistencia antimicrobiana que estos animales portan en su microbiota. Por lo tanto, es importante investigar y determinar la

presencia de microorganismos en estas tortugas, con énfasis en aquellas que viven en hogares como animales de compañía, así como su posible transmisión a los seres humanos, para comprender mejor la amenaza potencial que representan estas mascotas exóticas para la transmisión de enfermedades zoonóticas.

II. ANTECEDENTES.

II.1 Una Salud (One Health)

One Health es una estrategia para estudiar, identificar, monitorear y dar seguimiento a enfermedades infecciosas que afectan la salud humana, animal y ambiental, las cuales están estrechamente integradas entre sí (Pitt, 2024). Un cirujano veterinario estadounidense llamado Calvin Schwabe, a mediados del siglo pasado, comparó los enfoques de salud de los humanos y los animales y propuso el concepto de “Una Medicina” (Pitt, 2024). A partir de este siglo, este concepto e idea se fueron desarrollando hasta abarcar la salud del ecosistema en general (The Manhattan Principles, 2005). El brote de SARS-CoV-1 entre 2002 y 2004 puso de manifiesto claramente los peligros que la zoonosis puede representar para los humanos (Mackenzie, 2019). La estrategia One Health se creó en esa misma época. Consiste en una estrategia coordinada por profesionales de diferentes campos especializados en mantener y promover la salud y el bienestar; incluyendo médicos, veterinarios, ingenieros ambientales, expertos en salud pública, profesionales en vida silvestre y otros especialistas de diversas áreas (Overgauww, 2020). Se trata de una concepción que se ha estudiado e implementado como un programa de cooperación en el que participan tanto la sociedad como los gobiernos de diferentes países, destinado a englobar, anticipar y abordar los riesgos que amenazan el equilibrio de la salud mundial (Organización Mundial de Sanidad Animal, OMSA, 2018).

El éxito de esta iniciativa depende de la colaboración entre gobiernos, investigadores y comunidades en todos los niveles, desde el local hasta el global, para afrontar desafíos mundiales como la RAM y las enfermedades zoonóticas. Esto destaca la importancia de un compromiso colectivo y

sostenible para proteger la salud global. La OMS, la FAO y la OMSA trabajan en estrategias relacionadas con One Health.

La reciente pandemia, iniciada en 2019 y causada por el SARS-CoV-2, causante de la enfermedad COVID-19, ocasionó una crisis de salud humana, descrita como una zoonosis emergente que puso en evidencia los riesgos sanitarios y las escasas medidas de monitoreo, seguimiento y atención de estas infecciones. De igual manera este concepto (One Health) es utilizado con frecuencia en la organización de los esfuerzos cooperativos de previsión, organización y solución a las enfermedades zoonóticas, estas infecciones son transmitidas de animales a los humanos y la monitorización de estas resulta esencial para el control de ellas. Además, aspectos como la resistencia antimicrobiana, la inocuidad de los alimentos, el cambio climático y la vulnerabilidad de los sistemas de salud deben considerarse desde un enfoque que integre múltiples sectores y disciplinas, asegurando así la aplicación del concepto One Health (OMSA, 2018).

Al mismo tiempo, diferentes acciones como el mal uso de los suelos, prácticas agrícolas insostenibles, el tráfico de animales silvestre y situaciones que van evolucionando como el cambio climático y la globalización están generando más facilidades para que las bacterias patógenas evolucionen, lo que genera una cadena en reacción manifestándose en el aumento en la frecuencia y la fuerza de las epidemias y/o pandemias de infecciones que conlleven microorganismos que sean contagiados de animales a humanos (OMS, 2018). Es fundamental destacar que este riesgo no se limita a la salud humana; aunque la mayoría de los estudios y evaluaciones se enfocan en la transmisión de microorganismos patógenos desde los animales hacia los seres humanos, también puede ocurrir de manera inversa, es decir, la transmisión de agentes infecciosos desde los seres humanos hacia los animales. Esta vía de transmisión llamada antroponosis, puede tener repercusiones importantes en la salud de diferentes especies animales (WOAH, 2017). Algunos ejemplos de estas zoonosis que llegan a considerarse de interés en la salud pública es la

tuberculosis y la influenza, estas enfermedades son tan peligrosas para animales silvestres que pueden infectar o incluso matar a diferentes especies de primates como los gorilas y los chimpancés, pueden infectarse o incluso perecer debido a padecimientos comúnmente conocidos como humanas que como su composición genética es muy cercana a la de nosotros, son particularmente susceptibles a estas (WOAH, 2017). Por estas razones, estas especies requieren atención especial por parte de veterinarios, autoridades de vida silvestre e investigadores.

Es crucial que las áreas dedicadas a la salud y al bienestar animal, humano y medioambiental trabajen en conjunto. La Organización Mundial de Sanidad Animal (por sus siglas en inglés, WOAH) se encarga, como organización experta en salud y bienestar animal, de educar a estas colaboraciones multisectoriales y, por medio de estas colaboraciones, se crean estrategias globales para contrarrestar las principales enfermedades y amenazas sanitarias que pueden generar un gran impacto, como, por ejemplo, la RAM.

Los seres humanos tienen un número cada vez mayor de mascotas exóticas, entre las que se encuentran arácnidos como las tarántulas, mamíferos como los monos o los cerdos y reptiles como las serpientes o las tortugas. En Estados Unidos, la tenencia de reptiles como mascotas es una práctica ampliamente extendida. De acuerdo con la *National Pet Owners Survey 2019–2020* de la American Pet Products Association, aproximadamente 4.5 millones de hogares estadounidenses tenían reptiles como mascotas. Estos animales incluyen especies como tortugas, lagartos y serpientes, mientras que los cocodrilianos representan una proporción menor dentro del comercio de reptiles (APPA, 2020; Valdez 2021). El Centro para Control y Prevención de Enfermedades (CDC) de Estados Unidos, preocupado por infecciones como por ejemplo las causadas por la bacteria *Salmonella* asociada con reptiles, informó que en años recientes los casos de esta infección en humanos han crecido debido a que cada vez existen más reptiles como mascotas (APPA, 2020; Valdez 2021). La evidencia científica presentada en este informe

confirma que las salmonelosis que ha sido relacionada con reptiles son una amenaza a la salud de las personas (APPA, 2020; Valdez 2021). La mayoría de los reptiles y anfibios, como las tortugas, lagartos y ranas, portan la bacteria *Salmonella* en el intestino, en la mayoría de los casos sin signos clínicos de infección al formar parte de su microbiota. El contagio de las cepas virulentas de esta bacteria puede causar síntomas de enfermedad, como diarrea y fiebre, en humanos (Marín, 2016). La transmisión zoonótica de infecciones por *Salmonella* causa aproximadamente el 11% de las salmonelosis anualmente en los Estados Unidos, en los casos que involucran tortugas domésticas, casi la mitad (45%) de las infecciones ocurrieron en niños menores de 5 años (Gambino-Shirley, 2018). Es de vital importancia que se impulse el enfoque One Health para que todas las personas que no son conscientes del tema reconozcan que la salud animal, la humana y la ambiental están directamente relacionadas entre sí.

II.II Zoonosis

La OMS define las zoonosis como cualquier infección transmisible de forma natural de los animales vertebrados o invertebrados al hombre (Haider, 2020). La transmisión zoonótica puede ocurrir mediante contacto directo con los animales o contacto con sus entornos como por ejemplo el consumo de agua o alimentos que se encuentran contaminados por material de desecho de los animales; así a través de la transmisión por una especie intermediaria como un vector. Aunque los patógenos zoonóticos requieren una alineación de factores ambientales, patogénicos y del huésped para superar las barreras de transmisión de animales a humanos, son capaces de adaptarse para causar infecciones en humanos (Zhang, 2024).

La zoonosis representa un desafío de gran complejidad para diversas disciplinas, como la microbiología, la epidemiología, la veterinaria y la medicina, entre otras. Asimismo, estas infecciones no solo generan importantes desafíos para los sistemas de salud pública, sino que también impactan significativamente en los sistemas económicos y sociales de los países

(Skowron *et al.*, 2023). La gravedad e impacto de las enfermedades zoonóticas dependen de muchos factores, entre los que se encuentran los ambientales, económicos y sociales; por ejemplo, el clima, la ubicación geográfica, la densidad de población y las condiciones de salud que pueden existir en zonas rurales o urbanas, ya que las enfermedades zoonóticas afectan a todos los grupos sociales y económicos (Skowron *et al.*, 2023). Asimismo, es imperativo describir el fenómeno conocido como “desbordamiento” o “salto evolutivo”, que se refiere a la transmisión de un patógeno de un huésped animal natural a un huésped nuevo que conduce a la infección; esto puede ocurrir por casualidad, exposición nueva, exposición repetida o un cambio genómico clave que permita al patógeno infectar al nuevo huésped (Plowright, 2017). La infección en el nuevo huésped puede conducir a un cambio sin repercusiones graves o a una propagación a través de ciclos epidemiológicos. El desbordamiento es un evento fortuito más que una parte normal de los ciclos de infección del organismo. En la terminología popular, el desbordamiento entre especies se define como el salto de patógenos de los animales a los humanos (Plowright, 2017).

Existen datos alarmantes sobre este tema que subrayan la importancia de la monitorización de estos casos zoonóticos. Un dato que nos indica la creciente amenaza que implican las enfermedades zoonóticas es que en el año 2009 el 49% de las enfermedades nuevas que causan repercusiones en la salud humana provenían de los animales, este número ha ido escalando tanto que para el año 2019 se contaban ya 1415 patógenos emergentes de los cuales el 61% fueron zoonóticos: hoy en día el porcentaje subió un 25% ya que se calcula que hasta el 75% de los padecimientos emergentes son de origen zoonótico (Hernández, 2021) Ejemplos destacados de bacterias que causan enfermedades zoonóticas incluyen *Salmonella typhi*, *Campylobacter spp*, *Yersinia spp*, *Enterococcus*.

II.III Relación Humano-Mascota

A lo largo del tiempo, la relación entre los seres humanos y las mascotas ha

evolucionado significativamente. Inicialmente, sus interacciones se centraban en aprovechar los servicios que estos ofrecían, como animales de carga, apoyo en la caza o protección del hogar. Sin embargo, en años recientes esta relación ha cambiado y la sociedad ha valorado cada vez más a los animales de compañía por sus funciones sociales como brindar compañerismo y apoyo emocional. Existen reportes sobre los efectos en la salud física y mental de sus dueños. Sin embargo, es importante resaltar que los animales, en condiciones deficientes de higiene y de medicina preventiva, pueden ser un foco de transmisión de zoonosis (Overgauww, 2020).

Una mascota o animal de compañía es un animal que vive dentro o alrededor de la casa, que es alimentado y cuidado por humanos (McNicolas, 2005). Debido a los importantes cambios que se han producido en la sociedad desde la Segunda Guerra Mundial, como el aumento del tiempo libre y de la prosperidad, así como la individualización de las personas, hoy en día los animales se tienen como mascotas y muchos propietarios los consideran miembros valiosos de la familia (McNicolas, 2005).

Tener una mascota aporta numerosos beneficios, como compañía, valor emocional y la promoción de la socialización. Además, reducen el estrés, fomentan la actividad física y brindan un propósito de vida. En este sentido, los animales de compañía contribuyen significativamente a la salud pública y, mediante intervenciones asistidas, tienen un impacto positivo en la salud individual (Turner, 2015). Las especies de animales consideradas mascotas son muy variadas: desde peces, reptiles y aves hasta mamíferos. Aunque con algunas mascotas, como las tortugas, la relación suele ser más distante y unidireccional, con otras, como los perros y los gatos, se establece una conexión más cercana que implica compañía, contacto físico y bienestar (Díaz, 2020).

La convivencia con mascotas aporta diversos beneficios. Sin embargo, en condiciones carentes de medidas sanitarias y preventivas, existen numerosos

factores de riesgo que pueden incrementar la transmisión de enfermedades zoonóticas (Westgarth, 2008). El mecanismo de transmisión más frecuente es el contacto directo al morder, lamer, rascar, estornudar, toser y/o al manipular mascotas o sus fluidos o secreciones corporales. Adicional a ello, existe la transmisión mediante diferentes medios, excluyendo el contacto directo, como, por ejemplo, a través de ropa de cama contaminada, comida, agua o vectores. (Westgarth, 2008).

Es importante destacar que no todos los individuos desarrollarán síntomas tras contraer un microorganismo zoonótico. La presentación y evolución de la enfermedad son el resultado de diversos factores, como la especie de la mascota causante, el tipo de alojamiento, el grado de contacto y la cantidad de contaminación, así como el nivel de virulencia y patogenicidad del microorganismo, pero especialmente del grado de inmunidad del receptor. Para evaluar el riesgo de transmisión de zoonosis desde las mascotas, es importante analizar la naturaleza y la frecuencia de los contactos entre estas y sus dueños. Es ampliamente conocido que los niños pequeños, los ancianos, los pacientes con inmunidad deteriorada y las mujeres embarazadas tienen un riesgo superior al promedio de presentar complicaciones al contraer una infección. Además, puede evolucionar a un cuadro agravado, con la aparición posterior de cuadros crónicos y delicados (Stull, 2015).

II.IV Animales domésticos en los hogares.

Desde tiempos antiguos, las mascotas han sido una parte importante de la vida humana, con perros, gatos, aves y peces siendo algunas de las opciones más populares en los hogares. Sin embargo, en los últimos años se ha detectado un notable cambio en las preferencias de las mascotas, con un aumento significativo en la adquisición de reptiles, en particular de tortugas de la especie *Trachemys scripta scripta*, como compañeros domésticos. Esta tendencia emergente ha llevado a un número creciente de hogares que incluyen tortugas como miembros de su familia, lo que plantea nuevas interrogantes sobre la

salud y la seguridad tanto de estas especies como de sus dueños humanos (Calvo, 2017).

En México, el gusto por poseer animales exóticos como mascotas ha ido creciendo en popularidad estos últimos años, lo que hace importante entender sus implicaciones ambientales, sociales y de salud pública (Carpio, 2021). En un estudio realizado por Carpio y colaboradores en el 2021, se identificaron al menos 26 enfermedades de origen zoonótico; estas enfermedades se originaron en las especies confiscadas por la Procuraduría Federal de Protección al Ambiente (PROFEPA). De estas enfermedades, 7 son causadas por parásitos, 10 por bacterias, 7 por virus y 2 por hongos. De ellas, siete se reportaron en México: leptospirosis, salmonelosis, dermatofitosis, nematodiasis, toxoplasmosis, toxocariasis e influenza H7N3.

II.V Tortugas

Los quelonios, comúnmente conocidos como tortugas, son reptiles pertenecientes al orden de los testudíneos. Estos animales presentan características únicas, como un cráneo sólido sin anápsidos; además, ninguna especie puede encontrarse tanto en el Polo Norte como en el Sur. Su tamaño es muy variable, ya que algunas especies pueden llegar a ser pequeñas, de unos 11.5 cm, mientras que otras, como la tortuga laúd crecen hasta un tamaño considerable, como de 180 cm de longitud con un peso de 590 kg aproximadamente. Estos animales prácticamente tienen las mismas características desde que habitan la Tierra, hace aproximadamente 200 millones de años, por esto, se reporta que son el grupo de reptiles más antiguo. Sin embargo, la característica más conocida y visible de todos es su concha sólida, dividida en partes dorsal y ventral. Este caparazón está formado por 50 huesos unidos entre sí (González, 2017).

El Centro para el Control y la Prevención de Enfermedades (CDC) advirtió en 2020 que las tortugas que viven como mascotas, aunque a simple vista puedan

parecer sanas y limpias, pueden albergar bacterias como la *Salmonella*. Esta bacteria se ha detectado en sus excrementos, en su cuerpo e incluso en su hábitat. Las personas pueden enfermarse si agarran a las tortugas o cualquier objeto que se encuentre en su hábitat y, posteriormente, sin medidas de higiene previas, se tocan la cara o la boca (CDC, 2020).

La CDC reportó en 2020 que varios estados de los Estados Unidos de América (EUA) registraron un brote de *Salmonella typhimurium*. Asimismo, en abril de 2021, la CDC investigó otro brote de infecciones, pero esta vez causado por la bacteria *Salmonella poona*. Los datos recolectados por epidemiólogos mostraron que los brotes se iniciaron debido al contacto de las personas con tortugas pequeñas o a que eran dueñas de estas. (CDC, 2021).

En un estudio en Tuxpan, Veracruz, se analizaron hembras de tortugas y se encontraron 14 bacterias: 10 Gram-negativas y 4 Gram-positivas, incluyendo especies como *Aeromonas hydrophila*, *E. coli*, *Salmonella* y *Vibrio alginolyticus* (Serrano, 2012).

II.VI Bacterias

El National Human Genome Research Institute (NIH) define a las bacterias como organismos unicelulares del reino procariota; estas se encuentran prácticamente en todos los ecosistemas del planeta Tierra y son de vital importancia para todos los hábitats del planeta. Pueden sobrevivir a condiciones de temperatura y presión muy extremas. El cuerpo humano coexiste con una amplia variedad de bacterias; de estas, la mayoría no causan daño alguno al organismo e incluso algunas llegan a brindar beneficios. Solo una pequeña proporción de especies bacterianas es responsable de causar enfermedades (NIH, 2020).

Las bacterias son microorganismos que presentan ADN circular bicatenario, es decir, de doble cadena, y poseen pared celular. La mayoría de las bacterias suelen vivir fuera de las células; de igual manera, la mayoría se desarrollan y

se multiplican principalmente dentro de ellas. (Werth *et al.* 2022)

Las bacterias pueden clasificarse según su forma, el color que adquieren al tñirlas mediante ciertos procedimientos de laboratorio, su morfología y su necesidad de oxígeno (Werth *et al.*, 2022).

- ✧ Por su morfología, pueden distinguirse diferentes formas: cilíndricas (bacilos), esféricas (cocos) y espiruladas (espiroquetas) (Figura 1).

