

UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUMBES
ESCUELA DE POSGRADO
MAESTRÍA EN CIENCIAS CON MENCIÓN EN GESTIÓN
AMBIENTAL



**Sensibilidad antimicrobiana de bacterias aisladas del cangrejo
del manglar *Ucides occidentalis***

TESIS

**Para optar el grado académico de Maestra en Ciencias con
mención en Gestión Ambiental**

Autora: Br. Liliana del Carmen Reaño Mendoza

Tumbes, 2026

UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUMBES
ESCUELA DE POSGRADO
MAESTRÍA EN CIENCIAS CON MENCIÓN EN GESTIÓN
AMBIENTAL



**Sensibilidad antimicrobiana de bacterias aisladas del cangrejo
del manglar *Ucides occidentalis***

Tesis aprobada en forma y estilo por:

Dr. Jorge Oswaldo Echevarría Flores (Presidente) _____

Dr. Víctor Guzmán Tripul (Secretario) _____

Dr. Alberto Ordinola Zapata (Vocal) _____

Tumbes, 2026

UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUMBES
ESCUELA DE POSGRADO
MAESTRÍA EN CIENCIAS CON MENCIÓN EN GESTIÓN
AMBIENTAL



**Sensibilidad antimicrobiana de bacterias aisladas del cangrejo
del manglar *Ucides occidentalis***

**Los suscritos declaramos que la tesis es original en su contenido
y forma**

Br. Liliana del Carmen Reaño Mendoza (autora)

<https://orcid.org/0009-0005-3268-3680>

Dr. Alberto Ordinola Zapata (asesor)

<https://orcid.org/0000-0002-9644-0531>

Dr. Marco Antonio Zapata Cruz (coasesor)

<https://orcid.org/0000-0002-9018-280X>

Dra. Tessy Peralta Ortiz (coasesor)

<https://orcid.org/0000-0001-5907-7713>

Tumbes, 2026



UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUMBES
Licenciada
Resolución del Consejo Directivo N° 155-2019-SUNEDU/CD
ESCUELA DE POSGRADO
Tumbes – Perú

"Año de la Esperanza y el Fortalecimiento de la Democracia"

ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS

En Tumbes, a los dieciocho días del mes de agosto del dos mil veintiséis, siendo las dieciséis horas cero minutos en el aula N° 02 de la Escuela de Posgrado de la Universidad Nacional de Tumbes, se reunieron los miembros del jurado calificador constituidos con la **RESOLUCIÓN N° 271-2023/UNTUMBES-EPG-D** del veinte de junio del dos mil veintitres presidido por el Dr. Jorge Oswaldo Echevarría Flores e integrado por el Dr. Víctor Santos Guzmán Tripul (secretario) y Dr. Alberto Ordinola Zapata (vocal y asesor).

Instalado el jurado, se procedió a la evaluación, deliberación y calificación del acto de la sustentación de la tesis titulada: **"Sensibilidad antimicrobiana de bacterias aisladas del cangrejo del manglar *Ucides occidentalis*"**, presentado por la maestranda: Liliana del Carmen Reaño Mendoza, del programa de Maestría en Ciencias con mención en Gestión Ambiental.

Concluida la sustentación y absueltas las preguntas, por parte de la sustentante y después de la correspondiente deliberación el jurado, conforme a lo normado en el artículo N° 111 del Reglamento de Tesis de la Universidad Nacional de Tumbes, declara a la maestranda **APROBADA** por **UNANIMIDAD** con el calificativo de **MUY BUENO**.

Por lo anterior, la sustentante está apta para iniciar los trámites correspondientes y conducentes a la obtención del grado académico de **Maestra en Ciencias con mención en Gestión Ambiental**, en conformidad con lo normado en la Ley Universitaria N° 30220, el Estatuto, El Reglamento General, el Reglamento General de Grados Títulos y el Reglamento de Tesis de la Universidad Nacional de Tumbes.

Siendo las diecisiete y cero minutos, del mismo día, se dio por concluida la ceremonia académica, procediendo a firmar el acta en presencia de público asistente.


Dr. Jorge Oswaldo Echevarría Flores
Presidente
DNI N° 02645807
<https://orcid.org/0000-0002-8387-6168>


Dr. Víctor Santos Guzmán
Secretario
DNI N° 18090530
<https://orcid.org/0000-0002-5304-0407>


Dr. Alberto Ordinola Zapata
Vocal y Asesor
DNI N° 00326333
<https://orcid.org/0000-0002-9644-0531>

Liliana del Carmen Reaño Mendoza

2026.08.19. PARA TURNITIN. Tesis maestría de Liliana Reaño

 Tesis de posgrado

Detalles del documento

Identificador de la entrega

trn:oid::3117-615527064

Fecha de entrega

19 ago 2026, 14:37 GMT-5

Fecha de descarga

19 ago 2026, 14:42 GMT-5

Nombre del archivo

2026.08.19. PARA TURNITIN. Tesis maestría de Liliana Reaño.docx

Tamaño del archivo

3.3 MB

47 páginas

14.069 palabras

73.174 caracteres



Dr. Alejandro Mendoza Zapata
<https://orcid.org/0000-0002-9644-0531>
Docente Asociado

3% Similitud general

El total combinado de todas las coincidencias, incluidas las fuentes superpuestas, para ca...

Filtrado desde el informe

- Bibliografía
- Texto citado
- Coincidencias menores (menos de 15 palabras)

Fuentes principales

- 3%  Fuentes de Internet
- 1%  Publicaciones
- 1%  Trabajos entregados (trabajos del estudiante)

Marcas de integridad

N.º de alertas de integridad para revisión

Los algoritmos de nuestro sistema analizan un documento en profundidad para buscar inconsistencias que permitirían distinguirlo de una entrega normal. Si advertimos algo extraño, lo marcamos como una alerta para que pueda revisarlo.

Una marca de alerta no es necesariamente un indicador de problemas. Sin embargo, recomendamos que preste atención y la revise.



Dra. Patricia Arredondo Zapata
https://orcid.org/0000-0002-9644-0731
Docente Asesor

Fuentes principales

- 3%  Fuentes de Internet
- 1%  Publicaciones
- 1%  Trabajos entregados (trabajos del estudiante)

Fuentes principales

Las fuentes con el mayor número de coincidencias dentro de la entrega. Las fuentes superpuestas no se mostrarán.

1	Internet	repositorio.untumbes.edu.pe	<1%
2	Internet	revistasinvestigacion.unmsm.edu.pe	<1%
3	Internet	alicia.concytec.gob.pe	<1%
4	Trabajos del estudiante	Universidad Nacional de Tumbes on 2025-07-31	<1%
5	Trabajos del estudiante	Universidad Pública de Navarra on 2026-05-24	<1%
6	Publicación	Babeş-Bolyai University	<1%
7	Trabajos del estudiante	Consorcio CDUG on 2023-01-10	<1%
8	Internet	www.biorxiv.org	<1%
9	Internet	docplayer.es	<1%
10	Internet	ciatblogs.cgiar.org	<1%
11	Internet	www.ciidirsinaloa.ipn.mx	<1%


Dr. Alejandro Zapata
https://orcid.org/0000-0002-9644-8531
Docente Asesor

12 Internetwww.veterinaryworld.org

<1%

13 Publicación

Melchior, M.B.. "Biofilm formation and genotyping of Staphylococcus aureus bovi...

<1%

14 Internetwww.elsevier.es

<1%


Dña Virginia Jordana Zapata
<https://orcid.org/0009-0002-9644-0551>
Docente Asesor

DEDICATORIA

A Dios por darme fortaleza y sabiduría en todo momento.

A Erika y Rodrigo, quiero dedicarles esta tesis como un recordatorio de que nada en la vida se logra sin esfuerzo y dedicación. Cada meta alcanzada requiere sacrificio, constancia y fe en uno mismo, incluso en los momentos más difíciles.

A mi compañero de vida, por ser mi apoyo constante y mi fortaleza. Gracias por tu paciencia y por estar siempre a mi lado. Te dedico este trabajo como símbolo de todo lo que hemos logrado y construido juntos.

A mis amados padres, por ser el pilar fundamental de mi vida. A mis queridas hermanas, por su apoyo, comprensión y compañía en todo momento. Gracias por estar siempre presentes y por compartir conmigo este camino lleno de esfuerzos y aprendizajes.

Liliana del Carmen Reaño Mendoza

AGRADECIMIENTO

Expreso mi más sincero agradecimiento a la Universidad Nacional de Tumbes por el financiamiento en partes otorgado al Proyecto de Investigación de canon y sobrecanon petrolero titulado: “Contaminación por tetraciclinas y genes de resistencia en componentes bióticos y abióticos del manglar de Tumbes” aprobado mediante Resolución N° 1171-2021/UNTUMBES-CU. Gracias al respaldo económico proporcionado fue posible desarrollar la presente investigación.

Mi especial agradecimiento a mi asesor Dr. Alberto Ordinola Zapata, por su constante asesoría y recomendaciones durante todo el proceso de esta investigación. Asimismo, expreso mi agradecimiento a mi coasesor Dr. Marco Antonio Zapata Cruz, por sus sugerencias y conocimientos brindados que permitieron mejorar este trabajo de tesis.

A los miembros de mi jurado: Dr. Jorge Oswaldo Echevarría Flores y Dr. Víctor Guzmán Tripul, por sus valiosos aportes e indicaciones realizados para mejorar este trabajo de investigación.

A los técnicos de laboratorio y personal que labora en los proyectos de investigación de los docentes Renacyt de la FIPCM: Mg. Nicole Alessandra Vergara Alfaro, Técnico Pedro Masías Ramírez, Ing. Cristopher Villar Cruz y Mg. Wagner Paul Campaña Maza, por el apoyo constante en los muestreos y labores realizados en el laboratorio de la FIPCM.

ÍNDICE GENERAL

RESUMEN.....	xix
ABSTRACT	xx
I. INTRODUCCIÓN	21
II. REVISIÓN DE LA LITERATURA	24
2.1. Bases teóricas.....	24
2.1.1. Ecosistema manglar.....	24
2.1.2. Cangrejo del manglar (<i>U. occidentalis</i>).....	24
2.1.3. Antibióticos	25
2.1.4. Resistencia a antibióticos.....	26
2.1.5. Mecanismos de resistencia a antibióticos.....	27
2.1.6. Pruebas de sensibilidad (Kirby-Bauer)	28
2.1.7. Antecedentes	28
III. MATERIALES Y MÉTODOS.....	32
3.1. Lugar de ejecución	32
3.2. Tipo y diseño de investigación	32
3.3. Población y muestra.....	32
3.4. Diseño metodológico.....	33
3.4.1. Obtención de ejemplares de <i>U. occidentalis</i>	33
3.4.2. Procesamiento de muestras	33
3.4.3. Aislamiento y purificación de bacterias	34
3.4.4. Caracterización morfológica de cepas bacterianas	34
3.4.5. Prueba de sensibilidad antibiótica.....	35
3.4.6. Identificación molecular de cepas bacterianas	36
3.4.7. Identificación de genes de resistencia antibiótica.....	37
3.4.8. Análisis de datos	38
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	39
4.1. Aislamiento y tinción de Gram de colonias aisladas en muestras de tejidos de <i>Ucides occidentalis</i>	39

4.2. Identificación molecular de cepas bacterianas aisladas de <i>Ucides occidentalis</i> recolectados en el manglar de Tumbes	46
4.3. Resistencia antibiótica de cepas bacterianas aisladas de <i>Ucides occidentalis</i> recolectados en diferentes zonas del manglar de Tumbes.	48
4.4. Genes de resistencia en cepas bacterianas aisladas de <i>Ucides occidentalis</i> . 57	
V. CONCLUSIONES.....	65
VI. RECOMENDACIONES	67
VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	68
ANEXOS.....	100

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Puntos de corte para determinar la resistencia antibiótica en cepas de <i>Vibrio</i> spp. y enterobacterias aisladas de <i>Ucides occidentalis</i>	31
Tabla 2. Puntos de corte para determinar la resistencia antibiótica en cepas de <i>Staphylococcus</i> spp. y <i>Lactobacillus</i> spp. aisladas de <i>Ucides occidentalis</i>	32
Tabla 3. Primers utilizados en la PCR para detección de ARGs de antibióticos	34
Tabla 4. Caracterización de colonias bacterianas y tinción de Gram de cepas bacterianas presuntivas de <i>Vibrio</i> spp. aisladas en medio de cultivo TCBS a partir de tejidos de <i>Ucides occidentalis</i>	36
Tabla 5. Caracterización de colonias bacterianas y tinción de Gram de cepas bacterianas aisladas en medio TSA a partir de tejidos de <i>Ucides occidentalis</i>	37
Tabla 6. Caracterización de colonias bacterianas y tinción de Gram de cepas presuntivas de <i>Bacillus</i> spp. aisladas en medio de cultivo TSA a partir de tejidos de <i>U. occidentalis</i>	38
Tabla 7. Caracterización de colonias bacterianas y tinción de Gram de cepas presuntivas a BAL aisladas en medio de cultivo MRS a partir de tejidos de <i>Ucides occidentalis</i>	39
Tabla 8. Caracterización de colonias bacterianas y tinción de Gram de cepas bacterianas presuntivas de coliformes aisladas en medio de cultivo lauril sulfato a partir de tejidos de <i>Ucides occidentalis</i>	40
Tabla 9. Identificación molecular de cepas bacterianas aisladas de <i>Ucides occidentalis</i> recolectados en diferentes zonas del manglar de Tumbes	42
Tabla 10. Identificación molecular de cepas bacterianas aisladas en TCBS de <i>Ucides occidentalis</i> obtenidas del cepario del Laboratorio de Biología Molecular de la FIPCM	43
Tabla 11. Resistencia antibiótica de cepas identificadas en muestras de tejidos de <i>Ucides occidentalis</i> recolectados en diferentes zonas del manglar de Tumbes	44

Tabla 12. Resistencia antibiótica de cepas de <i>Vibrio</i> spp. identificadas de tejidos <i>Ucides occidentalis</i> obtenidas del cepario del Laboratorio de Biología Molecular de la FIPCM	45
Tabla 13. Resistencia antibiótica de cepas presuntivas de <i>Vibrio</i> spp. no identificadas molecularmente aisladas de <i>Ucides occidentalis</i> en medio TCBS	47
Tabla 14. Resistencia antibiótica de cepas bacterianas totales no identificadas molecularmente aisladas de <i>Ucides occidentalis</i> en medio TSA	48
Tabla 15. Resistencia antibiótica de cepas presuntivas de <i>Bacillus</i> spp. no identificadas molecularmente aisladas de <i>Ucides occidentalis</i> en medio TSA	49
Tabla 16. Resistencia antibiótica de cepas presuntivas de bacterias ácido lácticas no identificadas molecularmente aisladas de <i>Ucides occidentalis</i> en medio MRS	50
Tabla 17. Resistencia antibiótica de cepas presuntivas de coliformes no identificadas molecularmente aisladas de <i>Ucides occidentalis</i> en medio lauril sulfato	51
Tabla 18. Resumen de resistencia antibiótica de todas las cepas bacterianas no identificadas molecularmente aisladas de <i>Ucides occidentalis</i>	52
Tabla 19. Diámetros de inhibición (mm) de cepas bacterianas aisladas en TCBS de <i>Ucides occidentalis</i>	98
Tabla 20. Diámetros de inhibición (mm) de cepas bacterianas aisladas en TSA de <i>Ucides occidentalis</i>	98
Tabla 21. Diámetros de inhibición (mm) de cepas bacterianas aisladas en TSA de <i>Ucides occidentalis</i> presuntivas a <i>Bacillus</i> spp.	99
Tabla 22. Diámetros de inhibición (mm) de cepas bacterianas aisladas en MRS de <i>Ucides occidentalis</i> presuntivas a BAL	100
Tabla 23. Diámetros de inhibición (mm) de cepas bacterianas aisladas en caldo lauril sulfato de <i>Ucides occidentalis</i>	100

Tabla 24. Diámetros de inhibición (mm) de <i>Vibrio</i> spp. tomadas del cepario de la FIPCM de <i>Ucides occidentalis</i>	101
Tabla 25. Promedio $\pm$ Desviación estándar de cepas aisladas de <i>U. occidentalis</i> recolectados en diferentes zonas del manglar de Tumbes ...	102
Tabla 26. Análisis de varianza (ANOVA) de cepas aisladas de <i>U. occidentalis</i> recolectados en diferentes zonas del manglar de Tumbes.....	102
Tabla 27. Prueba de Kruskal-Wallis de cepas aisladas de <i>U. occidentalis</i> recolectados en diferentes zonas del manglar de Tumbes.....	102

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Zonas y puntos de recolección de <i>Ucides occidentalis</i> en el manglar de Tumbes	29
Figura 2. Genes de resistencia a florfenicol: <i>ermB</i> (panel A) y <i>fexA</i> (panel B) en cepas bacterianas aisladas de <i>Ucides occidentalis</i> colectados de diferentes zonas del manglar de Tumbes	53
Figura 3. Genes de resistencia a la trimetoprim (<i>dfrA</i>) en cepas bacterianas aisladas de <i>Ucides occidentalis</i> colectados de diferentes zonas del manglar de Tumbes	55
Figura 4. Genes de resistencia a la amoxicilina (<i>blaZ</i>) en cepas bacterianas aisladas de <i>Ucides occidentalis</i> colectados de diferentes zonas del manglar de Tumbes	56
Figura 5. Genes de resistencia negativos (<i>tetO</i> , <i>tetM</i> , <i>qnrB</i> , <i>qnrS</i> , <i>sul</i> , <i>fexA</i>) en cepas bacterianas aisladas de <i>Ucides occidentalis</i> colectados de diferentes zonas del manglar de Tumbes	57
Figura 6. Genes de resistencia negativos (<i>tetO</i> , <i>tetM</i> , <i>qnrB</i> , <i>qnrS</i> , <i>sul</i> , <i>dfrA</i> , <i>fexA</i>) en cepas identificadas (<i>Vibrio</i> spp.) de <i>Ucides occidentalis</i> colectados de diferentes zonas del manglar de Tumbes	58
Figura 7. Genes de resistencia positivos para <i>blaZ</i> y <i>ermB</i> en cepas identificadas (<i>Vibrio</i> spp.) de <i>Ucides occidentalis</i> colectados de diferentes zonas del manglar de Tumbes	59
Figura 8. Muestreo de <i>Ucides occidentalis</i> . a) Recolección de cangrejos en zonas de muestreo, b) Ejemplares recolectados, c) Pesado de <i>U. occidentalis</i> y d) Registro del ancho cefalotorácico de <i>U. occidentalis</i>	95
Figura 9. Colonias de cepas bacterianas aisladas. a) Colonias aisladas en medio TCBS, b) colonias en medio MRS, c) y d) colonias aisladas en medio TSA y e) cepas aisladas en caldo lauril sulfato	95
Figura 10. Purificación de cepas bacterianas aisladas de tejidos de <i>Ucides occidentalis</i>	96
Figura 11. Observación microscópica de cepas teñidas con tinción de Gram. a) Cepa presuntiva de <i>Vibrio</i> spp. (coco bacilo negativo) b) Cepa presuntiva	96

a *Vibrio* spp. (coco bacilo negativo) y c) Cepa presuntiva a *Bacillus* spp.
(bacilo positivo)

Figura 12. Antibiógramas realizados en cepas aisladas de *U. occidentalis*.

a) cepa DB 100 y b) cepa DM 101 96

Figura 13. Proceso para la identificación molecular de las cepas. a)
extracción de ADN, b) cuantificación de ADN, c) PCR y d) migración de
amplicones 97

INDICE DE ANEXOS

Anexo 1. Fotografías tomadas durante la ejecución de la tesis	95
Anexo 2. Antibiógramas realizados en cepas bacterianas aisladas de <i>U. occidentalis</i>	98
Anexo 3. Análisis estadístico, ANOVA y prueba de Kruskal-Wallis	101
Anexo 4. Protocolo de extracción de ADN	103
Anexo 5. Evaluación del rendimiento y calidad del ADN extraído	104

RESUMEN

La presente investigación tuvo como objetivo determinar la sensibilidad antimicrobiana y la presencia de genes de resistencia a antibióticos (ARGs) en cepas bacterianas aisladas de tejidos de *Ucides occidentalis*, recolectados en cuatro zonas del manglar de Tumbes: La desembocadura del río Tumbes, Puerto Pizarro (Jeli), canal Paracas, ubicado en la Zona de Amortiguamiento del Santuario Nacional Los Manglares de Tumbes, y El Bendito. Los muestreos se realizaron entre el 09 de marzo y el 23 de junio del 2024 (tres muestreos consignados). Se realizó el aislamiento bacteriano en muestras de tejidos de *Ucides occidentalis*, obteniéndose 19 cepas en medio tiosulfato citrato bilis sacarosa (TCBS), 20 en agar tripticasa soya (TSA) y 17 cepas presuntivas de cada uno de los grupos: *Bacillus*, bacterias ácido lácticas y coliformes. De ellas, 25 se secuenciaron molecularmente, logrando la identificación de 19 de ellas, predominando el género *Bacillus*. Adicionalmente, se tomaron siete cepas de *Vibrio* spp., del cepario del Laboratorio de Biología Molecular de la Facultad de Ingeniería Pesquera y Ciencias del Mar (FIPCM). Los ensayos de sensibilidad antibiótica, contra cinco antibióticos, indicaron que la mayoría de las cepas identificadas resistieron entre uno y cuatro antibióticos. El índice de resistencia múltiple a antibióticos (MAR) varió entre 0,4 y 0,8. Ocho cepas fueron multirresistentes. Las siete cepas de *Vibrio* spp. mostraron resistencia únicamente a la amoxicilina, con índice MAR de 0,2, sin evidenciar multirresistencia. Respecto a los genes de resistencia antibiótica (ARGs), la mayoría de las cepas aisladas no presentaron genes asociados a resistencia a la oxitetraciclina (*tetO*, *tetM*), la ciprofloxacina (*qnrB*, *qnrS*) y el sulfametoxazol (*sul*). Sin embargo, si se detectaron genes (ARGs) relacionados con resistencia a la amoxicilina (*blaZ*), florfenicol (*fexA* y *ermB*) y trimetoprim (*dfrA*).

Palabras clave: sensibilidad antibiótica, bacterias, multirresistencia, manglar, *Ucides occidentalis*.

ABSTRACT

This study aimed to determine antimicrobial susceptibility and the presence of antibiotic resistance genes (ARGs) in bacterial strains isolated from *Ucides occidentalis* tissues collected from four zones of the Tumbes mangrove ecosystem: the Tumbes River mouth, Puerto Pizarro (Jeli), the Paracas Channel (located in the buffer zone of the Santuario Nacional los Manglares de Tumbes), and El Bendito. Sampling was conducted between March 9 and June 23, 2024 (comprising three sampling events). Bacterial isolation from *Ucides occidentalis* tissues yielded 19 strains on thiosulfate-citrate-bile-sucrose (TCBS) medium and 20 on trypticase soy agar (TSA), alongside 17 presumptive strains each for the *Bacillus*, lactic acid bacteria, and coliform groups. Of these, 25 underwent molecular sequencing, resulting in the identification of 19 strains, with the genus *Bacillus* predominating. Additionally, seven *Vibrio* spp. strains were obtained from the culture collection of the Laboratorio de Biología Molecular at the Facultad de Ingeniería Pesquera y Ciencias del Mar (FIPCM). Antibiotic susceptibility tests against five antibiotics indicated that the majority of identified strains were resistant to between one and four antibiotics. The multiple antibiotic resistance (MAR) index ranged from 0.4 to 0.8; eight strains were multidrug-resistant. The seven *Vibrio* spp. strains showed resistance only to amoxicillin (MAR index of 0.2) and did not exhibit multidrug resistance. Regarding antibiotic resistance genes (ARGs), the majority of isolated strains did not possess genes associated with resistance to oxytetracycline (*tetO*, *tetM*), ciprofloxacin (*qnrB*, *qnrS*), or sulfamethoxazole (*sul*). However, genes (ARGs) related to resistance to amoxicillin (*blaZ*), florfenicol (*fexA* and *ermB*), and trimethoprim (*dfrA*) are detected.

Keywords: antibiotic sensitivity, bacteria, multidrug resistance, mangrove, *Ucides occidentalis*.

I. INTRODUCCIÓN

El ecosistema del manglar es uno de los ecosistemas más importantes y biodiversos a nivel mundial (Owuor et al., 2019; Y.-S. Wang & Gu, 2021) se extiende en las regiones costeras tropicales, subtropicales e incluso templadas de 118 países (A. Kumar et al., 2024; Long et al., 2021). Estos ecosistemas pueden realizar una amplia gama de valiosas funciones específicas, por ejemplo, importantes criaderos para animales (Boyd et al., 2022), aliviar la erosión costera resultante de desastres naturales (Ahouangan et al., 2021; Numbere, 2021) y lograr el secuestro de carbono (Charles et al., 2020; Cui et al., 2018; Hoque et al., 2021; G. Wang et al., 2019). Sin embargo, este ecosistema está siendo amenazado por diferentes contaminantes tales como los residuos sólidos (Garcés-Ordóñez et al., 2019; Numbere, 2021), aguas residuales (Capdeville et al., 2018a; Theuerkauff et al., 2020), hidrocarburos (De Almeida et al., 2021; Verâne et al., 2020), metales pesados (Chai et al., 2019; Deng et al., 2020) y productos farmacéuticos (Durán-Álvarez et al., 2021) entre los cuales destacan los antimicrobianos (Al Farraj et al., 2020; Imchen et al., 2019; Jiang et al., 2021; Liu et al., 2020; Palacios et al., 2021; G. Wang et al., 2019; Zhao et al., 2019).