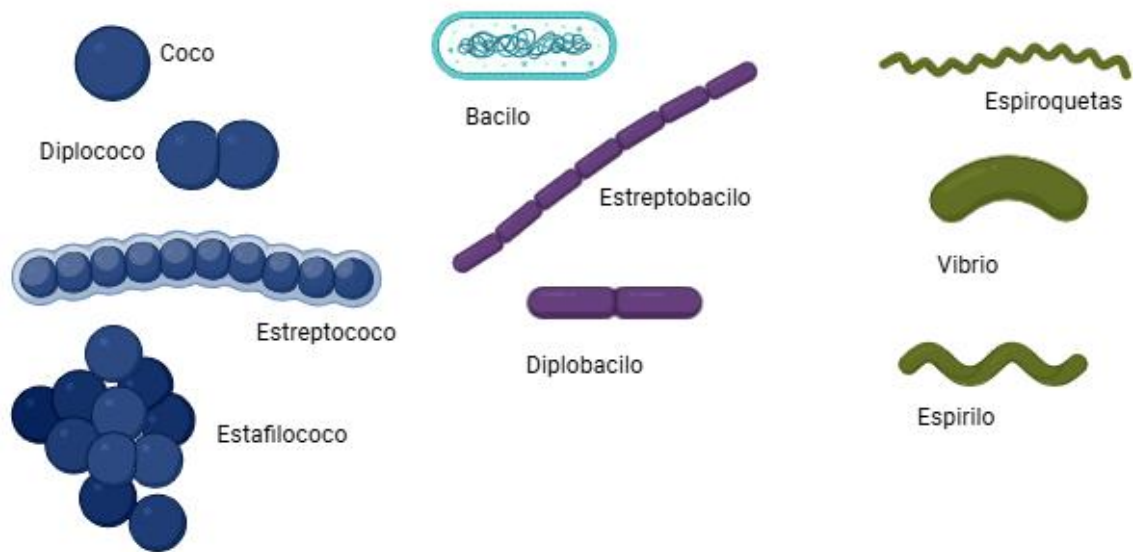


Figura 1. Morfología de las bacterias. Representación de las principales morfologías bacterianas. Figura elaborada por el autor con Biorender (2025).

- ✧ Por tinción de Gram: técnica comúnmente utilizada para identificar bacterias. La tinción permite la clasificación en dos categorías: las conocidas como bacterias Gran-positivas, que retienen el colorante cristal violeta, y esto hace que se vuelvan de un color azul oscuro. Esto después de pasar por un proceso de fijación con yodo, decoloración con alcohol y contratinción con safranina. Su contraparte son las bacterias gramnegativas, estas no retienen el cristal violeta y se observan de color rojo tras el proceso (Rodríguez, 2018) (Figura 2).

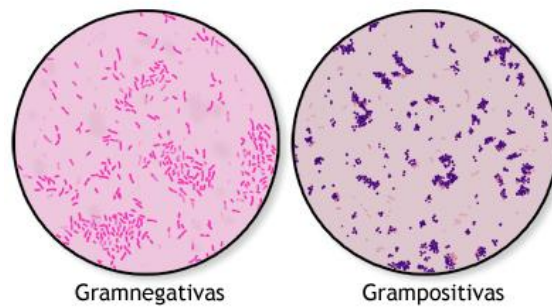


Figura 2. Diferencia colorimétrica por tinción de Gram en bacterias Gram-negativas y Gram-positivas. Ilustración recuperada de Rodríguez *et al.*, 2018.

- ✧ Por encapsulación: Algunas bacterias tienen una cápsula que las rodea y, en ciertos casos, esta cápsula ayuda a protegerlas de la fagocitosis por parte de las células fagocíticas del sistema inmunológico. La presencia de una cápsula puede aumentar la capacidad de las bacterias para causar enfermedades.
- ✧ Por requerimiento de oxígeno: Las bacterias aerobias necesitan oxígeno para realizar algunas de sus funciones principales que las mantienen con vida, como producir energía y reproducirse. Estas, como su nombre indica, obtienen su energía mediante la respiración celular aeróbica. Las bacterias anaerobias no requieren oxígeno y, por lo tanto, pueden crecer en ausencia de oxígeno. Producen su energía mediante algún proceso químico, como la fermentación, o mediante la respiración anaerobia. Estas bacterias pueden encontrarse en distintas partes del cuerpo, como el tubo digestivo, la vagina, las grietas de los dientes e incluso en heridas (Alcalá *et al.*, 2004).

Existe otro tipo de bacterias llamadas bacterias facultativas; estas tienen la capacidad de crecer con o sin oxígeno. Si están en un ambiente sin oxígeno, producen energía mediante fermentación o respiración anaeróbica; si se encuentran en un ambiente rico en oxígeno, utilizan respiración celular aeróbica (Alcalá *et al.*, 2004). Las bacterias se reproducen mediante un proceso conocido como fisión binaria. En este proceso, la bacteria aumenta de

tamaño y luego se divide en 2 bacterias hijas idénticas a la original. En un periodo de 16 horas, este proceso puede producir hasta 5000 millones de copias (Chávez-Castillo, 2017).

En un proyecto realizado en la Universidad Autónoma de Querétaro (UAQ), se trabajó con cepas de *Salmonella enterica*, *Yersinia enterocolitica* y *Campylobacter jejuni*. Gracias a esto, se pudieron amplificar las cuatro cepas de las bacterias previamente mencionadas, tanto de forma individual como en conjunto. Los resultados demostraron que si se utilizan los métodos moleculares óptimos pueden ofrecer numerosas ventajas para facilitar el diagnóstico clínico, teniendo varios beneficios como la reducción en el tiempo de espera, sensibilidad y además la especificidad (Alvarado, 2019) (Figura 3).

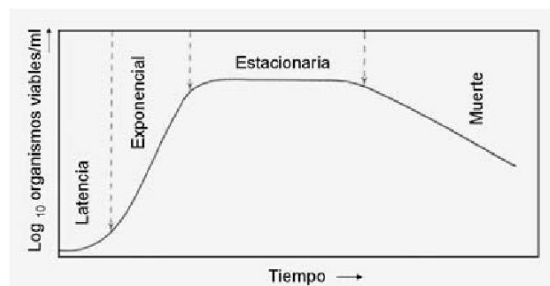


Figura 3: Fases del crecimiento bacteriano.

Recuperada de Alvarado *et al.*, 2019.

El crecimiento bacteriano se divide en tres fases: la fase lag, en la que las bacterias comienzan a adaptarse a su entorno; la fase de crecimiento exponencial (fase log), en la que se reproducen de manera activa y rápida; y la fase estacionaria o meseta, que comienza cuando la cantidad de nutrientes disminuye, lo que lleva a que la reproducción y el crecimiento bacteriano se detengan. (Chávez-Castillo 2017).

II. VI. I Principales Bacterias Zoonóticas Causantes de Enfermedades Diarreicas

Según la OMS, las enfermedades diarreicas son la tercera causa de mortalidad en niños menores de 5 años. La diarrea, si dura varios días, puede provocar

deshidratación y alterar los niveles de iones y minerales necesarios para la vida. Antes, los principales riesgos eran la deshidratación severa y la pérdida de líquidos. Hoy, los especialistas se enfocan más en las infecciones bacterianas, que cada vez representan una proporción mayor de las muertes relacionadas con la diarrea. Entre las bacterias responsables de estas infecciones se encuentran *Salmonella spp.*, *Campylobacter spp.*, *Enterococcus spp.*, *Escherichia spp.* y *Yersinia spp.* (OMS, 2024).

Salmonella spp

Esta bacteria presenta morfología de cocobacilos y es Gram-negativa (Back *et al.*, 2016). el género *Salmonella* incluye 2 especies: *S. enterica* y *S. bongori* y dentro de estas especies, se han identificado más de 2500 serotipos o serovariantes, las variantes que causan infecciones tanto a los humanos como a los animales pertenecen a la especie *enterica*, estas variedades tienen gran probabilidad de presentarse en especies de reptiles (Grimont *et al.*, 2007) (Figura 4).

Estas bacterias causan una de las enfermedades zoonóticas más importantes en términos de salud y economía, así como una de las más frecuentes. De acuerdo con las CDC, la causa más común de infección es la ingesta de alimentos crudos o incorrectamente cocidos que estén contaminados; sin embargo, las personas también pueden infectarse por contacto directo o indirecto con animales, como, por ejemplo, los reptiles (OMSA 2018).

La bacteria *Salmonella* puede encontrarse tanto en el tracto intestinal de reptiles sanos, es decir, portadores asintomáticos, como en los alrededores de los lugares donde los humanos mantienen reptiles. *S. enterica*, la cepa considerada patógena y virulenta para los humanos, puede encontrarse en especies como salamandras, serpientes y tortugas. (Cota *et al.*, 2021).

Bac y colaboradores, en el 2016, recogieron muestras fecales de 34 tortugas que se encontraban en condición de mascotas y, de estas, 17 fueron

encontradas positivas a *Salmonella*, lo que demuestra el riesgo en hogares carentes de una buena forma de cuidados y mala limpieza tanto de los animales como de sus dueños, y el entorno donde ambos conviven se convertiría en un foco importante de infección.

El diagnóstico diferencial de las cepas patógenas es crucial para distinguir las infecciones de interés clínico de aquellas consideradas comensales y descritas como parte de la microbiota de los animales.

Entre las estrategias aplicadas está la identificación del gen denominado invasión gene A (*invA*), uno de los genes más estudiados de esta bacteria y considerado un marcador molecular específico y confiable para la detección de *Salmonella*, en especial en las cepas patógenas (Dmitric *et al.*, 2023). La función de este gen es codificar una proteína que forma parte del sistema de secreción tipo III (T3SS) involucrado en la invasión de las células epiteliales del hospedador, específicamente en el proceso inicial de infección; además, se ubica en la isla de patogenicidad de *Salmonella* 1 (SPI-1) (Dmitric *et al.*, 2023). Sus aplicaciones abarcan desde el diagnóstico clínico y veterinario hasta la investigación microbiológica; esto se debe a que se ha convertido en un blanco habitual en las pruebas de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para determinar la presencia de estas cepas de interés clínico en muestras (Reséndiz-Nava *et al.*, 2022).



Figura 4. Imagen ilustrativa de la morfología de la bacteria *Salmonella spp.*

Figura elaborada por el autor, utilizando Biorender (2025).

Campylobacter spp

Las especies del género *Campylobacter* son bacilos Gram-negativos móviles que habitan en el tracto intestinal de muchos animales domésticos y de aves de corral (Bush L. 2024). Actualmente, el género *Campylobacter* incluye 17 especies y 6 subespecies, siendo las más frecuentes asociadas a padecimientos humanos *C.jejuni* y *C. coli* (OMS, 2020) (Figura 5).

Campylobacter se considera una bacteria zoonótica de gran impacto a nivel mundial. En un estudio previo se demostró que, de 214 muestras, el 91,6 % estaban infectadas por esta bacteria, lo que confirma el riesgo potencial para la salud pública. (Guyard-Nicodeme *et al* 2023). En otra investigación se reportó que en una población de 427 reptiles de mascota, los quelonios presentaron *Campylobacter*, *Acrobacter* y *Helicobacter* en las muestras gastrointestinales. Por lo general, no hay muchas evidencias que sugieran que los quelonios lleven esa bacteria en grandes cantidades (Sharma *et al*, 2020).

Con la finalidad de discriminar entre las especies patógenas, se usa la determinación del gen cytolethal distending toxin B (*cdtB*), es uno de los tres genes que codifican la toxina distensora citotóxica, una toxina importante en la patogenicidad de especies del género *Campylobacter* (Bolton, 2022). La función de este gen es codificar la subunidad catalítica de tipo DNasa de la toxina CDT, responsable del daño en el ADN del hospedador, esta toxina está compuesta por tres subunidades: CdtA, CdtB y CdtC, en específico CdtB actúa como una DNasa tipo I que induce distensión celular y eventualmente apoptosis, además su expresión se asocia con la capacidad de *Campylobacter* para evadir la respuesta inmune y persistir en el hospedador (González-Hein *et al.*, 2014). El gen *cdtB* es un blanco común en estudios moleculares para confirmar la presencia de cepas patógenas de *Campylobacter*, así como para diferenciar cepas virulentas de las comensales o ambientales (Hernández-Castro *et al.*, 2019).



Figura 5. Imagen ilustrativa de la morfología de la bacteria *Campylobacter spp.*
Figura elaborada por el autor, utilizando Biorender (2025).

Enterococcus spp

Son bacterias con morfología de tipo cocoides Gram-positivas que tienen la capacidad de organizarse en cadenas cortas, de las 50 especies conocidas, 26 han sido reconocidas como peligrosas para el ser humano (Sánchez-Silos *et al* 2017) (Figura 6). En los últimos años, se ha observado un incremento significativo en la frecuencia de infecciones asociadas a la atención a la salud; esto se debe a ciertas características que tienen estos microorganismos, como, por ejemplo, que pueden permanecer por periodos prolongados en las manos de las personas (Gutiérrez *et al.*, 2022). Son resistentes a los antimicrobianos betalactámicos; esto se debe a su resistencia natural. Sin embargo, pueden ser resistentes a cloranfenicol, tetraciclinas, aminoglucósidos y vancomicina (Gutiérrez *et al.*, 2022).

En un estudio se observaron, en animales de compañía, bacterias de importancia zoonótica; además, se detectó un aumento de los niveles de resistencia a los antimicrobianos entre ellas. En esta investigación, se resalta la importancia de mantener la vigilancia constante y el monitoreo en los posibles focos de infección zoonótica, lo cual es de gran relevancia para la salud pública (Rumi *et al.*, 2021).

La identificación de *Enterococcus spp* puede llevarse a cabo mediante la detección de una proteína de “choque térmico”. Esta proteína es codificada por el **gen *groEL***, que desempeña un papel esencial en el plegamiento de proteínas bajo condiciones de estrés térmico. La amplificación del gen *groEL*

mediante primers específicos se ha consolidado como una estrategia molecular sensible y específica para la identificación de esta bacteria en muestras clínicas, alimentarias y ambientales (Zhu *et al.*, 2022).



Figura 6. Imagen ilustrativa de la morfología de la bacteria *Enterococcus spp.*

Figura elaborada por el autor, utilizando Biorender (2025).

Escherichia spp

Es un grupo de bacterias que se encuentran comúnmente en el tracto intestinal de animales y humanos. Es un bacilo Gram-negativo; estos pueden considerarse comensales. Además de estas, existen cepas patógenas responsables de numerosas infecciones tanto en humanos como en animales (Gomes *et al.*, 2016) (Figura 7). En un estudio realizado por Dec *et al* en el 2022 realizaron un estudio donde encontraron en 67 mascotas reptiles entre ellas tortugas, cepas de *E. Coli* además en estas cepas observaron que algunas además de ser virulentas y patógenas tenían resistencia a antimicrobianos.

Al ser un grupo tan diverso y heterogéneo, tanto entre las cepas de interés clínico como entre aquellas que no lo son, existen diversas estrategias para identificarlas. Entre ellas destaca la determinación **gen ehxA**, que codifica una enterotoxina conocida como enterohemolisina, relacionada con la capacidad de algunas cepas de *E. coli* para causar daño en las células del hospedador. Se localiza comúnmente en un plásmido de virulencia y está presente principalmente en cepas productoras de toxina Shiga (STEC), muchas de las cuales son responsables de enfermedades entéricas graves en humanos (Irshad *et al* 2014). Hoy en día se utiliza como marcador genético en la PCR

para identificar cepas potencialmente virulentas. Su detección en muestras clínicas o en animales ayuda a evaluar el riesgo para la salud pública. Además, pueden monitorizarse en animales, lo que contribuye a las estrategias de control zoonótico.



Figura 7. Imagen ilustrativa de la morfología de la bacteria *E coli*. Figura elaborada por el autor, utilizando Biorender (2025).

Yersinia spp

Este género está compuesto por bacterias Gram-negativas ampliamente distribuidas en la naturaleza y que pueden causar infecciones tanto en humanos como en animales. Las fuentes de infección más importantes son el consumo de carne de cerdo y sus derivados que no han sido sometidos a un calentamiento adecuado. Sin embargo, esta bacteria se ha aislado de otros animales domésticos y silvestres, como perros, gatos y bovinos. De las 17 especies que conforman este género, 3 son patógenas para el ser humano *Y. enterocolitica*, *Y. pseudotuberculosis* y *Y. pestis* (Jiménez, 2018). Es importante destacar que, aunque la incidencia de esta infección zoonótica en humanos es relativamente baja, la vigilancia y el control adecuados en poblaciones humanas y animales son esenciales para prevenir algunos brotes (Jiménez, 2018) (Figura 8).

Con la finalidad de identificar exclusivamente a las tres especies de interés clínico, se utiliza la determinación del gen attachment-invasion locus (*ail*), que es un importante factor de virulencia característico del género *Yersinia* (Chlebicz *et al.*, 2018). Este gen codifica una proteína de la membrana externa que desempeña un papel crucial en la patogenicidad de *Yersinia spp*. Esta proteína facilita la adhesión e invasión de las células epiteliales del hospedador,

favoreciendo así la diseminación del patógeno. Este gen se encuentra principalmente en cepas altamente patógenas (Thisted Lambertz *et al.*, 2005). La detección del *ail* mediante PCR se ha convertido en una herramienta confiable para la identificación específica de cepas patógenas (Thisted Lambertz *et al.*, 2005).



Figura 8. Imagen ilustrativa de la morfología de la bacteria *Yersinia spp.* Figura elaborada por el autor, utilizando Biorender (2025).

II.VII Resistencia Antimicrobiana (RAM)

En los últimos años, se ha visto cómo emerge, de manera acelerada, la Resistencia Antimicrobiana (Antimicrobial Resistance, AMR en sus siglas en inglés) en todo el mundo y su propagación de un país a otro de una manera muy rápida. Las superbacterias y las bacterias multirresistentes a múltiples fármacos son endémicas en muchas partes del mundo. No cabe duda de que el uso generalizado y excesivo, así como la prescripción incorrecta de antimicrobianos en las últimas ocho décadas, han contribuido al crecimiento exponencial de la RAM (McEwen, 2018).

Los microbiólogos y científicos especializados en enfermedades infecciosas han identificado el creciente problema desde hace mucho tiempo; incluso el Sir Alexander Fleming (el científico que descubrió la penicilina) advirtió sobre los riesgos de usar dosis insuficientes o no controladas. Actualmente, la gravedad de la RAM empieza a ser reconocida por prácticamente todo el mundo. Muchas bacterias patógenas que antes podían tratarse eficazmente con diversos medicamentos ahora se han vuelto resistentes a la mayoría, y en algunos casos, prácticamente a todos los antimicrobianos (McEwen, 2018).

La AMR se presenta cuando las bacterias, que naturalmente no tienen un gen de resistencia, desarrollan la capacidad de competir con los mecanismos que los antibióticos utilizan contra ellas. Las infecciones causadas por patógenos con RAM suelen ser más difíciles de tratar y pueden asociarse con una mayor morbilidad y mortalidad (Christaki, 2020). Además, según la CDC, cada año en los EE.UU., al menos 2 millones de personas se enferman de superbacterias y cerca de 23.000 personas lamentablemente pierden la vida a consecuencia de estas infecciones (CDC, 2013).

II. IX Genes de resistencia antimicrobiana

Los genes de resistencia antimicrobiana (Antimicrobial resistance genes, ARGs por sus siglas en inglés) están ampliamente distribuidos en el medio ambiente, ya que forman parte integral de la fisiología y la ecología microbiana. Se han convertido en un problema de salud pública muy serio en todo el mundo, afectando no solo la salud humana sino también a los animales y al ecosistema. Es importante destacar que estos genes son portados de manera natural por microorganismos que, entre otras cosas, les confieren habilidades de comunicación, autodefensa y adaptación a condiciones ambientales, como, en este caso, la exposición a antimicrobianos (Yang et al., 2024). A la fecha, el aumento exponencial en la prevalencia y propagación de los ARG es preocupante debido a su capacidad de transferirse con rapidez entre los diferentes biomas (Yang *et al.*, 2024)

Los ARG y la actividad humana guardan vínculos evidentes. Estos se relacionan principalmente con el aumento de CO₂ y de otros contaminantes en la atmósfera. Las bacterias utilizan estos genes para adaptarse a ambientes hostiles, lo que eventualmente les permite sobrevivir en entornos más relacionados con los seres humanos, como aquellos en los que están presentes antimicrobianos y sus mecanismos de acción (Rilling *et al.*, 2024).

Los genes de resistencia más reportados son los que se presentan en la tabla 1.

Tabla 1. Genes de resistencia y sus mecanismos de resistencia

Gen de Resistencia	Resistente a	Mecanismo de resistencia
<i>bla</i> TEM-1	β -lactámicos	Destrucción o modificación de estructura química/Alteración del ciclo blanco
<i>ermC</i>	Eritromicinas	Alteración del ciclo blanco
<i>CfxA</i>	β -lactámicos	Destrucción o modificación de estructura química/Alteración del ciclo blanco
<i>tetM</i>	Tetraciclinas	Destrucción o modificación de estructura química/Alteración del ciclo blanco
<i>tetW</i>	Tetraciclinas	Destrucción o modificación de estructura química/Alteración del ciclo blanco
<i>tetQ</i>	Tetraciclinas	Destrucción o modificación de estructura química/Alteración del ciclo blanco

***bla*TEM-1:** Se describió por primera vez en la década de 1960 en una cepa de *E. coli*. Es uno de los genes más comunes que codifican para la síntesis de betalactamasas; estas son enzimas que son responsables de la resistencia a los β -lactámicos como la penicilina, debido a que este gen provoca la hidrólisis del anillo β -lactámico que trae en su estructura este tipo de antibiótico. Se encuentra en bacterias Gram-negativas y su gran capacidad de transferencia hacia diferentes especies lo convierte en un elemento clave en la propagación de la RAM (Zhao *et al.*, 2022).

***ermC*:** este gen forma parte de un sistema de bomba de expulsión de antimicrobianos que desempeña un papel clave en la expulsión activa de diversas clases de antibióticos fuera de la membrana externa bacteriana. Este gen codifica una proteína de membrana que forma parte de un sistema de transporte que facilita la expulsión de antibióticos como eritromicina y cloranfenicol, así como de otros agentes microbianos. Este gen se ha asociado con bacterias multirresistentes a diversos antimicrobianos (Li *et al.*, 2015).

***CfxA*:** este gen se identificó originalmente en *B. fragilis*, este gen es conocido

por producir una enzima llamada β -lactamasa que hidroliza de manera eficiente antibióticos β -lactámicos incluyendo penicilinas y cefalosporinas. El CfXA se encuentra en algunos plásmidos y transposones, lo que facilita su transferencia horizontal entre diferentes bacterias (Yang, *et al.*, 2024).

tetM: este gen está vinculado a la resistencia a las tetraciclinas, que inhiben la síntesis de proteínas en las bacterias al unirse a la subunidad ribosomal 30S. Se ha observado que este gen es común en bacterias Gram-negativas y Gram-positivas. Esto supone un desafío en el tratamiento de las infecciones. Además, tiene una amplia distribución en el medio ambiente debido a su diseminación mediante transferencia genética horizontal. Por si fuera poco, se ha encontrado en animales acuáticos, de granja y reptiles (Mullany *et al.*, 2012).

tetW: está relacionado con la resistencia a las tetraciclinas y al igual que otros genes de resistencia a esta familia de antibióticos, su mecanismo de acción implica la protección ribosómica frente a la inhibición de la síntesis proteica se ha detectado tanto en bacterias Gram negativas como Gram positivas, este gen es ampliamente distribuido en bacterias tanto de origen humano como animal (Kazimierczak *et al.*, 2006),

tetQ: es un gen de resistencia a las tetraciclinas que se encuentra principalmente en bacterias anaerobias; se asocia principalmente a bacterias gastrointestinales, se puede encontrar en diferentes elementos genéticos móviles como plásmidos y transposones, lo que facilita su diseminación entre diferentes especies bacterianas. El gen *tetQ* a menudo se encuentra junto con otros genes de resistencia como los genes que codifican a las β -lactamasas (Aminov *et al.*, 2011)

II.II.X Mecanismo de resistencia

La RAM es parte natural de la evolución de las bacterias; puede verse impulsada por el uso constante de tratamientos bacterianos, ya sean antibióticos, antisépticos o desinfectantes. En los últimos 10 años, las nuevas

cepas bacterianas han desarrollado una resistencia creciente. Esta condición se ha extendido fuera del entorno hospitalario y se ha convertido en un problema para la medicina ambulatoria, que ahora también enfrenta el desafío de la multirresistencia (Werth, 2022).

A pesar de más de 80 años de uso de antibióticos, las bacterias han desarrollado mecanismos de RAM durante miles de millones de años que les permiten escapar de su efecto. Los mecanismos clásicos de RAM incluyen resistencia cromosómica, cambios en la permeabilidad de la membrana celular, producción de enzimas, modificación o mutación del objetivo, cambios en el sistema de bombas de eflujo activo y transferencia horizontal o vertical de genes de RAM (Wang, 2023).

- ✓ Resistencia Natural: Se da cuando prácticamente todas las cepas de una misma especie bacteriana, desde el inicio de su existencia, presentan resistencia a un antibiótico. Esta resistencia se debe a una característica constante de una especie específica; es decir, posee algún gen de resistencia que no está correlacionado con las dosis de antibiótico (Werth, 2022).
- ✓ Resistencia Adquirida: Cuando la resistencia a un antibiótico aparece en una cepa que normalmente sería sensible, se trata de resistencia adquirida. Esta forma de resistencia es cada vez más común y normalmente surge por mutaciones o por la adquisición de nuevos genes. La frecuencia de esta resistencia depende de la forma en que se utilizan los antibióticos (Werth, 2022).

La probabilidad de que una bacteria desarrolle RAM por mutación es el producto de las probabilidades de cada mutación considerada por separado. Debido a que estos eventos son poco frecuentes, se pensaba que el uso combinado de antibióticos podría prevenir la aparición de mutaciones resistentes, al eliminar todas las bacterias susceptibles (Werth, 2022). Los dos

tipos de RAM pueden analizarse a nivel molecular y bioquímico y clasificarse en tres mecanismos básicos. Estos mecanismos determinan cómo las bacterias adquieren RAM según el mecanismo de acción del antibiótico (Werth, 2022).

- Inactivación del antibiótico por destrucción o modificación de su estructura química (figura 9): proceso molecular en el que se producen enzimas capaces de modificar el fármaco. Las enzimas más conocidas que destruyen estructuras químicas son las beta-lactamasas, lo que hacen es hidrolizar el núcleo β -lactámico de los antibióticos eliminando el enlace amida (Pérez-Cano 2013). Otra enzima relevante es la eritromicina esterasa; su mecanismo de acción consiste en degradar el anillo de lactona del antibiótico. La cloranfenicol acetiltransferasa se encuentra entre las enzimas que modifican la estructura de los antibióticos, así como entre las que modifican los aminoglucósidos, las lincosamidas y las estreptograminas (Pérez, 2013). De igual manera, existen enzimas modificantes de aminoglucósidos; asimismo, el cloranfenicol, las tetraciclinas y los macrólidos pueden ser inactivados por enzimas, aunque no sea su principal mecanismo de resistencia (Daza, 2015).

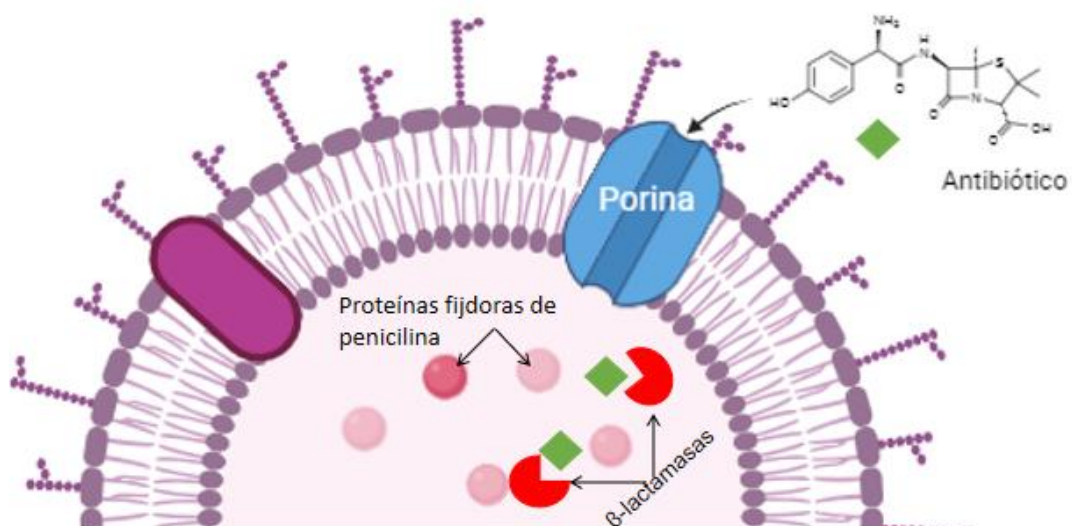


Figura 9. Mecanismo de creación de enzimas. Representación del mecanismo de acción de las β -lactamasas en la resistencia a los antibióticos. Figura

elaborada por el autor, utilizando Biorender (2025).

- Alteración del sitio blanco del antibiótico (figura 10): Este mecanismo de resistencia consiste en modificar sitios específicos de la bacteria, como la pared celular, la membrana o las subunidades ribosómicas 50S y 30S. Los cambios en las subunidades 30S y 50S afectan la acción de los aminoglucósidos, macrólidos, tetraciclinas y lincosamidas (Pérez-Cano, 2013). Algunas bacterias alteran la molécula a la que el antibiótico se une, disminuyendo o eliminando su afinidad por el sitio de unión y, en consecuencia, reduciendo su eficacia (Treviño, 2022).

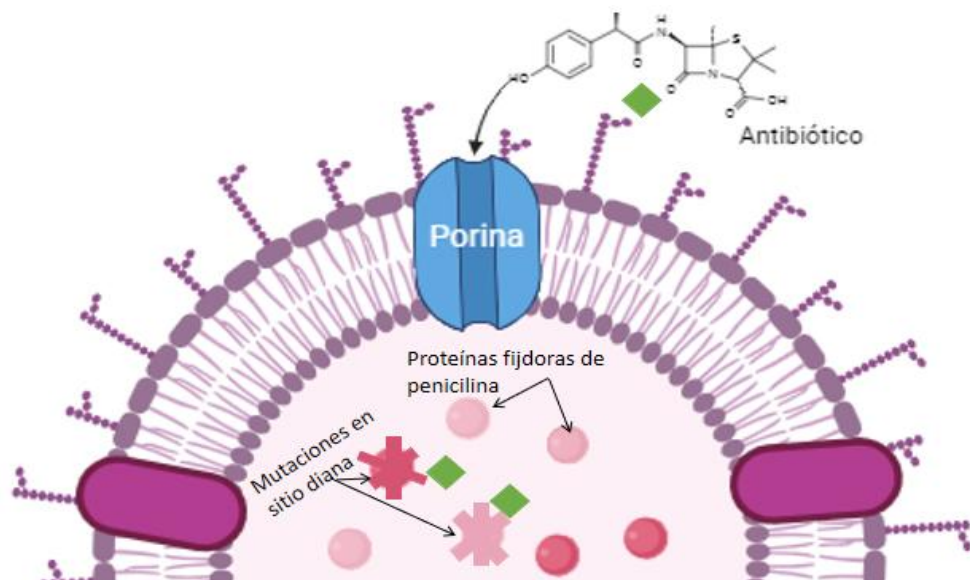


Figura 10. Mecanismo de mutación en el sitio diana. Representación del mecanismo de acción de la bacteria contra antibióticos. Figura elaborada por el autor, utilizando Biorender (2025).

- Alteración en las barreras de permeabilidad (figura 11): En este mecanismo de resistencia existen cambios en receptores bacterianos que son el blanco específico para el mecanismo de acción de los antimicrobianos o de igual manera por alteraciones en la envoltura de la célula bacteriana que van a afectar su permeabilidad, En las bacterias Gram-negativas sucede que la membrana celular contiene un alto contenido de lípidos y su membrana externa se compone de 40% de lipopolisacáridos lo que la defiende como

una barrera contra la entrada de antibióticos (Pérez-Cano, 2013).

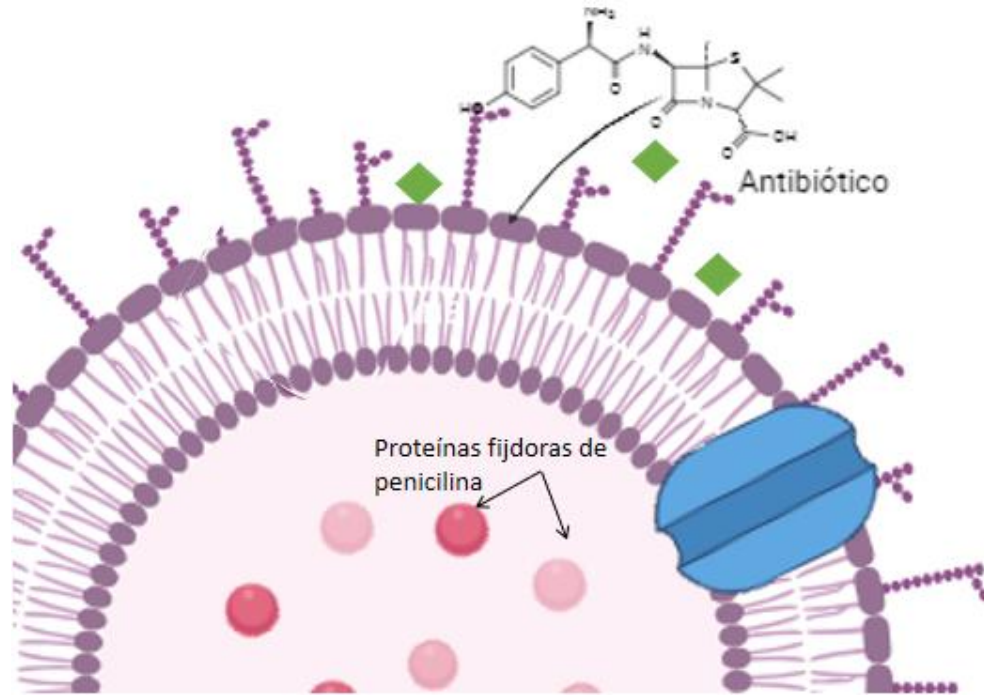


Figura 11. Mecanismo de permeabilidad de membrana. Representación del mecanismo de acción de la bacteria que altera barreras de permeabilidad.

Figura elaborada por el autor, utilizando Biorender (2025).

➤ Bombas de eflujo (figura 12)

Las bombas de eflujo están ubicadas en la membrana celular y son responsables de la internalización y la expulsión de antimicrobianos. Existe una gran variedad de estas bombas que confieren resistencia antimicrobiana tanto a bacterias Gram-positivas como a Gram-negativas. Las proteínas transmembranales son las encargadas de mediar el eflujo activo de antibióticos; estas proteínas se encargan de formar unos canales que van a exportar de manera activa a algún agente antimicrobiano que amenace a la bacteria fuera de la célula tan rápido como va entrando (Pérez-Cano, 2013).

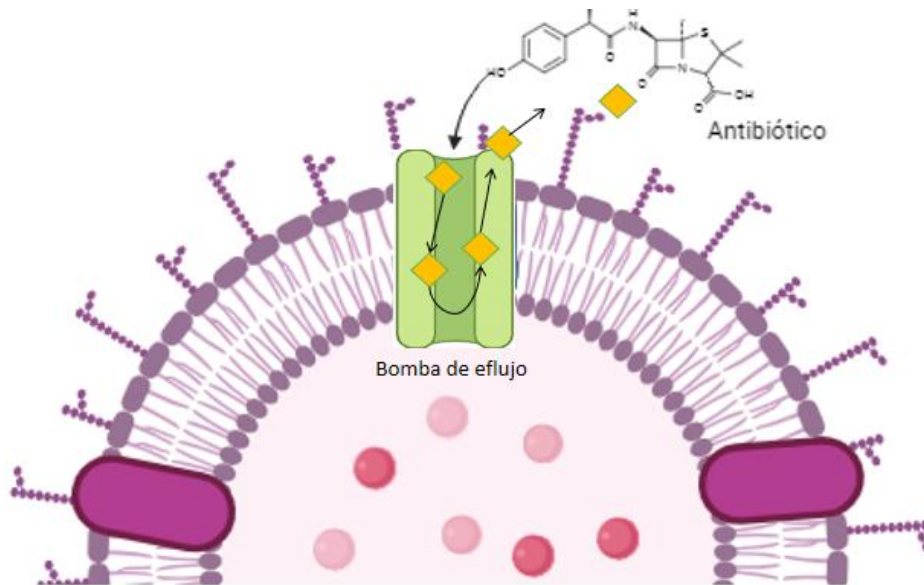


Figura 12. Mecanismo de bombas de eflujo. Representación del mecanismo de acción de la bacteria mediante bombas de eflujo. Figura elaborada por el autor, utilizando Biorender (2025).