Dentro de los antimicrobianos, destacan los antibióticos, los que son un tipo especial de los primeros, que se emplean para combatir bacterias. El problema radica en que estos antibióticos sólo se metabolizan parcialmente y luego se excretan después de un corto tiempo (Wang et al., 2019; Zainab et al., 2021), se estima que hasta $\frac{3}{4}$ partes de los antibióticos administrados son eliminados intactos del organismo (Xu et al., 2020). Los antibióticos que se hallan en aguas residuales domesticas (Anjali & Shanthakumar, 2019; Leng et al., 2020), o los producidos por la ganadería (J.-P. Kim et al., 2020; Santos et al., 2019), o los que se hallan en lixiviados de basureros o rellenos sanitarios donde se han desechado antibióticos (Chung et al., 2018; Fang et al., 2020; He et al., 2021a) pasan a los ecosistemas terrestres o acuáticos particularmente al manglar, en los que se acumulan (He et al., 2021b; Zainab et al., 2021).

Los antibióticos alteran la microbiota (Neuman et al., 2018; Ribeiro et al., 2020), favoreciendo la proliferación de las especies bacterianas resistentes (Mir & Kudva, 2019; Serwecińska, 2020) eliminando especies bacterianas susceptibles que pueden tener papeles importantes en los ecosistemas (Bottery et al., 2021; Das et al., 2020; Hernando-Amado et al., 2019), afectando de manera negativa al sistema (Reverter et al., 2020).

La resistencia a los antibióticos es mediada por genes de resistencia antibiótica (ARGs) (Amarasiri et al., 2020) y representa también un grave problema para la salud pública mundial (Hendriksen et al., 2019), siendo los alimentos de origen animal una de las principales vías para su diseminación (Lekshmi et al., 2017), pasando por la cadena alimenticia y llegando hasta el hombre (Bennani et al., 2020), originando alergias (Jeena et al., 2020) y generando resistencia en bacterias patógenas al hombre (Man et al., 2019).

Existen múltiples reportes de la presencia de antibióticos y ARGs en manglares del mundo, en Brasil y Arabia Saudita (Imchen et al., 2018), India (Imchen et al., 2019), en la zona del Mar Rojo (Ullah et al., 2019), en China (Ruan et al., 2020). Por otro lado, no se han localizado reportes de la presencia de tales contaminantes en manglares del Perú, sin embargo, es posible inferir que existan, debido a la contaminación intensa en este ecosistema, además, estos contaminantes pueden acumularse en el agua o sedimentos transfiriéndose luego a crustáceos de importancia económica como es el cangrejo del manglar (*U. occidentalis*).

A la fecha no se ha podido ubicar investigaciones sobre presencia de bacterias resistentes a antibióticos en *U. occidentalis*, sin embargo, se encuentran en su especie hermana el cangrejo del manglar brasileño (*U. cordatus*); así, Vieira et al. (2004), detectaron principalmente cepas de *Vibrio* spp. y *Salmonella* spp., y en menor cantidad de *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Enterobacter cloacae*, *Pantoea agglomerans* y *Pseudomonas aeruginosa*, determinándose a *Vibrio* spp. y *Salmonella* spp. con resistencia intermedia a la tetraciclina y al ácido nalidíxico; por otro lado, Carvalho et al. (2016), han reportado que en el músculo de *U. cordatus* se aislaron cepas de *Escherichia coli* y de *Vibrio* spp. que fueron resistentes al menos a uno de los 14 antibióticos que ensayaron, las cepas de *E. coli* fueron resistentes en su mayoría a gentamicina y tobramicina, mientras que las de *Vibrio* spp. fueron resistentes a ampicilina.

Por lo antes indicado, es posible que existan cepas de bacterias resistentes a antibióticos en *U. occidentalis*, lo cual constituiría una amenaza al ecosistema del manglar como para sus potenciales consumidores, por este motivo nace esta investigación con el objetivo de determinar el perfil de sensibilidad antimicrobiana de bacterias aisladas del cangrejo del manglar *Ucides occidentalis* en Tumbes.

Por ello, esta investigación tuvo como objetivo:

Determinar el grado de sensibilidad antimicrobiana de bacterias aisladas e identificadas de cangrejos del manglar *Ucides occidentalis* .

II. REVISIÓN DE LA LITERATURA

2.1. Bases teóricas.

2.1.1. Ecosistema manglar

El manglar de Tumbes es el más extenso e importante del Perú (Príncipe, 2021), ocupando un área de 6 427,61 ha (Ministerio del Ambiente [Minam], 2019). Es uno de los ecosistemas que proporciona más servicios ambientales (Iqbal, 2020) y a la vez uno de los más críticamente amenazados (Ordinola et al., 2020). Entre las posibles amenazas al mismo destaca la contaminación por antibióticos (Liu et al., 2020) que puede afectar a los organismos que habitan el manglar y a través de ellos ingresar a la cadena alimenticia hasta llegar al hombre.

2.1.2. Cangrejo del manglar (*U. occidentalis*)

Uno de los organismos que habitan el ecosistema manglar de Tumbes es el cangrejo del manglar *U. occidentalis*, un braquiuro semi-terrestre (Alemán & Ordinola, 2017; Mendoza Avilés et al., 2019) que habita las regiones costeras del Pacífico Oriental (Pontón-Cevallos et al., 2021; Rodríguez, 2018). Este cangrejo vive en la zona intermareal en madrigueras con una profundidad de hasta dos metros (Min & Kathiresan, 2021), participando en la retención de nutrientes y materia orgánica en el sedimento (Medina-Contreras et al., 2022; Rodríguez, 2018), evitando el empobrecimiento de los suelos del manglar al reciclar hojas de mangle (Capdeville et al., 2018), así como permitiendo la oxigenación del sedimento (Sarker et al., 2021).

Si bien en la región de Tumbes no se han hecho estudios sobre la contaminación por antibióticos, en los ecosistemas de manglares del mundo se ha evidenciado la presencia de antibióticos que pueden provenir de las aguas residuales domésticas e industriales (Jiang et al., 2021; Palacios et al., 2021; Zhao et al., 2019); estudios realizados en manglares del Brasil han mostrado que existen residuos antibióticos en cangrejos *Ucides cordatus* (Carvalho et al., 2016; Vieira et al., 2004), que es la especie hermana del cangrejo del manglar *Ucides occidentalis*.

2.1.3. Antibióticos

Los antibióticos son sustancias que matan a las bacterias o hacen que éstas dejen de crecer (Hutchings et al., 2019; Kovalakova et al., 2020), actuando en diferentes componentes bacterianos tales como la pared celular (Kawai et al., 2019), la membrana celular (Vazquez-Muñoz et al., 2019) o interfiriendo en la síntesis de proteínas o ácidos nucleicos (Wojciechowska et al., 2020). Estos se pueden clasificar de diferentes maneras, pero una de las más comunes es la que se basa en su estructura molecular, según ésta se tienen beta-lactámicos, macrólidos, tetraciclinas, quinolonas, aminoglucósidos, sulfonamidas, glicopéptidos y oxazolidinonas.

Los betalactámicos, producen lisis de la célula (Hamon et al., 2021) Entre los antibióticos de este tipo se tienen a la penicilina, oxacilina, meticilina, ampicilina y amoxicilina (Hamon et al., 2021). Los macrólidos, son usados en casos de pacientes alérgicos a las penicilinas (Leite & Damasceno, 2022), entre los antibióticos de este tipo se tienen a la eritromicina, la claritromicina y la azitromicina (Zimmermann et al., 2018).

Las tetraciclinas, tienen como su blanco de acción al ribosoma bacteriano y actúan bloqueando la síntesis de proteínas bacterianas (Begum et al., 2021), pero su uso ha decrecido debido a que muchas cepas bacterianas se han vuelto resistentes a las tetraciclinas (Li et al., 2021).

Las quinolonas, inhiben la replicación del ADN y la transcripción en las bacterias (Dhiman et al., 2019), algunos de los antibióticos del grupo de las quinolonas son: ciprofloxacina, levofloxacina, enrofloxacina y ácido nalidíxico (Bush et al., 2020).

Los aminoglucósidos, bloquean la producción de proteínas bacterianas ligándose al ribosoma bacteriano (McDermott et al., 2022), entre los antibióticos de este tipo se hallan la neomicina, gentamicina, tobramicina y amikacina (Fu et al., 2021).

Las sulfonamidas, son bacteriostáticas, aunque pueden mezclarse con trimetoprim para convertirse en bactericidas (Barrera-Salas et al., 2019), algunos de los antibióticos de este grupo son antimicrobianos que se emplean contra parásitos como el sulfametoxazol que se utiliza principalmente como trimetoprim/sulfametoxazol (Nunes et al., 2020).

Los glicopéptidos, inhibe la síntesis de peptidoglucano en la pared celular, de manera similar a las penicilinas, pero con un blanco distinto al de éstas (Gutierrez Reyes et al., 2021), entre los antibióticos de este grupo se hallan la vancomicina, teicoplanina y bleomicina (Riley et al., 2020)

Las oxazolidinonas, son uno de los grupos antibióticos de más reciente descubrimiento por lo que su mecanismo de acción aún no es bien comprendido, pero está relacionado con interferir con la síntesis de proteínas bacterianas (Pigrau, 2003; Pigrau & Almirante, 2009). Tiene un gran espectro de acción contra gram positivas siendo empleadas para tratar bacterias resistentes a antibióticos tales como el estafilococo multirresistente a antibióticos (MRSA) o los multirresistentes a vancomicina. A la fecha solo se ha aprobado para su uso el linezolid (Etebu & Arikekpar, 2016).

El nivel residual de los diferentes tipos de antibióticos varia en las aguas residuales, estos pueden ser asociados con su nivel de exposición, en el caso del manglar de Tumbes los probables antimicrobianos que podrían ingresar en éste, procedentes de la actividad langostinera, son: amoxicilina, ciprofloxacino, florfenicol, oxitetraciclina y sulfametoxazol/trimetoprim (Rosado Salazar, 2018)

2.1.4. Resistencia a antibióticos

La resistencia antibiótica es la capacidad que tiene o adquiere una bacteria para resistir ante los efectos bacteriostáticos y bactericidas de los antibióticos que se utilizan para el tratamiento de enfermedades infecciosas (Aslam et al., 2018; Ben et al., 2019; Chokshi et al., 2019; Larsson & Flach, 2022). Las bacterias desarrollan resistencia cuando se encuentran expuestas constantemente a antibióticos (Muhammad et al., 2020) las que se adaptan o resisten tienen una ventaja competitiva sobre aquellas sensibles.

La resistencia natural (intrínseca o estructural), es causada por las características constitutivas de la bacteria y no está asociada con el uso de antibióticos (Reygaert, 2018), esto porque podría ser que la bacteria contenga genes que, de forma natural, son utilizados como mecanismo de defensa ante los antibióticos (Xie et al., 2018). La resistencia adquirida, en cambio, es resultado de los cambios en las características genéticas de las bacterias (Girlich et al., 2020; Sandner-Miranda et al., 2018), se produce por mutaciones del material genético o por transferencia

de genes de resistencia y sólo aparece en algunas cepas bacteriana (Bello-López et al., 2019).

La resistencia cruzada, se produce cuando un microorganismo que es resistente a un determinado fármaco, demuestra resistencia ante un antibiótico distinto del mismo grupo que actúa con el mismo o similar mecanismo que el primero (Mann et al., 2021); sin embargo, a veces también se puede ver en grupos de drogas completamente no relacionados (Cândido et al., 2019).

La resistencia a múltiples fármacos, se da cuando un organismo bacteriano usualmente se ha convertido resistente a varios de los antibióticos usados para tratarlos (Pachori et al., 2019). Se dice que un microorganismo es multirresistente cuando es resistente al menos a un antibiótico en tres familias de antibióticos diferentes (Bleichenbacher et al., 2020).

2.1.5. Mecanismos de resistencia a antibióticos

Ogawara (2019) ha señalado que la resistencia antibiótica en bacterias implica al menos uno de cinco mecanismos:

- a) La eliminación del fármaco (sistema de bombeo activo), que se produce cuando la bacteria expulsa el antibiótico antes de que éste ejerza algún efecto en ella (Giannakis et al., 2018).
- b) La inactivación enzimática de antibióticos, cuando la bacteria modifica o destruye al antibiótico mediante sus enzimas (Surette et al., 2021).
- c) La modificación del sitio de unión del antibiótico; por cambios que ocurren en el receptor que se conecta al fármaco, ellos pueden ser varias enzimas y ribosomas (Luthra et al., 2018).
- d) La reducción de la permeabilidad de la membrana interna y externa, que origina la disminución de la absorción del fármaco en la célula (May & Grabowicz, 2018).
- e) La utilización de una vía metabólica alternativa a aquella que es afectada por el antibiótico, por ejemplo, en bacterias en las que se ha aplicado trimetoprim para inhibir la síntesis de folato, las bacterias pueden neutralizar la acción del antibiótico obteniendo el folato del medio ambiente en lugar de sintetizarlo (Ojemaye et al., 2020).

2.1.6. Pruebas de sensibilidad (Kirby-Bauer)

El método de difusión en disco es la prueba estándar para confirmar la susceptibilidad de las bacterias. Esta metodología fue introducida por los experimentos de Bauer y Kirby en 1956, después de finalizar todos los aspectos de la optimización cambiando las condiciones físicas (Esser & Elefson, 1970).

En este método, se selecciona la colonia bacteriana aislada, se suspende en medios de crecimiento y se estandariza a través de una prueba de turbidez (llegando a inóculos bacterianos de 10^5 a 10^8 UFC/ml). La suspensión estandarizada se inocula en una placa de agar Muller Hinton, y el papel tratado con antibióticos (discos de antibióticos) se agrega de modo equidistante en la placa inoculada. El antibiótico contenido en el disco se difunde a través del agar solidificado, lo que resulta en la formación de una zona de inhibición o halo de inhibición, cuando las cepas son sensibles, después de la incubación por 24 horas a 37 °C (Syal et al., 2017). A partir de entonces, se mide el tamaño de la zona de inhibición formada alrededor del disco de papel; el tamaño de la zona de inhibición permite determinar el grado de resistencia de las cepas bacterianas evaluadas (Khan et al., 2019).

2.1.7. Antecedentes

En el ámbito internacional, se han encontrado investigaciones que tratan sobre la resistencia antibiótica de bacterias aisladas en camarones de agua dulce en Tailandia (Thongkao & Sudjaroen, 2020); en la jaiba *Callinectes bellicosus* en México (Serrano Espinosa, 2018); en cangrejos de las nieves en Corea (Kim et al., 2013) y en cangrejos del fango *Scylla serrata* en Bangladés (Aftab et al., 2013).

Thongkao & Sudjaroen (2020) detectaron genes de resistencia antibiótica en bacterias patógenas aisladas de camarones de agua dulce (*Macrobrachium lanchesteri*), realizaron el cultivo bacteriano en los agares sangre, MacConkey y chocolate, las bacterias aisladas fueron identificadas morfológica y bioquímicamente usando el Manual de Bergey's y la susceptibilidad de éstas a los antibióticos por el método de Kirby – Bauer. Se obtuvo como resultado que la mayoría de cepas bacterianas aisladas correspondieron a *Aeromonas caviae*, *Proteus vulgaris*, *Proteus penneri*, *Klebsiella pneumoniae* y *Enterobacter aerogenes*, éstas fueron resistentes a la ampicilina y en unas pocas cepas se halló

resistencia a amoxicilina, ceftriazona, cefuroxima, tetraciclina y trimetoprim/sulfametoxazol.

Serrano Espinosa (2018), aisló y caracterizó bacterias con potencial probiótico y patógeno del estómago, intestino y huevos de la jaiba *Callinectes bellicosus* (Stimpson, 1859). Se determinó su resistencia antibiótica por el método de difusión en disco contra oxitetraciclina (30 µg), florfenicol (30 µg), enrofloxacin (5 µg), gentamicina (10 µg), estreptomicina (10 µg) y trimetoprim/sulfametoxazol (1,25/23,75 µg) así como la actividad antagónica de los bacilos y bacterias ácido lácticas (BAL) frente a bacterias patógenas. Se obtuvieron los siguientes resultados: Los bacilos presuntivos fueron sensibles a todos los antibióticos con excepción de 41 b-1p que fue resistente a trimetoprim/sulfametoxazol y 54 a-2 resistente a oxitetraciclina. Los aislados presuntivos de BAL fueron resistentes a la mayoría de antibióticos; los vibrios patógenos fueron sensibles a los antibióticos usados, con excepción del aislado 58 b que fue resistente a estreptomicina. Concluyendo, que los aislados presuntivos de BAL fueron resistentes a los antibióticos, mientras que los bacilos y vibrios presuntivos fueron sensibles.

Kim et al. (2013) analizaron la microbiota de cangrejos de las nieves *Chionoecetes* spp., usando métodos de cultivo, determinando también su resistencia a antibióticos. Obtuvieron, un total de 381 aislados bacterianos, 221 obtenidos de *Chionoecetes opilio*, 76 de *Chionoecetes japonicus* y 84 de *Chionoecetes* spp., los géneros predominantes fueron *Pseudomonas*, *Stenotrophomonas* y *Acinetobacter* en la comunidad en *Chionoecetes*, las branquias de las tres especies de cangrejo tuvieron una relativamente alta población de bacterias aerobias (superior a 105 UFC/g). Más de 50% de los 221 aislados de *C. opilio* fueron resistentes a ampicilina, eritromicina, penicilina, tetraciclina y vancomicina, mientras que los aislados de *C. japonicus* y *Chionoecetes* spp., fueron resistentes a los nueve antibióticos empleados, mostrando una tasa de resistencia de 15% y 30%, respectivamente.

Aftab et al. (2013) aislaron e identificaron bacterias del cangrejo del fango y del agua en que vive. Los cangrejos se recolectaron vivos, se lavaron y diseccionaron en caparazones, branquias, vísceras y tejido muscular y se colocaron en placas con agar tiosulfato citrato bilis sacarosa (TCBS) y agar tripticosa soya (TSA). La identificación de las cepas bacterianas se basó en sus características morfológicas, bioquímicas y fisiológicas, usando los kits API 20NE y 20E, los aislados bacterianos correspondieron a *Vibrio alginolyticus*, *V. cholerae*, *V. harveyi*, *V. fluvialis*, *V.*

parahaemolyticus y *V. mimicus*. *V. harveyi* fue la especie más abundante. Todas las bacterias aisladas mostraron sensibilidad a ciprofloxacino (91,90%), cloranfenicol (83,79%) y norfloxacino (83,78%) y resistencia a ampicilina, eritromicina, kanamicina, ácido nalidíxico, neomicina, oxitetraciclina, penicilina, estreptomycin y tetraciclina.

En Perú, los estudios más recientes como los de Rosado Salazar (2018), Aguirre et al. (2021) y Grande (2020) tuvieron como objetivo determinar la resistencia antibiótica en *Vibrio* spp. aislados de langostinos cultivados en zonas aledañas al manglar. Solamente se ha ubicado un único estudio sobre resistencia antibiótica en cangrejos del manglar en Tumbes que es el trabajo de Campaña–Maza et al. (2025). Todos estos estudios son indicativos de la existencia de resistencia antibiótica en bacterias que habitan el manglar en Tumbes.

Rosado Salazar (2018) logró identificar fenotípicamente y por métodos bioquímicos especies de *Vibrio* spp. patógenas, logrando determinar el perfil de resistencia antibiótica y reportó que la mayor parte de las cepas fueron resistentes a la ampicilina con 47% (27 cepas), seguido de las cepas resistentes a cloranfenicol 19% (11 cepas) y a tetraciclina 15,8% (9 cepas); Ninguna cepa fue resistente al ciprofloxacino, solo se observó sensibilidad intermedia en cuatro cepas. La especie *V. alginolyticus* presentó 11 cepas resistentes en su mayoría a ampicilina (8), mientras que *V. mimicus* fue la menos resistente, con solo dos cepas resistentes a ampicilina. La ampicilina presentó mayor mono resistencia (16 cepas), en tanto que la resistencia múltiple predominantemente se dio contra ampicilina y cloranfenicol, concluyendo que el riesgo de resistencia antibiótica en las cepas de *Vibrio* spp. fue bajo.

Grande (2020), realizó un estudio dirigido a establecer los determinantes genéticos de la resistencia a antibióticos en *Vibrio*. Para esto se utilizaron cepas de *Vibrio* spp. aisladas por el Laboratorio de la Oficina Desconcentrada de Sanipes en Tumbes, las cepas fueron sometidas a pruebas de difusión en agar y reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Obteniendo como resultado que 91 cepas (76,46%) mostraron resistencia a ampicilina, 42 cepas (35,29%) a tetraciclina y oxitetraciclina, 1 cepa (0,84%) a trimetoprim/sulfametoxazol, y 1 cepa (0,84%) a enrofloxacin; ninguna de las muestras estudiadas mostró resistencia a cloranfenicol. Se lograron detectar los genes *tet(A)* en el 26,19% de las cepas resistentes a tetraciclina y *tet(B)* en el 69,04% de las mismas.

Aguirre et al. (2021) caracterizaron la resistencia antibiótica en *Vibrio* spp. aislados de *Litopenaeus vannamei* y ensayó extractos de orégano (*Origanum vulgare*) y neem (*Azadirachta indica*) para su inhibición; aisló 14 cepas de *Vibrio* spp. del hepatopáncreas de langostinos provenientes de Santa Rosa (Ecuador), además, también obtuvieron por donación otras 14 cepas de *Vibrio* spp. aisladas de langostinos de Tumbes (Perú). Asimismo, evaluaron la resistencia antibiótica de las cepas contra 10 antibióticos, determinando que 28 cepas estudiadas fueron resistentes al menos a uno de los antibióticos, 64,3% fueron multirresistentes y 50% fueron resistentes a oxitetraciclina.

Campaña (2024) evaluó la resistencia antibiótica a 12 antibióticos, los residuos antibióticos y los genes de resistencia a tetraciclinas} en cepas bacterianas aisladas de *Ucides occidentalis* y langostinos silvestres (*Litopenaeus vannamei*) recolectados en Puerto Pizarro, El Bendito y la desembocadura de río Tumbes. Los resultados mostraron que la mayoría cepas de *Vibrio* spp. aisladas de cangrejos del manglar fueron resistentes a la estreptomina (58,8%) y fosfomicina (23,5%). Las cepas bacterianas aisladas de langostinos silvestres mostraron resistencia antibiótica a la ampicilina (92,9%) y estreptomina (42,9%). Asimismo, se evidenció sensibilidad al cloranfenicol florfenicol, tetraciclina y gentamicina. Además, los residuos de tetraciclinas en la parte comestible de cangrejos y langostinos no superaron los límites máximos permisibles. Por otro lado, no se detectó la presencia de genes de resistencia a tetraciclina (*tetA*, *tetB*, *tetD* y *tetE*) en ninguna de las cepas bacterianas evaluadas.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. Lugar de ejecución

La investigación se realizó en el Laboratorio de Biología Molecular de la Facultad de Ingeniería Pesquera y Ciencias del Mar de la Universidad Nacional de Tumbes, localizado en Puerto Pizarro, distrito, provincia y departamento de Tumbes.

3.2. Tipo y diseño de investigación

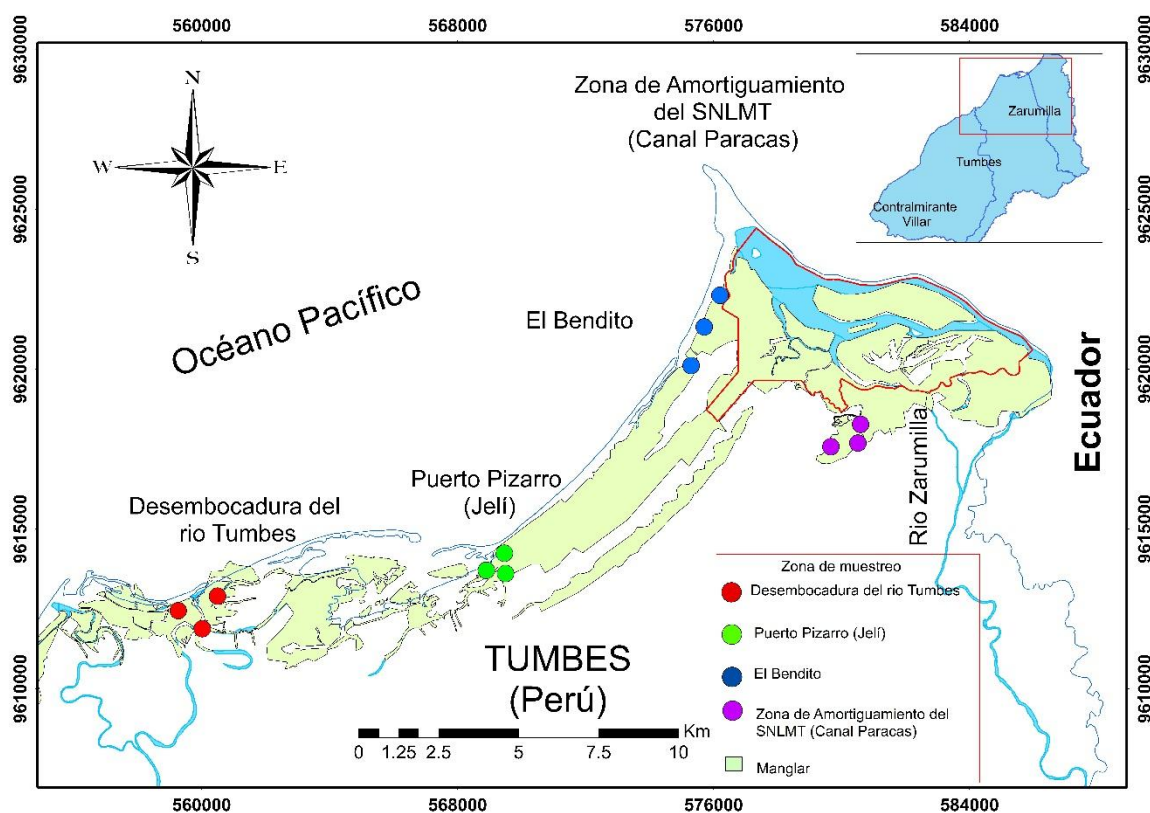
El estudio tuvo un enfoque cuantitativo, pues, tal como lo manifestaron Hernández et al. (2014), representó un conjunto de procesos secuenciales y probatorios, midiendo y analizando las variables mediante métodos estadísticos. Además, fue una investigación de tipo básica, porque buscó producir conocimiento y teorías; y descriptiva, porque pretendió medir o recoger información de manera independiente o conjunta sobre la resistencia antibiótica.