Los plásmidos son conocidos por ser fragmentos circulares de ADN bicatenario que, de forma natural, contienen genes de resistencia en su estructura. Una característica de estos plásmidos es que pueden replicarse de forma independiente del ADN bacteriano principal. Una bacteria puede tener varios plásmidos en su interior, y un solo plásmido puede llevar múltiples genes de resistencia. En resumen, un solo plásmido puede conferir a una bacteria resistencia a cinco o seis familias de antibióticos simultáneamente, lo que permite que la bacteria se vuelva multirresistente en una sola etapa (Durich, 2000).

III. JUSTIFICACIÓN

La convivencia cotidiana con tortugas mantenidas como animales de compañía representa una interfaz doméstica poco estudiada entre la salud humana, animal y ambiental. A diferencia de otros animales de compañía, las tortugas viven en microambientes acuáticos cerrados donde convergen materia orgánica, heces, alimento, agua, superficies de contacto y prácticas humanas de limpieza. Este hábitat puede funcionar como un reservorio ambiental dinámico de bacterias gastrointestinales y genes de resistencia antimicrobiana, con potencial de exposición para las personas que manipulan al animal, cambian el agua, limpian el contenedor o permiten su libre deambulaci3n dentro del hogar.

Desde el enfoque de One Health, este escenario no debe entenderse ni 3nicamente como un problema veterinario ni exclusivamente como un riesgo individual para el propietario. La salud de la tortuga, la calidad microbiol3gica del agua, las pr3cticas de higiene del hogar, la posible presencia de bacterias zoon3ticas y la detecci3n de genes asociados a RAM forman parte de un sistema dom3stico interconectado. En este sistema, las decisiones humanas (como el lugar donde se limpia el h3bitat, la frecuencia del cambio de agua, el uso de guantes, el lavado de manos y la ubicaci3n del contenedor) pueden modificar las condiciones de exposici3n y la carga microbiol3gica del ambiente compartido.

El estudio de las bacterias gastrointestinales y de ARGs en muestras pareadas de tortugas y del agua de su h3bitat permite generar evidencia sobre un punto de contacto subestimado en la vigilancia preventiva de las zoonosis y de la AMR. Adem3s, al incorporar variables de manejo, higiene y convivencia, el an3lisis no se limita a describir la presencia de microorganismos, sino que tambi3n identifica pr3cticas dom3sticas potencialmente modificables. Esto es relevante porque las intervenciones m3s factibles en este contexto no dependen necesariamente de tecnolog3as complejas, sino de la educaci3n sanitaria, la bioseguridad b3sica, la limpieza adecuada del h3bitat y la

comunicación de riesgos dirigida a propietarios, familias y personal de la salud.

En consecuencia, esta investigación es relevante al contribuir a la comprensión de un microambiente, desde el enfoque One Health, dentro del hogar: la interacción entre reptiles mantenidos en cautiverio doméstico, el agua ambiental, las bacterias de importancia para la salud pública, las ARG y las conductas humanas en su manejo. Sus resultados aportarán evidencia útil para orientar recomendaciones preventivas sobre la tenencia responsable de tortugas, reducir las oportunidades de contaminación cruzada en espacios domésticos y fortalecer estrategias de educación sanitaria desde una perspectiva integrada de la salud humana, animal y ambiental.

IV. HIPÓTESIS

No aplica.

V. OBJETIVO GENERAL

Identificar la presencia de bacterias zoonóticas (*Salmonella spp.*, *Escherichia coli*, *Campylobacter spp.*, *Yersinia spp.* y *Enterococcus spp.*) y caracterizar su perfil de resistencia antimicrobiana en muestras gastrointestinales de tortugas y en muestras de agua, obtenidas en tres entornos de conservación: hogares (tortugas domésticas), acuarios veterinarios y reservas silvestres.

VI. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

1. Recopilar la historia clínica y los factores de riesgo de transmisión de infecciones zoonóticas entre humanos y sus mascotas.
2. Identificar las bacterias zoonóticas presentes en muestras gastrointestinales de tortugas domésticas y en muestras de agua

procedentes de tres espacios de conservación (hogares, veterinarias y reservas).

3. Evaluar el perfil de resistencia antimicrobiana en las muestras gastrointestinales de tortugas domésticas y en muestras de agua procedentes de tres espacios de conservación (hogares, veterinarias y reservas).
4. Asociar la presencia de bacterias zoonóticas, la resistencia antimicrobiana y los factores de riesgo en muestras gastrointestinales de tortugas domésticas y en muestras de agua.

VII. MATERIALES Y MÉTODOS

Tipo de estudio.

La presente investigación es de tipo observacional, descriptivo, analítico, transversal y prospectivo.

Definición del universo

Las tortugas de la especie *Trachemys scripta scripta* que viven en hogares como mascotas, las que se ofertan para su venta en acuarios veterinarios y las que se conservan en reservas ecológicas.

Tamaño de la muestra

Se procesaron un total de 90 muestras gastrointestinales y 90 muestras del agua de la tortuguera. Cada grupo contó con 30 tortugas y 30 muestras de agua. Los grupos se clasificaron en tres categorías: 1) Mascotas (TM), 2) Instituciones Públicas (TIP) y 3) Acuarios (TA).

Criterios de Selección

Criterios de inclusión:

- Tortugas de la especie *Trachemys scripta scripta*.
- Edad mínima de 3 meses.
- Estado de salud aparente óptimo.
- Ausencia de tratamiento antimicrobiano durante al menos 3 meses previos a la toma de la muestra.
- La procedencia sea totalmente lícita.
- Que las responsables y/o tutores firmen el consentimiento informado y el aviso de privacidad.

Criterios de exclusión:

- Tortugas en cuarentena por cualquier causa.
- Con menos de 3 meses en los sitios donde se cuidan.
- Tortugas en contacto directo con otras especies animales.

Criterios de eliminación:

- Tortugas que fallecieron en un periodo inferior a 2 meses tras la toma de la muestra.
- Muestras mal almacenadas, transportadas o degradadas que imposibiliten su análisis en el estudio.
- A solicitud expresa del responsable y/o del tutor para su salida del estudio.

Definición de variables y de unidades de medida

Las variables del estudio se organizaron según su función y su relación con los objetivos. Incluyeron variables microbiológicas para detectar bacterias gastrointestinales y genes de resistencia antimicrobiana, además de variables sobre el tipo de muestra, que dependían de si procedían de la tortuga o del agua del hábitat. También se contemplaron variables de manejo, higiene y convivencia, para caracterizar las prácticas domésticas relacionadas con el cuidado de las tortugas. La identificación del hogar se utilizó como unidad de

referencia para vincular muestras del mismo entorno. La Tabla 2 presenta las definiciones conceptuales y operativas de las variables, junto con su clasificación por rol, tipo, escala de medición y unidades.

Tabla 2. Definición de variables y de unidades de medida.

Variable	Rol analítico	Definición conceptual	Definición operacional	Tipo de variable	Escala de medición	Unidades de medida
Tipo de muestra	Independiente principal	Origen de la muestra analizada en cada hogar.	Variable que clasificó cada observación como muestra de agua del hábitat o de tortuga. En los modelos de GEE, la tortuga se utilizó como categoría de referencia.	Cualitativa dicotómica	Nominal	Agua / tortuga
Casa / hogar	Variable de agrupamiento	Unidad doméstica de la que procedieron las muestras pareadas.	Identificador único del hogar utilizado como clúster en los modelos de GEE. Cada casa aportó dos observaciones correlacionadas: agua y tortuga.	Identificador categórico	Nominal	ID de hogar
Presencia bacteriana global	Dependiente	Detección de al menos una bacteria gastrointestinal de interés para la salud pública en la muestra analizada.	Variable dicotómica construida a partir de la detección mediante PCR de al menos una bacteria blanco. Se clasificó como positiva si se detectó ≥ 1 bacteria y como negativa si no se detectó ninguna.	Cualitativa dicotómica	Nominal	Positivo / negativo
Detección de <i>Salmonella</i> spp.	Dependiente	Presencia molecular de <i>Salmonella</i> spp. en la muestra analizada.	Resultado de la PCR para <i>Salmonella</i> spp., clasificado como positivo o negativo.	Cualitativa dicotómica	Nominal	Positivo / negativo
Detección de <i>Campylobacter</i> spp.	Dependiente	Presencia molecular de <i>Campylobacter</i> spp. en la muestra analizada.	Resultado de la PCR para <i>Campylobacter</i> spp., clasificado como positivo o negativo.	Cualitativa dicotómica	Nominal	Positivo / negativo
Detección de <i>Yersinia</i> spp.	Dependiente	Presencia molecular de <i>Yersinia</i> spp. en la muestra analizada.	Resultado de la PCR para <i>Yersinia</i> spp., clasificado como positivo o negativo.	Cualitativa dicotómica	Nominal	Positivo / negativo

Presencia de ≥ 1 gen de resistencia antimicrobiana	Dependiente	Detección de al menos un gen asociado a la resistencia antimicrobiana en la muestra analizada.	Variable dicotómica construida a partir de cinco genes analizados: <i>bla</i> TEM-1, <i>ermC</i> , <i>cfxA</i> , <i>tetQ</i> y <i>tetW</i> . Se clasificó como positiva si se detectó ≥ 1 gen <i>tetM</i> . Se excluyó del conteo final por ausencia de positivos.	Cualitativa dicotómica	Nominal	Positivo / negativo
Detección de <i>bla</i> TEM-1	Dependiente	Presencia molecular del gen <i>bla</i> TEM-1, asociado a la resistencia a betalactámicos.	Resultado de la PCR para <i>bla</i> TEM-1, clasificado como positivo o negativo.	Cualitativa dicotómica	Nominal	Positivo / negativo
Detección de <i>ermC</i>	Dependiente	Presencia molecular del gen <i>ermC</i> , asociado a la resistencia a macrólidos, lincosamidas y estreptograminas B.	Resultado de la PCR para <i>ermC</i> , clasificado como positivo o negativo.	Cualitativa dicotómica	Nominal	Positivo / negativo
Detección de <i>cfxA</i>	Dependiente	Presencia molecular del gen <i>cfxA</i> , asociado a la resistencia a betalactámicos.	Resultado de la PCR para <i>cfxA</i> , clasificado como positivo o negativo.	Cualitativa dicotómica	Nominal	Positivo / negativo
Detección de <i>tetQ</i>	Dependiente	Presencia molecular del gen <i>tetQ</i> , asociado a la resistencia a tetraciclinas.	Resultado de la PCR para <i>tetQ</i> , clasificado como positivo o negativo.	Cualitativa dicotómica	Nominal	Positivo / negativo
Detección de <i>tetW</i>	Dependiente	Presencia molecular del gen <i>tetW</i> , asociado a la resistencia a tetraciclinas.	Resultado de la PCR para <i>tetW</i> , clasificado como positivo o negativo.	Cualitativa dicotómica	Nominal	Positivo / negativo
Número de bacterias positivas	Dependiente	Carga bacteriana molecular expresada como el número de bacterias gastrointestinales	Variable de conteo construida mediante la suma de bacterias positivas por muestra. En el análisis final correspondió a Bacterias_calc.	Cuantitativa discreta de conteo	Razón	Número de bacterias detectadas

		detectadas en cada muestra.				
Número de genes de resistencia antimicrobiana positivos	Dependiente	Carga genética de resistencia antimicrobiana expresada como el número de genes de resistencia detectados en cada muestra.	Variable de conteo construida a partir de la suma de los genes positivos blaTEM-1, ermC, cfxA, tetQ y tetW. En el análisis final correspondió a RAM_calc5.	Cuantitativa discreta de conteo	Razón	Número de genes RAM detectados
Cambio de agua sin limpieza profunda	Independiente	Frecuencia con la que se cambia el agua del hábitat sin realizar una limpieza profunda del contenedor o del espacio donde vive la tortuga.	Variable originalmente ordinal. Para los modelos GEE, se recodificó como cambio semanal de agua frente a cambio no semanal. La categoría de referencia fue el cambio no semanal.	Cualitativa ordinal recodificada como dicotómica	Nominal dicotómica para modelos	Semanal / no semanal
Limpieza profunda del hábitat	Independiente	Frecuencia con la que se realiza la limpieza integral del hábitat de la tortuga, incluyendo el contenedor, las superficies y el agua.	Variable originalmente ordinal. Para los modelos GEE, se recodificó como limpieza profunda frecuente — quincenal o semanal— frente a limpieza mensual o menos frecuente. La categoría de referencia fue la limpieza mensual o menos frecuente.	Cualitativa ordinal recodificada como dicotómica	Nominal dicotómica para modelos	Quincenal/semanal vs mensual o menos frecuente

Convivencia con contacto directo	Independiente secundaria	Frecuencia con la que las personas del hogar tienen contacto físico directo con la tortuga.	Variable autorreportada por categorías de frecuencia. Para los análisis de hábitos se evaluó como indicador de contacto directo alto o presente, de acuerdo con la recodificación definida para los modelos GEE.	Cualitativa ordinal recodificada como dicotómica	Ordinal / nominal dicotómica para modelos	Categoría de frecuencia o contacto presente/alto
Lavado de manos posterior al contacto o limpieza	Independiente secundaria	Práctica de higiene personal tras manipular a la tortuga o limpiar su hábitat.	Variable autorreportada. Para los análisis de hábitos se evaluó como lavado de manos presente frente a ausente o inconsistente, de acuerdo con la recodificación definida para los modelos GEE.	Cualitativa ordinal recodificada como dicotómica	Ordinal / nominal dicotómica para modelos	presente / ausente

Procesamiento del estudio

Toma de muestras

Las tortugas incluidas en el presente estudio se distribuyeron en tres grupos de análisis, cada uno integrado por 30 individuos. La procedencia de los ejemplares dependió del grupo de estudio. Para el grupo de instituciones públicas, las tortugas fueron obtenidas del Parque Nacional El Cimatario y del Herpetario de la Facultad de Ciencias Naturales de la Universidad Autónoma de Querétaro, con 19 y 11 ejemplares, respectivamente. El grupo de tortugas domésticas se integró mediante una estrategia de reclutamiento por convocatoria abierta difundida en redes sociales, dirigida a propietarios que aceptaran voluntariamente la participación de sus animales en el estudio. Antes de la toma de muestras, se entregó a los propietarios un consentimiento informado, que fue leído y firmado. Para el grupo de tortugas provenientes de acuarios o de establecimientos especializados en la venta de mascotas, se realizaron visitas a cinco tiendas ubicadas en el centro de la ciudad de Querétaro, y se recolectaron muestras de seis tortugas por establecimiento. En todos los casos, se explicó a los responsables de las tiendas el objetivo del proyecto y se obtuvo su autorización previa para la recolección de muestras.

Los animales fueron tratados en todo momento con respeto y conforme a las normas nacionales aplicables. Se recolectaron muestras de la zona cloacal con hisopos de aproximadamente 10 cm de longitud. Estos se frotaban con cuidado, procurando no lastimar al animal. Los hisopos se recolectaron y se almacenaron individualmente en tubos de 5 ml a -20°C hasta la extracción de ADN. De igual manera, para cada tortuga se tomó una muestra del agua del estanque en el que se encuentra. Las muestras de agua donde habitan las tortugas se recolectaron durante el muestreo de la zona cloacal y se mantuvieron en contenedores estériles y se procuró conservarlas en zonas frescas hasta llegar al laboratorio.

Extracción de ADN fenol-cloroformo

La extracción de ADN por fenol-cloroformo se realizó aplicando 3 lavados con PBS y centrifugándolos a 13,000 rpm durante 10 minutos, se decantó el sobrenadante, una vez generado el pellet, se le agregó 30 µl de solución de lisis celular así como 2 µl de proteinasa K y se incubó a 80°C por 5 minutos, posteriormente se homogenizó durante 20 segundos y se agregó 100 µl de solución degradante de ARN para su incubación durante 30 min a 37°C, pasando este tiempo se incubó 5 min, posteriormente se agregó 500 µl fenol-cloroformo para su centrifugación a 13,000 rpm durante 10 min, el fenol-cloroformo hace que se divida en dos fases, la fase acuosa se recolectó con una pipeta de manera cuidadosa y se pasó a un nuevo tubo de microcentrífuga de 1.5 ml, se le agregó 600 µl de isopropanol puro, se incubó en hielo durante 10 minutos y se centrifugó por 10 min a 13,000 rpm, una vez terminado, se descartó el sobrenadante y se dejó secar, una vez que el microtubo se observó sin residuos de isopropanol se procedió a hacerse lavados con etanol al 70%, se agregaron 300 µl de este y se centrifugó 10 min a 13,000 rpm, esto se repitió 3 veces, al terminar los lavados, se descartó el sobrenadante y se dejó secar por 15 min, una vez seco el microtubo, sin residuos visibles de etanol se agregaron 50 µl de agua libre de RNasas para su posterior medición de pureza e integridad. (Alvarado M. 2019). Esta técnica ya se ha aplicado en el grupo de trabajo, obteniendo resultados óptimos en cuanto a su cuantificación y pureza.

Medición de pureza e integridad.

El material genético obtenido se cuantificó mediante nanoespectrofotometría (NanoDrop Thermo Fisher), disponible en el Laboratorio de Genética y Biología Molecular (GENBIOM). Una muestra se consideró de calidad si cumplía con las siguientes características.

- Que se encuentre dentro de un rango de 1.7 - 2 (260/280) y de 2.0 - 2.2 (260/2320)
- Que tenga una concentración cercana a 10-100 ng/µl o superior.

Para medir estas características, se colocaron 2 µl de la muestra en el pedestal del nanoespectrofotómetro y se blanqueó la curva de detección con agua libre de RNasa. Con la finalidad de determinar la integridad del material genético, se realizó un gel de agarosa mediante la técnica de electroforesis. El gel estuvo a una concentración de 1%; para llegar a este porcentaje, se pesó 1 g de agarosa, que posteriormente fue disuelta en 100 ml de solución Tris-Acetato-EDTA al 1x (TAE). Este TAE tiene una composición de Tris-acetato a 0,04 M, ácido etilendiaminotetraacético (EDTA) a 1 mM y un pH de 8,0. Se calentó la mezcla de la agarosa y el TAE en microondas en pequeños intervalos de tiempo para que se pueda disolver y se le agregó Gel-RED en una relación 1µl por cada 30 ml de TAE.

Diseño de oligonucleótidos específicos para la identificación de bacterias

Los nucleótidos utilizados en este proyecto se diseñaron con el software Oligo 7. Estos oligonucleótidos fueron analizados manualmente para ajustar las condiciones y cumplir con los estándares para su uso en la PCR. Estas reglas están incluidas en las reglas MIQE (Bustin et al., 2009). En la siguiente tabla 3 se presentan las características que deben cumplir los oligonucleótidos para su mejor utilización.

Tabla 3. Condiciones de un oligonucleótido óptimo.