3.3. Población y muestra

La población estuvo conformada por los cangrejos *Ucides occidentalis* que habitan en el ecosistema del manglar de Tumbes; la muestra estuvo integrada por los cangrejos recolectados en cuatro zonas principales del ecosistema del manglar, las cuales fueron georreferenciadas (figura 1).

Figura 1

*Zonas y puntos de recolección de *Ucides occidentalis* en el manglar de Tumbes*



3.4. Diseño metodológico

3.4.1. Obtención de ejemplares de *U. occidentalis*

La extracción de cangrejos del manglar *U. occidentalis* se realizó en marea baja y estuvo a cargo de un extractor experimentado. Los ejemplares fueron colocados en bolsas de paño anchovetero (jicras), estas fueron etiquetadas y trasladadas al Laboratorio de Biología Molecular de la Facultad de Ingeniería Pesquera y Ciencias del Mar.

3.4.2. Procesamiento de muestras

Se utilizó la metodología empleada por Carvalho et al. (2016), con modificaciones. Los cangrejos, luego de ser sacrificados siguiendo la directiva de la Sociedad Real para la Prevención de la Crueldad a Animales (RSPCA, 2016), fueron lavados con abundante agua destilada para retirar los restos de sedimentos y otras impurezas presentes en su cuerpo. De cada cangrejo se tomó muestra del músculo, branquias e intestino; cada submuestra fue retirada con una pinza estéril y un bisturí. Se

tomaron entre 0,1 y 0,5 g de cada tejido, los cuales fueron triturados en un microtubo de 1,5 ml con un macerador (varilla de acero estéril). Luego, se realizaron diluciones seriadas de 10^{-1} a 10^{-2} en solución salina fisiológica (solución al 0,85% de NaCl).

3.4.3. Aislamiento y purificación de bacterias

Las diluciones de 10^{-2} fueron transferidas a microtubos de 1,5 ml con 0,9 ml de caldos específicos para el aislamiento de ciertos grupos bacterianos. Así, para el caso de las bacterias ácido lácticas se sembraron en caldo Man Rogosa Sharpe (MRS); para *Bacillus* se inocularon en caldo tripticasa soya (TSB), luego se tomó un inóculo de este medio y se calentó a 80 °C por 10 minutos. Para el caso de coliformes, se tomó 1 ml de la dilución 10^{-2} y se agregó en tubos con 9 ml de caldo lauril sulfato (CLS). Para *Vibrio* y bacterias en general, se sembraron 20 µl del inóculo de la dilución 10^{-2} en agar TCBS y TSA, respectivamente. Los tubos inoculados fueron incubados a 37 °C por 24 h, luego de lo cual se inspeccionaron para determinar si hubo crecimiento bacteriano evidenciado por la turbidez del medio de cultivo.

A continuación, a partir de los tubos en los que se evidenció crecimiento, se realizó una siembra en medio TSA para *Bacillus* y coliformes, y en agar MRS para el caso de bacterias ácido lácticas.

De las placas con los diferentes medios (TSA y MRS) en las que hubo crecimiento de colonias, se tomaron las más representativas y se subcultivaron sucesivamente hasta obtener cultivos puros.

3.4.4. Caracterización morfológica de cepas bacterianas

Se utilizó la metodología detallada por Hasibuan et al. (2018). Para el caso de la morfología de las colonias, se evaluaron la forma, tamaño, color, textura, elevación y bordes de las colonias crecidas en TSA y MRS. En cuanto a la morfología celular, se determinó tiñendo las células bacterianas con tinción de Gram (que tiñe de púrpura a las Gram positivas y de fucsia a las Gram negativas) y observándolas al microscopio para identificar su forma (cocos, bacilos, etc.).

3.4.5. Prueba de sensibilidad antibiótica

Se utilizó la metodología detallada por Carvalho et al. (2016). Las cepas bacterianas fueron inoculadas por triplicado en placas Petri, a una concentración equivalente a $1,5 \times 10^8$ UFC/ml (estándar 0,5 de McFarland) en placas Petri con agar Muller Hinton. En cada placa se colocaron discos antibióticos correspondientes a: amoxicilina (25 µg), ciprofloxacino (5 µg), florfenicol (30 µg), oxitetraciclina (30 µg) y sulfametoxazol/trimetoprim (1,25/23,75 µg). Las placas fueron incubadas durante 24 horas a 37 °C. Transcurrido el tiempo de incubación, se procedió a medir con una regla los halos de inhibición. La zona de inhibición fue interpretada de acuerdo con las Directrices M100-S22 de los Estándares de Laboratorio Clínico e investigaciones establecidas por otros autores como se muestran en las tablas 1 y 2.

Tabla 1

Puntos de corte para determinar la resistencia antibiótica en cepas de Vibrio spp. y enterobacterias aisladas de Ucides occidentalis

Antibiótico*	Diámetro de puntos de corte (mm)**			Referencia
	S	I	R	
Vibrio spp.***				
AMX (25 µg)	>26	----	<26	EUCAST (2026)
CIP (5 µg)	>23	----	<23	EUCAST (2026)
OTC (30µg)	≥15	12-14	≤11	Keawchana et al. (2026)
SXT (25 µg)	≥16	11-15	≤10	Keawchana et al. (2026)
FLO (30 µg)	≥18	13-17	≤12	Campaña (2024)
Enterobacterias****				
AMX (25 µg)	>8	----	<8	EUCAST (2026)
CIP (5 µg)	≥25	23-24	≤22	EUCAST (2026)
OTC (30µg)	≥15	12-14	≤11	Aidaros et al. (2022)
SXT (25 µg)	>15	----	<15	EUCAST (2026)
FLO (30 µg)	>17	----	<17	EUCAST (2026)
Proteus mirabilis				
AMX (25 µg)	≥18	14-17	≤13	Valencia et al. (2025)
CIP (5 µg)	≥21	16-20	≤15	Valencia et al. (2025)

Nota. *AMX = amoxicilina, CIP = ciprofloxacino, OTC = oxitetraciclina, SXT = sulfametoxazol/trimetoprim y FLO = florfenicol.

** S = sensible, I = intermedia, R = resistente.

*** Para el caso de *Vibrio* spp. se tomaron puntos de cortes de piperacillin-tazobactam ya que pertenece a la misma familia que la amoxicilina (penicilinas).

****Para enterobacterias se utilizó puntos de corte de cloranfenicol (<17 mm) puesto que pertenecen a la misma familia que el florfenicol (fenicoles).

Tabla 2

Puntos de corte para determinar la resistencia antibiótica en cepas de Staphylococcus spp. y Lactobacillus spp. aisladas de Ucides occidentalis

Antibiótico*	Diámetro de puntos de corte (mm)**			Referencia
	S	I	R	
Staphylococcus spp.				
AMX (25 µg)	ND	ND	ND	
CIP (5 µg)	≥50	24-49	≤23	EUCAST (2026)
OTC (30µg)	≥18	15-18	≤15	Petrovski et al. (2015) y Campaña (2024)
SXT (25 µg)	>24	----	<24	EUCAST (2026)
FLO (30 µg)	≥18	13-17	≤12	Campaña (2024)
Lactobacillus spp.***				
AMX (25 µg)	≥21	19-20	≤18	Charteris et al. (1998)
CIP (5 µg)	≥19	14-18	≤13	Charteris et al. (1998)
OTC (30µg)	≥19	15-18	≤14	Charteris et al. (1998)
SXT (25 µg)	≥17	13-16	≤12	Charteris et al. (1998)
FLO (30 µg)	≥18	14-17	≤13	Charteris et al. (1998)

Nota. *AMX = amoxicilina, CIP = ciprofloxacino, OTC = oxitetraciclina, SXT = sulfametoxazol/trimetoprim y FLO = florfenicol.

** S = sensible, I = intermedia, R = resistente.

*** Para determinar la resistencia antibiótica en *Lactobacillus* se tomaron puntos de corte de la investigación de Charteris et al. (1998); sin embargo, para el caso de sulfametoxazol/trimetoprim se utilizaron puntos de corte de sulfametoxazol; asimismo, para la oxitetraciclina se tomaron puntos de corte de tetraciclina. Por otro lado, se utilizaron puntos de corte de cloranfenicol para evaluar la resistencia antibiótica en florfenicol ya que pertenecen a la misma familia de antibióticos (fenícoles).

3.4.6. Identificación molecular de cepas bacterianas

Las cepas bacterianas que mostraron mayor resistencia en la prueba de sensibilidad antibiótica fueron identificadas mediante el secuenciamiento de un fragmento del gen 16S ARNr.

Se siguió la metodología detallada por Wilson (2001), con modificaciones. Se tomaron 1,5 ml de la cepa bacteriana cultivada por 24 horas en TSB; los tubos fueron centrifugados a 10 000 × g durante 5 minutos y se recogió el pellet formado. La extracción de ADN se realizó con la técnica del bromuro de cetil trimetil amonio (CTAB) (anexo 3).

El ADN genómico aislado fue cuantificado utilizando un espectrofotómetro a las longitudes de onda de 260 y 280 nm (anexo 4). La pureza del ADN genómico fue comprobada mediante migración en gel de agarosa al 0,8%.

Los cebadores universales (*forward* 27F: 5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3' y *reverse* 1492R: 5'-GGTTACCTTGTTACGACT-3') fueron utilizados para la amplificación del fragmento del gen 16S ARNr. Las condiciones para la reacción

en cadena de la polimerasa (PCR) fueron las siguientes: una desnaturalización inicial durante 5 minutos a 94 °C, seguida de 35 ciclos de desnaturalización a 94 °C durante 1 minuto, hibridación a 55 °C durante 30 segundos y extensión a 72 °C durante 1 minuto 45 segundos, concluyendo con una extensión final de 2 minutos a 72 °C.

El fragmento amplificado del gen 16S ARNr fue purificado y enviado a secuenciar al extranjero a través de una empresa con sede en Lima.

Las secuencias de los fragmentos del gen 16S ARNr fueron depuradas evaluando su calidad de lectura y recortando los extremos que no presentaron un adecuado nivel de calidad (*Phred quality* < 30). Luego, las secuencias complementarias de cada cepa fueron alineadas para obtener una secuencia de consenso, con la cual se realizó la búsqueda de secuencias similares en las bases de datos GenBank y SILVA. Se determinó la especie correspondiente cuando el nivel de identidad fue > 0,99.

3.4.7. Identificación de genes de resistencia antibiótica

Del ADN aislado de las cepas bacterianas que habían mostrado resistencia a los antibióticos en el ensayo de sensibilidad, se amplificaron fragmentos de los genes de resistencia a antibióticos como se muestra en la tabla 3, entre los cuales se observa a *tet(M)* y *tet(O)*, que confieren resistencia a las tetraciclinas (y, por consiguiente, también a la oxitetraciclina); de los genes *erm(B)* y *fex(A)*, que confieren el fenotipo de resistencia al florfenicol (Oviedo-Bolaños, 2021); del gen *blaZ*, responsable de la resistencia a la amoxicilina (Sánchez et al., 2022), de los genes *qnrB* y *qnrS*, asociados con la resistencia a ciprofloxacina (Pajaro, 2019); y de los genes *sul*, que confieren resistencia a sulfametoxazol, junto con el gen *dfra*, que confiere resistencia a trimetoprim (Sánchez-Osuna et al., 2020).

La amplificación se realizó mediante PCR, utilizando la programación (temperatura y tiempo) adecuada para cada cebador. La separación de los amplicones obtenidos por PCR se realizó mediante electroforesis en gel de agarosa, y el resultado fue visualizado en un transiluminador ultravioleta (UV).

Tabla 3*Primers utilizados en la PCR para detección de ARGs de antibióticos*

Antibiótico	Gen		Secuencia	Tamaño de amplicón (bp)	Referencia
Oxitetraciclina	<i>tet(O)</i>	F	AAC TTA GGC ATT CTG GCT CAC	515	Ng et al. (2001)
	<i>tet(O)</i>	R	TCC CAC TGT TCC ATA TCG TCA		
	<i>tet(M)</i>	F	GTG GAC AAA GGT ACA ACG AG	406	Ng et al. (2001)
	<i>tet(M)</i>	R	CGG TAA AGT TCG TCA CAC AC		
Florfenicol	<i>erm(B)</i>	F	GAA AAG GTA CTC AAC CAA ATA	639	Reinert et al. (2008)
	<i>erm(B)</i>	R	AGT AAC GGT ACT TAA ATT GTT TAC		
	<i>fex(A)</i>	F	GTA CTT GTA GGT GCA ATT ACG GCT GA	1272	Kehrenberg & Schwarz (2005)
	<i>fex(A)</i>	R	CGC ATC TGA GTA GGA CAT AGC GTC		
Amoxicilina	<i>blaZ</i>	F	GTT GCG AAC TCT TGA ATA GG	674	Sánchez et al. (2022)
	<i>blaZ</i>	R	GGA GAA TAA GCA ACT ATA TCA TC		
Ciprofloxacino	<i>qnrB</i>	F	GAC AGA AAC AGG TTC ACC GGT	469	N'zi et al. (2024)
	<i>qnrB</i>	R	CAA GAC GTT CCA GGA GCA ACG		
	<i>qnrS</i>	F	GGA AAC CTA CAA TCA TAC ATA	657	Neuta et al. (2025)
	<i>qnrS</i>	R	GTC AGG ATA AAC AAC AAT ACC		
Sulfametoxazol	<i>sul1</i>	F	CGG CGT GGG CTA CCT GAA CG	433	Kern et al. (2002)
	<i>sul1</i>	R	GCC GAT CGC GTG AAG TTC CG		
Trimetoprim	<i>dfrA1</i>	F	TGG AGT TAT CGG GAA TGG C	334	Shinu et al. (2020)
	<i>dfrA1</i>	R	AAC ATC ACC TTC CGG CTC G		

3.4.8. Análisis de datos

Los datos obtenidos fueron organizados en tablas y figuras utilizando el programa Excel. Se evaluó si existió diferencia estadísticamente significativa respecto a la proporción de bacterias cultivables resistentes en los cangrejos según la zona de recolección, para lo cual se empleó la prueba de análisis de varianza (ANVA), complementada con la prueba *post-hoc* de Tukey. En caso de que los datos no cumplieran con los requerimientos para realizar la prueba de ANVA, se empleó de manera alternativa la prueba no paramétrica de Kruskal-Wallis (anexo 3).

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. Aislamiento y tinción de Gram de colonias aisladas en muestras de tejidos de *Ucides occidentalis*.

En la tabla 4 se observa la caracterización y tinción de Gram de 19 cepas aisladas en medio de cultivo TCBS de diferentes tejidos de *Ucides occidentalis* (músculo, intestino y branquias), colectados en distintas zonas del manglar de Tumbes.

En el primer muestreo se observó que todas las colonias presentaron coloración verde, con diámetros entre 0,5 y 4,5 mm y forma circular en su mayoría. Al realizarles la tinción de Gram y observarlas al microscopio, las colonias mostraron forma de cocobacilo y resultaron negativas. Asimismo, las colonias presentaron consistencia suave, elevación convexa y superficie lisa.

Durante el segundo muestreo, se observó mayor variabilidad fenotípica, registrándose colonias de color verde y amarillo, con diámetros entre 0,5 y 3,5 mm, forma circular y consistencia cremosa. Asimismo, la mayoría de las cepas tuvieron forma de cocobacilos y fueron Gram negativas.

En el tercer muestreo, las colonias presentaron coloración verde y amarilla, con tamaños de 1,5 a 4,0 mm. Se observaron forma circulares e irregulares. Las colonias presentaron borde entero en su mayoría, mientras que las cepas V29 y V33 mostraron borde ondulado. La morfología celular de las bacterias fueron cocobacilos y bacilos Gram negativos en su mayoría.

Finalmente cabe mencionar que los resultados mostraron una diversidad morfológica de bacterias aisladas en tejidos de *Ucides occidentalis*, con predominancia de bacterias Gram negativas y morfología de cocobacilos similares a *Vibrio* spp.

Tabla 4

Caracterización de colonias bacterianas y tinción de Gram de cepas bacterianas presuntivas de Vibrio spp. aisladas en medio de cultivo TCBS a partir de tejidos de Ucides occidentalis

Muestreos	Zona	Cepa	Tejido	Características de las colonias			Tinción de Gram	
				Color	Tamaño (mm)	Forma	Forma	Tinción
1	ZA SNLMT	SM 18	Músculo	Verde	2,5	Circular	Cocobacilo	-
	El Bendito	BI 30	Intestino	Verde	2,5	Circular	Cocobacilo	-
	El Bendito	BI 33	Intestino	Verde	1,5	Circular	Cocobacilo	-
	Jeli	JI 41	Intestino	Verde	0,5	Puntiforme	Cocobacilo	-
	DRT*	DI 42	Intestino	Verde	1,5	Circular	Cocobacilo	-
	Jeli	JB 53	Branquias	Verde	4,5	Circular	Cocobacilo	-
	DRT	DI 79	Intestino	Verde	2,0	Circular	Cocobacilo	-
2	ZA SNLMT	SI 22	Intestino	Verde	2,0	Circular	Cocobacilo	-
	El Bendito	BB 27	Branquias	Verde	1,0	Puntiforme	Cocobacilo	-
	ZA SNLMT	SI 58	Intestino	Amarilla	3,0	Circular	Cocobacilo	-
	DRT	DB 100	Branquias	Verde	0,5	Puntiforme	Cocobacilo	-
	DRT	DM 101	Músculo	Verde	2,5	Circular	Bacilo	-
	Jeli	JB 110	Branquias	Amarilla	2,0	Circular	Bacilo	-
3	El Bendito	V1	Músculo	Verde	1,0	Circular	Cocobacilo	-
	El Bendito	V5	Branquias	Amarilla	3,5	Circular	Cocobacilo	+
	El Bendito	V17	Intestino	Verde	1,5	Circular	Cocobacilo	-
	Jeli	V29	Músculo	Amarilla	3,5	Irregular	Bacilo	-
	Jeli	V33	Branquias	Amarilla	4,0	Irregular	Bacilo	-
	DRT	V39	Branquias	Verde	3,0	Circular	Cocobacilo	-

Nota. * DRT: Desembocadura del río Tumbes. ZA SNLMT = zona de amortiguamiento del Santuario Nacional los Manglares de Tumbes

La investigación ha reportado cepas con características morfológicas compatibles con *Vibrio* spp. al crecer en medio TCBS como las señaladas por Sabir et al. (2013), Campaña (2024), Aguirre et al. (2021), Tinoco et al. (2023) y Potosí (2024), a saber, colonias que poseen bordes enteros, elevación convexa y coloración verde y amarilla.

La presencia de *Vibrio* spp. en *Ucides occidentalis* no es de sorprender puesto que estas bacterias son abundantes en el manglar y han sido reportados en otros crustáceos braquiuros como por ejemplo en el cangrejo de manglar de Indonesia (*Scylla serrata*), en el cual muchas veces causan mortalidades (Islamia et al. 2025). También se ha reportado presencia de este género de bacterias en el cangrejo del manglar de Tumbes (*Ucides occidentalis*) por Campaña-Maza et al. (2025).

En la tabla 5 se observa la caracterización morfológica y la tinción de Gram de las 20 cepas aisladas en medio TSA a partir de tejidos de *Ucides occidentalis* (intestino, músculo y branquias), recolectadas en distintas zonas del manglar de Tumbes. Las colonias presentaron tamaños entre 1,0 y 4,0 mm, con mayor predominancia en la forma circular y borde entero, aunque también se registraron colonias con formas irregulares, puntiformes y rizoides. La mayoría de las colonias presentaron coloración crema, con excepción de cuatro colonias que fueron blancas (B3, B7, B21 y B26).

Las colonias presentaron elevación convexa y superficie lisa con excepción de la colonia B3, que presentó elevación plana y superficie rugosa. Al emplear la tinción gram, la mayoría de las cepas mostraron ser cocobacilos y cocos Gram negativos.

Tabla 5

Caracterización de colonias bacterianas y tinción de Gram de cepas bacterianas aisladas en medio TSA a partir de tejidos de Ucides occidentalis

Muestreo	Zona	Cepa	Tejido	Características de las colonias			Tinción de Gram	
				Tamaño (mm)	Forma	Borde	Forma	Tinción
1	ZA SNLMT	ST 43	Intestino	2,0	Circular	Entero	Cocobacilo	-
	ZA SNLMT	ST 44	Intestino	1,0	Circular	Entero	Bacilo	-
	DRT	DT 45	Intestino	1,0	Circular	Entero	Cocobacilo	-
	DRT	DT 46	Intestino	1,5	Circular	Entero	Cocobacilo	-
	El Bendito	BT 47	Intestino	2,5	Circular	Entero	Cocobacilo	-
	El Bendito	BT 48	Intestino	1,0	Circular	Entero	Cocobacilo	-
	Jeli	JT 76	Intestino	1,0	Irregular	Entero	Cocobacilo	-
	Jeli	JT 107	Intestino	1,5	Irregular	Ondulado	Cocobacilo	-
2	El Bendito	BM 5	Músculo	3,5	Circular	Entero	Coco	+
	ZA SNLMT	SM 14	Músculo	1,0	Puntiforme	Entero	Coco	-
	ZA SNLMT	SB 23	Branquias	4,0	Circular	Entero	Cocobacilo	-
	El Bendito	BT 20	Intestino	2,0	Circular	Entero	Cocobacilo	-
	Jeli	JT 51	Intestino	1,0	Circular	Entero	Cocobacilo	-
	DRT	DT 52	Intestino	2,5	Circular	Entero	Cocobacilo	-
3	ZA SNLMT	B3	Músculo	4,0	Rizoide	Rizoide	Coco	-
	ZA SNLMT	B7	Branquias	2,0	Circular	Entero	Coco	-
	El Bendito	B21	Branquias	2,5	Circular	Entero	Coco	-
	El Bendito	B26	Branquias	2,0	Circular	Entero	Coco	+
	Jeli	B37	Músculo	1,5	Circular	Entero	Coco	-
	DRT	B47	Músculo	1,0	Circular	Entero	Coco	-

Nota. * DRT: Desembocadura del río Tumbes. ZA SNLMT = zona de amortiguamiento del Santuario Nacional los Manglares de Tumbes

Como se ha observado en la tabla 5, existió variabilidad en las características morfológicas en las colonias de las 20 cepas aisladas, esto es justificable por el motivo que se utilizó un medio genérico como es el caso de TSA, el mismo que permite el crecimiento de diferentes géneros de especies bacterianas, además este medio de cultivo no contiene sustancias inhibitorias de crecimiento bacteriano de ciertos grupos, lo que si ocurre con otros medios de cultivo que son selectivos y específicos para grupos bacterianos (Britania, 2021b).

En la tabla 6 se muestra la caracterización morfológica de las colonias y la tinción de Gram de las 17 cepas aisladas en medio de cultivo TSA a partir de muestras de intestinos de cangrejos recolectados en distintas zonas del manglar de Tumbes. Las colonias mostraron tamaños entre 0,5 y 5,0 mm, con formas variables como irregulares, rizoides, circulares o filamentosas. Los bordes de las colonias fueron principalmente ondulados y enteros, mientras que la superficie fue plegada, rugosa o lisa. La mayoría de las bacterias presentaron morfología de bacilos y fueron Gram positivas o negativas. Finalmente, todas las colonias presentaron coloración crema.