Condición	Características
Tamaño	De 20-25 nucleótidos
Base en el extremo 3'	Debe de ser una G o C
Temperaturas de fusión	60-60° C
Contenido de G-C	40-60%
Auto complementariedad	Debe de ser evitada por la formación de dímeros y estructuras secundarias
Identidad	Debe de tener un 100% de apareamiento con el molde

Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR):

Se utilizó la técnica de PCR de punto final con Radiant 2x RED Taq Mix (Cat. C225), siguiendo las indicaciones del fabricante. Estas reacciones se realizaron con un volumen total de 22 µl, más 3 µl de material genético y las condiciones se presentan en la tabla 4.

Tabla 4. Condiciones estandarizadas para realizar PCR.

Reactivo	Cantidad
Master Mix (Radiant)	12.5 µl
Oligonucleótido Forward	1 µl
Oligonucleótido Reverse	1 µl
ADN de la muestra	3 µl
Agua libre de RNAsas	7.5 µl

Se utilizó un termociclador SelectCycle II con las siguientes condiciones:

1. Un ciclo de 95° C por 1 minuto.
2. 40 ciclos de 95° C por 15 segundos.
3. 60° C por 30 segundos.
4. 72° C por 30 segundos.
5. Un ciclo infinito de 4° C como refrigeración en caso de requerirlo.

De igual manera, los oligonucleótidos utilizados para los genes de resistencia se presentan en la tabla 5.

Tabla 5. Oligonucleótidos diseñados para genes de resistencia

ARGS'S	Secuencia Primer (5'-3')	Temperatura de Alineamiento	Tamaño del amplicón (pb)
<i>bla</i> TEM-1	CCAATGCTTAATCAGTGAGG ATGAGTATTCAACATTTCCG	55	858
<i>ermC</i>	AATCGGCTCAGGAAAAGG	55	562

	ATCGTCAATTCCTGCATG		
<i>cfxA</i>	GCGCAAATCCTCCTTTAACAA ACCGCCACACCAATTTTCG	60	802
<i>tetM</i>	GTGGACAAAGGTACAACGAG CGGTAAAGTTCGTCACACAC	55	406
<i>tetW</i>	GAGAGCCTGCTATATGCCAGC GGGCGTATCCACAATGTTAAC	64	168
<i>tetQ</i>	TTATACTTCCTCCGGCATCG ATCGGTTTCGAGAATGTCCAC	55	904

Al igual que los oligonucleótidos anteriores, se utilizaron específicamente para identificar las bacterias de los géneros de interés, con capacidad para discriminar las especies de interés clínico, tanto en tortugas como en el agua de su hábitat. Las secuencias se presentan en la tabla 6.

Tabla 6. Oligonucleótidos diseñados para bacterias de interés

Bacteria	Gen	Secuencia oligonucleótidos (5'-3')	Temperatura de alineamiento	Tamaño del amplicón
<i>Campylobacter</i>	cdtB	GGAGTGTAGTGTAAGACAAC	60	493
<i>Enterococcus</i>	groEL	GATATTGCTGGTGACGGAAC	60	1108
<i>E. coli</i>	ehxA	GGCAACACTGGTGATATTAAC	60	
<i>Salmonella</i>	invA	GAAGGCCGGTATTATTGATG	60	1329
<i>Yersinia</i>	ail	GCGTCTGTAAATGTGTACGC	60	314

Es importante mencionar que esta PCR tiene la concentración mínima requerida para detectar el agente patógeno, 0.0029 ng/μl, y fue previamente validada por este grupo de investigación para estandarizar un método multidiagnóstico para bacterias causantes de enfermedades gastrointestinales zoonóticas en muestras humanas y caninas (Alvarado M. 2019).

Electroforesis

Las cámaras de electroforesis utilizadas tienen capacidad para geles de 100-150 ml. Por cada 100 ml de TAE se agregó un gramo de agarosa, se mezcló y se

calentó lentamente en el microondas, con intervalos breves, hasta que la agarosa se disolviera por completo. Una vez esté templado se agregó Gel-RED en una relación 1µl - 30 ml, una vez homogenizada la solución se vertió en el molde, se colocó un peine para dejar las cavidades necesarias para colocar las muestras, una vez el gel esté solidificado la cámara se llenó con una solución amortiguadora (TAE) y se conectó a un par de electrodos, estos transportaron una corriente de 100 volts por 45 min. Para cargar las muestras en el gel, se utilizó 1 µl de marcador de peso molecular en el primer carril; en los siguientes pozos se colocaron 3 µl de buffer de carga más 3 µl del producto de la PCR.

Todo lo anterior se trata de plasmar en el siguiente esquema, para que, de manera más gráfica, se entienda el procedimiento realizado al tratar estas muestras (Figura 13).

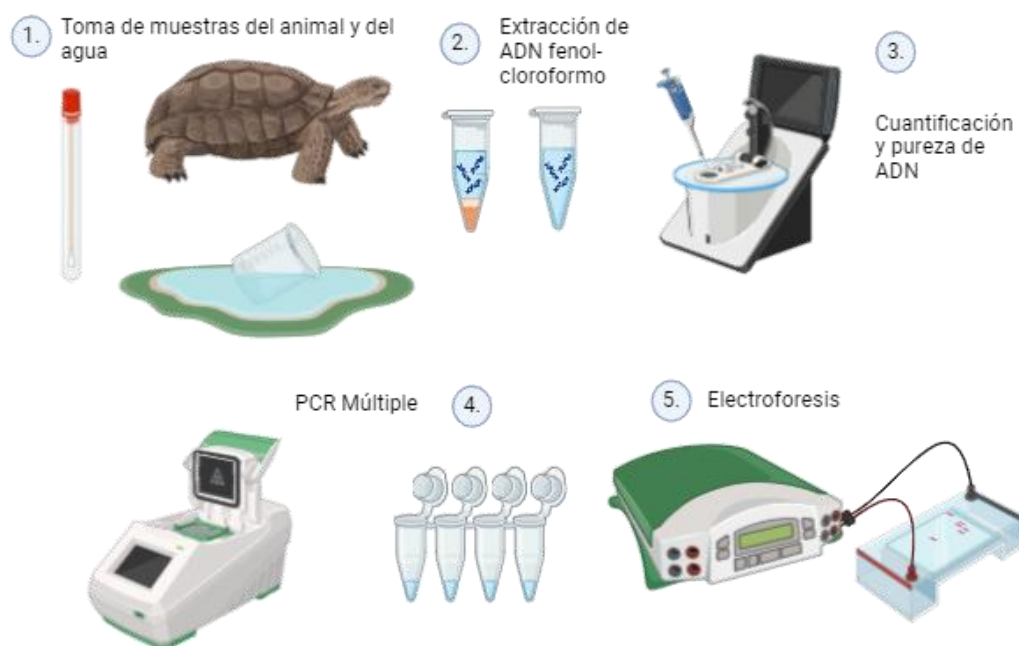


Figura 13. Metodología general realizada. Esquema del procedimiento empleado, 1. recolección de muestras del animal y tortuguero, 2. Extracción de ADN fenol-cloroformo, 3. Cuantificación y pureza ADN, 4. PCR, 5. Electroforesis. Figura elaborada por el autor, utilizando Biorender (2025).

Análisis estadístico

Los datos sociodemográficos, los hábitos de convivencia y las medidas de higiene se reportaron en frecuencias absolutas y porcentuales.

Datos del grupo de Instituciones Públicas (TIP) y Acuarios (TA): se reportaron como frecuencias absolutas y porcentajes exclusivamente con fines descriptivos

Datos del grupo de tortugas mascotas (TM): se incluyeron 30 hogares, cada uno con dos observaciones (una muestra de agua del hábitat y otra de la tortuga) para un total de 60 muestras. Debido a esta estructura, las muestras de agua y de tortuga de un mismo hogar se consideraron observaciones pareadas, no independientes.

Las variables categóricas se reportaron como frecuencias absolutas y porcentajes. Las variables de conteo se describieron mediante la media, la mediana, el rango intercuartílico, el mínimo y el máximo, de acuerdo con su naturaleza discreta. No se realizaron pruebas de normalidad para los desenlaces principales, ya que estos correspondieron a variables binarias o a conteos discretos acotados, para los cuales la evaluación de la normalidad no resulta metodológicamente pertinente.

En primer lugar, se realizó una comparación descriptiva no ajustada entre muestras de agua de tortuga para detectar bacterias gastrointestinales y ARGs. Para cada desenlace se reportaron las frecuencias de positividad en agua y tortuga, la diferencia absoluta en puntos porcentuales, la razón de prevalencias y la razón de momios (OR), ambos sin ajustes en esta fase, con sus respectivos intervalos de confianza del 95%. Estas estimaciones se presentaron con fines descriptivos y comparativos al no incorporar la correlación entre las muestras procedentes del mismo hogar.

En el caso de la comparación inferencial de la detección microbiológica entre muestras de agua de la tortuga se emplearon modelos de ecuaciones de estimación generalizadas (GEE). En los desenlaces dicotómicos se utilizaron modelos GEE con distribución binomial y función de enlace logit. La variable dependiente principal fue el tipo de muestra, con la tortuga como categoría de referencia. La casa se incorporó como variable de agrupamiento para considerar la correlación intrahogar entre las dos observaciones pareadas. Se utilizaron errores estándar robustos y los resultados se expresaron como OR estimadas mediante GEE, con intervalos de confianza del 95% y valores de p derivados de las pruebas de Wald.

Respecto a la comparación entre el número de bacterias positivas y el de ARGs positivos en el agua y en la tortuga, se utilizó la prueba de rangos de signo de Wilcoxon para muestras pareadas. En este análisis se reportaron la mediana y el rango intercuartílico por tipo de muestra, el número de pares en los que el conteo fue mayor en agua, el número de pares en los que el conteo fue mayor en tortuga, el número de empates, el estadístico Z y el valor de p bilateral.

Posteriormente, se evaluó la asociación entre las prácticas de manejo e higiene del hábitat y los desenlaces microbiológicos. Debido al tamaño muestral y para evitar el sobreajuste, las prácticas de manejo se analizaron primero en modelos separados. En los modelos para desenlaces binarios se emplearon modelos GEE logísticos ajustados por el tipo de muestra. Las variables de exposición incluyeron principalmente el cambio de agua y la limpieza profunda del hábitat. Con la intención de facilitar la interpretación y asegurar la estabilidad de la estimación, algunas variables ordinales fueron recodificadas en categorías dicotómicas de interés epidemiológico.

En el análisis asociado a los desenlaces de conteo de bacterias y ARGs, se ajustaron modelos GEE Poisson con función de enlace log, errores estándar

robustos, estructura de correlación de trabajo independiente, casa como variable de agrupamiento y tipo de muestra como variable intrasujeto. Los desenlaces fueron el número de bacterias positivas y el de ARGs positivas. Las variables independientes principales fueron el tipo de muestra, el cambio semanal de agua y la limpieza profunda frecuente del hábitat. El cambio de agua se recodificó como semanal frente a no semanal, mientras que la limpieza profunda se recodificó como frecuente (quincenal o semanal) frente a mensual o menos frecuente. Los resultados se expresaron como razones de conteos esperados (RP), con intervalos de confianza del 95% y valores de p. Además de los modelos separados, se ajustaron modelos combinados de sensibilidad que incluyeron simultáneamente el tipo de muestra, el cambio de agua y limpieza profunda.

En todos los análisis se consideraron valores de p bilaterales y un nivel de significancia estadística de 0.05. No obstante, la interpretación de los resultados se basó en la magnitud y la dirección de las estimaciones, en sus intervalos de confianza, en la consistencia entre modelos y en la plausibilidad epidemiológica, evitando inferencias causales debido al diseño observacional del estudio. Los análisis se realizaron en IBM SPSS Statistics, versión

Datos del grupo de Instituciones Públicas (TIP) y Acuarios (TA): se reportaron como frecuencias absolutas y porcentajes exclusivamente con fines descriptivos.

VIII. RESULTADOS

Se realizó una convocatoria abierta para invitar voluntariamente a participar en el estudio. Se recibieron interesados y se filtraron los que cumplían los criterios de selección. En total, se registraron 30 participaciones de casas, con una muestra de agua del hábitat y de la tortuga (60 muestras), y 30 muestras de instituciones públicas (el Parque El Cimatario y el Herpetario de la Facultad de Ciencias de la Universidad Autónoma de Querétaro) y acuarios, respectivamente.

Características de los hogares, convivencia y prácticas de higiene

La muestra de estudio incluyó a 30 participantes, predominando las mujeres (63.3%), los solteros (63.3%) y los con nivel de licenciatura (56.7%). La mayoría tenía entre 26 y 30 años (30%). En cuanto a la estructura del hogar, el 53.3% no reportó menores de 17 años en casa y el 60% vivía con dos adultos mayores de 18 años. En cuanto a antecedentes de salud, el 53.3% tenía algún familiar con enfermedad preexistente y el 26.7% había tenido fiebre tifoidea. Además, el 70% presentó dos episodios de enfermedad gastrointestinal en el último año y el 60% utilizó antibióticos al menos una vez durante ese período por infecciones gastrointestinales. La mayoría (70%) no contaba con desparasitación interna vigente. (Tabla 7).

Respecto al vínculo humano–animal y las condiciones de convivencia, la mayoría de los participantes refirió una relación afectiva estrecha con sus tortugas. El 86.7% estuvo totalmente de acuerdo en que la tortuga formaba parte de la familia y el 93.3% manifestó estar totalmente de acuerdo en que sentía afecto por ella. En cuanto a la forma de adquisición, las tortugas fueron obtenidas principalmente

mediante compra en mercados o tianguis (33.3%) y en acuarios, tiendas de mascotas o establecimientos sin atención veterinaria (33.3%), mientras que 26.7% fueron recibidas como regalo. Ninguna fue adquirida en una clínica veterinaria. En relación con las condiciones de alojamiento, el tipo de hábitat más frecuente fue el recipiente de plástico (53.3%), seguido de los tanques aptos para tortugas (33.3%). Además, el 76.7% de los hábitats se encontraban dentro de la vivienda, ya fuera en una habitación (46.7%) o en una zona general de la casa (30.0%). La convivencia sin contacto directo fue diaria para 70.0%, con contacto directo en un 53.3% a menudo y 16.7% diario. Además, el 56.7% reportó que la tortuga deambulaba libremente en casa a menudo y el 10.0% diariamente. En contraste, la deambulación fuera de la casa fue menos frecuente, con un 53.3% que indicó que nunca ocurría (Tabla 8).

Tabla 7. Características sociodemográficas y de salud de los participantes y de los hogares (n = 30).

Variable	Categoría	Frecuencia	Porcentaje
Edad	20-25	5	16.7
	26-30	9	30
	31-35	5	16.7
	36-40	5	16.7
	41-45	2	6.7
	46-50	0	0
	51-55	2	6.7
	56-60	2	6.7
Sexo	Mujer	19	63.3
	Hombre	11	36.7
Estatus Marital	Soltero	19	63.3
	En una relación	11	36.7
Nivel educativo	Preparatoria	7	23.3
	Licenciatura	17	56.7
	Posgrado	6	20
Menores de 17 años en casa	Ninguno	16	53.3
	Un menor	9	30

	Dos Menores	4	13.3
	Más de dos menores	1	3.3
Adultos mayores de 18 años que viven en el hogar.	Un adulto	4	13.3
	Dos adultos	18	60
	Tres adultos	7	23.3
	Más de tres adultos	1	3.3
Enfermedad preexistente autorreportada en algún integrante del hogar	No	14	46.7
	Sí	16	53.3
Antecedentes de fiebre tifoidea autoinformados	No	22	73.3
	Sí	8	26.7
Enfermedad gastrointestinal en los últimos 12 meses	Ninguno	2	6.7
	Una ocasión al año	7	23.3
	Dos ocasiones al año	21	70
Uso de antibióticos para tratar infecciones gastrointestinales en los últimos 12 meses.	Ninguno	5	16.7
	Una ocasión al año	18	60
	Dos ocasiones al año	7	23.3
Estado actual de desparasitación interna	No	21	70
	No lo recuerdo	3	10
	Sí	6	20

Tabla 8. Características de la convivencia en los hogares entre los propietarios y sus tortugas (n = 30).

Variable	Categoría	Frecuencia	Porcentaje
La tortuga es parte de la familia	Totalmente en desacuerdo	0	0
	En desacuerdo	0	0
	Ni en desacuerdo ni de acuerdo	1	3.3
	Algo de acuerdo	3	10
	Totalmente de acuerdo	26	86.7

El participante siente afecto por la tortuga	Totalmente en desacuerdo	0	0
	En desacuerdo	0	0
	Ni en desacuerdo ni de acuerdo	0	0
	Algo de acuerdo	2	6.7
	Totalmente de acuerdo	28	93.3
Forma de adquisición de la tortuga	Adopción	2	6.7
	Compra en un mercado o tianguis	10	33.3
	Compra en un acuario, tienda de mascotas o establecimientos sin veterinario	10	33.3
	Compra en una clínica veterinaria	0	0
	Me lo regaló un familiar o amigo	8	26.7
Tipo de hábitat de la tortuga	Terrario especial para tortugas	2	6.7
	En un tanque apto para tortugas	10	33.3
	En un recipiente de plástico	16	53.3
	En un estanque del jardín	2	6.7
Ubicación del hábitat de la tortuga	Dentro de la habitación	14	46.7
	Dentro de la casa, en una zona general	9	30
	Fuera de la casa	7	23.3
Frecuencia de convivencia sin contacto directo	Nunca	2	6.7
	Casi nunca (1-2 veces por semana)	6	20
	A menudo (3-5 veces por semana)	1	3.3
	Diariamente	21	70
Frecuencia de convivencia con contacto directo	Nunca	0	0
	Casi nunca (1-2 veces por semana)	9	30
	A menudo (3-5 veces por semana)	16	53.3
	Diariamente	5	16.7
Frecuencia de libre deambulaci3n dentro de la	Nunca	3	10
	Casi nunca (1-2 veces por semana)	7	23.3
	A menudo (3-5 veces por	17	56.7

casa	semana)		
	Diariamente	3	10
Frecuencia de libre deambulaci3n fuera de la casa	Nunca	16	53.3
	Casi nunca (1-2 veces por semana)	6	20
	A menudo (3-5 veces por semana)	3	10
	Diariamente	5	16.7

En cuanto a las pr3cticas de limpieza, manejo del agua e higiene, la limpieza profunda del h3bitat se realiz3 con mayor frecuencia una vez al mes (43.3%), seguida de cada dos semanas (30.0%) y una vez por semana (10.0%). Por otro lado, el cambio de agua sin limpieza profunda fue m3s habitual, con un 56.7% de participantes que lo hac3an cada dos semanas y un 33.3% una vez por semana. El lugar m3s utilizado para limpiar el h3bitat fue el fregadero de la cocina (56.7%), seguido del lavabo del ba3o (26.7%) y del fregadero del patio (16.7%). La mayor3a de los participantes indic3 desechar el agua residual en el desag3e dom3stico (86.7%). En cuanto al m3todo de limpieza, el 63.3% usaba solo agua, mientras que el 36.7% empleaba agua y jab3n. El uso de guantes durante la limpieza fue poco com3n, ya que el 73.3% no los utilizaba. Finalmente, solo el 43.3% se lavaba las manos despu3s de manipular la tortuga o limpiar el h3bitat, el 30.0% no lo hac3a y el 26.7% solo en algunas ocasiones (Tabla 9).

Tabla 9. Pr3cticas de limpieza del h3bitat, manejo del agua e higiene en los hogares con tortugas (n = 30)

Variable	Categor3a	Frecuencia	Porcentaje
Frecuencia de limpieza profunda del h3bitat de la tortuga	Una vez al a3o	1	3.3
	Cada seis meses	4	13.3
	Una vez al mes	13	43.3
	Cada dos semanas	9	30
	Una vez a la semana	3	10
Cambio de agua sin limpieza profunda	Una vez al a3o	0	0
	Cada seis meses	0	0
	Una vez al mes	3	10

	Cada dos semanas	17	56.7
	Una vez a la semana	10	33.3
Lugar utilizado para la limpieza del hábitat	Lavabo del baño	8	26.7
	Fregadero de la cocina	17	56.7
	Fregadero del patio	5	16.7
Lugar de disposición del agua residual	Desagüe doméstico	26	86.7
	Jardín	4	13.3
Método de limpieza	Solo agua	19	63.3
	Agua y jabón	11	36.7
Uso de guantes durante la limpieza del hábitat	No	22	73.3
	A veces	5	16.7
	Sí	3	10
Lavado de manos posterior al contacto con la tortuga y/o limpieza del hábitat	No	9	30
	A veces	8	26.7
	Sí	13	43.3

Detección de bacterias y ARGs en muestras de tortuga y agua

En las muestras procedentes de acuarios e instituciones públicas, la detección bacteriana fue baja. *Salmonella spp.* se identificó únicamente en muestras de tortuga provenientes de instituciones públicas, con 2 positivas de 30 evaluadas (6.7%). *Enterococcus spp.* se detectó únicamente en agua de instituciones públicas, con 1 muestra positiva de 30 (3.3%). No se detectaron muestras positivas para *Campylobacter spp.*, *Yersinia spp.* ni *Escherichia coli* en ninguno de los grupos evaluados (Tabla 10).

Tabla 10. Frecuencia de bacterias detectadas en muestras de agua y de tortugas de acuarios e instituciones públicas.

Bacteria	Agua de acuario n/N (%)	Agua de institución pública n/N (%)	Tortuga de acuario n/N (%)	Tortuga de institución pública n/N (%)	Total n/N (%)
<i>Salmonella spp.</i>	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	2/30 (6.7)	2/120 (1.7)
<i>Campylobacter spp.</i>	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	0/120 (0.0)
<i>Yersinia spp.</i>	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	0/120 (0.0)
<i>Escherichia coli</i>	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	0/120 (0.0)
<i>Enterococcus spp.</i>	0/30 (0.0)	1/30 (3.3)	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	1/120 (0.8)

Los porcentajes se calcularon para cada categoría de origen y de tipo de muestra. Cada grupo incluyó 30 muestras. La detección se reporta como la proporción de muestras positivas respecto del total de muestras evaluadas en cada grupo.

En muestras de acuarios e instituciones públicas, la detección de genes de resistencia antimicrobiana varió según el origen y el tipo de muestra. El gen *blaTEM-1* se encontró principalmente en muestras de agua y en tortugas de acuarios (76.7% y 73.3%), pero fue escaso en instituciones públicas (10.0%). El *tetW* prevaleció en muestras de instituciones públicas, tanto en agua (83.3%) como en tortugas (80.0%), sin detectarse en acuarios. Los genes *cfxA* y *tetM* solo en tortugas públicas (6.7%). No se detectaron *ermC* ni *tetQ* en ningún grupo (Tabla 11).

Tabla 11. Frecuencia de ARGS detectadas en muestras de agua y de tortugas de acuarios e instituciones públicas.

Gen RAM / ARG	Agua de acuario n/N (%)	Agua de institución pública n/N (%)	Tortuga de acuario n/N (%)	Tortuga de institución pública n/N (%)	Total n/N (%)
<i>blaTEM-1</i>	23/30 (76.7)	0/30 (0.0)	22/30 (73.3)	3/30 (10.0)	48/120 (40.0)
<i>cfxA</i>	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	2/30 (6.7)	2/120 (1.7)
<i>ermC</i>	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	0/120 (0.0)
<i>tetM</i>	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	2/30 (6.7)	2/120 (1.7)

<i>tetQ</i>	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	0/30 (0.0)	0/120 (0.0)
<i>tetW</i>	0/30 (0.0)	25/30 (83.3)	0/30 (0.0)	24/30 (80.0)	49/120 (40.8)

Los porcentajes se calcularon para cada categoría de origen y de tipo de muestra. Cada grupo incluyó 30 muestras. La detección se reporta como el número de muestras positivas dividido por el total de muestras evaluadas en cada grupo. ARGs: gen asociado a la resistencia antimicrobiana.

En la comparación no ajustada, la presencia de al menos una bacteria fue mayor en agua (70.0%) que en tortuga (60.0%), con una diferencia de 10 puntos porcentuales y una RP de 1.2 (IC95%: 0.8–1.7). *Salmonella spp.* fue más frecuente en agua (36.7%) que en tortuga (36.7%) ($\Delta=20$ pp; RP: 1.5; IC95%: 0.9–2.7). *Yersinia spp.* también fue más común en agua (40.0% vs. 30.0%), mientras que *Campylobacter spp.* fue ligeramente más en tortuga (36.7% vs. 30.0%). Los ARGs de al menos un gen RAM se detectaron en ambos, más en agua (96.7%) que en tortuga (90.0%). Los genes *bla*TEM-1, *ermC*, *tetQ* y *tetW* fueron más frecuentes en agua, destacando *ermC* (43.3% vs. 20.0%; $\Delta=23.3$ pp; RP: 2.2; IC95%: 1.0–4.9). *CfxA* fue ligeramente más en tortuga (30.0%) que en agua (26.7%) (Tabla 12).

Tabla 12. Comparación descriptiva no ajustada de la detección bacteriana y de los ARGs entre muestras de agua y de tortuga.

Variable	Agua n/N (%)	Tortuga n/N (%)	Δ pp	RP no ajustada Agua/Tortuga (IC del 95%)	OR no ajustada Agua/Tortuga (IC del 95%)
Presencia de ≥ 1 bacteria	21/30 (70.0%)	18/30 (60.0%)	10.0	1.2 (0.8-1.7)	1.6 (0.5-4.5)
<i>Salmonella spp.</i>	17/30 (56.7%)	11/30 (36.7%)	20.0	1.5 (0.9-2.7)	2.3 (0.7-6.4)
<i>Campylobacter spp.</i>	9/30 (30.0%)	11/30 (36.7%)	-6.7	0.8 (0.4-1.7)	0.7 (0.3-2.2)
<i>Yersinia spp.</i>	12/30 (40.0%)	9/30 (30.0%)	10.0	1.3 (0.7-2.7)	1.6 (0.5-4.5)
Detección de ≥ 1 ARG	29/30 (96.7%)	27/30 (90.0%)	6.7	1.1 (0.9-1.2)	3.2 (0.3-33.3)
<i>bla</i> TEM-1	17/30 (56.7%)	12/30 (40.0%)	16.7	1.4 (0.8-2.4)	2.0 (0.7-5.5)
<i>ermC</i>	13/30 (43.3%)	6/30 (20.0%)	23.3	2.2 (1.0-4.9)	3.1 (1.0-9.6)
<i>cfxA</i>	8/30 (26.7%)	9/30 (30.0%)	-3.3	0.9 (0.4-2.0)	0.8 (0.3-2.6)
<i>tetQ</i>	20/30 (66.7%)	19/30 (63.3%)	3.3	1.1 (0.7-1.5)	1.2 (0.4-3.3)
<i>tetW</i>	10/30 (33.3%)	8/30 (26.7%)	6.7	1.3 (0.6-2.7)	1.4 (0.5-4.2)

RP: razón de prevalencias; OR: razón de momios; IC95%: intervalo de confianza al 95%; Δ pp: diferencia en puntos porcentuales, calculada como agua menos tortuga. Las RP y OR no ajustadas se presentan con fines descriptivos y no incorporan formalmente la correlación entre las muestras procedentes del mismo hogar. La presencia de ≥ 1 bacteria se definió como la detección de al menos una bacteria de interés. La detección de ≥ 1 gen ARGs se definió como la presencia de al menos uno de los genes asociados con resistencia antimicrobiana evaluados: *bla*TEM-1, *ermC*, *cfxA*, *tetQ* y *tetW*.

Asociación entre detección microbiológica, genes RAM y factores de manejo/higiene

En los modelos GEE binomial-logit utilizados para comparar la detección microbiológica entre muestras de agua y de tortuga, la presencia de al menos una bacteria mostró mayores OR de detección en agua, aunque esta diferencia no fue estadísticamente significativa (OR GEE = 1.56; IC95%: 0.96–2.51; $p = 0.070$). Entre las bacterias evaluadas, *Salmonella spp.* registró una detección significativamente mayor en muestras de agua que en muestras de tortuga (OR GEE = 2.26; IC95%: 1.11–4.61; $p = 0.025$). En contraste, *Campylobacter spp.* mostró una tendencia en sentido opuesto, con una OR de detección menor en agua, aunque sin significancia estadística (OR GEE = 0.74; IC95%: 0.32–1.70; $p = 0.477$). Para *Yersinia spp.*, los OR de detección fueron mayores en agua, pero la asociación tampoco fue significativa (OR GEE = 1.56; IC95%: 0.83–2.92; $p = 0.170$). Respecto a los ARGs, la detección de ≥ 1 ARGs fue mayor en agua, aunque con un amplio intervalo de confianza y sin significancia estadística (OR GEE = 3.22; IC95%: 0.61–16.90; $p = 0.166$). De manera individual, *ermC* mostró una detección significativamente mayor en muestras de agua que en muestras de tortuga (OR GEE = 3.06; IC95%: 1.12–8.39; $p = 0.030$), mientras que *blaTEM-1* presentó una tendencia no significativa a una mayor detección en muestras de agua (OR GEE = 1.96; IC95%: 0.91–4.23; $p = 0.086$). Los genes *cfxA*, *tetQ* y *tetW* no mostraron diferencias estadísticamente significativas entre ambos tipos de muestra (Tabla 13).

Tabla 13. Comparación de la detección bacteriana y ARGs entre muestras de agua y tortuga

Resultado	GEE OR Agua vs. Tortuga (CI 95%)	Valor p
Presencia de ≥ 1 bacteria	1.56 (0.96–2.51)	0.07
<i>Salmonella spp.</i>	2.26 (1.11–4.61)	0.025
<i>Campylobacter spp.</i>	0.74 (0.32–1.70)	0.477
<i>Yersinia spp.</i>	1.56 (0.83–2.92)	0.17
Detección de ≥ 1 ARG	3.22 (0.61–16.90)	0.166
<i>blaTEM-1</i>	1.96 (0.91–4.23)	0.086
<i>ermC</i>	3.06 (1.12–8.39)	0.03

<i>cfxA</i>	0.85 (0.36–1.99)	0.705
<i>tetQ</i>	1.16 (0.61–2.20)	0.654
<i>tetW</i>	1.38 (0.64–2.94)	0.411

Los resultados obtenidos en la comparación pareada de los recuentos microbiológicos se registraron: la mediana del número de bacterias detectadas fue la misma en muestras de agua y de tortuga [1.00 (IQR: 0.00–2.00) en ambos casos]. Aunque en ocho pares el recuento bacteriano fue mayor en agua y en tres fue mayor en tortuga, con 19 empates, la diferencia pareada no alcanzó significancia estadística ($Z = -1.71$; $p = 0.088$). En el caso de los ARGs, la mediana también fue de 2.00 en ambos tipos de muestra; sin embargo, el rango intercuartílico fue mayor en agua [2.00 (IQR: 1.00–3.00)] que en tortuga [2.00 (IQR: 1.00–2.00)]. Además, 14 pares presentaron un mayor número de ARGs detectados en agua, frente a tres pares con mayor recuento en tortuga y 13 empates. Esta diferencia pareada fue estadísticamente significativa ($Z = -2.74$; $p = 0.006$) (Tabla 14).

Tabla 14. Comparación pareada del número de bacterias y ARGs detectados entre muestras de agua y tortuga

Resultado	Agua, mediana (IQR)	Tortuga, mediana (IQR)	Agua > Tortuga, n	Tortuga > Agua, n	Empates, n	Wilcoxon Z	Valor p
Número de bacterias detectadas	1.00 (0.00–2.00)	1.00 (0.00–2.00)	8	3	19	-1.71	0.088
Número de ARGs detectados	2.00 (1.00–3.00)	2.00 (1.00–2.00)	14	3	13	-2.74	0.006

IQR: rango intercuartílico; ARGs: genes de resistencia antimicrobiana. Las comparaciones se realizaron mediante la prueba de rangos con signo de Wilcoxon para muestras pareadas. Cada par correspondió a un hogar con una muestra de agua del hábitat y otra de tortuga. “Agua > tortuga” indica el número de pares en los que el recuento fue mayor en la muestra de agua; “Tortuga > agua” indica el número de pares en los que el recuento fue mayor en la muestra de tortuga; los empates indican recuentos iguales en ambas muestras. Los valores p son bilaterales. El número de ARGs se calculó a partir de los genes blaTEM-1, ermC, cfxA, tetQ y tetW.

Respecto a la asociación entre los hábitos de higiene y el número de bacterias y ARGs se obtuvieron por medio de los modelos GEE Poisson para desenlaces

de conteo, el tipo de muestra mostró patrones consistentes entre los modelos. En cuanto al número de bacterias detectadas, las muestras de agua presentaron un conteo esperado mayor que el de las muestras de tortuga, aunque esta diferencia no alcanzó significancia estadística en ninguno de los modelos evaluados (ECR = 1.23; IC95%: 0.98–1.54; $p = 0.077$). En los modelos separados, el cambio semanal de agua se asoció con un conteo esperado de bacterias menor en comparación con el cambio no semanal (ECR = 0.30; IC95%: 0.13–0.72; $p = 0.007$), lo que corresponde a una reducción relativa del 70.0% en el conteo esperado. De forma similar, la limpieza profunda quincenal o semanal se asoció con un menor conteo bacteriano esperado en comparación con la limpieza mensual o menos frecuente (ECR = 0.17; IC95%: 0.07–0.44; $p < 0.001$), equivalente a una reducción relativa de 83.1%. En el modelo combinado de sensibilidad para bacterias, el efecto del cambio de agua se atenuó y dejó de ser significativo (ECR = 0.69; IC95%: 0.30–1.58; $p = 0.383$), mientras que la limpieza profunda frecuente mantuvo una asociación significativa con un menor conteo bacteriano esperado (ECR = 0.21; IC95%: 0.07–0.63; $p = 0.006$) (Tabla 9). Por su parte, en cuanto al número de ARGs detectados, las muestras de agua presentaron un conteo esperado significativamente mayor que el de las muestras de tortuga (ECR = 1.26; IC95%: 1.09–1.46; $p = 0.002$), equivalente a un incremento relativo del 25.9%. En los modelos separados, el cambio semanal de agua se asoció con un menor conteo esperado en comparación con el cambio no semanal (ECR = 0.65; IC95%: 0.45–0.95; $p = 0.028$), mientras que la limpieza profunda quincenal o semanal mostró una asociación más marcada con un menor conteo esperado de genes RAM (ECR = 0.45; IC95%: 0.32–0.62; $p < 0.001$). En el modelo combinado de sensibilidad, el cambio semanal de agua no mostró una asociación independiente con el número de genes RAM detectados (ECR = 1.06; IC95%: 0.78–1.43; $p = 0.714$), mientras que la limpieza profunda frecuente conservó una asociación significativa con un menor conteo esperado de genes RAM (ECR = 0.43; IC95%: 0.29–0.64; $p < 0.001$). En conjunto, estos resultados indican que la limpieza profunda frecuente fue el factor de manejo

más consistentemente asociado a menores conteos bacterianos y de genes RAM en los modelos evaluados (Tabla 15).

Tabla 15. Modelos GEE de Poisson para el número de bacterias y de ARGs detectados según el tipo de muestra y las prácticas de higiene del hábitat en los hogares.

Desenlace	Modelo	Predictor	Comparación	ECR	IC95%	p
Número de bacterias positivas	Modelo separado 1	Tipo de muestra	Agua vs tortuga	1.226	0.978–1.536	0.077
		Cambio de agua	Semanal vs no semanal	0.3	0.125–0.721	0.007
	Modelo separado 2	Tipo de muestra	Agua vs tortuga	1.226	0.978–1.536	0.077
		Limpieza profunda	Quincenal/semanal vs mensual o menos frecuente	0.169	0.066–0.435	<0.001
Número de genes ARGs positivos	Modelo separado 3	Tipo de muestra	Agua vs tortuga	1.259	1.087–1.459	0.002
		Cambio de agua	Semanal vs no semanal	0.652	0.446–0.954	0.028
	Modelo separado 4	Tipo de muestra	Agua vs tortuga	1.259	1.087–1.459	0.002
		Limpieza profunda	Quincenal/semanal vs mensual o menos frecuente	0.447	0.322–0.619	<0.001
Número de bacterias positivas	Modelo combinado 5	Tipo de muestra	Agua vs tortuga	1.226	0.978–1.536	0.077
		Cambio de agua	Semanal vs no semanal	0.692	0.303–1.583	0.383
		Limpieza profunda	Quincenal/semanal vs mensual o menos frecuente	0.206	0.067–0.633	0.006
Número de genes ARGs positivos	Modelo combinado 6	Tipo de muestra	Agua vs tortuga	1.259	1.087–1.459	0.002
		Cambio de agua	Semanal vs no semanal	1.058	0.781–1.434	0.714
		Limpieza profunda	Quincenal/semanal vs mensual o menos frecuente	0.433	0.294–0.638	<0.001

GEE: ecuaciones de estimación generalizadas; ECR: razón de conteos esperados; IC95%: intervalo de confianza del 95%; ARGs: genes de resistencia antimicrobiana. El ECR corresponde a $\text{Exp}(B)$ del modelo GEE de Poisson y representa la razón entre los conteos esperados de los grupos comparados. Los modelos fueron ajustados con distribución de Poisson, enlace log, errores estándar robustos, estructura de correlación de trabajo independiente, casa como variable de agrupamiento y tipo de muestra como variable intrasujeto. Las categorías de referencia fueron muestra de tortuga, cambio de agua no semanal y limpieza profunda mensual o menos frecuente. Los modelos separados incluyeron el tipo de muestra y la práctica de manejo del hábitat. Los modelos combinados incluyeron simultáneamente el tipo de muestra, el cambio de agua y la limpieza profunda, y se interpretaron como análisis de sensibilidad debido a la asociación entre el cambio semanal de agua y la

limpieza profunda frecuente. Un $ECR > 1$ indica un conteo esperado mayor, mientras que un $ECR < 1$ indica un conteo esperado menor que el de la categoría de referencia.