Tabla 6

Caracterización de colonias bacterianas y tinción de Gram de cepas presuntivas de Bacillus spp. aisladas en medio de cultivo TSA a partir de tejidos de U. occidentalis

Muestreo*	Zona	Cepa	Características de las colonias				Tinción de Gram	
			Tamaño (mm)	Forma	Borde	Superficie	Forma	Tinción
1	DRT**	DBAC 54	3,0	Irregular	Ondulado	Plegada	Bacilo	+
	DRT	DBAC 55	3,0	Irregular	Ondulado	Plegada	Bacilo	+
	El Bendito	BBAC 57	5,0	Irregular	Ondulado	Plegada	Bacilo	+
	Jeli	JBAC 88	3,0	Rizoide	Rizoide	Rugosa	Bacilo	-
	ZA SNLMT	SBAC 90	1,0	Irregular	Ondulado	Plegada	Bacilo	-
2	DRT	DBAC 30	1,0	Irregular	Ondulado	Plegada	Bacilo	+
	Jeli	JBAC 31	0,5	Irregular	Ondulado	Plegada	Bacilo	+
	Jeli	JBAC 32	1,0	Irregular	Ondulado	Plegada	Coco	-
	ZA SNLMT	SBAC 81*	1,0	Rizoide	Rizoide	Rugosa	Bacilo	+
	El Bendito	BBAC 82	2,5	Circular	Entero	Rugosa	Bacilo	-
	El Bendito	BBAC 83	3,0	Rizoide	Rizoide	Rugosa	Bacilo	-
3	ZA SNLMT	C1S - BAC	1,5	Circular	Entero	Lisa	Bacilo	-
	ZA SNLMT	C4S - BAC	2,0	Circular	Entero	Lisa	Bacilo	-
	El Bendito	C2B - BAC	3,5	Filamentosa	Filamentosa	Rugosa	Bacilo	-
	Jeli	C6J - BAC	2,5	Irregular	Ondulado	Lisa	Bacilo	-
	DRT	C2D - BAC	2,0	Circular	Entero	Lisa	Bacilo	+
	DRT	C6D - BAC	3,0	Circular	Entero	Lisa	Bacilo	-

Nota. *Las colonias aisladas de *Ucides occidentalis* del primer y segundo muestreo mostraron consistencia membranosa, excepto la cepa JBAC 90, SBAC 81, BBAC 82 y BBAC 83 que mostraron una consistencia dura, finalmente las colonias del tercer muestreo

presentaron consistencia suave. ** DRT: Desembocadura del río Tumbes. ZA SNLMT = zona de amortiguamiento del Santuario Nacional los Manglares de Tumbes

Las 17 cepas mostradas en la tabla 6, presuntivamente correspondieron a *Bacillus* puesto que el *shock* térmico a 71 °C, constituyó una barrera que hizo que bacterias que no son esporulantes murieran y solo se seleccionaran *Bacillus*, tal como lo han mencionado Obando & Suárez (2015), Villarreal-Delgado et al. (2018) y Maughan & Van Der Auwera (2011) quienes mencionan que *Bacillus* spp. forman endosporas resistentes al calor.

En la tabla 7 se muestra la caracterización morfológica de 17 colonias bacterianas y la tinción de Gram de cepas bacterianas presuntivas de bacterias ácido lácticas aisladas en medio MRS a partir de muestras de intestinos de *Ucides occidentalis* recolectados en diferentes zonas del manglar de Tumbes. Las colonias aisladas presentaron predominancia en la coloración blanca y crema, con tamaños que oscilaron entre 0,5 y 2,0 mm, formas circulares y puntiformes, superficie lisa, consistencia cremosa, elevación convexa y borde entero. A la observación microscópica empleando la tinción de Gram, las células bacterianas mostraron forma cocoide o cocobacilar y resultaron Gram positivas, características compatibles con bacterias ácido lácticas.

Tabla 7

*Caracterización de colonias bacterianas y tinción de Gram de cepas presuntivas a BAL aisladas en medio de cultivo MRS a partir de tejidos de *Ucides occidentalis**

Muestreos	Zona	Cepa*	Características de las colonias			Tinción de Gram	
			Color	Tamaño (mm)	Forma	Forma	Tinción
1	ZA SNLMT**	SLAC 93	Blanco	1,5	Circular	Coco	+
	ZA SNLMT	SLAC 98	Crema	0,5	Puntiforme	Coco	+
	ZA SNLMT	SLAC 100	Crema	0,5	Puntiforme	Coco	+
	El Bendito	BLAC 101	Crema	0,5	Puntiforme	Coco	+
	DRT	DLAC 105	Crema	1,0	Circular	Coco	+
2	ZA SNLMT	SLAC 34	Blanca	2,0	Circular	Coco	+
	El Bendito	BLAC 38	Blanca	1,5	Puntiforme	Cocobacilo	+
	El Bendito	BLAC 39	Blanca	1,0	Circular	Cocobacilo	+
	DRT	DLAC 42	Blanca	1,0	Circular	Coco	+
	Jeli	JLAC 43	Blanca	1,5	Circular	Coco	+
	Jeli	JLAC 44	Blanca	2,0	Circular	Coco	+
3	DRT	C1D-LAC	Blanco	1,0	Circular	Coco	+
	DRT	C2D-LAC	Crema	1,0	Circular	Coco	-
	Jeli	C3J-LAC	Blanco	1,5	Circular	Coco	+
	Jeli	C4J-LAC	Crema	0,5	Circular	Coco	+
	ZA SNLMT	C7S-LAC	Blanca	1,0	Circular	Coco	+
	El Bendito	C2B-LAC	Crema	1,0	Circular	Bacilo	+

Nota. *Todas las colonias fueron aisladas de intestino de *Ucides occidentalis*, las mismas que presentaron superficie lisa, consistencia cremosa, elevación convexa y borde entero.

** DRT: Desembocadura del río Tumbes. ZA SNLMT = zona de amortiguamiento del Santuario Nacional los Manglares de Tumbes

En tabla 8 se observa la caracterización morfológica y la tinción de Gram de 17 cepas presuntivamente coliformes aisladas en caldo lauril sulfato a partir de muestras de músculo de *Ucides occidentalis* recolectados en diferentes zonas del manglar de Tumbes. Las colonias presentaron tamaños entre 1,0 y 1,5 mm con forma circular en su mayoría de ellas, tuvieron consistencia cremosa y suave, superficie lisa, elevación convexa y borde entero. En la tinción de Gram presentaron forma de cocos, cocobacilos y bacilos Gram negativos.

Tabla 8

*Caracterización de colonias bacterianas y tinción de Gram de cepas bacterianas presuntivas de coliformes aisladas en medio de cultivo lauril sulfato a partir de tejidos de *Ucides occidentalis**

Muestreo	Zona	Cepa*	Características de las colonias			Tinción de Gram	
			Tamaño (mm)	Forma	Consistencia	Forma	Tinción
1	El Bendito	BC 49	1,5	Circular	Suave	Coco	-
	ZA SNLMT**	SC 50	1,0	Circular	Suave	Coco	-
	El Bendito	BC 69	1,0	Circular	Suave	Coco	-
	El Bendito	BC 84	1,5	Circular	Suave	Coco	-
	El Bendito	BC 106	1,5	Circular	Suave	Coco	-
2	ZA SNLMT	SC 66	1,0	Circular	Creмоса	Cocobacilo	-
	DRT	DC 67	1,5	Circular	Creмоса	Cocobacilo	-
	Jeli	JC 68	1,0	Puntiforme	Creмоса	Coco	-
	El Bendito	BC 69-C	1,0	Circular	Creмоса	Cocobacilo	-
	DRT	DC 70	1,0	Puntiforme	Creмоса	Cocobacilo	-
	ZA SNLMT	SC 104	1,5	Circular	Creмоса	Bacilo	-
3	ZA SNLMT	C2S-COL	1,5	Circular	Creмоса	Cocobacilo	-
	ZA SNLMT	C3S-COL	1,0	Circular	Creмоса	Coco	-
	El Bendito	C5B-COL	1,0	Circular	Creмоса	Cocobacilo	-
	DRT	C6D-COL	1,0	Circular	Creмоса	Cocobacilo	-
	DRT	C7D-COL	1,5	Circular	Creмоса	Cocobacilo	-
	Jeli	C4J-COL	1,0	Circular	Creмоса	Bacilo	-

Nota. *Las colonias fueron aisladas del músculo de *Ucides occidentalis*, además todas las colonias presentaron coloración crema, superficie lisa, elevación convexa y borde entero.

** DRT: Desembocadura del río Tumbes. ZA SNLMT = zona de amortiguamiento del Santuario Nacional los Manglares de Tumbes

La presencia de estas colonias reportadas en la investigación indica una posible exposición a fuentes de contaminación fecal, aunque al tratarse de coliformes totales, es posible que se trate de organismos que se encuentran presentes naturalmente en el ambiente. Sin embargo, se debe precisar que dentro de este grupo de coliformes se hallan bacterias que son ampliamente utilizadas como indicadores microbiólogos de calidad sanitaria en sistemas acuáticos y alimentos de origen hidrobiológico (Nguyen et al., 2022); además autores como Albuquerque (2013), Miotto et al. (2019) y Vergara (2023) respaldan lo mencionado. La posibilidad de que exista algún tipo de contaminación fecal en esta zona, es probable, puesto que Morán & Hidalgo (2016) han reportado presencia de *E. coli* en Puerto Pizarro, por lo cual sería posible que ocurra en el resto del manglar.

4.2. Identificación molecular de cepas bacterianas aisladas de *Ucides occidentalis* recolectados en el manglar de Tumbes

En la tabla 9 se observa la identificación molecular de cepas bacterianas aisladas de tejidos de *Ucides occidentalis* recolectados en distintas zonas del manglar de Tumbes. Se identificaron principalmente especies del género *Bacillus*, como *B. subtilis*, *B. cereus*, *B. stercoris* y *B. altitudinis*, así como otras bacterias de importancia sanitaria como *Staphylococcus epidermidis*, *Enterococcus faecalis*, *Proteus mirabilis* y *Vibrio* spp. Los porcentajes de similitud molecular oscilaron entre 98,29% y 100%, lo que implica que la identificación de las bacterias fue confiable, así también, se observa que existe una diversidad de flora bacteriana en *U. occidentalis* que incluye microorganismos del ambiente, oportunistas y potencialmente patógenos.

Es importante mencionar que estas cepas bacterianas fueron aisladas inicialmente en medios selectivos (TCBS, MRS, TSA y CLS) y subcultivadas en medio TSA; sin embargo, las mismas fueron identificadas como especies diferentes, tal es el caso de las cepas: SLAC 34 y SLAC 93 (*Staphylococcus epidermidis*) que fueron aisladas en medio de cultivo MRS. La Investigación de Abre et al. (2022), menciona que el medio MRS no es completamente selectivo y puede permitir el crecimiento de otros grupos bacterianos, tal como ocurrió en su estudio, en el que aisló bacterias no ácido lácticas (del género *Staphylococcus*) en medio de cultivo MRS a partir de pescado fermentado de la Costa de Marfil,. Asimismo Vergara (2026), aisló bacterias ácido lácticas en langostinos de cultivo utilizando medio de cultivo MRS; sin embargo, evidenció molecularmente cepas de *Staphylococcus epidermidis* reafirmando lo mencionado por Abre et al. (2022).

Por otro lado, también se aislaron ciertas cepas en medios de cultivo en los que no se esperaba que hubieran crecido, por ejemplo, la cepa SC 104 identificada molecularmente como *Vibrio* spp., se aisló en el medio caldo lauril sulfato, la cepa V1 correspondiente a *Bacillus subtilis* creció en el medio de cultivo TCBS y la cepa C5B-COL, también correspondiente a *Bacillus subtilis* creció en el medio caldo lauril sulfato. Estos resultados han sido observados también en otras investigaciones realizadas en la zona por Vergara (2026) y Campaña (2024), quienes reportaron también aislamientos de cepas bacterianas de géneros distintos a los esperados en medios de cultivos selectivos como TCBS y caldo lauril sulfato. Según indica los manuales de estos medios de cultivo que en particular del TCBS, es posible

crecimiento de otras bacterias diferentes a *Vibrio*, señalando por ejemplo a *Aeromonas*, *Proteus*, *E. coli*, entre otras (Britania, 2021a). Asimismo, Alhusayni & Al-Khikani (2024) han reportado diferentes bacterias que han crecido en medio de cultivo TCBS tales como *Proteus mirabilis*, *Aeromonas hydrophila*, *Enterococcus* spp., *Staphylococcus aureus* y *Staphylococcus epidermidis*.

Tabla 9

Identificación molecular de cepas bacterianas aisladas de Ucides occidentalis recolectados en diferentes zonas del manglar de Tumbes

Zona*	Medio de aislamiento	Cepa	Especie	Identificación molecular (%)	
				GenBank	Silva
ZA SNLMT	TSA	SM 14	<i>Bacillus stercoris</i>	99,86	99,71
	MRS	SLAC 34	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	100,00	99,85
	TSA	SBAC 90	<i>Bacillus cereus</i>	100,00	100,00
	MRS	SLAC 93	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	100,00	100,00
	CLS	SC 104	<i>Vibrio</i> spp.	99,93	99,21
Desembocadura del río Tumbes (DRT)	TSA	C6D -BAC	<i>Bacillus subtilis</i>	100,00	99,77
	TSA	DBAC 54	<i>Bacillus cereus</i>	100,00	100,00
	CLS	DC 67	<i>Proteus mirabilis</i>	99,89	99,78
El Bendito	TCBS	V1	<i>Bacillus subtilis</i>	99,86	99,85
	TSA	C2B - BAC	<i>Bacillus subtilis</i>	100,00	99,93
	MRS	C2B-LAC	<i>Bacillus subtilis</i>	100,00	99,93
	CLS	C5B-COL	<i>Bacillus subtilis</i>	100,00	99,92
	TSA	BT 20	<i>Bacillus altitudinis</i>	99,93	99,92
	TSA	B21	<i>Bacillus subtilis</i>	99,86	99,78
	CLS	BC 69	<i>Enterococcus faecalis</i>	100,00	99,92
Jeli	MRS	C4J-LAC	<i>Bacillus subtilis</i>	100,00	99,52
	MRS	C3J-LAC	<i>Bacillus subtilis</i>	100,00	99,72
	TSA	JT 107	<i>Bacillus</i> spp.	98,29	97,60
	TSA	B37	<i>Bacillus subtilis</i>	99,07	98,91

* ZA SNLMT = zona de amortiguamiento del Santuario Nacional los Manglares de Tumbes

En la tabla 10 se observa la identificación molecular de cepas bacterianas aisladas en medio de cultivo TCBS de *Ucides occidentalis* colectados en diferentes zonas del manglar de Tumbes. Los porcentajes de similitud molecular oscilaron entre 99,15% y 100%, asimismo se identificó con mayor frecuencia a cepas de *Vibrio alginolyticus* (5 cepas), *Vibrio parahaemolyticus* y *Vibrio fortis* (1 cepa de cada especie). Investigaciones como la de Yarza et al. (2014) respaldan que estos valores altos de similitud confirman una identificación confiable a nivel de especie, estos autores mencionan que valores de identidad mayores de 99% permiten una identificación precisa a nivel de especie.

Tabla 10

Identificación molecular de cepas bacterianas aisladas en TCBS de Ucidés occidentalis obtenidas del cepario del Laboratorio de Biología Molecular de la FIPCM

Zona	Cepas*	Especie	Identificación molecular (%)	
			GenBank	Silva
El Bendito	5 B-hem	<i>Vibrio alginolyticus</i>	99,37	99,15
Puerto Pizarro	53 int	<i>Vibrio alginolyticus</i>	100,00	100,00
Puerto Pizarro	45 int	<i>Vibrio alginolyticus</i>	100,00	100,00
El Bendito	4C	<i>Vibrio fortis</i>	99,90	99,89
Puerto Pizarro	23 hep	<i>Vibrio parahaemolyticus</i>	100,00	100,00
El Bendito	15 B-Int	<i>Vibrio alginolyticus</i>	99,72	100,00
El Bendito	16 B-Int	<i>Vibrio alginolyticus</i>	99,81	99,61

Nota. *Cepas obtenidas del cepario del Laboratorio de Biología Molecular de la FIPCM, y que procedieron de ejemplares de *U. occidentalis* de las zonas de El Bendito y Puerto Pizarro.

4.3. Resistencia antibiótica de cepas bacterianas aisladas de *Ucidés occidentalis* recolectados en diferentes zonas del manglar de Tumbes.

En la tabla 11 se observa que las cepas aisladas correspondieron al género *Bacillus*, en su mayoría fueron *Bacillus subtilis*. De las 14 especies de este género, 10 fueron multirresistentes (equivalente al 71,4%). Todas las cepas fueron resistentes a la amoxicilina y solamente una de ellas fue resistente al florfenicol. Por otro lado, Haque et al. (2024) han reportado la aparición de cepas de *Bacillus* multirresistentes aislados de alimentos, animales y heces de humanos en el sureste de Bangladesh, los autores han mencionado que estas cepas fueron completamente resistentes a la penicilina, amoxicilina-ácido clavulánico, vancomicina, cefixima, ceftriaxona y cotrimaxazol; además, la mayoría de las cepas presentaron genes de resistentes a la amoxicilina (gen *bla1*), el 71,5% de total de cepas reportadas.

Tabla 11

Resistencia antibiótica de cepas identificadas en muestras de tejidos de Ucides occidentalis recolectados en diferentes zonas del manglar de Tumbes

Código	Especie**	Penicilin as	Fluoroqui- nolonas*	Tetraciclinas	Sulfonami- da	Fenicoles	Índice MAR	Multiresis- tente
		Amoxici- lina (µg)***	Ciprofloxa- cina (µg)	Oxitetracikli- na (30 µg)	Sulfameto- xazol/ trimetoprim (µg)	Florfenicol (25 µg)		
ZA SNLMT								
SM 14	<i>Bacillus stercoris</i>	R	I	R	R	R	0,8	Si
SLAC34	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	ND	I	R	S	S	0,2	No
SBAC 90	<i>Bacillus cereus</i>	R	R	R	R	S	0,8	Si
SLAC93	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	ND	R	S	R	S	0,4	No
SC104	<i>Vibrio spp.</i>	R	R	I	R	S	0,6	Si
DRT								
C6D -BAC	<i>Bacillus subtilis</i>	R	I	R	R	S	0,6	Si
DBAC 54	<i>Bacillus cereus</i>	R	I	R	S	S	0,4	No
DC 67****	<i>Proteus mirabilis</i>	I	S	R	R	S	0,4	No
El Bendito								
V1	<i>Bacillus subtilis</i>	R	R	S	S	S	0,4	No
C2B – BAC	<i>Bacillus subtilis</i>	R	R	R	R	S	0,8	Si
C2B-LAC	<i>Bacillus subtilis</i>	R	R	R	R	S	0,8	Si
C5BCOL	<i>Bacillus subtilis</i>	S	I	S	S	S	0,0	No
BT 20	<i>Bacillus altitudinis</i>	R	R	S	R	S	0,6	Si
B21	<i>Bacillus subtilis</i>	R	R	R	R	S	0,8	Si
BC 69	<i>Enterococcus faecalis</i>	S	S	I	S	S	0,0	No
Jeli								
C4J-LAC	<i>Bacillus subtilis</i>	R	R	S	R	S	0,6	Si
C3J-LAC	<i>Bacillus subtilis</i>	R	R	R	R	S	0,8	Si
JT 107	<i>Bacillus spp.</i>	R	I	R	S	S	0,4	No
B37	<i>Bacillus subtilis</i>	R	R	R	R	S	0,8	Si

Nota. *Se utilizaron puntos de corte del EUCAST (2026) para *Bacillus spp.* con respecto a Ciprofloxacina

** Para el caso de la oxitetraciclina y florfenicol, se tomaron puntos de corte reportados por Petrovski et al. (2015) y Campaña (2024), originalmente definidos para *Staphylococcus spp.*, los mismos que fueron empleados para *Bacillus spp.* debido a su ausencia.

*** Se tomaron puntos de corte de *Bacillus anthracis* con respecto a la benzylpenicillin puesto que pertenece a la misma familia que la amoxicilina (Penicilinas), puesto que el Eucast menciona que estos puntos de corte se pueden utilizar para la amoxicilina para determinar la resistencia (>50 mm) o sensibilidad (<18 mm) y ND: No se pudo determinar por el motivo que no existen puntos de corte establecidos para el antibiótico y el género bacteriano mencionado.

En la tabla 12 se observa la resistencia antibiótica de las siete cepas de *Vibrio spp.* aisladas, todas ellas fueron resistentes a la amoxicilina y sensibles al resto de antibióticos por ello su índice de MAR es bajo (0,2) y ninguna de ellas fue multirresistente.

La amoxicilina es una penicilina muy utilizada a nivel mundial desde la década de 1970 (Huttner et al., 2020). Existen investigaciones como las de Campaña (2024) y Vergara (2026), las cuales han reportado bacterias de *Vibrio* spp. resistentes a la ampicilina, puesto que este antibiótico pertenece a la misma familia que la amoxicilina.

Asimismo, estudios Potosí (2024) y Tinoco et al. (2023) han reportado gran cantidad de bacterias de *Vibrio* spp. resistentes a diferentes antibióticos aisladas de langostinos silvestres y de cultivo, incluso han encontrado *Vibrio* spp. multirresistentes y que son una amenaza para el ecosistema manglar de Tumbes.

Tabla 12
Resistencia antibiótica de cepas de Vibrio spp. identificadas de tejidos Ucides occidentalis obtenidas del cepario del Laboratorio de Biología Molecular de la FIPCM

Cepas**	Especie***	Penicilinas	Fluoroqui- nolonas	Tetraci- clinas	Sulfo- namida	Fenicoles		
		Amoxicilina (25 µg)	Ciprofloxa cina (5 µg)	Oxitetra ciclina (30 µg)	Sulfameto xazol/trim etoprim (25 µg)	Florfenicol (30 µg)	Índice MAR	Multirre- sistencia
El Bendito								
4C	<i>V. fortis</i>	R	S	S	S	S	0,2	No
5 B-hem	<i>V. alginolyticus</i>	R	S	S	S	S	0,2	No
15 B-Int	<i>V. alginolyticus</i>	R	S	S	S	S	0,2	No
16 B-Int	<i>V. alginolyticus</i>	R	S	S	S	S	0,2	No
Puerto Pizarro								
23 hep	<i>V. parahaemolyticus</i>	R	S	S	S	S	0,2	No
45 int	<i>V. alginolyticus</i>	R	S	S	S	S	0,2	No
53 int	<i>V. alginolyticus</i>	R	S	S	S	S	0,2	No

Nota. * Los cangrejos (*U. occidentalis*) obtenidos fueron específicamente de dos zonas: A. El Bendito y B. Puerto Pizarro.

**Cepas obtenidas del cepario del Laboratorio de Biología Molecular de la FIPCM que procedieron de ejemplares de *U. occidentalis*.

***Todas las cepas pertenecieron al género *Vibrio*.

De la misma manera en la tabla 13 se observa la resistencia antibiótica en cepas presuntivas de *Vibrio* spp. que no fueron identificadas molecularmente, su comportamiento fue similar a las cepas de *Vibrio* que si fueron identificadas molecularmente, todas fueron resistentes a la amoxicilina y casi todas sensibles al resto de antibióticos.

Los resultados observados muestra que la mayoría de las cepas fueron resistentes a la amoxicilina, el motivo de lo ocurrido se debe a que este antibiótico es muy utilizado en la clínica humana como veterinaria y sobre todo es un antibiótico de bajo valor económico y accesible (Pawłowska et al., 2024); además, muchas investigaciones han reportados que este antibiótico es administrado a humanos y animales; sin embargo, este antibiótico no se retienen en el organismo y son excretados del cuerpo y terminan en el medio ambiente (Ghauch et al., 2009; Magdaleno et al., 2015), con lo cual podría ser fácil que lleguen también al manglar y seleccionen a cepas bacterianas resistentes a la misma.

Todas las cepas presuntivas a *Vibrio* spp. fueron sensibles al florfenicol y la mayoría a la oxitetraciclina, esto a pesar que existen langostineras aledañas al ecosistema manglar Tumbes que en el pasado usaron tales antibióticos para el tratamiento de enfermedades en los langostinos que cultivan, sin embargo, actualmente se ha reducido el uso de tales antibióticos (Campaña, 2024), con lo cual las cepas con resistencia a dichos antibióticos podrían verse reducidas en número.

Con respecto a la ciprofloxacina y sulfametoxazol/trimetoprim, la mayoría de estas cepas presuntivas fueron sensibles a estos antibióticos; sin embargo, también se evidenciaron algunas cepas bacterianas resistentes; esto podría deberse a los residuos antibióticos que las poblaciones humanas que habitan cerca al ecosistema manglar o en la ciudad de Tumbes producen y que son vertidas, en el primero de los casos directamente en el manglar, y en el segundo de los casos, las aguas residuales de la ciudad son vertidas en el río Tumbes, y este transportaría las bacterias resistentes a diferentes antibióticos o los residuos antibióticos hasta el ecosistema manglar contaminándolo (Campaña-Maza et al., 2025; Niquén et al., 2021).