I. DISCUSIÓN

El presente estudio permitió identificar la presencia de bacterias zoonóticas de importancia clínica, así como de genes asociados a la resistencia antimicrobiana (ARGs) en muestras gastrointestinales de tortugas domésticas de la especie *Trachemys scripta scripta* y en el agua de sus hábitats. Estos hallazgos son relevantes en el contexto de la salud pública, ya que los reptiles han sido señalados como reservorios de bacterias patógenas con potencial de transmisión a humanos, particularmente en condiciones de tenencia doméstica sin medidas adecuadas de higiene y manejo (Dec *et al.*, 2022).

La bacteria más prevalente en las muestras fue *Salmonella spp.*, seguida de *Campylobacter spp.*, *Yersinia spp.* y, con menor frecuencia, *Enterococcus spp.* Estos resultados son consistentes con lo reportado por Dec *et al.* (2022), quienes indicaron que todos los reptiles deben considerarse posibles reservorios de *Salmonella* y recomendaron medidas estrictas de higiene para prevenir la transmisión zoonótica. La ausencia de *E. coli* en las muestras contrasta con lo observado en otros estudios en los que esta bacteria es común en reptiles; sin embargo, esto podría explicarse por las condiciones específicas de las muestras o por las técnicas de detección utilizadas, que podrían constituir un principal artificio de la falta de detección de esta bacteria.

La presencia de *Campylobacter* en las tortugas es relevante, se ha documentado que este patógeno no es frecuente en quelonios. No obstante, De Luca *et al.* (2020) reportaron la posibilidad de aislar cepas patógenas de *Campylobacter* en reptiles, lo cual coincide con los resultados obtenidos en las muestras TM-10 y TM-11.

La detección del gen *ail* como marcador de *Yersinia enterocolitica* también aporta evidencia de la capacidad de estas bacterias para colonizar ambientes acuáticos compartidos con reptiles. El gen *ail* codifica una proteína de la membrana externa involucrada en los procesos de adhesión e invasión celulares, lo que explica su papel en la virulencia del patógeno (Chlebicz &

Ślizewska, 2020).

En cuanto al perfil de resistencia, se detectaron múltiples genes asociados a la resistencia a antibióticos comúnmente utilizados. El gen *bla*TEM-1, asociado a resistencia a β -lactámicos, fue el más prevalente, seguido de *tetW*, *ermC*, *tetQ* y, en menor proporción, *cfxA*. La coexistencia de varios genes de resistencia en una misma muestra indica una alta carga genética de ARGs, lo que representa un riesgo sanitario debido al contacto frecuente entre estos animales y los seres humanos (Laborda *et al*, 2022).

Estudios recientes han alertado sobre la diseminación de ARGs en microbiotas ambientales y animales, en las que los plásmidos y otros elementos móviles desempeñan un papel clave en la transferencia horizontal de genes entre especies bacterianas (Vinayamohan *et al.*, 2022; Li *et al.*, 2021). En este sentido, los resultados del presente trabajo coinciden con investigaciones como las de Cardoso *et al.*, (2023), quienes demostraron la presencia de genes multirresistentes en bacterias aisladas de animales exóticos, incluidos reptiles, y su potencial de transmisión a los humanos.

El análisis por grupo de procedencia (mascotas, instituciones públicas y acuarios) mostró una mayor diversidad bacteriana y de ARGs en las tortugas mantenidas como mascotas. Esta observación es coherente con lo reportado por Reséndiz-Nava *et al.* (2019), quienes encontraron que el contacto cercano entre humanos y animales domésticos favorece la adquisición y diseminación de genes de resistencia, especialmente cuando no existen prácticas adecuadas de bioseguridad y de manejo responsable de antimicrobianos.

La detección coincidente de las mismas bacterias y ARGs en muestras del animal y del agua de su hábitat indica una posible circulación de microorganismos y factores de resistencia entre estos compartimentos. Este hallazgo está en línea con estudios que reportan contaminación bacteriana en el agua de acuarios de tortugas de compañía y con la evidencia de que los

ambientes acuáticos, especialmente cuando desarrollan biofilms o tienen higiene deficiente, pueden promover la persistencia y dispersión de bacterias resistentes y ARGs (Abe *et al.*, 2020; Faundez *et al.*, 2026)

Los resultados obtenidos tienen implicaciones significativas para la salud pública, ya que tener tortugas como mascotas representa un riesgo subestimado de transmisión zoonótica, especialmente en hogares con niños, personas inmunocomprometidas o sin conocimiento de las medidas básicas de manejo. Según la CDC (2022), un número considerable de brotes de salmonelosis en humanos han sido relacionados con reptiles domésticos, lo que refuerza la importancia de los hallazgos del presente estudio.

La presencia de ARGs en cepas bacterianas zoonóticas sugiere, además, un riesgo adicional: el tratamiento de infecciones derivadas del contacto con estos animales podría resultar ineficaz con los antibióticos de primera línea, lo que prolongaría la enfermedad y facilitaría complicaciones clínicas.

Los resultados de este estudio subrayan la importancia de las tortugas como mascotas, al actuar como reservorios de bacterias con potencial zoonótico y, al mismo tiempo, al fungir como fuente de exposición indirecta a través del agua del hábitat. Esta situación representa un doble riesgo para la salud pública y el medio ambiente. La mayor detección de *Salmonella spp.* se observó en muestras de agua, en comparación con las obtenidas directamente del muestreo de las tortugas. Esto es coherente con la capacidad de los reptiles para portar bacterias entéricas de manera asintomática y con su eliminación al medio ambiente a través de sus heces. Esta observación coincide con lo reportado por Muslin *et al.* (2025) los cuales demostraron que los reptiles son reservorios para *Salmonella spp.* y que la salmonelosis presente en humanos expuestos está relacionada con reptiles representando un importante problema de salud pública al subestimarse esta fuente de contaminación lo que desencadena que no se atiende con la seriedad suficiente, especialmente en contextos de tenencia doméstica donde las medidas de higiene y prácticas de

manejo son descuidadas o insalubres. Además, Pino-Vera *et al.* (2025) evidenciaron la presencia de bacterias potencialmente zoonóticas en tortugas acuáticas exóticas, incluyendo *Salmonella spp.*, *Yersinia enterocolitica*, *Escherichia coli* con genes de virulencia y otros microorganismos clínicamente relevantes. En conjunto, estos resultados sugieren que el riesgo microbiológico no se atribuye únicamente al animal, sino a un sistema integrado que incluye al animal, el agua en la que vive, el hábitat en el que se desenvuelve y las prácticas humanas. Desde esta perspectiva, el agua del hábitat actúa como una interfaz ambiental en la que se acumulan, persisten y potencialmente se exponen microorganismos, especialmente en situaciones de contacto frecuente, en las que las tortugas tienen la libertad de deambular dentro del hábitat o en espacios domésticos como fregaderos o lavados, donde se realiza la limpieza del hábitat.

La elevada detección de ARGs en muestras de agua amplía la interpretación del problema hacia una dimensión claramente ambiental y desde el enfoque One Health. Este hallazgo es consistente con estudios recientes que han documentado la presencia de bacterias resistentes tanto en testudines como en sus hábitats acuáticos. Mlangeni *et al.* (2025) reportaron la presencia de *E. coli* en muestras cloacales de testudines y en sedimentos de los cuerpos de agua analizados, así como de genes de virulencia y de resistencia antimicrobiana, lo que respalda la hipótesis de que el entorno acuático actúa como reservorio y como punto de intercambio microbiano. En otro estudio, Song *et al.* (2023) describieron aislamientos de *Salmonella* de reptiles cautivos con perfiles variables de resistencia a múltiples antibióticos y alto potencial citotóxico, lo que subraya que la presencia de bacterias zoonóticas en reptiles no solo implica un riesgo infeccioso, sino también el riesgo asociado a la resistencia antimicrobiana y las graves consecuencias que ello conlleva para el tratamiento de las infecciones. En el presente estudio, la asociación entre la limpieza profunda frecuente y un menor conteo de bacterias y de ARGs sugiere que las prácticas de manejo del hábitat modifican la carga microbiológica ambiental. Este resultado coincide con el realizado por Ventero *et al.* (2024) quienes

reportaron que los ambientes donde se alojan animales pueden comportarse como reservorios relevantes de bacterias resistentes a los antibióticos de interés clínico y que la vigilancia debe integrar muestras de animales, ambientales y de los residuos. Por lo tanto, las intervenciones preventivas deben ir más allá de simplemente recomendar evitar el contacto con la tortuga. También deberían incluir educación sobre la limpieza profunda, la disposición segura del agua residual, la higiene de manos, el uso de barreras durante la limpieza y el mantenimiento de una separación estricta entre las áreas de manejo de animales y las de preparación de alimentos.

Es importante considerar algunas limitaciones del presente estudio. En primer lugar, el tamaño de la muestra en algunos grupos fue limitado, lo que pudo influir en la amplitud de los intervalos de confianza observados en determinadas estimaciones de prevalencia. Además, la detección de ARGs se realizó mediante métodos moleculares, lo que permite identificar la presencia de los genes, pero no necesariamente confirma su expresión fenotípica en todos los casos. No obstante, los resultados obtenidos proporcionan evidencia relevante sobre la circulación de bacterias zoonóticas y de genes de resistencia antimicrobiana en tortugas y en su ambiente, lo que contribuye al conocimiento epidemiológico en este campo.

IX. CONCLUSIÓN

En conjunto, los hallazgos del presente estudio sugieren que las tortugas mascotas y su ambiente acuático pueden actuar como reservorios de bacterias zoonóticas y de ARGs. La coexistencia de estos microorganismos y de los determinantes genéticos resalta la importancia de fortalecer las estrategias de vigilancia microbiológica desde el enfoque One Health, con el objetivo de prevenir la diseminación de bacterias resistentes y reducir los riesgos potenciales para la salud pública. A futuro, sería recomendable ampliar el análisis mediante técnicas como la secuenciación masiva y realizar estudios longitudinales que evalúen la persistencia y la evolución de estos microorganismos en distintos contextos ecológicos y sociales.

X. BIBLIOGRAFÍA

- Abe, K., Nomura, N., & Suzuki, S. (2020). Biofilms: Hot spots of horizontal gene transfer (HGT) in aquatic environments, with a focus on a new HGT mechanism. *FEMS Microbiology Ecology*, 96(5), fiae031. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiae031>
- Alcalá L, Carmen B., García J.E & Milagros R. (2004) Bacterias anaerobias. Recomendaciones de la Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica. https://campus.usal.es/~micromed/Practicas_odontologia/unidades/bibliografia/anaerobios.pdf
- Alvarado M. (2019) Desarrollo de un método multidiagnóstico para la detección de bacterias causantes de enfermedades gastrointestinales zoonóticas, en muestras de humanos y perros. Facultad de Medicina. Universidad Autónoma de Querétaro. <https://ri-ng.uaq.mx/handle/123456789/3592>
- American Pet Products Association. (2020). 2019–2020 APPA National Pet Owners Survey. Citado en Insurance Information Institute. Number of U.S. households that own a pet, by type of animal: Archived tables.
- Aminov R. I. (2011). Horizontal gene exchange in environmental microbiota. *Frontiers in microbiology*, 2, 158. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2011.00158>
- Back, D. S., Shin, G. W., Wendt, M., & Heo, G. J. (2016). Prevalence of *Salmonella* spp. in pet turtles and their environment. *Laboratory animal research*, 32(3), 166–170. <https://doi.org/10.5625/lar.2016.32.3.166>
- Bolton, D. J. (2022). *Campylobacter* virulence and survival factors. *Food Microbiology*, 102, 103927. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2021.103927>
- Bush L. (2024) Infecciones por *Campylobacter* FACP, Charles E. Schmidt College of Medicine, Florida Atlantic University <https://www.msmanuals.com/es/professional/enfermedades-infecciosas/bacilos-gramnegativos/infecciones-por-campylobacter>
- Calvo P. (2017) El vínculo entre el ser humano y los animales: aspectos psicológicos y psicopatológicos. Universidad Autónoma de Barcelona. <https://www.tdx.cat/handle/10803/454806>
- Cardoso, S., Le Loc'h, A., Marques, I., Almeida, A., Sousa, S., Saavedra, M. J., Anastácio, S., & Silveira, E. (2023). Unveiling the emergence of multidrug-resistant pathogens in exotic pets from France: A comprehensive study (2017–2019). *One Health Implementation Research*, 3, 161–176. <https://doi.org/10.20517/ohir.2023.30>

- Carpio J.L, Villareal M.T. & Hernández M.C. (2021) Posesión de animales exóticos y enfermedades zoonóticas: una aproximación del contexto mexicano. *Sociedad y ambiente*, 24, 2021, ISSN: 2007-6576, pp. 1-31. <https://doi.org/10.31840/sya.vi24.2414>
- Chávez-Castillo A., Arreguín-Espinoza R., Cifuentes-Blanco J. & Rodríguez Bustamante E. (2017) ¿Cómo funcionan los microbios? *Ciencia*. Vol. 68 num. 2 pp. 30 https://www.amc.edu.mx/revistaciencia/images/revista/68_2/PDF/FuncionMicrobios.pdf
- Chlebicz, A., & Śliżewska, K. (2018). Campylobacteriosis, Salmonellosis, Yersiniosis, and Listeriosis as Zoonotic Foodborne Diseases: A Review. *International journal of environmental research and public health*, 15(5), 863. <https://doi.org/10.3390/ijerph15050863>
- Christaki, E., Marcou, M., & Tofarides, A. (2020). Antimicrobial Resistance in Bacteria: Mechanisms, Evolution, and Persistence. *Journal of molecular evolution*, 88(1), 26–40. <https://doi.org/10.1007/s00239-019-09914-3>
- Cota, J. B., Carvalho, A. C., Dias, I., Reisinho, A., Bernardo, F., & Oliveira, M. (2021). Salmonella spp. in Pet Reptiles in Portugal: Prevalence and Chlorhexidine Gluconate Antimicrobial Efficacy. *Antibiotics* (Basel, Switzerland), 10(3), 324. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10030324>
- Daza R.M (2015) Resistencia Bacteriana a Antimicrobianos: su importancia en la toma de decisiones en la práctica diaria. Hospital Universitario Clínica Puerta de Hierro. Madrid. <https://www.sanidad.gob.es/gl/biblioPublic/publicaciones/docs/bacterias.pdf>
- De Luca, C., Iraola, G., Apostolakis, I., Boetto, E., & Piccirillo, A. (2020). Occurrence and diversity of Campylobacter species in captive chelonians. *Veterinary microbiology*, 241, 108567. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2019.108567>
- Dec, M., Stepien-Pysniak, D., Szczepaniak, K., Turchi, B., & Urban-Chmiel, R. (2022). Virulence Profiles and Antibiotic Susceptibility of Escherichia coli Strains from Pet Reptiles. *Pathogens* (Basel, Switzerland), 11(2), 127. <https://doi.org/10.3390/pathogens11020127>
- Dec, M., Zając, M., Puchalski, A., Szczepaniak, K., & Urban-Chmiel, R. (2022). Pet Reptiles in Poland as a Potential Source of Transmission of Salmonella. *Pathogens* (Basel, Switzerland), 11(10), 1125. <https://doi.org/10.3390/pathogens11101125>
- Díaz M. (2020) Human-Animal bond. What kind of love is that? Universidad de Flores, Laboratorio de Investigación en Antrozología de Buenos Aires. CALIDAD DE VIDA Y SALUD 2020-, Vol.13, No. Especial;

- Dmitric, M., Vidanovic, D., Matovic, K., Tesovic, B., Sekler, M., Vicic, I., & Karabasil, N. (2023). Development of a novel invA gene-based real-time PCR assay for the detection of Salmonella in food. *Czech Journal of Food Sciences*, 41(4), 287-294. https://www.agriculturejournals.cz/artkey/cjf-202304-0006_development-of-a-novel-inva-gene-based-real-time-pcr-assay-for-the-detection-of-salmonella-in-food.php?back=%2Fsearch.php?query%3Dcustomer%2Bio%2Bdata%2Bbreach%2B%25E3%2B%2BVisit%2BSig8.com%25E3%2B%2B9ZP42K8.4rca%26sfrom%3D1350%26spage%3D30
- Dodson D. (2023). Zoonotic Disease. UC Davies Health. <https://health.ucdavis.edu/conditions/infectious-diseases/zoonotic-diseases>
- Durich J. (2000) Resistencia Bacteriana a los antibióticos. *Medicina Integral*, Vol. 36, Núm. 10, pp 367-369. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=3592047>
- Esposito, M. M., Turku, S., Lehrfield, L., & Shoman, A. (2023). The Impact of Human Activities on Zoonotic Infection Transmissions. *Animals : an open access journal from MDPI*, 13(10), 1646. <https://doi.org/10.3390/ani13101646>
- Faundez, F., Caro-Jara, H., & Cornejo-Katz, F. (2026). Animal-human interfaces and emerging zoonoses: Salmonella in pet turtles in Concepción, Chile. *Frontiers in Veterinary Science*. <https://doi.org/10.3389/fvets.2026.1783800>
- Gambino-Shirley, K., Stevenson, L., Concepción-Acevedo, J., Trees, E., Wagner, D., Whitlock, L., Roberts, J., Garrett, N., Van Duyne, S., McAllister, G., Schick, B., Schlater, L., Peralta, V., Reporter, R., Li, L., Waechter, H., Gomez, T., Fernández Ordenes, J., Ulloa, S., Ragimbeau, C., ... Nichols, M. (2018). Flea market finds and global exports: Four multistate outbreaks of human Salmonella infections linked to small turtles, United States-2015. *Zoonoses and public health*, 65(5), 560–568. <https://doi.org/10.1111/zph.12466>
- Gomes, T. A., Elias, W. P., Scaletsky, I. C., Guth, B. E., Rodrigues, J. F., Piazza, R. M., Ferreira, L. C., & Martinez, M. B. (2016). Diarrheagenic Escherichia coli. *Brazilian journal of microbiology : [publication of the Brazilian Society for Microbiology]*, 47 Suppl 1(Suppl 1), 3–30. <https://doi.org/10.1016/j.bjm.2016.10.015>
- González G. (2017) Manejo y crianza de tortugas en cautiverio. Universidad Autónoma de Tabasco. <https://biblioteca.semarnat.gob.mx/janium/Documentos/Ciga/libros2009/CD001351.pdf>