Tabla 13

Resistencia antibiótica de cepas presuntivas de Vibrio spp. no identificadas molecularmente aisladas de Ucides occidentalis en medio TCBS

Muestreo	Zona**	Cepa	Penici- linas	Fluoroqui- nolonas	Tetraci- clinas	Sulfona- mida	Feni- coles	Índice MAR	Multirresis- tencia
			Amoxicili- na (25 µg)*	Ciprofloxac- ina (5 µg)	Oxitetraci- clina (30 µg)	Sulfametox- azol/trimeto- prim (25 µg)	Florfen- icol (30 µg)		
1	ZA SNLMT	SM 18	R	S	S	S	S	0,2	No
	El Bendito	BI 30	R	S	I	S	S	0,2	No
	El Bendito	BI 33	S	S	R	S	S	0,2	No
	Jeli	JI 41	S	S	S	S	S	0,0	No
	DRT	DI 42	R	S	R	S	S	0,4	No
	Jeli	JB 53	S	S	S	S	S	0,0	No
	DRT	DI 79	R	S	S	S	S	0,2	No
2	ZA SNLMT	SI 22	R	S	S	S	S	0,2	No
	El Bendito	BB 27	R	S	S	S	S	0,2	No
	DRT	DB 100	R	S	S	R	S	0,4	No
	DRT	DM 101	R	S	S	S	S	0,2	No
	Jeli	JB 110	R	S	S	S	S	0,2	No
3	El Bendito	V5	R	S	S	S	S	0,2	No
	El Bendito	V17	R	S	S	S	S	0,2	No
	Jeli	V29	R	R	S	I	S	0,4	No
	Jeli	V33	R	S	S	I	S	0,2	No
	DRT	V39	R	S	S	S	S	0,2	No
Total de cepas resistentes por cada antibiótico			14	1	2	1	0	0,21	0

Nota. *No se reporta puntos de corte en amoxicilina para *Vibrio* spp.; sin embargo, si existen puntos de corte para piperacillin-tazobactam, antibiótico que pertenece a la misma familia que la amoxicilina (penicilinas) (EUCAST, 2026).

** DRT: Desembocadura del río Tumbes. ZA SNLMT = zona de amortiguamiento del Santuario Nacional los Manglares de Tumbes

En la tabla 14, se aprecia que las cepas bacterianas totales aisladas de *Ucides occidentalis* y que no fueron identificadas molecularmente, tuvieron un índice de MAR que osciló entre 0,0 a 0,4 con un promedio de 0,1.

El 100% de las cepas fueron sensibles a la ciprofloxacina y la mayoría de las cepas bacterianas fueron sensibles al sulfametoxazol/trimetoprim, cuatro cepas fueron resistentes a la oxitetraciclina, dos a florfenicol y una cepa a la amoxicilina.

Estos resultados son similares a los reportados por Tinoco et al. (2023) los cuales encontraron que las cepas aisladas de *Litopenaeus vannamei* mostraron un índice MAR de 0,2; asimismo Potosí (2024) mencionó que las cepas aisladas de langostinos silvestres y de cultivo mostraron alta sensibilidad a la oxitetraciclina, tetraciclina y cloranfenicol. Estos resultados también coinciden con la investigación

de Campaña (2024) el cual reportó cepas bacterianas aisladas de tejidos de *Ucides occidentalis* con alto grado de sensibilidad a la tetraciclina y oxitetraciclina.

Tabla 14
Resistencia antibiótica de cepas bacterianas totales no identificadas molecularmente aisladas de Ucides occidentalis en medio TSA

Muestreo	Zona*	Cepa	Penici- linas	Fluoroqui- nolonas	Tetraci- clinas	Sulfona- mida	Fenicoles	Índice MAR	Multirre- sistencia
			Amoxicili- na (25 µg)	Ciprofloxa- cina (5 µg)	Oxitetracici- na (30 µg)	Sulfametoxa- zol/trimetopr- im (25 µg)			
1	ZA SNLMT	ST43	I	S	R	S	S	0,2	No
	ZA SNLMT	ST44	S	S	R	S	S	0,2	No
	DRT	DT45	S	S	S	S	S	0,0	No
	DRT	DT46	I	S	S	S	S	0,0	No
	El Bendito	BT47	S	S	I	S	S	0,0	No
	El Bendito	BT48	S	S	S	S	S	0,0	No
	Jeli	JT76	I	S	S	S	S	0,0	No
2	El Bendito	BM 5	S	S	S	S	S	0,0	No
	ZA SNLMT	SB 23	S	S	S	S	S	0,0	No
	Jeli	JT 51	S	S	S	I	S	0,0	No
	DRT	DT52	S	S	S	S	S	0,0	No
3	ZA SNLMT	B3	S	S	I	S	R	0,2	No
	ZA SNLMT	B7	I	S	S	S	R	0,2	No
	El Bendito	B26	S	S	R	S	S	0,2	No
	DRT	B47	R	S	R	S	S	0,4	No
Total de cepas resistentes por cada antibiótico			1	0	4	0	2	0,09	0

Nota. * DRT: Desembocadura del río Tumbes. ZA SNLMT = zona de amortiguamiento del Santuario Nacional los Manglares de Tumbes

En la tabla 15, se aprecia que las cepas presuntivas de *Bacillus* spp. que fueron aisladas de *Ucides occidentalis* y que no fueron identificadas molecularmente, tuvieron un índice de MAR de 0,0 a 0,8 con un promedio de 0,31.

El 50% de las cepas fueron resistentes a la amoxicilina y al sulfametoxazol/trimetoprim, mientras que el 100% fueron sensibles a la florfenicol y sólo dos fueron resistentes a la oxitetraciclina. Sólo cuatro cepas fueron multirresistentes (30,8%).

Existen reportes de investigaciones de cepas de *Bacillus cereus* resistentes a la amoxicilina y sulfametoxazol/trimetoprim, es el caso de Cha et al. (2023) los cuales aislaron cepas de *B. cereus* en alimentos vegetales y setas silvestres encontrando cepas resistentes a estos antibióticos. Asimismo, Wu et al. (2025) han indicado mediante resultados de una encuesta realizada en el 2012 por la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO) que la oxitetraciclina, florfenicol y sulfametoxazol/trimetoprim eran antibióticos muy

utilizados en granjas acuícolas para controlar enfermedades bacterianas. Sin embargo, en la investigación reportada por Esposito et al. (2026) encontraron alta sensibilidad a sulfametoxazol/trimetoprim en cepas bacterianas aisladas en la hemolinfa extraída del cangrejo azul (*Callinectes sapidus*) no concordando con los resultados de sulfametoxazol/trimetoprim obtenidos en la investigación realizada, la cual se evidenció que la mayoría de cepas bacterianas fueron sensibles a este antibiótico.

Por otro lado, las cepas bacterianas tienen poca resistencia al florfenicol y la oxitetraciclina, porque estos están siendo menos utilizados en los campos langostineros que vierten sus aguas residuales al manglar, por lo que al usarse menos antibióticos, de manera similar se reduce el número de cepas resistentes a los mismos, tal como lo han mostrado las investigaciones de Potosí (2024) y Vergara (2026).

Tabla 15

Resistencia antibiótica de cepas presuntivas de Bacillus spp. no identificadas molecularmente aisladas de Ucides occidentalis en medio TSA

Muestreo	Zona	Cepa	Penicilinas	Fluoroquinolonas	Tetraciclinas	Sulfonamida	Fenicoles	Índice MAR	Multirresistencia
			Amoxicilina (25 µg)*	Ciprofloxacina (5 µg)	Oxitetraciclina (30 µg)	Sulfametoxazol/trimetoprim (25 µg)	Florfenicol (30 µg)		
1	DRT**	DBAC 55	R	I	S	R	S	0,4	No
	El Bendito	BBAC 57	R	I	I	S	S	0,2	No
	Jeli	JBAC 88	S	I	S	S	S	0,0	No
2	DRT	DBAC 30	S	I	S	S	S	0,0	No
	Jeli	JBAC 31	I	I	S	R	S	0,2	No
	Jeli	JBAC 32	I	I	S	S	S	0,0	No
	ZA SNLMT	SBAC 81	I	I	S	S	S	0,0	No
	El Bendito	BBAC 82	R	R	S	R	S	0,6	Si
	El Bendito	BBAC 83	S	I	S	R	S	0,2	No
3	ZA SNLMT	C1S – BAC	R	R	R	R	S	0,8	Si
	ZA SNLMT	C4S – BAC	R	R	R	R	S	0,8	Si
	Jeli	C6J – BAC	R	R	I	R	S	0,6	Si
	DRT	C2D – BAC	R	I	S	S	S	0,2	No
Total de cepas resistentes por cada antibiótico			7	4	2	7	0	0,31	4

Nota. * Para amoxicilina se tomó los puntos de corte de *Lactobacillus* de Charteris et al. (1998). ** DRT: Desembocadura del río Tumbes. ZA SNLMT = zona de amortiguamiento del Santuario Nacional los Manglares de Tumbes.

En la tabla 16 se observa la resistencia antibiótica frente a cinco antibióticos en cepas presuntivas de (BAL) que no fueron identificadas molecularmente. Estas cepas tuvieron un índice de MAR de 0,0 a 0,4, con un promedio de 0,16. Ninguna fue multirresistente y cuatro fueron resistentes a la amoxicilina y a la oxitetraciclina, pero todas fueron sensibles a ciprofloxacina y florfenicol.

Como se observó, la mayoría de cepas BAL presuntivas de BAL fueron sensibles a la amoxicilina (un antibiótico de la familia de las penicilinas). Otras investigaciones han mostrado que cepas de BAL fueron sensibles a antibióticos de esa familia, como lo han reportado Mohamad et al. (2020) quienes encontraron sensibilidad antibiótica a la ampicilina y penicilina en cepas BAL (*E. fecalis*, *L. plantarum* y *L. garvieae*) aisladas de camarón gigante de agua dulce (*Macrobrachium rosenbergii*). Asimismo, estos autores encontraron que estas mismas cepas de BAL fueron sensibles a la tetraciclina; antibiótico que pertenece a la misma familia que la oxitetraciclina.

Tabla 16

Resistencia antibiótica de cepas presuntivas de bacterias ácido lácticas no identificadas molecularmente aisladas de Ucides occidentalis en medio MRS

Muestreo	Zona	Cepa	Penici- linas	Fluoro- quino- lonas	Tetraci- clinas	Sulfona- mida	Feni- coles	Índice MAR	Multi- resis- tencia
			Amoxicili- na (25 µg)	Cipro- floxacina (5 µg)	Oxitetraci- clina (30 µg)	Sulfamet oxazol/tri metoprim (25 µg)	Florfe- nicol (30 µg)		
1	ZA SNLMT	SLAC 98	R	S	R	S	S	0,4	No
	ZA SNLMT	SLAC 100	S	S	S	I	S	0,0	No
	El Bendito	BLAC 101	S	S	R	S	S	0,2	No
	DRT	DLAC 105	R	S	R	S	S	0,4	No
2	El Bendito	BLAC 38	S	I	S	S	I	0,0	No
	El Bendito	BLAC 39	S	S	S	I	S	0,0	No
	DRT	DLAC 42	S	I	S	S	S	0,0	No
	Jeli	JLAC 43	R	S	S	S	S	0,2	No
	Jeli	JLAC 44	S	S	S	R	S	0,2	No
3	DRT	C1D-LAC	S	S	R	S	S	0,2	No
	DRT	C2D-LAC	R	S	I	S	S	0,2	No
Total de cepas resistentes por cada antibiótico			4	0	4	1	0	0,16	0

Nota. Puntos de corte reportados por Charteris et al. (1998) para determinar la resistencia antibiótica en diferentes especies de *Lactobacillus* (bacterias ácido lácticas). ** DRT: Desembocadura del río Tumbes. ZA SNLMT = zona de amortiguamiento del Santuario Nacional los Manglares de Tumbes.

En la tabla 17 se observa la resistencia antibiótica de cepas presuntivas de coliformes aisladas en lauril sulfato, tuvieron un índice de MAR de 0,0 a 0,4 con un promedio de 0,13. Estas cepas fueron bastante sensibles a la amoxicilina y al sulfametoxazol/trimetoprim, también a la oxitetraciclina aunque en estas dos cepas tuvieron sensibilidad intermedia. Las cepas fueron más resistentes a ciprofloxacina (50% de las cepas) y ninguna fue multirresistente.

Caso contrario se observó en la investigación de Luna et al. (2026) quienes indicaron que 81,8% (9 de 11 cepas) de *Escherichia coli* aisladas en la superficie corporal de pescados expendidos en mercados de Pucallpa (Perú) fueron resistentes a la amoxicilina y al ácido clavulánico; el 9,1% fueron resistentes al sulfametoxazol/trimetoprim (1 de 11 cepas). Por otro lado, Sajeev et al. (2023) han indicado que los coliformes aislados de peces expendidos de mercados minoristas de India, especialmente *E. coli* presentaron resistencia a los β -lactámicos. Sin embargo, algunas cepas de *Klebsiella* fueron sensibles a meropenem y piperacilina/tazobactam (antibióticos utilizados en la clínica humana).

Tabla 17

*Resistencia antibiótica de cepas presuntivas de coliformes no identificadas molecularmente aisladas de *Ucides occidentalis* en medio lauril sulfato*

Muestra	Zona	Cepa	Penicilinas	Fluoroquinolonas	Tetraciclinas	Sulfonamidas	Fenicoles	Índice MAR	Multirresistencia
			Amoxicilina (25 µg)	Ciprofloxacina (5 µg)	Oxitetraciclina (30 µg)	Sulfametoxazol/trimetoprim (25 µg)	Florfenicol (30 µg)*		
1	El Bendito	BC 49	S	S	S	S	S	0,0	No
	ZA SNLMT	SC 50	S	S	I	S	S	0,0	No
	El Bendito	BC 84	S	S	S	S	S	0,0	No
	El Bendito	BC 106	S	S	S	S	S	0,0	No
2	ZA SNLMT	SC 66	S	R	S	S	S	0,2	No
	Jeli	JC 68	S	R	S	S	R	0,4	No
	El Bendito	BC 69-C	S	S	I	S	R	0,2	No
	DRT	DC 70	S	R	S	S	S	0,2	No
3	ZA SNLMT	C3S -COL	S	S	S	S	S	0,0	No
	DRT	C6D-COL	S	R	S	S	S	0,2	No
	DRT	C7D-COL	S	R	S	S	S	0,2	No
	Jeli	C4J-COL	S	R	S	S	S	0,2	No
Total de cepas resistentes por cada antibiótico			0	6	0	0	2	0,13	0

Nota. *se utilizó puntos de corte de cloranfenicol (resistencia <17 mm) establecidos para enterobacterias, puesto que pertenecen a la misma familia que el florfenicol (fenicoles) (EUCAST, 2026).

** DRT: Desembocadura del río Tumbes. ZA SNLMT = zona de amortiguamiento del Santuario Nacional los Manglares de Tumbes

En la tabla 18 se observa los resultados de forma resumida de la resistencia antibiótica de cepas bacterianas aisladas de tejidos de *Ucides occidentalis*, evidenciándose que las cepas presentaron mayor resistencia antibiótica a la amoxicilina (26 cepas), seguido de la oxitetraciclina (12 cepas) y ciprofloxacina (11 cepas). Asimismo, se apreció que *Vibrio* y *Bacillus* mostraron mayor resistencia a la amoxicilina. Las cepas de *Bacillus* tuvieron el mayor índice de MAR (0,31) y fue el único género que presentó multirresistencia (4 cepas).

Tabla 18

Resumen de *resistencia antibiótica de todas las cepas bacterianas no identificadas molecularmente aisladas de Ucides occidentalis*

Grupo bacteriano	Penicilinas	Fluoroquinolonas	Tetraciclinas	Sulfonamida Sulfametoxazo l/trimetoprim	Fenicoles Florfenicol (30 µg)*	Índice MAR	N° de multirresistentes
	Amoxicilina (25 µg)	Ciprofloxacina (5 µg)	Oxitetraciclina (30 µg)	(25 µg)			
<i>Vibrio</i>	14	1	2	1	0	0,21	0
Bacterias totales	1	0	4	0	2	0,10	0
<i>Bacillus</i>	7	4	2	7	0	0,31	4
BAL	4	0	4	1	0	0,16	0
Coliformes	0	6	0	0	2	0,13	0
Total	26	11	12	9	4	1,11	4

4.4. Genes de resistencia en cepas bacterianas aisladas de *Ucides occidentalis*.

En la evaluación de los genes de resistencia antibiótica al florfenicol, se observó que cinco cepas: C1S BAC, C2B BAC, B37, V1 y V39, presentaron el gen de resistencia al florfenicol: *fexA* (figura 2), sin embargo, todas estas cepas resultaron sensibles a este antibiótico en los antibiogramas correspondientes (tablas 11, 13 y 15).

De igual manera al evaluar la presencia del gen *ermB* se observó que solamente la cepa C1S BAC portó este gen, pero en el ensayo de antibiograma esta cepa fue sensible al florfenicol (figura 2).

La razón para esta aparente discordancia se justifica por la discrepancia fenotipo - genotipo, que se ha observado en varias cepas de bacterias y que tienen que ver

con la existencia de genes de resistencia antibiótica silentes, los cuales son genes que estando presentes en el genoma, no otorgan la resistencia al antibiótico lo cual puede producirse por los siguientes mecanismos: 1) una posible mutación del gen que hace que su producto sea no funcional, 2) la carencia o alteración de la región promotora del gen o la ubicación muy lejana de la misma, 3) las bacterias tienen proteínas que inactivan los genes xenogénicos como es el caso de los ARG (Stasiak et al., 2021; Kumar & Srikumar, 2022).

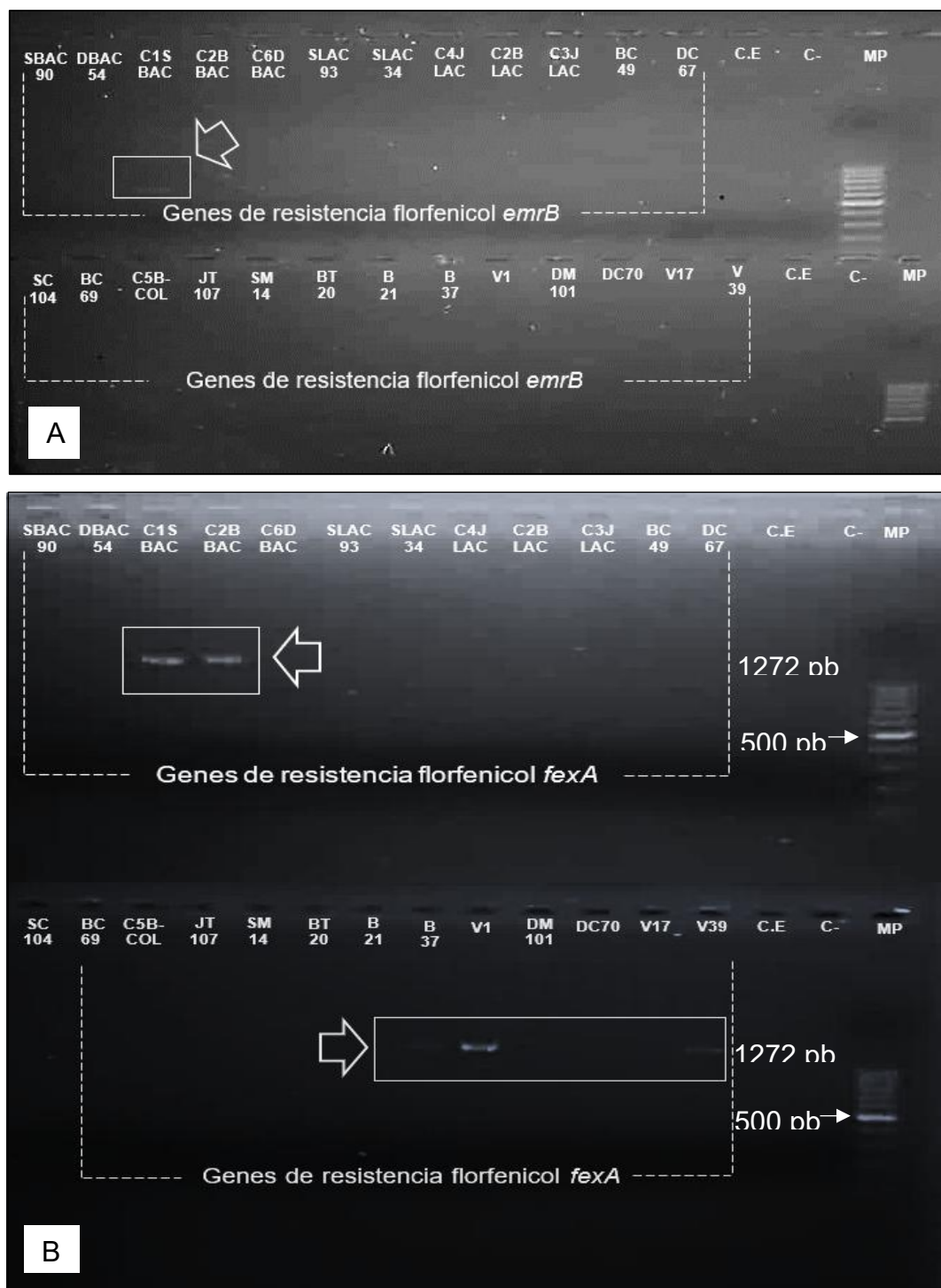
La mayoría de las cepas no presentó el gen *fexA*, a pesar de que varias de ellas fueron resistente al florfenicol. Este hallazgo también ha sido reportado en investigaciones como la de Yu et al. (2023) quienes aislaron cepas de *Bacillus* spp. de sistemas de maricultura en China y evaluaron la presencia de 18 genes de resistencia antibiótica (ARGs). Encontraron sólo tres de ellos (*tetB*, *blaTEM* y *blaZ*), ninguno de los cuales fue un gen ARG para florfenicol; lo cual indica que estos genes no son muy frecuentes; tal como se ha observado en esta investigación.

Respecto al gen *ermB*, también fue poco frecuente, lo que está en línea con estudios como los de Kaase et al. (2008) y Merino-Díaz et al. (2007) que señalan que el gen *ermC* es más común.

En la figura 2 se observa que cinco cepas bacterianas portaron el gen de resistencia al florfenicol *fexA* y una a *ermB*, sin embargo, ninguna de estas mostró resistencia a este antibiótico en los ensayos de antibiogramas que se les hicieron. Al respecto, es común encontrar casos de no congruencia entre la resistencia genotípica y fenotípica de cepas bacterianas al florfenicol, como lo ha reportado Redín (2023), quien señala que la presencia de un gen de resistencia no garantiza que la cepa pueda expresar tal resistencia, pues existen otros factores necesarios para que esta pueda darse.

Figura 2

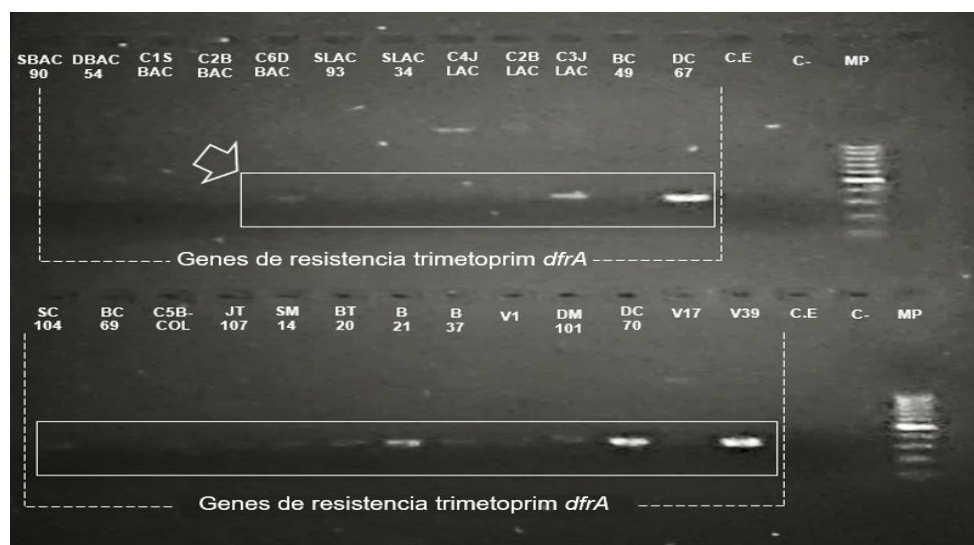
Genes de resistencia a florfenicol: *ermB* (panel A) y *fexA* (panel B) en cepas bacterianas aisladas de *Ucides occidentalis* colectados de diferentes zonas del manglar de Tumbes



En la figura 3 se observó que la mayoría de las cepas tuvieron el gen de resistencia a trimetoprim (*dfrA*). De las 25 cepas ensayadas, 14 lo portaron, pero solo siete se mostraron fenotípicamente resistente al sulfametoxazol/trimetoprim. En particular, se encontró el gen en la cepa DC67 identificada como *Proteus mirabilis*, sin embargo, no se pudo determinar su resistencia o sensibilidad pues no existen puntos de corte establecidos para este antibiótico en el caso de esta especie. La razón por la cual hay esta discrepancia entre la resistencia genotípica y fenotípica puede ser porque estos genes son silentes es decir a pesar de estar presentes no se expresan o lo hacen de una manera tan baja que no les permite resistir al antibiótico como lo han precisado Stasiak et al. (2021) y Kumar & Srikumar (2022). La razón de haber encontrado una mayor frecuencia de genes de resistencia a trimetoprim (*dfrA*), puede deberse a que este antibiótico es muy usado en la clínica humana y veterinaria, además, debido a su bajo precio y accesibilidad, tiende a ser muy usado, por lo que, al haber una mayor cantidad de residuos de este, se propicia que las cepas porten genes para resistirlos (Pawłowska et al., 2024). Estos resultados coinciden con la investigación de Okoh & Igbinosa (2010) quienes también encontraron genes de resistencia antibiótica: *dfr* 18, *dfr* A1, *flo* R, *tet* A, *str* B y *sul* 2 en *Vibrio* procedentes de los efluentes de una planta de tratamiento de aguas residuales en Sudáfrica; aguas en las que se podrían encontrar posiblemente residuos de trimetoprim.