- González-Hein, G., Huaracán, B., García, P., & Figueroa, G. (2014). Prevalence of virulence genes in strains of *Campylobacter jejuni* isolated from human, bovine and broiler. *Brazilian journal of microbiology : [publication of the Brazilian Society for Microbiology]*, 44(4), 1223–1229. <https://doi.org/10.1590/s1517-83822013000400028>
- Grimont P.A.D & Weill F.-X. (2007). Antigenic Formulae of the Salmonella Serovars, Ninth Edition, World Health Organization Collaborating Centre for Reference and Research on Salmonella. Institut Pasteur, Paris, France. https://www.pasteur.fr/sites/default/files/veng_0.pdf
- Gutiérrez M.C., Fernández L.L., Sendoya J.D., Ramírez M.F., Ortiz J.D. & Caviedes G. (2022) Perfil epidemiológico de la infección por enterococcus spp en un hospital regional. Facultad de Medicina, Universidad Surcolombiana. Neiva Huila
- Guyard-Nicodème, M., Anis, N., Naguib, D., Viscogliosi, E., & Chemaly, M. (2023). Prevalence and Association of *Campylobacter* spp., *Salmonella* spp., and *Blastocystis* sp. in Poultry. *Microorganisms*, 11(8), 1983. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11081983>
- Haider, N., Rothman-Ostrow, P., Osman, A. Y., Arruda, L. B., Macfarlane-Berry, L., Elton, L., Thomason, M. J., Yeboah-Manu, D., Ansumana, R., Kapata, N., Mboera, L., Rushton, J., McHugh, T. D., Heymann, D. L., Zumla, A., & Kock, R. A. (2020). COVID-19-Zoonosis or Emerging Infectious Disease?. *Frontiers in public health*, 8, 596944. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2020.596944>
- Hernández M. (2021). 75% de las enfermedades emergentes pueden tener origen zoonótico. *Gaceta UNAM*, Vol. 5229, pp 8. <https://www.gaceta.unam.mx/75-de-enfermedades-emergentes-pueden-tener-origen-zoonotico/>
- Hernández-Castro, R., et al. (2019). Detection and characterization of *Campylobacter* spp. in food samples in Mexico. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 10(2), 447–462.
- Irshad, H., Cookson, A. L., Prattley, D. J., Dufour, M., & French, N. P. (2014). Distribution of *Escherichia coli* strains harbouring Shiga toxin-producing *E. coli* (STEC)-associated virulence factors (stx1, stx2, eae, ehxA) from very young calves in the North Island of New Zealand. *Epidemiology and infection*, 142(12), 2548–2558. <https://doi.org/10.1017/S0950268814000089>
- Jiménez A. (2018) Zoonosis alimentaria. Colegio Oficial de Veterinarios de Madrid. https://www.visavet.es/data/Memoria_Report_VISAVET_2018.pdf

- Kazimierczak, K. A., Flint, H. J., & Scott, K. P. (2006). Comparative analysis of sequences flanking tet(W) resistance genes in multiple species of gut bacteria. *Antimicrobial agents and chemotherapy*, 50(8), 2632–2639. <https://doi.org/10.1128/AAC.01587-05>
- Laborda P, Sanz-García F, Ochoa-Sánchez LE, Gil-Gil T, Hernando-Amado S and Martínez JL (2022) Wildlife and Antibiotic Resistance. *Front. Cell. Infect. Microbiol.* 12:873989. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2022.873989>
- Li, X. Z., Plésiat, P., & Nikaido, H. (2015). The challenge of efflux-mediated antibiotic resistance in Gram-negative bacteria. *Clinical microbiology reviews*, 28(2), 337–418. <https://doi.org/10.1128/CMR.00117-14>
- Mackenzie, J. S., & Jeggo, M. (2019). The One Health Approach-Why Is It So Important?. *Tropical medicine and infectious disease*, 4(2), 88. <https://doi.org/10.3390/tropicalmed4020088>
- Marin, C., Vega, S., & Marco-Jiménez, F. (2016). Tiny Turtles Purchased at Pet Stores are a Potential High Risk for Salmonella Human Infection in the Valencian Region, Eastern Spain. *Vector borne and zoonotic diseases* (Larchmont, N.Y.), 16(7), 455–460. <https://doi.org/10.1089/vbz.2016.1950>
- McEwen, S. A., & Collignon, P. J. (2018). Antimicrobial Resistance: a One Health Perspective. *Microbiology spectrum*, 6(2), 10.1128/microbiolspec.arba-0009-2017. <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.ARBA-0009-2017>
- McNicholas, J., Gilbey, A., Rennie, A., Ahmedzai, S., Dono, J. A., & Ormerod, E. (2005). Pet ownership and human health: a brief review of evidence and issues. *BMJ (Clinical research ed.)*, 331(7527), 1252–1254. <https://doi.org/10.1136/bmj.331.7527.1252>
- Mlangeni, L. N., Ramatla, T., Price, C., Thekiso, O., & Weldon, C. (2025). Uncovering hidden threats: prevalence, antibiotic resistance and virulence gene profiles of *Escherichia coli* strains isolated from Testudines and their aquatic habitats. *Molecular biology reports*, 52(1), 778. <https://doi.org/10.1007/s11033-025-10857-w>
- Mullany, P., Allan, E., & Warburton, P. J. (2012). Tetracycline resistance genes and mobile genetic elements from the oral metagenome. *Clinical microbiology and infection : the official publication of the European Society of Clinical Microbiology and Infectious Diseases*, 18 Suppl 4, 58–61. <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2012.03858.x>
- Muslin, C., Salas-Brito, P., Coello, D., Morales-Jadán, D., Viteri-Dávila, C., & Coral-Almeida, M. (2025). Salmonella prevalence and serovar distribution in reptiles: a systematic review and meta-analysis. *Gut pathogens*, 17(1), 52. <https://doi.org/10.1186/s13099-025-00699-z>

- Organización Mundial de la Salud (2020) Campylobacter. <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/campylobacter>
- Organización Mundial de la Salud Animal (2017).
- Organización Mundial de la Salud Animal (2018) Manual Terrestre <https://www.woah.org/en/what-we-do/standards/codes-and-manuals/previous-editions-of-the-terrestrial-code/>
- Organización Mundial de la Salud. (2024) Enfermedades diarreicas. <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/diarrhoeal-disease>
- Overgaauw, P. A. M., Vinke, C. M., Hagen, M. A. E. V., & Lipman, L. J. A. (2020). A One Health Perspective on the Human-Companion Animal Relationship with Emphasis on Zoonotic Aspects. *International journal of environmental research and public health*, 17(11), 3789. <https://doi.org/10.3390/ijerph17113789>
- Pereira, A., Sidjabat, H. E., Davis, S., Vong da Silva, P. G., Alves, A., Dos Santos, C., Jong, J. B. d. C., da Conceição, F., Felipe, N. d. J., Ximenes, A., Nunes, J., Fária, I. d. R., Lopes, I., Barnes, T. S., McKenzie, J., Oakley, T., Francis, J. R., Yan, J., & Ting, S. (2024). Prevalence of Antimicrobial Resistance in Escherichia coli and Salmonella Species Isolates from Chickens in Live Bird Markets and Boot Swabs from Layer Farms in Timor-Leste. *Antibiotics*, 13(2), 120. <https://doi.org/10.3390/antibiotics13020120>
- Pérez-Cano H. & Robles-Contreras A. (2013) Aspectos básicos de los mecanismos de resistencia bacteriana. *Revista Médica MD* 2013 4(3): 186-191. <https://www.medigraphic.com/pdfs/revmed/md-2013/md133i.pdf>
- Pino-Vera, R., Abreu-Acosta, N., Afonso, O., & Foronda, P. (2025). Potentially Zoonotic Bacteria in Exotic Freshwater Turtles from the Canary Islands (Spain). *Biology*, 14(12), 1753. <https://doi.org/10.3390/biology14121753>
- Pitt, S. J., & Gunn, A. (2024). The One Health Concept. *British journal of biomedical science*, 81, 12366. <https://doi.org/10.3389/bjbs.2024.12366>
- Plowright, R. K., Parrish, C. R., McCallum, H., Hudson, P. J., Ko, A. I., Graham, A. L., & Lloyd-Smith, J. O. (2017). Pathways to zoonotic spillover. *Nature reviews. Microbiology*, 15(8), 502–510. <https://doi.org/10.1038/nrmicro.2017.45>
- Resendiz-Nava C, Esquivel-Hernandez Y, Alcaraz-Gonzalez A, Castaneda-Serrano P, Nava GM. PCR Assays Based on invA Gene Amplification are not Reliable for Salmonella Detection. *Jundishapur J Microbiol.* 2019;12(2):e68764. doi: <https://doi.org/10.5812/jjm.68764>
- Rilling, M. C., Li, C., Rodríguez Del Río, Á., Zhu, Y. G., & Jin, L. (2024). Elevated levels of antibiotic resistance genes as a factor of human-

caused global environmental change. *Global change biology*, 30(7), e17419. <https://doi.org/10.1111/gcb.17419>

<https://research.polyu.edu.hk/en/publications/elevated-levels-of-antibiotic-resistance-genes-as-a-factor-of-hum/>

- Rodríguez P. & Arenas R. (2018) Hans Christian Gram y su tinción. *Dermatología Cosmética, Médica y Quirúrgica*. Num. 16 Vol. 2. <https://www.medigraphic.com/pdfs/cosmetica/dcm-2018/dcm182n.pdf>
- Rumi, M. V., Nuske, E., Mas, J., Argüello, A., Gutkind, G., & Di Conza, J. (2021). Antimicrobial resistance in bacterial isolates from companion animals in Buenos Aires, Argentina: 2011-2017 retrospective study. *Zoonoses and public health*, 68(5), 516–526. <https://doi.org/10.1111/zph.12842>
- Salam, M. A., Al-Amin, M. Y., Salam, M. T., Pawar, J. S., Akhter, N., Rabaan, A. A., & Alqumber, M. A. A. (2023). Antimicrobial Resistance: A Growing Serious Threat for Global Public Health. *Healthcare (Basel, Switzerland)*, 11(13), 1946. <https://doi.org/10.3390/healthcare11131946>
- Sánchez-Silos R., Pérez-Giraldo C., Martín P., Garduño E., Blanco J. & Gómez-García A. (2017) Patogenicidad de *Enterococcus* spp. Características de 169 aislamientos hospitalarios. Departamento de Microbiología Facultad de Medicina y Hospital Infanta Cristina. Badajoz. <https://www.elsevier.es/pt-revista-enfermedades-infecciosas-microbiologia-clinica-28-articulo-patogenicidad-enterococcus-spp-caracteristicas-169-10354>
- Serrano A., Vazquez-Castan L., Sánchez-Silva C., Basañez-Muñoz, A.J. & Naval-Avila . (2012) Identificación de la flora bacteriana en la tortuga lora (*Lepidochelys kempii*) en el ejido Barra Galindo, Tuxpan, Veracruz, México. https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0188-88972012000200004
- Sharma, B., Thille, K., Belmar, V. M., Thomas, R. N., & Sharma, R. N. (2020). Molecular detection and genetic characterization of *Arcobacter butzleri* isolated from red-footed pet tortoises suspected for *Campylobacter* spp. from Grenada, West Indies. *PloS one*, 15(3), e0230390. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0230390>
- Skowron, K., Grudlewska-Buda, K., & Khamesipour, F. (2023). Zoonoses and emerging pathogens. *BMC microbiology*, 23(1), 232. <https://doi.org/10.1186/s12866-023-02984-w>
- Song, D., He, X., Chi, Y., Zhang, Z., Shuai, J., Wang, H., Li, Q., & Du, M. (2023). Cytotoxicity and Antimicrobial Resistance of *Salmonella enterica* Subspecies Isolated from Raised Reptiles in Beijing, China. *Animals : an open access journal from MDPI*, 13(2), 315. <https://doi.org/10.3390/ani13020315>

- Stull, J. W., Brophy, J., & Weese, J. S. (2015). Reducing the risk of pet-associated zoonotic infections. *CMAJ : Canadian Medical Association journal = journal de l'Association medicale canadienne*, 187(10), 736–743. <https://doi.org/10.1503/cmaj.141020>
- The Manhattan Principles (2005) One Health. <https://oneworldonehealth.wcs.org/about-us/mission/the-manhattan-principles.aspx>
- Thisted Lambertz, S., & Danielsson-Tham, M. L. (2005). Identification and characterization of pathogenic *Yersinia enterocolitica* isolates by PCR and pulsed-field gel electrophoresis. *Applied and environmental microbiology*, 71(7), 3674–3681. <https://doi.org/10.1128/AEM.71.7.3674-3681.2005>
- Thomas, S. G., Abajorga, M., Glover, M. A., Wengert, P. C., Parthasarathy, A., Savka, M. A., Wadsworth, C. B., Shipman, P. A., & Hudson, A. O. (2020). *Aeromonas hydrophila* RIT668 and *Citrobacter portucalensis* RIT669—Potential Zoonotic Pathogens Isolated from Spotted Turtles. *Microorganisms*, 8(11), 1805. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8111805>
- Treviño N. & Molina N. (2022) Antibióticos: mecanismos de acción y resistencia antibacteriana. Universidad Nacional de la Plata. <http://sedici.unlp.edu.ar/handle/10915/136280>
- Turner D.C. Non-communicable Diseases: How Can Companion Animals Help in Connection with Coronary Heart Disease, Obesity, Diabetes and Depression? In: Zinsstag J., Schelling E., Waltner-Toews D., Whittaker M., Tanner M., editors. *One Health: The Theory and Practice of Integrated Health Approaches*. CAB International; Oxfordshire, UK: Boston, MA, USA: 2015. <https://www.cabidigitallibrary.org/doi/10.1079/9781780643410.0222>
- Valdez, J. W. (2021). Using Google Trends to determine current, past, and future trends in the reptile pet trade. *Animals*, 11(3), 676. <https://doi.org/10.3390/ani11030676>
- Ventero, M. P., Marin, C., Migura-Garcia, L., Tort-Miro, C., Giler, N., Gomez, I., Escribano, I., Marco-Fuertes, A., Montoro-Dasi, L., Lorenzo-Rebenaque, L., Vega, S., Pérez-Gracia, M. T., & Rodríguez, J. C. (2024). Identification of Antimicrobial-Resistant Zoonotic Bacteria in Swine Production: Implications from the One Health Perspective. *Antibiotics* (Basel, Switzerland), 13(9), 883. <https://doi.org/10.3390/antibiotics13090883>
- Vinayamohan, P. G., Pellissery, A. J., & Venkitanarayanan, K. (2022). Role of horizontal gene transfer in the dissemination of antimicrobial resistance in food animal production. *Current Opinion in Food Science*, 47, 100882. <https://doi.org/10.1016/j.cofs.2022.100882>

- Wang, X., Yu, D., & Chen, L. (2023). Antimicrobial resistance and mechanisms of epigenetic regulation. *Frontiers in cellular and infection microbiology*, 13, 1199646. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2023.1199646>
- Werth B.J., (2022) Generalidades sobre las bacterias, PharmD. University of Washington, School of Pharmacy. <https://www.msdmanuals.com/es/professional/enfermedades-infecciosas/bacterias-y-f%C3%A1rmacos-antibacterianos/generalidades-sobre-las-bacterias>
- Westgarth, C., Pinchbeck, G. L., Bradshaw, J. W., Dawson, S., Gaskell, R. M., & Christley, R. M. (2008). Dog-human and dog-dog interactions of 260 dog-owning households in a community in Cheshire. *The Veterinary record*, 162(14), 436–442. <https://doi.org/10.1136/vr.162.14.436>
- Yang, Y. S., Lee, Y. L., Liu, Y. M., Kuo, C. F., Tan, M. C., Huang, W. C., Hsu, S. Y., Chang, Y. Y., Shang, H. S., & Kuo, S. C. (2024). Acquired bla_{CfxA-3} carried by a conjugative transposon or duplicated intrinsic bla_{CME-3} mediates cefiderocol resistance in *Elizabethkingia anophelis* clinical isolates. *International journal of antimicrobial agents*, 64(6), 107378. <https://doi.org/10.1016/j.ijantimicag.2024.107378>
- Yang, Y., & Grossart, H. P. (2024). Antibiotic resistance genes: A global change factor. *Global change biology*, 30(8), e17448. <https://doi.org/10.1111/gcb.17448>
- Zhang, T., Nickerson, R., Zhang, W., Peng, X., Shang, Y., Zhou, Y., Luo, Q., Wen, G., & Cheng, Z. (2024). The impacts of animal agriculture on One Health-Bacterial zoonosis, antimicrobial resistance, and beyond. *One health* (Amsterdam, Netherlands), 18, 100748. <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2024.100748>
- Zhao, X., Zhao, H., Zhou, Z., Miao, Y., Li, R., Yang, B., Cao, C., Xiao, S., Wang, X., Liu, H., Wang, J., & Yang, Z. (2022). Characterization of Extended-Spectrum β -Lactamase-Producing *Escherichia coli* Isolates That Cause Diarrhea in Sheep in Northwest China. *Microbiology spectrum*, 10(4), e0159522. <https://doi.org/10.1128/spectrum.01595-22>
- Zhu, B., Hu, J., Li, X., Li, X., Wang, L., Fan, S., Jin, X., Wang, K., Zhao, W., Zhu, W., Chen, C., Wang, Z., & Lu, Y. (2022). Rapid and specific detection of *Enterococcus faecalis* with a visualized isothermal amplification method. *Frontiers in cellular and infection microbiology*, 12, 991849. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2022.991849>