Figura 3

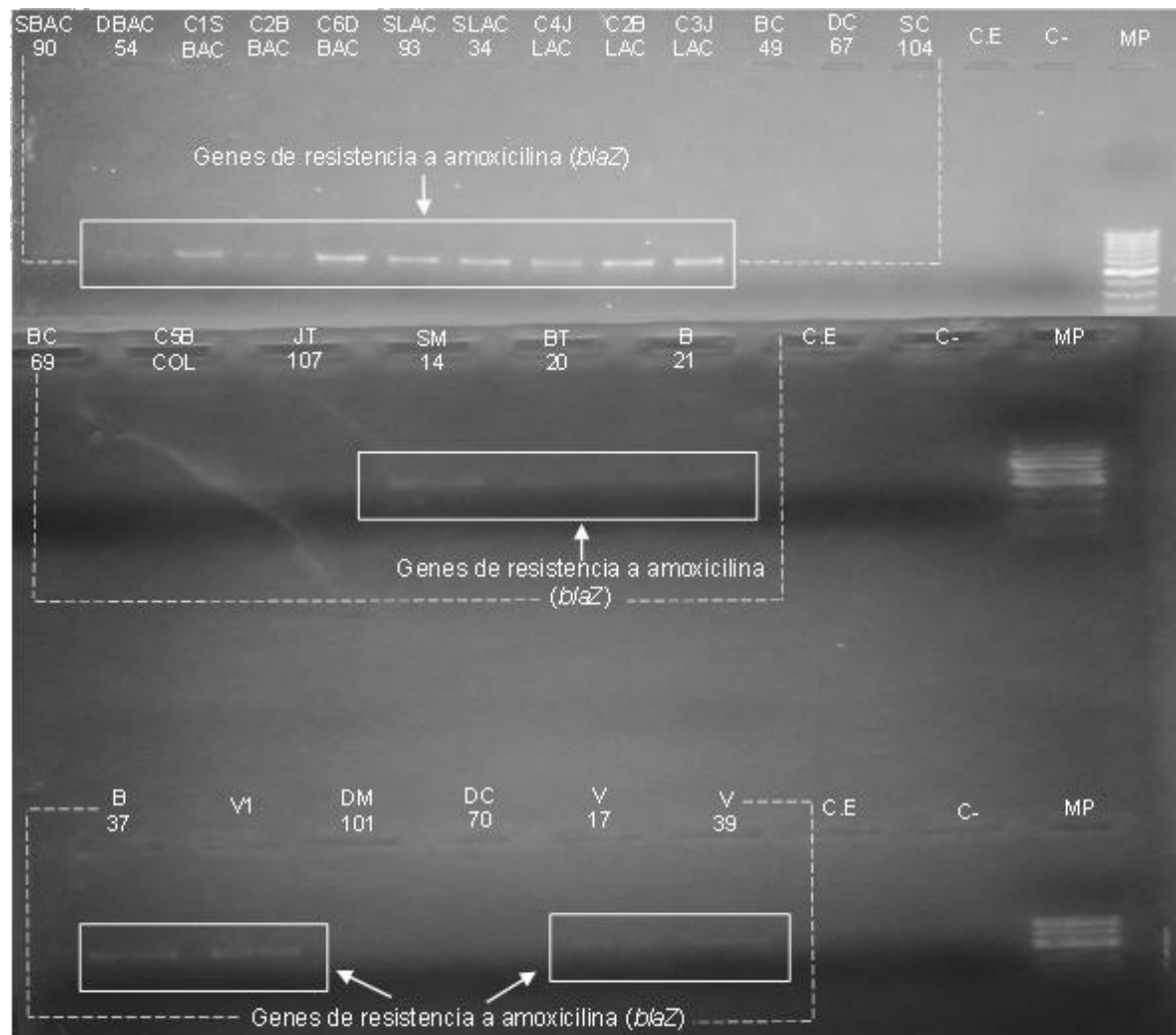
Genes de resistencia a la trimetoprim (dfrA) en cepas bacterianas aisladas de Ucides occidentalis colectados de diferentes zonas del manglar de Tumbes



En la figura 4 se aprecia que de las 25 cepas bacterianas evaluadas, 14 presentaron el gen *blaZ* que es un ARG para la amoxicilina.

Figura 4

Genes de resistencia a la amoxicilina (blaZ) en cepas bacterianas aisladas de Ucides occidentalis colectados de diferentes zonas del manglar de Tumbes



Diez de las cepas, de manera consistente también fueron resistentes a este antibiótico y dos de ellas tuvieron resistencia intermedia. Sin embargo, dos cepas se mostraron sensibles al antibiótico, a pesar de portar el gen, esto se explica según lo indicado por Redín (2023), quien señala que la presencia de un gen de resistencia no garantiza que la cepa pueda expresar tal resistencia, pues existen otros factores necesarios para que esta pueda producirse.

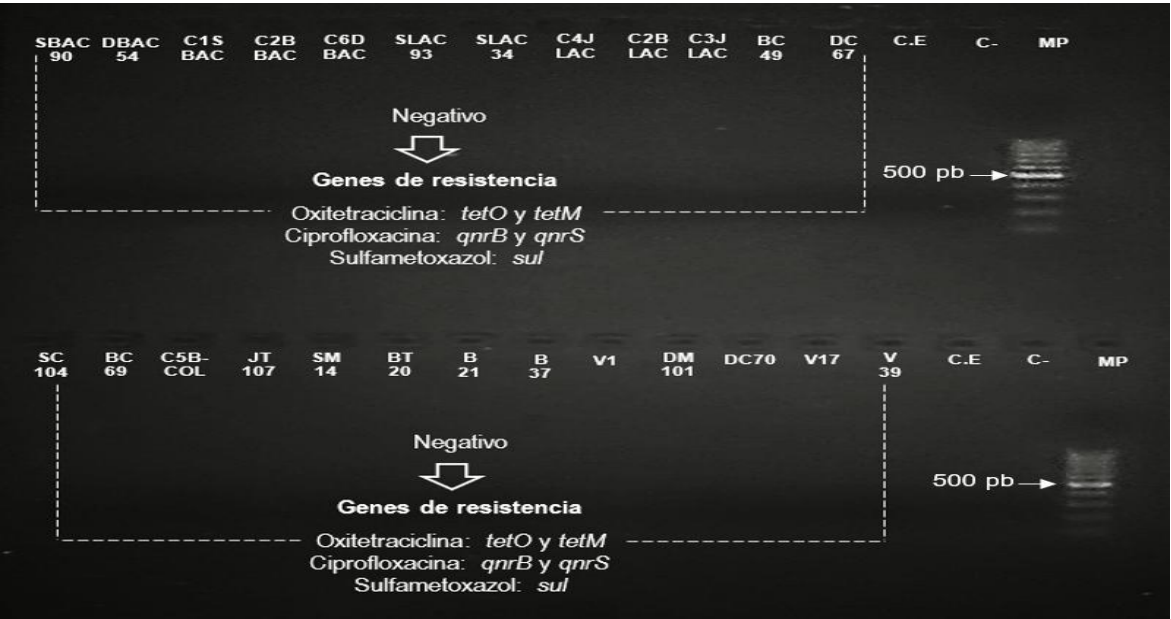
Diversos estudios han mencionado que este antibiótico no es retenido en el organismo y es excretado del cuerpo y termina en el medio ambiente por diferentes vía de contaminación (Ghauch et al., 2009; Magdaleno et al., 2015). Una de estas vías es la contaminación de las agua residuales producidas por la población que habita en zonas cercanas al ecosistema del manglar (Morán & Hidalgo, 2016; Niquén et al., 2021; Campaña-Maza et al., 2025).

Por otro lado, Yu et al. (2023) en su investigación encontraron genes de resistencia a *blaZ* en cepas de *Bacillus* spp. aislados de sistemas de maricultura de China, este reporte coinciden con aquellas bacterias que en este estudio presentaron este gen de resistencia antibiótica.

En la figura 5 se observa la ausencia de ARGs (*tetO*, *tetM*, *qnrB*, *qnrS*, *sul*) en cepas bacterianas identificadas molecularmente. De las 25 cepas evaluadas, ninguna presentó ARGs de tetraciclinas (*tetO*, *tetM*), pero cuatro de ellas resultaron resistentes a la oxitetraciclina en el antibiograma. Esto se debe a que solamente se evaluaron dos de los genes de resistencia a tetraciclinas, sin embargo, existen 46 genes de resistencia a tetraciclinas (Campaña, 2024), por lo que la resistencia fenotípica observada se puede deber a cualquiera de los otros 44 genes de ARGs que no fueron evaluados.

Figura 5

Genes de resistencia negativos (tetO, tetM, qnrB, qnrS, sul, fexA) en cepas bacterianas aisladas de Ucides occidentalis colectados de diferentes zonas del manglar de Tumbes



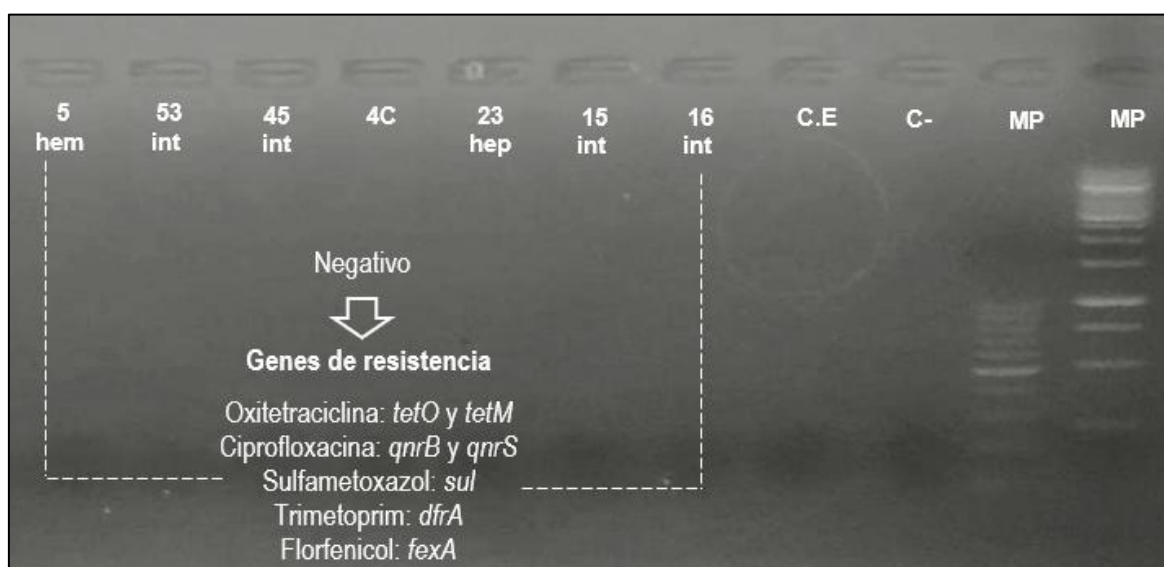
Tampoco se hallaron genes de resistencia a ciprofloxacino (*qnrS* y *qnrB*). Sin embargo, de las 25 cepas una fue resistente a ciprofloxacino, lo cual se justifica porque los genes de resistencia a este antibiótico son abundantes; así por ejemplo, sólo en el caso de los genes de la familia *qnr*, se han reportado 91 variantes (Jacoby et al., 2014), por lo que la cepa que fue fenotípicamente resistente a ciprofloxacino pudo portar alguna otra variante de ARG que no fue evaluada para ciprofloxacino.

Respecto a la razón de por qué hay poca resistencia al ciprofloxacino, se puede argumentar si bien es un antibiótico comúnmente usado en clínica humana (Versporten et al., 2018); las pequeñas poblaciones humanas asentadas en el manglar (Instituto Nacional de Estadística e Informática [INEI], 2017), no aportarían grandes cantidades de este antibiótico que pudieran ingresar al manglar y consecuentemente las bacterias en este ecosistema no desarrollan resistencia a dicho antibiótico.

Asimismo, como ya se ha observado que existió la presencia de genes de *sul* y *dfrA*, esto puede deberse a que estos antibióticos se han usado hace años en granjas acuícolas para controlar enfermedades bacterianas (Wu et al., 2025), sin embargo ciertos antibióticos han dejado de usarse por el motivo que han sido prohibido para el uso veterinario (Dos Santos, 2015).

Figura 6

Genes de resistencia negativos (tetO, tetM, qnrB, qnrS, sul, dfrA, fexA) en cepas identificadas (Vibrio spp.) de Ucides occidentalis colectados de diferentes zonas del manglar de Tumbes



En la figura 7 se observa la presencia y ausencia de genes de amoxicilina (*blaZ*) y florfenicol (*ermB*) en cepas de *Vibrio* spp. aisladas de *U. occidentalis* recolectados en zonas de manglar de Tumbes.

Como ya se ha mencionado que las actividades antropogénicas generadas por la acuicultura, agricultura y la población introducen organismos resistentes a diferentes antibióticos (Adesiyan et al., 2019; Jeamsripong et al., 2020). Diferentes autores como Bergeron et al. (2017) han mencionado que los ambientes acuáticos se han identificado como reservorios importantes de diversas bacterias que poseen genes de resistencia a diferentes antibióticos. Algunas de estas bacterias comunes corresponden al género *Vibrio*, de las cuales se han identificado 140 especies, estas son autóctonas de ecosistemas marinos a nivel mundial (Da Silva et al., 2021). Sin embargo, existen estudios como el de Adesiyan et al. (2019) en que se han reportados cepas de *Vibrio* spp. resistentes a genes de amoxicilina (*bla_{PSE}* y *bla_{OXA}*), por otra parte, el autor también menciona cepas de *Vibrio* spp. resistentes a la ampicilina con presencia de genes *ampC*, un antibiótico que pertenece a la misma familia.

Figura 7

Genes de resistencia positivos para *blaZ* y *ermB* en cepas identificadas (*Vibrio* spp.) de *Ucides occidentalis* colectados de diferentes zonas del manglar de Tumbes



V. CONCLUSIONES

- 1) De los cangrejos (*Ucides occidentalis*) recolectados en diferentes zonas del manglar de Tumbes, se aislaron en total 358 cepas bacterianas, de las cuales se tomó una muestra de 90 cepas para el estudio: 19 cepas presuntivas de *Vibrio* spp., 20 cepas de bacterias totales y 17 cepas presuntivas de cada grupo: *Bacillus* spp., bacterias ácido lácticas y coliformes. Adicionalmente se evaluaron siete cepas de *Vibrio* spp. procedentes del cepario de la FIPCM.
- 2) Todas las cepas de los cinco grupos bacterianos tuvieron un índice de MAR entre 0,0 y 0,8 aunque la mayoría se encontró entre 0,0 y 0,4; siendo que, solo nueve cepas de *Bacillus* spp., tuvieron el índice MAR de 0,8. Quince, de todas las cepas evaluadas, fueron multirresistentes y correspondieron 14 a *Bacillus* spp. y una a *Vibrio* spp.
- 3) De las cepas bacterianas evaluadas respecto a su sensibilidad antibiótica, se encontró una muy baja resistencia al florfenicol (5,31%).
- 4) Las 7 cepas de *Vibrio* spp. identificadas molecularmente fueron resistentes a un solo antibiótico (amoxicilina). Todas tuvieron un índice MAR de 0,2 y ninguna fue multirresistente.
- 5) La mayoría de las cepas identificadas presuntivamente como *Vibrio* spp. fueron resistentes de 1 a 4 de los 5 antibióticos evaluados, siendo la mayoría de ellas resistentes a la amoxicilina. Su índice MAR estuvo entre 0,0 y 0,4 y ninguna de fue multirresistentes.
- 6) La mayoría de las cepas presuntivas de *Bacillus* spp. resistieron de 1 a 4 de los 5 antibióticos ensayados. Su índice MAR varió entre 0,0 y 0,8 y cuatro de ellas fueron multirresistentes.

- 7) La mayoría de las cepas aisladas presuntivas de ser bacterias ácido-lácticas resistieron de 1 a 3 de los 5 antibióticos ensayados. Su índice MAR varió entre 0,0 y 0,4 y ninguna fue multirresistente.
- 8) La mayoría de las cepas presuntivas de ser coliformes resistieron de 1 a 2 de los 5 antibióticos ensayados. Su índice MAR varió entre 0,0 y 0,4 y ninguna fue multirresistente.
- 9) Ninguna de las 25 cepas evaluadas presentó genes de resistencia para oxitetraciclina (*tetO* y *tetM*), ciprofloxacina (*qnrB* y *qnrS*), sulfametoxazol (*sul*).
- 10) El 56% de las 25 cepas evaluadas presentaron genes de resistencia a la amoxicilina (*blaZ*) y al trimetoprim (*dfrA*); y el 20% al florfenicol (*fexA* y *ermB*)
- 11) De las siete cepas de *Vibrio* spp. obtenidas del cepario de la FIPCM, 57% tuvieron genes de resistencia a la amoxicilina (*blaZ*) y 14% al florfenicol (*ermB*).

VI. RECOMENDACIONES

- 1) Debido a que la cantidad de antibióticos ensayados en esta investigación fue reducida (cinco antibióticos), se recomienda realizar un ensayo más amplio incluyendo otros antibióticos que permita diagnosticar mejor la resistencia antibiótica en cepas aisladas de *U. occidentalis*.
- 2) Como se observó una discrepancia entre la resistencia antibiótica fenotípica y genotípica de algunas cepas, se recomienda analizar la presencia de otras variantes de genes de resistencia distintas a las utilizadas en esta investigación.

VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abre, M. G., Kedjebo, D. K. B., Attchelouwa, C. K., Ehouman, G. O., Kouakou-Kouame, C. A., & N'guessan, F. K. (2022). Molecular identification of non-lactic acid bacteria isolated on MRS medium and associated to the production of biogenic amines in adjuevan, a fermented fish of Côte d'Ivoire. *World Journal of Advanced Research and Reviews*, 15(1), 626-634. <https://doi.org/10.30574/wjarr.2022.15.1.0666>
- Adesiyan, I. M., Bisi-Johnson, M. A., Ogunfowokan, A. O., & Okoh, A. I. (2019). Incidence and antimicrobial susceptibility fingerprints of *Plesiomonas shigelliodes* isolates in water samples collected from some freshwater resources in Southwest Nigeria. *Science of The Total Environment*, 665, 632-640. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.02.062>
- Aftab, S., Azim, M., Rahman, A., & Zafor, M. (2013). Antibiotic resistance of vibrio bacteria isolated from mud crab *Scylla serrata* of Chakoria Coast, Bangladesh. *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*, 4(3), 325-334.
- Aguirre, L. E., Sánchez-Suárez, H. A., & Ordinola-Zapata, A. (2021). Resistencia antibiótica en *Vibrio* spp aislados de camarón blanco *Litopenaeus vannamei*. Alternativas de tratamiento con extractos de *Azadirachta indica* y *Origanum vulgare*. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 32(4), e19386. <https://doi.org/10.15381/rivep.v32i4.19386>

- Ahouangan, B. S. C. M., Koura, I. B., Sèwadé, C., Toyi, M. A., Lesse, P. A. D., & Houinato, M. R. B. (2021). *Utilization of plant species in mangrove swamp: Ruminant herders' perception of treats and strategies for mangrove sustainable restoration in Benin (west-Africa)*. In Review. <https://doi.org/10.21203/rs.3.rs-256271/v1>
- Aidaros, H. A., Khalafallah, S. S., Diab, M. S., K. Alm Eldin, N., & E.K. El Bahgy, H. (2022). Influence of Hygienic Measures on Enterobacteriaceae Prevalence and Antimicrobial Resistance in Poultry Farms. *Advances in Animal and Veterinary Sciences*, 10(10). <https://doi.org/10.17582/journal.aavs/2022/10.10.2228.2237>
- Al Farraj, D. A., Varghese, R., Vágvölgyi, C., Soliman Elshikh, M., Alokda, A. M., & Hossam Mahmoud, A. (2020). Antibiotics production in optimized culture condition using low cost substrates from Streptomyces sp. AS4 isolated from mangrove soil sediment. *Journal of King Saud University - Science*, 32(2), 1528-1535. <https://doi.org/10.1016/j.jksus.2019.12.008>
- Albuquerque, R. (2013). Escherichia coli in seafood: A brief overview. *Advances in Bioscience and Biotechnology*, 04(03), 450-454. <https://doi.org/10.4236/abb.2013.43A060>
- Alemán, S., & Ordinola, E. (2017). Ampliación de la distribución sur de Ucides occidentalis (Decapoda: Ucididae) y Cardisoma crassum (Decapoda: Gecarcinidae). *Revista Peruana de Biología*, 24(1), 107-110. <https://doi.org/10.15381/rpb.v24i1.13110>
- Alhusayni, A. A., & Al-Khikani, F. H. O. (2024). Growth of Different Bacteria on Thiosulfate Citrate Bile Salts Sucrose Agar. *Journal of Marine Medical Society*. https://doi.org/10.4103/jmms.jmms_140_23

- Amarasiri, M., Sano, D., & Suzuki, S. (2020). Understanding human health risks caused by antibiotic resistant bacteria (ARB) and antibiotic resistance genes (ARG) in water environments: Current knowledge and questions to be answered. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, 50(19), 2016-2059. <https://doi.org/10.1080/10643389.2019.1692611>
- Anjali, R., & Shanthakumar, S. (2019). Insights on the current status of occurrence and removal of antibiotics in wastewater by advanced oxidation processes. *Journal of Environmental Management*, 246, 51-62. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2019.05.090>
- Aslam, B., Wang, W., Arshad, M. I., Khurshid, M., Muzammil, S., Rasool, M. H., Nisar, M. A., Alvi, R. F., Aslam, M. A., Qamar, M. U., Salamat, M. K. F., & Baloch, Z. (2018). Antibiotic resistance: A rundown of a global crisis. *Infection and Drug Resistance*, Volume 11, 1645-1658. <https://doi.org/10.2147/IDR.S173867>
- Barrera-Salas, M., Hernández-Salcedo, D. R., & Valencia-López, R. (2019). Hipercalemia inducida por trimetoprim sulfametoxazol. *Medicina interna de México*, 35(2), 308-312.
- Bello-López, J. M., Cabrero-Martínez, O. A., Ibáñez-Cervantes, G., Hernández-Cortez, C., Pelcastre-Rodríguez, L. I., Gonzalez-Avila, L. U., & Castro-Escarpulli, G. (2019). Horizontal Gene Transfer and Its Association with Antibiotic Resistance in the Genus *Aeromonas* spp. *Microorganisms*, 7(9), 363. <https://doi.org/10.3390/microorganisms7090363>
- Ben, Y., Fu, C., Hu, M., Liu, L., Wong, M. H., & Zheng, C. (2019). Human health risk assessment of antibiotic resistance associated with antibiotic residues in the

- environment: A review. *Environmental Research*, 169, 483-493.
<https://doi.org/10.1016/j.envres.2018.11.040>
- Bennani, H., Mateus, A., Mays, N., Eastmure, E., Stärk, K. D. C., & Häsler, B. (2020). Overview of Evidence of Antimicrobial Use and Antimicrobial Resistance in the Food Chain. *Antibiotics*, 9(2), 49.
<https://doi.org/10.3390/antibiotics9020049>
- Bergeron, S., Raj, B., Nathaniel, R., Corbin, A., & LaFleur, G. (2017). Presence of antibiotic resistance genes in raw source water of a drinking water treatment plant in a rural community of USA. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 124, 3-9. <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2017.05.024>
- Bleichenbacher, S., Stevens, M. J. A., Zurfluh, K., Perreten, V., Endimiani, A., Stephan, R., & Nüesch-Inderbinen, M. (2020). Environmental dissemination of carbapenemase-producing Enterobacteriaceae in rivers in Switzerland. *Environmental Pollution*, 265, 115081.
<https://doi.org/10.1016/j.envpol.2020.115081>
- Bottery, M. J., Pitchford, J. W., & Friman, V.-P. (2021). Ecology and evolution of antimicrobial resistance in bacterial communities. *The ISME Journal*, 15(4), 939-948. <https://doi.org/10.1038/s41396-020-00832-7>
- Boyd, C. E., Davis, R. P., & McNevin, A. A. (2022). Perspectives on the mangrove conundrum, land use, and benefits of yield intensification in farmed shrimp production: A review. *Journal of the World Aquaculture Society*, 53(1), 8-46.
<https://doi.org/10.1111/jwas.12841>
- Britania. (2021a). *Tiosulfato citrato bilis sacarosa*. https://www.bioser.com/wp-content/uploads/2022/05/FT_032218020.pdf

- Britania. (2021b). *Tripteína soya agar*. *Britania*.
https://www.britanialab.com/back/public/upload/productos/upl_6054e7678b1e3.pdf
- Bush, N. G., Diez-Santos, I., Abbott, L. R., & Maxwell, A. (2020). Quinolones: Mechanism, Lethality and Their Contributions to Antibiotic Resistance. *Molecules*, 25(23), 5662. <https://doi.org/10.3390/molecules25235662>
- Campaña, W. P. (2024). *Residuos de tetraciclinas y genes de resistencia a tetraciclinas en bacterias aisladas de Ucides occidentalis y Litopenaeus vannamei en Tumbes, 2022-2023* [Tesis para optar el grado académico de Maestro en Ciencias con mención en Gestión Ambiental, Universidad Nacional de Tumbes]. <https://hdl.handle.net/20.500.12874/65448>
- Campaña-Maza, P., Vergara-Alfaro, N., Vieyra-Peña, E., Sánchez-Suárez, H., Zapata-Cruz, M., Zamora-Gutiérrez, C., Hidalgo-Mogollón, A., Masías, P., Peralta-Otero, R., & Ordinola-Zapata, A. (2025). Resistencia antibiótica en bacterias cultivables aisladas del cangrejo *Ucides occidentalis* en el mayor manglar del Perú. *Revista Científica de la Facultad de Ciencias Veterinarias*, 35(1), 8. <https://doi.org/10.52973/rcfcv-e35552>
- Cândido, E. D. S., De Barros, E., Cardoso, M. H., & Franco, O. L. (2019). Bacterial cross-resistance to anti-infective compounds. Is it a real problem? *Current Opinion in Pharmacology*, 48, 76-81. <https://doi.org/10.1016/j.coph.2019.05.004>
- Capdeville, C., Abdallah, K., Buffan-Dubau, E., Lin, C., Azemar, F., Lambs, L., Fromard, F., Rols, J. L., & Leflaive, J. (2018a). Limited impact of several years of pretreated wastewater discharge on fauna and vegetation in a

- mangrove ecosystem. *Marine Pollution Bulletin*, 129(1), 379-391.
<https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2018.02.035>
- Capdeville, C., Abdallah, K., Buffan-Dubau, E., Lin, C., Azemar, F., Lambs, L., Fromard, F., Rols, J. L., & Leflaive, J. (2018b). Limited impact of several years of pretreated wastewater discharge on fauna and vegetation in a mangrove ecosystem. *Marine Pollution Bulletin*, 129(1), 379-391.
<https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2018.02.035>
- Carvalho, M. C. N., Jayme, M. M., Arenazio, G. S., Araújo, F. V., Leite, S. G. F., & Del Aguila, E. M. (2016). Microbiological Quality Assessment by PCR and Its Antibiotic Susceptibility in Mangrove Crabs (*Ucides cordatus*) from Guanabara Bay, Rio de Janeiro, Brazil. *International Journal of Microbiology*, 2016, 1-9. <https://doi.org/10.1155/2016/7825031>
- Cha, X., Lin, Y., Brennan, C., Cao, J., & Shang, Y. (2023). Antibiotic Resistance of *Bacillus cereus* in Plant Foods and Edible Wild Mushrooms in a Province. *Microorganisms*, 11(12), 2948.
<https://doi.org/10.3390/microorganisms11122948>
- Chai, M., Li, R., Ding, H., & Zan, Q. (2019). Occurrence and contamination of heavy metals in urban mangroves: A case study in Shenzhen, China. *Chemosphere*, 219, 165-173.
<https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2018.11.160>
- Charles, S. P., Kominoski, J. S., Armitage, A. R., Guo, H., Weaver, C. A., & Pennings, S. C. (2020). Quantifying how changing mangrove cover affects ecosystem carbon storage in coastal wetlands. *Ecology*, 101(2), e02916.
<https://doi.org/10.1002/ecy.2916>

- Charteris, W. P., Kelly, P. M., Morelli, L., & Collins, J. K. (1998). Antibiotic Susceptibility of Potentially Probiotic Lactobacillus Species. *Journal of Food Protection*, 61(12), 1636-1643. <https://doi.org/10.4315/0362-028X-61.12.1636>
- Chokshi, A., Sifri, Z., Cennimo, D., & Horng, H. (2019). Global Contributors to Antibiotic Resistance. *Journal of Global Infectious Diseases*, 11(1), 36-42. https://doi.org/10.4103/jgid.jgid_110_18
- Chung, S. S., Zheng, J. S., Burket, S. R., & Brooks, B. W. (2018). Select antibiotics in leachate from closed and active landfills exceed thresholds for antibiotic resistance development. *Environment International*, 115, 89-96. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2018.03.014>
- Cui, X., Liang, J., Lu, W., Chen, H., Liu, F., Lin, G., Xu, F., Luo, Y., & Lin, G. (2018). Stronger ecosystem carbon sequestration potential of mangrove wetlands with respect to terrestrial forests in subtropical China. *Agricultural and Forest Meteorology*, 249, 71-80. <https://doi.org/10.1016/j.agrformet.2017.11.019>
- Da Silva, L. V., Ossai, S., Chigbu, P., & Parveen, S. (2021). Antimicrobial and Genetic Profiles of *Vibrio vulnificus* and *Vibrio parahaemolyticus* Isolated From the Maryland Coastal Bays, United States. *Frontiers in Microbiology*, 12, 676249. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.676249>
- Das, B., Verma, J., Kumar, P., Ghosh, A., & Ramamurthy, T. (2020). Antibiotic resistance in *Vibrio cholerae*: Understanding the ecology of resistance genes and mechanisms. *Vaccine*, 38, A83-A92. <https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2019.06.031>
- De Almeida, F. F., Freitas, D., Motteran, F., Fernandes, B. S., & Gavazza, S. (2021). Bioremediation of polycyclic aromatic hydrocarbons in contaminated

- mangroves: Understanding the historical and key parameter profiles. *Marine Pollution Bulletin*, 169, 112553. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2021.112553>
- Deng, J., Guo, P., Zhang, X., Su, H., Zhang, Y., Wu, Y., & Li, Y. (2020). Microplastics and accumulated heavy metals in restored mangrove wetland surface sediments at Jinjiang Estuary (Fujian, China). *Marine Pollution Bulletin*, 159, 111482. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2020.111482>
- Dhiman, P., Arora, N., Thanikachalam, P. V., & Monga, V. (2019). Recent advances in the synthetic and medicinal perspective of quinolones: A review. *Bioorganic Chemistry*, 92, 103291. <https://doi.org/10.1016/j.bioorg.2019.103291>
- Dos Santos, E. M. (2015). *Diversidade e perfil de resistência a antimicrobianos de bacterérias isoladas em pisciculturas com diferentes densidades de estocagem* [Dissertação de mestrado em Ciencias Ambientais, niversidade Estadual do Oeste do Paraná]. https://tede.unioeste.br/bitstream/tede/1821/1/Edela_Boufleuer_2015.pdf
- Durán-Álvarez, J. C., Mejia-Almaguer, D., & Del Campo, M. N. (2021). Occurrence, spatiotemporal distribution and environmental fate of pharmaceutical residues in urban estuaries. En *Pharmaceuticals in Marine and Coastal Environments* (pp. 27-89). Elsevier. <https://doi.org/10.1016/B978-0-08-102971-8.00020-2>
- Esposito, G., Pastorino, P., Scala, S., Gini, M., Milanese, G., Bondavalli, F., Di Nicola, M. R., Turolla, E., Gabetti, A., Mossotto, C., Virgilio, S., Acutis, P. L., Meloni, D., Paolino, G., Melillo, R., Bozzetta, E., Prearo, M., & Colussi, S. (2026). Haemolymph of blue crab (*Callinectes sapidus*) as a reservoir of

- bacteria potentially pathogenic to humans: Public health implications. *Water Biology and Security*, 5(1), 100426.
<https://doi.org/10.1016/j.watbs.2025.100426>
- Esser, V. M., & Elefson, D. E. (1970). Experiences with the Kirby-Bauer Method of Antibiotic Susceptibility Testing. *American Journal of Clinical Pathology*, 54(2), 193-198. <https://doi.org/10.1093/ajcp/54.2.193>
- Etebu, E., & Ariekpar, I. (2016). Antibiotics: Classification and mechanisms of action with emphasis on molecular perspectives. *International journal of applied microbiology and biotechnology research*, 4(2016), 90-101.
- EUCAST. (2026). *Breakpoint tables for interpretation of MICs and zone diameters Version 16.0, valid from 2026-01-01*. <https://www.eucast.org/>
- Fang, C., Chen, B., Zhuang, H., & Mao, H. (2020). Antibiotics in Leachates from Landfills in Northern Zhejiang Province, China. *Bulletin of Environmental Contamination and Toxicology*, 105(1), 36-40.
<https://doi.org/10.1007/s00128-020-02894-x>
- Fu, X., Wan, P., Li, P., Wang, J., Guo, S., Zhang, Y., An, Y., Ye, C., Liu, Z., Gao, J., Yang, J., Fan, J., & Chai, R. (2021). Mechanism and Prevention of Ototoxicity Induced by Aminoglycosides. *Frontiers in Cellular Neuroscience*, 15, 692762.
<https://doi.org/10.3389/fncel.2021.692762>
- Garcés-Ordóñez, O., Castillo-Olaya, V. A., Granados-Briceño, A. F., Blandón García, L. M., & Espinosa Díaz, L. F. (2019). Marine litter and microplastic pollution on mangrove soils of the Ciénaga Grande de Santa Marta, Colombian Caribbean. *Marine Pollution Bulletin*, 145, 455-462.
<https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2019.06.058>

- Ghauch, A., Tuqan, A., & Assi, H. A. (2009). Antibiotic removal from water: Elimination of amoxicillin and ampicillin by microscale and nanoscale iron particles. *Environmental Pollution*, 157(5), 1626-1635. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2008.12.024>
- Giannakis, S., Le, T.-T. M., Entenza, J. M., & Pulgarin, C. (2018). Solar photo-Fenton disinfection of 11 antibiotic-resistant bacteria (ARB) and elimination of representative AR genes. Evidence that antibiotic resistance does not imply resistance to oxidative treatment. *Water Research*, 143, 334-345. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2018.06.062>
- Girlich, D., Bonnin, R. A., Dortet, L., & Naas, T. (2020). Genetics of Acquired Antibiotic Resistance Genes in *Proteus* spp. *Frontiers in Microbiology*, 11, 256. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.00256>
- Grande, F. J. (2020). *Caracterización molecular de la resistencia antimicrobiana de Vibrio spp. Aislado de langostinos blancos (Litopenaeus vannamei) cultivados en Tumbes* [Tesis de Magister en Sanidad Acuicola, Universidad Peruana Cayetano Heredia]. https://repositorio.upch.edu.pe/bitstream/handle/20.500.12866/8591/Caracterizacion_GrandeAvalos_Francisco.pdf?sequence=3&isAllowed=y
- Gutierrez Reyes, C. D., Jiang, P., Donohoo, K., Atashi, M., & Mechref, Y. S. (2021). Glycomics and glycoproteomics: Approaches to address isomeric separation of glycans and glycopeptides. *Journal of Separation Science*, 44(1), 403-425. <https://doi.org/10.1002/jssc.202000878>
- Hamon, A., Bastides, F., & Lefort, A. (2021). Betalactámicos. *EMC - Tratado de Medicina*, 25(2), 1-7. [https://doi.org/10.1016/S1636-5410\(21\)45119-6](https://doi.org/10.1016/S1636-5410(21)45119-6)

- Haque, M. A., Hu, H., Liu, J., Islam, M. A., Hossen, F., Rahman, M. A., Ahmed, F., & He, C. (2024). Emergence of multidrug-resistant *Bacillus* spp. Derived from animal feed, food and human diarrhea in South-Eastern Bangladesh. *BMC Microbiology*, 24(1), 61. <https://doi.org/10.1186/s12866-024-03199-3>
- Hasibuan, M., Safni, I., Lisnawita, & Lubis, K. (2018). Morphological characterization of several strains of the rice-pathogenic bacterium *Burkholderia glumae* in North Sumatra. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 122, 012044. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/122/1/012044>
- He, P., Huang, J., Yu, Z., Xu, X., Raga, R., & Lü, F. (2021a). Antibiotic resistance contamination in four Italian municipal solid waste landfills sites spanning 34 years. *Chemosphere*, 266, 129182. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2020.129182>
- He, P., Huang, J., Yu, Z., Xu, X., Raga, R., & Lü, F. (2021b). Antibiotic resistance contamination in four Italian municipal solid waste landfills sites spanning 34 years. *Chemosphere*, 266, 129182. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2020.129182>
- Hendriksen, R. S., Munk, P., Njage, P., Van Bunnik, B., McNally, L., Lukjancenko, O., Röder, T., Nieuwenhuijse, D., Pedersen, S. K., Kjeldgaard, J., Kaas, R. S., Clausen, P. T. L. C., Vogt, J. K., Leekitcharoenphon, P., Van De Schans, M. G. M., Zuidema, T., De Roda Husman, A. M., Rasmussen, S., Petersen, B., ... Aarestrup, F. M. (2019). Global monitoring of antimicrobial resistance based on metagenomics analyses of urban sewage. *Nature Communications*, 10(1), 1124. <https://doi.org/10.1038/s41467-019-08853-3>

- Hernández, R., Fernández, C., & Baptista, P. (2014). *Metodología de la investigación* (6ta ed.). McGraw Hill España.
<https://dialnet.unirioja.es/servlet/libro?codigo=775008>
- Hernando-Amado, S., Coque, T. M., Baquero, F., & Martínez, J. L. (2019). Defining and combating antibiotic resistance from One Health and Global Health perspectives. *Nature Microbiology*, 4(9), 1432-1442.
<https://doi.org/10.1038/s41564-019-0503-9>
- Hoque, M. Z., Cui, S., Islam, I., Xu, L., & Ding, S. (2021). Dynamics of plantation forest development and ecosystem carbon storage change in coastal Bangladesh. *Ecological Indicators*, 130, 107954.
<https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2021.107954>
- Humane killing and processing of crustaceans for human consumption [RSPCA]. (2016). *Humane killing and processing of crustaceans for human consumption*. RSPCA. <https://kb.rspca.org.au/wp-content/uploads/2019/01/Humane-killing-of-crustaceans-for-human->
- Hutchings, M. I., Truman, A. W., & Wilkinson, B. (2019). Antibiotics: Past, present and future. *Current Opinion in Microbiology*, 51, 72-80.
<https://doi.org/10.1016/j.mib.2019.10.008>
- Huttner, A., Bielicki, J., Clements, M. N., Frimodt-Møller, N., Muller, A. E., Paccaud, J.-P., & Mouton, J. W. (2020). Oral amoxicillin and amoxicillin–clavulanic acid: Properties, indications and usage. *Clinical Microbiology and Infection*, 26(7), 871-879. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2019.11.028>
- Imchen, M., Kumavath, R., Barh, D., Vaz, A., Góes-Neto, A., Tiwari, S., Ghosh, P., Wattam, A. R., & Azevedo, V. (2018). Comparative mangrove metagenome reveals global prevalence of heavy metals and antibiotic resistome across

- different ecosystems. *Scientific Reports*, 8(1), 11187.
<https://doi.org/10.1038/s41598-018-29521-4>
- Imchen, M., Vennapu, R. K., Ghosh, P., & Kumavath, R. (2019). Insights into Antagonistic Interactions of Multidrug Resistant Bacteria in Mangrove Sediments from the South Indian State of Kerala. *Microorganisms*, 7(12), 678. <https://doi.org/10.3390/microorganisms7120678>
- Instituto Nacional de Estadística e Informática [INEI]. (2017). *Resultados Definitivos de los Censos Nacionales 2017*. <https://censo2017.inei.gob.pe/resultados-definitivos-de-los-censos-nacionales-2017/>
- Iqbal, Md. H. (2020). Valuing ecosystem services of Sundarbans Mangrove forest: Approach of choice experiment. *Global Ecology and Conservation*, 24, e01273. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2020.e01273>
- Islamia, U., Islama, D., Zulfadhli, Z., Diana, F., & Yulianti, D. (2025). Identification and prevalence of pathogenic bacteria *Vibrio* sp in mangrove crabs (*Scylla serrata*) in Meuraxsa Sub-district, Banda Aceh City. *Acta Aquatica: Aquatic Sciences Journal*, 1(1), 19-22. <https://doi.org/10.29103/aa.v1i1.16957>
- Jacoby, G. A., Strahilevitz, J., & Hooper, D. C. (2014). Plasmid-Mediated Quinolone Resistance. *Microbiology Spectrum*, 2(5), 2.5.33. <https://doi.org/10.1128/microbiolspec.PLAS-0006-2013>
- Jeamsripong, S., Khant, W., & Chuanchuen, R. (2020). Distribution of phenotypic and genotypic antimicrobial resistance and virulence genes in *Vibrio parahaemolyticus* isolated from cultivated oysters and estuarine water. *FEMS Microbiology Ecology*, 96(8), fiae081. <https://doi.org/10.1093/femsec/fiae081>

- Jeena, S., Venkateswaramurthy, N., & Sambathkumar, R. (2020). Antibiotic Residues in Milk Products: Impacts on Human Health. *Research Journal of Pharmacology and Pharmacodynamics*, 12(1), 15. <https://doi.org/10.5958/2321-5836.2020.00004.X>
- Jiang, C., Diao, X., Wang, H., & Ma, S. (2021). Diverse and abundant antibiotic resistance genes in mangrove area and their relationship with bacterial communities—A study in Hainan Island, China. *Environmental Pollution*, 276, 116704. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2021.116704>
- Kaase, M., Lenga, S., Friedrich, S., Szabados, F., Sakinc, T., Kleine, B., & Gatermann, S. G. (2008). Comparison of phenotypic methods for penicillinase detection in *Staphylococcus aureus*. *Clinical Microbiology and Infection*, 14(6), 614-616. <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2008.01997.x>
- Kawai, Y., Mercier, R., Mickiewicz, K., Serafini, A., Sório De Carvalho, L. P., & Errington, J. (2019). Crucial role for central carbon metabolism in the bacterial L-form switch and killing by β -lactam antibiotics. *Nature Microbiology*, 4(10), 1716-1726. <https://doi.org/10.1038/s41564-019-0497-3>
- Keawchana, N., Manmoo, S., Indoung, S., Khumraksa, P., Ninwat, S., Suyapoh, W., & Jantrakajorn, S. (2026). Bacterial infections and antibiotic resistance in stranded dugongs (*Dugong dugon*) from the Andaman Sea, Thailand: <https://doi.org/10.12982/VIS.2026.052>. *Veterinary Integrative Sciences*, 24(2), 1-21.
- Kehrenberg, C., & Schwarz, S. (2005). Florfenicol-Chloramphenicol Exporter Gene *fexA* Is Part of the Novel Transposon Tn558. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 49(2), 813-815. <https://doi.org/10.1128/AAC.49.2.813-815.2005>

- Kern, M. B., Klemmensen, T., Frimodt-Møller, N., & Espersen, F. (2002). Susceptibility of Danish *Escherichia coli* strains isolated from urinary tract infections and bacteraemia, and distribution of sul genes conferring sulphonamide resistance. *The Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 50(4), 513-516. <https://doi.org/10.1093/jac/dkf164>
- Khan, Z. A., Siddiqui, M. F., & Park, S. (2019). Current and Emerging Methods of Antibiotic Susceptibility Testing. *Diagnostics*, 9(2), 49. <https://doi.org/10.3390/diagnostics9020049>
- Kim, J.-P., Jin, D. R., Lee, W., Chae, M., & Park, J. (2020). Occurrence and Removal of Veterinary Antibiotics in Livestock Wastewater Treatment Plants, South Korea. *Processes*, 8(6), 720. <https://doi.org/10.3390/pr8060720>
- Kim, M., Kwon, T.-H., Jung, S.-M., Cho, S.-H., Jin, S. Y., Park, N.-H., Kim, C.-G., & Kim, J.-S. (2013). Antibiotic Resistance of Bacteria Isolated from the Internal Organs of Edible Snow Crabs. *PLoS ONE*, 8(8), e70887. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0070887>
- Kovalakova, P., Cizmas, L., McDonald, T. J., Marsalek, B., Feng, M., & Sharma, V. K. (2020). Occurrence and toxicity of antibiotics in the aquatic environment: A review. *Chemosphere*, 251, 126351. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2020.126351>
- Kumar, A., Kumar, V., Rodríguez-Seijo, A., Setia, R., Singh, S., Kumar, A., Seth, C. S., & Somma, R. (2024). Appraisal of heavy metal(loid)s contamination in rice grain and associated health risks. *Journal of Food Composition and Analysis*, 131, 106215. <https://doi.org/10.1016/j.jfca.2024.106215>

- Kumar, V., & Srikumar, S. (2022). 'To be, or not to be'—The dilemma of 'silent' antimicrobial resistance genes in bacteria. *Journal of Applied Microbiology*, 133(5), 2902-2914. <https://doi.org/10.1111/jam.15738>
- Larsson, D. G. J., & Flach, C.-F. (2022). Antibiotic resistance in the environment. *Nature Reviews Microbiology*, 20(5), 257-269. <https://doi.org/10.1038/s41579-021-00649-x>
- Leite, G. G. V. R., & Damasceno, C. A. V. (2022). Erythromycin versus Azithromycin: Which is the fittest substitute for Penicillin in allergic patients? *Medical Science and Discovery*, 9(3), 196-200. <https://doi.org/10.36472/msd.v9i3.694>
- Lekshmi, M., Ammini, P., Kumar, S., & Varela, M. F. (2017). The Food Production Environment and the Development of Antimicrobial Resistance in Human Pathogens of Animal Origin. *Microorganisms*, 5(1), 11. <https://doi.org/10.3390/microorganisms5010011>
- Leng, L., Wei, L., Xiong, Q., Xu, S., Li, W., Lv, S., Lu, Q., Wan, L., Wen, Z., & Zhou, W. (2020). Use of microalgae based technology for the removal of antibiotics from wastewater: A review. *Chemosphere*, 238, 124680. <https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2019.124680>
- Li, W., Shi, C., Yu, Y., Ruan, Y., Kong, D., Lv, X., Xu, P., Awasthi, M. K., & Dong, M. (2021). Interrelationships between tetracyclines and nitrogen cycling processes mediated by microorganisms: A review. *Bioresource Technology*, 319, 124036. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2020.124036>
- Liu, T., Lun, J., Zheng, P., Feng, J., Meng, S., Peng, T., & Hu, Z. (2020). Diversity and distribution of antibiotics and antibiotic resistance genes in seven national mangrove nature reserves, South China. *International*

- Biodeterioration & Biodegradation*, 153, 105000.
<https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2020.105000>
- Long, C., Dai, Z., Zhou, X., Mei, X., & Mai Van, C. (2021). Mapping mangrove forests in the Red River Delta, Vietnam. *Forest Ecology and Management*, 483, 118910. <https://doi.org/10.1016/j.foreco.2020.118910>
- Luna, L., Sánchez, M., & Rondón, J. (2026). Resistencia antibiótica de las enterobacterias *Escherichia coli* y *Klebsiella* spp. En superficie de pescados expendidos en Pucallpa, Amazonía peruana. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 37(1), e32921. <https://doi.org/10.15381/rivep.v37i1.32921>
- Luthra, S., Rominski, A., & Sander, P. (2018). The Role of Antibiotic-Target-Modifying and Antibiotic-Modifying Enzymes in *Mycobacterium abscessus* Drug Resistance. *Frontiers in Microbiology*, 9, 2179. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.02179>
- Magdaleno, A., Saenz, M. E., Juárez, A. B., & Moretton, J. (2015). Effects of six antibiotics and their binary mixtures on growth of *Pseudokirchneriella subcapitata*. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 113, 72-78. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2014.11.021>
- Man, A., Santacroce, L., Iacob, R., Mare, A., & Man, L. (2019). Antimicrobial Activity of Six Essential Oils Against a Group of Human Pathogens: A Comparative Study. *Pathogens*, 8(1), 15. <https://doi.org/10.3390/pathogens8010015>
- Mann, R., Holmes, A., McNeilly, O., Cavaliere, R., Sotiriou, G. A., Rice, S. A., & Gunawan, C. (2021). Evolution of biofilm-forming pathogenic bacteria in the presence of nanoparticles and antibiotic: Adaptation phenomena and cross-

- resistance. *Journal of Nanobiotechnology*, 19(1), 291.
<https://doi.org/10.1186/s12951-021-01027-8>
- Maughan, H., & Van Der Auwera, G. (2011). *Bacillus* taxonomy in the genomic era finds phenotypes to be essential though often misleading. *Infection, Genetics and Evolution*, 11(5), 789-797. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2011.02.001>
- May, K. L., & Grabowicz, M. (2018). The bacterial outer membrane is an evolving antibiotic barrier. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 115(36), 8852-8854. <https://doi.org/10.1073/pnas.1812779115>
- McDermott, J. H., Wolf, J., Hoshitsuki, K., Huddart, R., Caudle, K. E., Whirl-Carrillo, M., Steyger, P. S., Smith, R. J. H., Cody, N., Rodriguez-Antona, C., Klein, T. E., & Newman, W. G. (2022). Clinical Pharmacogenetics Implementation Consortium Guideline for the Use of Aminoglycosides Based on *MT-RNR1* Genotype. *Clinical Pharmacology & Therapeutics*, 111(2), 366-372. <https://doi.org/10.1002/cpt.2309>
- Medina-Contreras, D., Arenas, F., Cantera-Kintz, J., Sánchez, A., & Lázarus, J.-F. (2022). Carbon sources supporting macrobenthic crustaceans in tropical eastern pacific mangroves. *Food Webs*, 30, e00219. <https://doi.org/10.1016/j.fooweb.2022.e00219>
- Mendoza Avilés, H. E., Aranda de la Torre, K. G., & Romero Aguirre, C. O. (2019). Análisis de los canales de comercialización que inciden en la captura del cangrejo rojo (*Ucides Occidentalis*) de la “Asociación de cangrejeros 6 de julio” del Golfo de Guayaquil. *Revista Universidad y Sociedad*, 11(1), 93-100.
- Merino-Díaz, L., De La Casa, Á. C., Torres-Sánchez, M. J., & Aznar-Martín, J. (2007). Detección de resistencia inducible a clindamicina en aislados cutáneos de *Staphylococcus* spp. Por métodos fenotípicos y genotípicos.

- Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 25(2), 77-81.
<https://doi.org/10.1157/13098567>
- Min, W. W., & Kathiresan, K. (2021). Burrow morphologies, crab characteristics and soil properties in different seasons across intertidal areas of a restored mangrove forest. *Journal of Sea Research*, 177, 102111.
<https://doi.org/10.1016/j.seares.2021.102111>
- Ministerio del Ambiente [Minam]. (2019). *Mapa Nacional de Ecosistemas del Perú: Memoria descriptiva* [Memoria descriptiva].
https://cdn.www.gob.pe/uploads/document/file/433659/Memoria_MAPA_Ecosistemas_-OK.pdf?v=1575048910
- Miotto, M., Ossai, S. A., Meredith, J. E., Barretta, C., Kist, A., Prudencio, E. S., R. W. Vieira, C., & Parveen, S. (2019). Genotypic and phenotypic characterization of *Escherichia coli* isolated from mollusks in Brazil and the United States. *MicrobiologyOpen*, 8(5), e00738.
<https://doi.org/10.1002/mbo3.738>
- Mir, R. A., & Kudva, I. T. (2019). Antibiotic-resistant Shiga toxin-producing *Escherichia coli*: An overview of prevalence and intervention strategies. *Zoonoses and Public Health*, 66(1), 1-13. <https://doi.org/10.1111/zph.12533>
- Mohamad, N., Manan, H., Sallehuddin, M., Musa, N., & Ikhwanuddin, M. (2020). Screening of Lactic Acid Bacteria isolated from giant freshwater prawn (*Macrobrachium rosenbergii*) as potential probiotics. *Aquaculture Reports*, 18, 100523. <https://doi.org/10.1016/j.aqrep.2020.100523>
- Morán, B., & Hidalgo, A. (2016). Impactos ambientales en la Bahía Puerto Pizarro. *Manglar: Revista de Investigación Científica*, 13(2), 43-51.

- Muhammad, J., Khan, S., Su, J. Q., Hesham, A. E.-L., Ditta, A., Nawab, J., & Ali, A. (2020). Antibiotics in poultry manure and their associated health issues: A systematic review. *Journal of Soils and Sediments*, 20(1), 486-497. <https://doi.org/10.1007/s11368-019-02360-0>
- Neuman, H., Forsythe, P., Uzan, A., Avni, O., & Koren, O. (2018). Antibiotics in early life: Dysbiosis and the damage done. *FEMS Microbiology Reviews*. <https://doi.org/10.1093/femsre/fuy018>
- Neuta, Y., Leguizamon, N., Pajaro, P., Zarate, M., Julio, M., Pantoja, M., Llerena, I., & Delgadillo, N. A. (2025). Molecular and Phenotypic Evaluation of Antibiotic Resistance in Enteric Rods Isolated from the Oral Cavity. *Antibiotics*, 14(6), 564. <https://doi.org/10.3390/antibiotics14060564>
- Ng, L.-K., Martin, I., Alfa, M., & Mulvey, M. (2001). Multiplex PCR for the detection of tetracycline resistant genes. *Molecular and Cellular Probes*, 15(4), 209-215. <https://doi.org/10.1006/mcpr.2001.0363>
- Nguyen, T. M. H., Le, T. P. Q., Hoang, V. V., Nhu, D. L., & Ha, H. T. T. (2022). Fecal indicator bacteria diversity and decay in an estuarine mangrove ecosystem of the Xuan Thuy National Park, Vietnam. *Journal of Water and Health*, 20(6), 915-926. <https://doi.org/10.2166/wh.2022.310>
- Niquén, M. I., Vasquez, A. C., Hinojosa, Y. A., & Niquen, A. G. G. (2021). Impactos ambientales generados por vertimiento de aguas residuales urbanas de la ciudad de Tumbes—Perú. *RECIAMUC*, 5(3), 222-232. [https://doi.org/10.26820/reciamuc/5.\(3\).agosto.2021.222-232](https://doi.org/10.26820/reciamuc/5.(3).agosto.2021.222-232)
- Numbere, A. O. (2021). Impact of Urbanization and Crude Oil Exploration in Niger Delta Mangrove Ecosystem and Its Livelihood Opportunities: A Footprint Perspective. En A. Banerjee, R. S. Meena, M. K. Jhariya, & D. K. Yadav

- (Eds.), *Agroecological Footprints Management for Sustainable Food System* (pp. 309-344). Springer Singapore. https://doi.org/10.1007/978-981-15-9496-0_10
- Nunes, O. C., Manaia, C. M., Kolvenbach, B. A., & Corvini, P. F.-X. (2020). Living with sulfonamides: A diverse range of mechanisms observed in bacteria. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 104(24), 10389-10408. <https://doi.org/10.1007/s00253-020-10982-5>
- N'zi, N. P., Gbonon, V. C., Guédé, K. B., Afran, S. A., & Angaman, D. M. (2024). Assessing the Public Health Implications of Virulent and Antibiotic-Resistant Bacteria in Côte d'Ivoire's Ready-to-Eat Salads. *International Journal of Microbiology*, 2024(1), 3264533. <https://doi.org/10.1155/2024/3264533>
- Obando, O. R., & Suárez, Y. G. (2015). *Obtención de cepas autóctonas de Bacillus spp. Y su evaluación probiótica in vitro* [Tesis de Médico Veterinario, Universidad Nacional Agraria]. <https://repositorio.una.edu.ni/3213/>
- Ogawara, H. (2019). Comparison of Antibiotic Resistance Mechanisms in Antibiotic-Producing and Pathogenic Bacteria. *Molecules*, 24(19), 3430. <https://doi.org/10.3390/molecules24193430>
- Ojemaye, M. O., Adefisoye, M. A., & Okoh, A. I. (2020). Nanotechnology as a viable alternative for the removal of antimicrobial resistance determinants from discharged municipal effluents and associated watersheds: A review. *Journal of Environmental Management*, 275, 111234. <https://doi.org/10.1016/j.jenvman.2020.111234>
- Okoh, A. I., & Igbinosa, E. O. (2010). Antibiotic susceptibility profiles of some *Vibrio* strains isolated from wastewater final effluents in a rural community of the

- Eastern Cape Province of South Africa. *BMC Microbiology*, 10(1), 143.
<https://doi.org/10.1186/1471-2180-10-143>
- Ordinola, Z. A., Vieyra, E. G., Ramírez, B. E., & Saavedra, K. Y. (2020). Diversidad genética y estructura poblacional del cangrejo del manglar (*Ucides occidentalis*) en Tumbes, Perú. *Revista Veterinaria*, 31(1), 33-37.
<https://doi.org/10.30972/vet.3114615>
- Oviedo-Bolaños, K. (2021). *Identificación molecular de Streptococcus sp. Y genes de resistencia a antibióticos presentes en granjas de tilapia (Oreochromis niloticus) de la región del Pacífico Norte, Costa Rica.*
- Owuor, M. A., Mulwa, R., Otieno, P., Icely, J., & Newton, A. (2019). Valuing mangrove biodiversity and ecosystem services: A deliberative choice experiment in Mida Creek, Kenya. *Ecosystem Services*, 40, 101040.
<https://doi.org/10.1016/j.ecoser.2019.101040>
- Pachori, P., Gothwal, R., & Gandhi, P. (2019). Emergence of antibiotic resistance *Pseudomonas aeruginosa* in intensive care unit; a critical review. *Genes & Diseases*, 6(2), 109-119. <https://doi.org/10.1016/j.gendis.2019.04.001>
- Pajaro, P. (2019). *Synteza i aktywność biologiczna nowych analogów tiosemikarbazonowych chelatorów żelaza* (Vol. 7). Universidad El Bosque.
<https://doi.org/10.2/JQUERY.MIN.JS>
- Palacios, O. A., Adame-Gallegos, J. R., Rivera-Chavira, B. E., & Nevarez-Moorillon, G. V. (2021). Antibiotics, Multidrug-Resistant Bacteria, and Antibiotic Resistance Genes: Indicators of Contamination in Mangroves? *Antibiotics*, 10(9), 1103. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10091103>

- Pawłowska, B., Sysa, M., Godela, A., & Biczak, R. (2024). Antibiotics Amoxicillin, Ampicillin and Their Mixture—Impact on Bacteria, Fungi, Ostracods and Plants. *Molecules*, 29(18), 4301. <https://doi.org/10.3390/molecules29184301>
- Petrovski, K., Grinberg, A., Williamson, N., Abdalla, M., Lopez-Villalobos, N., Parkinson, T., Tucker, I., & Rapnicki, P. (2015). Susceptibility to antimicrobials of mastitis-causing *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus uberis* and *Str. Dysgalactiae* from New Zealand and the USA as assessed by the disk diffusion test. *Australian Veterinary Journal*, 93(7), 227-233. <https://doi.org/10.1111/avj.12340>
- Pigrau, C. (2003). Oxazolidinonas y glucopéptidos. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 21(3), 157-165. [https://doi.org/10.1016/S0213-005X\(03\)72907-3](https://doi.org/10.1016/S0213-005X(03)72907-3)
- Pigrau, C., & Almirante, B. (2009). Oxazolidinonas, glucopéptidos y lipopéptidos cíclicos. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 27(4), 236-246. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2009.02.004>
- Pontón-Cevallos, J., Marín Jarrín, J. R., Rosado-Moncayo, A. M., Bonifaz, M. J., Quiroga, M. D. M., Espinoza, M. E., Borbor-Córdova, M. J., Pozo-Cajas, M., Goethals, P. L. M., & Domínguez-Granda, L. E. (2021). Spatio-temporal variability of Brachyura larval assemblages in mangroves of the Gulf of Guayaquil's inner estuary. *Regional Studies in Marine Science*, 41, 101601. <https://doi.org/10.1016/j.rsma.2020.101601>
- Potosí, K. A. (2024). *Efecto de Bacillus spp. Aislados de Litopenaeus vannamei en la inhibición in vitro e in vivo de Vibrio spp* [Tesis de Ingeniero Pesquero, Universidad Nacional de Tumbes]. <https://hdl.handle.net/20.500.12874/65088>

- Príncipe Aguirre, R. (2021). *Validación de técnicas mecano estadísticos para la clasificación del ecosistema manglares de Tumbes mediante imágenes de satélite* [Grado de maestría en física con mención de geofísica]. Universidad Nacional Mayor de San Marcos.
- Redín, F. R. (2023). *Resistencia a antibióticos en comunidades bacterianas de centros de cultivos de salmones: Análisis fenotípico y genético de muestras microbianas ambiente* [Tesis de Biólogo con mención en Medio Ambiente, Universidad de Chile]. <https://repositorio.uchile.cl/handle/2250/205551>
- Reinert, R. R., Filimonova, O. Y., Al-Lahham, A., Grudinina, S. A., Ilina, E. N., Weigel, L. M., & Sidorenko, S. V. (2008). Mechanisms of Macrolide Resistance among *Streptococcus pneumoniae* Isolates from Russia. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 52(6), 2260-2262. <https://doi.org/10.1128/AAC.01270-07>
- Reverter, M., Sarter, S., Caruso, D., Avarre, J.-C., Combe, M., Pepey, E., Pouyaud, L., Vega-Heredía, S., De Verdal, H., & Gozlan, R. E. (2020). Aquaculture at the crossroads of global warming and antimicrobial resistance. *Nature Communications*, 11(1), 1870. <https://doi.org/10.1038/s41467-020-15735-6>
- Reygaert, W. (2018). An overview of the antimicrobial resistance mechanisms of bacteria. *AIMS Microbiology*, 4(3), 482-501. <https://doi.org/10.3934/microbiol.2018.3.482>
- Ribeiro, C. F. A., Silveira, G. G. D. O. S., Cândido, E. D. S., Cardoso, M. H., Espínola Carvalho, C. M., & Franco, O. L. (2020). Effects of Antibiotic Treatment on Gut Microbiota and How to Overcome Its Negative Impacts on Human Health. *ACS Infectious Diseases*, 6(10), 2544-2559. <https://doi.org/10.1021/acsinfecdis.0c00036>

- Riley, N. M., Malaker, S. A., Driessen, M. D., & Bertozzi, C. R. (2020). Optimal Dissociation Methods Differ for N—And O -Glycopeptides. *Journal of Proteome Research*, 19(8), 3286-3301. <https://doi.org/10.1021/acs.jproteome.0c00218>
- Rodríguez, F. V. L. (2018). Mangrove Concessions: An Innovative Strategy for Community Mangrove Conservation in Ecuador. En C. Makowski & C. W. Finkl (Eds.), *Threats to Mangrove Forests* (Vol. 25, pp. 557-578). Springer International Publishing. https://doi.org/10.1007/978-3-319-73016-5_25
- Rosado Salazar, A. A. (2018). *Resistencia antimicrobiana de bacterias del género vibrio en langostino blanco (Litopenaeus vannamei) en centros de cultivo de la región Tumbes* [Tesis de Medico Veterinario, Universidad Ricardo Palma]. <https://hdl.handle.net/20.500.14138/1686>
- Ruan, S., Luo, J., Zhang, T., Nordhaus, I., Diao, X., & Zhao, H. (2020). Spatial and seasonal variations of chloramphenicol resistance genes and their co-occurring analysis with bacteria in a typical mangrove area of Hainan island, China. *Estuarine, Coastal and Shelf Science*, 233, 106541. <https://doi.org/10.1016/j.ecss.2019.106541>
- Sabir, M., Ennaji, M. M., & Cohen, N. (2013). Vibrio Alginolyticus: An Emerging Pathogen of Foodborne Diseases. *Maejo international journal of science and technology*, 2, 302-309.
- Sajeev, S., Hamza, M., Rajan, V., Vijayan, A., Sivaraman, G. K., Shome, B. R., & Holmes, M. A. (2023). Resistance profiles and genotyping of extended-spectrum beta-lactamase (ESBL) -producing and non-ESBL-producing E. coli and Klebsiella from retail market fishes. *Infection, Genetics and Evolution*, 112, 105446. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2023.105446>

- Sánchez, A. G., Orellana Bravo, P., & Andrade Tacuri, C. (2022). Vigilancia epidemiológica de *Staphylococcus aureus* y resistencia antibiótica en ambientes nosocomiales. *Revista Vive*, 5(13), 233-244. <https://doi.org/10.33996/revistavive.v5i13.144>
- Sánchez-Osuna, M., Cortés, P., Llagostera, M., Barbé, J., & Erill, I. (2020). Exploration into the origins and mobilization of di-hydrofolate reductase genes and the emergence of clinical resistance to trimethoprim. *Microbial Genomics*, 6(11). <https://doi.org/10.1099/mgen.0.000440>
- Sandner-Miranda, L., Vinuesa, P., Cravioto, A., & Morales-Espinosa, R. (2018). The Genomic Basis of Intrinsic and Acquired Antibiotic Resistance in the Genus *Serratia*. *Frontiers in Microbiology*, 9, 828. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00828>
- Santos, F., Almeida, C. M. R., Ribeiro, I., & Mucha, A. P. (2019). Potential of constructed wetland for the removal of antibiotics and antibiotic resistant bacteria from livestock wastewater. *Ecological Engineering*, 129, 45-53. <https://doi.org/10.1016/j.ecoleng.2019.01.007>
- Sarker, S., Masud-UI-Alam, M., Hossain, M. S., Rahman Chowdhury, S., & Sharifuzzaman, S. (2021). A review of bioturbation and sediment organic geochemistry in mangroves. *Geological Journal*, 56(5), 2439-2450. <https://doi.org/10.1002/gj.3808>
- Serrano Espinosa, P. (2018). *Aislamiento y caracterización de bacterias con potencial probiótico y patógeno de estómago, intestino y huevos en la jaiba *Callinectes bellicosus* (Stimpson, 1859)*. https://www.lareferencia.info/vufind/Record/MX_6c2d141f5cb07ada6085e29c8af1148f

- Serwecińska, L. (2020). Antimicrobials and Antibiotic-Resistant Bacteria: A Risk to the Environment and to Public Health. *Water*, 12(12), 3313. <https://doi.org/10.3390/w12123313>
- Shifa Begum, Tofa Begum, Naziza Rahman, & Ruhul A. Khan. (2021). A review on antibiotic resistance and way of combating antimicrobial resistance. *GSC Biological and Pharmaceutical Sciences*, 14(2), 087-097. <https://doi.org/10.30574/gscbps.2021.14.2.0037>
- Shinu, P., Bareja, R., Nair, A. B., Mishra, V., Hussain, S., Venugopala, K. N., Sreeharsha, N., Attimarad, M., & Rasool, S. T. (2020). Monitoring of Non- β -Lactam Antibiotic Resistance-Associated Genes in ESBL Producing Enterobacterales Isolates. *Antibiotics*, 9(12), 884. <https://doi.org/10.3390/antibiotics9120884>
- Stasiak, M., Maćkiw, E., Kowalska, J., Kucharek, K., & Postupolski, J. (2021). Silent Genes: Antimicrobial Resistance and Antibiotic Production. *Polish Journal of Microbiology*, 70(4), 421-429. <https://doi.org/10.33073/pjm-2021-040>
- Surette, M. D., Spanogiannopoulos, P., & Wright, G. D. (2021). The Enzymes of the Rifamycin Antibiotic Resistome. *Accounts of Chemical Research*, 54(9), 2065-2075. <https://doi.org/10.1021/acs.accounts.1c00048>
- Syal, K., Mo, M., Yu, H., Iriya, R., Jing, W., Guodong, S., Wang, S., Grys, T. E., Haydel, S. E., & Tao, N. (2017). Current and emerging techniques for antibiotic susceptibility tests. *Theranostics*, 7(7), 1795-1805. <https://doi.org/10.7150/thno.19217>
- Theuerkauff, D., Rivera-Ingraham, G. A., Lambert, S., Mercky, Y., Lejeune, M., Lignot, J.-H., & Sucre, E. (2020). Wastewater bioremediation by mangrove

- ecosystems impacts crab ecophysiology: In-situ caging experiment. *Aquatic Toxicology*, 218, 105358. <https://doi.org/10.1016/j.aquatox.2019.105358>
- Thongkao, K., & Sudjaroen, Y. (2020). Screening of antibiotic resistance genes in pathogenic bacteria isolated from tiny freshwater shrimp (*Macrobrachium lanchesteri*) and Kung Ten, the uncooked Thai food. *Journal of Advanced Veterinary and Animal Research*, 7(1), 83. <https://doi.org/10.5455/javar.2020.g397>
- Tinoco, V. Y., Peralta-Ortiz, T., & Ordinola-Zapata, A. (2023). Inhibición in vitro e in vivo de *Vibrio* spp. Aislados del langostino *Litopenaeus vannamei* utilizando bacterias ácido lácticas nativas. *Boletín de Investigaciones Marinas y Costeras*, 52(1), 9-26. <https://doi.org/10.25268/bimc.invemar.2023.52.1.1156>
- Ullah, R., Yasir, M., Bibi, F., Abujamel, T. S., Hashem, A. M., Sohrab, S. S., Al-Ansari, A., Al-Sofyani, A. A., Al-Ghamdi, A. K., Al-sieni, A., & Azhar, E. I. (2019). Taxonomic diversity of antimicrobial-resistant bacteria and genes in the Red Sea coast. *Science of The Total Environment*, 677, 474-483. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.04.283>
- Valencia, E. L. V., Escobar, C. A. C., & Quintana, S. M. C. (2025). Valoración del perfil de antibiorresistencia de *Proteus mirabilis* aislado de carne de pollo expendida en Ambato. *Revista Científica Arbitrada Multidisciplinaria PENTACIENCIAS*, 7(4), 11-21. <https://doi.org/10.59169/pentaciencias.v7i4.1542>
- Vazquez-Muñoz, R., Meza-Villezcás, A., Fournier, P. G. J., Soria-Castro, E., Juárez-Moreno, K., Gallego-Hernández, A. L., Bogdanchikova, N., Vazquez-Duhalt, R., & Huerta-Saquero, A. (2019). Enhancement of antibiotics antimicrobial

- activity due to the silver nanoparticles impact on the cell membrane. *PLOS ONE*, 14(11), e0224904. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0224904>
- Verâne, J., Dos Santos, N. C. P., Da Silva, V. L., De Almeida, M., De Oliveira, O. M. C., & Moreira, Í. T. A. (2020). Phytoremediation of polycyclic aromatic hydrocarbons (PAHs) in mangrove sediments using *Rhizophora mangle*. *Marine Pollution Bulletin*, 160, 111687. <https://doi.org/10.1016/j.marpolbul.2020.111687>
- Vergara, N. A. (2023). *Coliformes fecales en Anadara tuberculosa comercializada en los centros de acopio de la región Tumbes 2022* [Tesis de Ingeniera Industrial Pesquera, Universidad Nacional de Tumbes]. <https://repositorio.untumbes.edu.pe/server/api/core/bitstreams/77a06822-cc68-46e5-8c61-f1bd0b00d2db/content>
- Vergara, N. A. (2026). *Utilización de bacterias ácido lácticas y extractos vegetales como alternativas para reducir el uso de antibióticos en el cultivo de Litopenaeus vannamei* [Tesis de Maestra en Ciencias con mención en Gestión Ambiental, Universidad Nacional de Tumbes]. <https://repositorio.untumbes.edu.pe/server/api/core/bitstreams/1fbf0b6e-8eda-419c-a249-646cf9741d23/content>
- Versporten, A., Zarb, P., Caniaux, I., Gros, M.-F., Drapier, N., Miller, M., Jarlier, V., Nathwani, D., Goossens, H., Koraqi, A., Hoxha, I., Tafaj, S., Lacej, D., Hojman, M., Quiros, R. E., Ghazaryan, L., Cairns, K. A., Cheng, A., Horne, K. C., ... May, S. (2018). Antimicrobial consumption and resistance in adult hospital inpatients in 53 countries: Results of an internet-based global point prevalence survey. *The Lancet Global Health*, 6(6), e619-e629. [https://doi.org/10.1016/S2214-109X\(18\)30186-4](https://doi.org/10.1016/S2214-109X(18)30186-4)

- Vieira, R. H. S. F., Lima, E. A. D., Sousa, D. B. R., Reis, E. F. D., Costa, R. G., & Rodrigues, D. D. P. (2004). *Vibrio* spp. And *Salmonella* spp., presence and susceptibility in crabs *Ucides cordatus*. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo*, 46(4), 179-182. <https://doi.org/10.1590/S0036-46652004000400001>
- Villarreal-Delgado, M. F., Villa-Rodríguez, E. D., Cira-Chávez, L. A., Estrada-Alvarado, M. I., Parra-Cota, F. I., & De Los Santos-Villalobos, S. (2018). El género *Bacillus* como agente de control biológico y sus implicaciones en la bioseguridad agrícola. *Revista Mexicana de Fitopatología, Mexican Journal of Phytopathology*, 36(1). <https://doi.org/10.18781/R.MEX.FIT.1706-5>
- Wang, G., Guan, D., Xiao, L., & Peart, M. R. (2019). Ecosystem carbon storage affected by intertidal locations and climatic factors in three estuarine mangrove forests of South China. *Regional Environmental Change*, 19(6), 1701-1712. <https://doi.org/10.1007/s10113-019-01515-6>
- Wang, Y.-S., & Gu, J.-D. (2021). Ecological responses, adaptation and mechanisms of mangrove wetland ecosystem to global climate change and anthropogenic activities. *International Biodeterioration & Biodegradation*, 162, 105248. <https://doi.org/10.1016/j.ibiod.2021.105248>
- Wilson, K. (2001). Preparation of Genomic DNA from Bacteria. *Current Protocols in Molecular Biology*, 56(1). <https://doi.org/10.1002/0471142727.mb0204s56>
- Wojciechowska, M., Równicki, M., Mieczkowski, A., Miskiewicz, J., & Trylska, J. (2020). Antibacterial Peptide Nucleic Acids—Facts and Perspectives. *Molecules*, 25(3), 559. <https://doi.org/10.3390/molecules25030559>
- Wu, C., Ye, H., Xu, M., Zhao, X., Zhao, X., Li, L., Li, M., Wei, Y., Li, Y., & Hu, B. (2025). Occurrence of antibiotics and antibiotic resistance genes at various

- stages of different aquaculture modes surrounding Tai Lake, China. *Frontiers in Microbiology*, 16. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1543387>
- Xie, W. -Y., Shen, Q., & Zhao, F. J. (2018). Antibiotics and antibiotic resistance from animal manures to soil: A review. *European Journal of Soil Science*, 69(1), 181-195. <https://doi.org/10.1111/ejss.12494>
- Xu, T., Zhao, W., Guo, X., Zhang, H., Hu, S., Huang, Z., & Yin, D. (2020). Characteristics of antibiotics and antibiotic resistance genes in Qingcaosha Reservoir in Yangtze River Delta, China. *Environmental Sciences Europe*, 32(1), 82. <https://doi.org/10.1186/s12302-020-00357-y>
- Yarza, P., Yilmaz, P., Pruesse, E., Glöckner, F. O., Ludwig, W., Schleifer, K.-H., Whitman, W. B., Euzéby, J., Amann, R., & Rosselló-Móra, R. (2014). Uniting the classification of cultured and uncultured bacteria and archaea using 16S rRNA gene sequences. *Nature Reviews Microbiology*, 12(9), 635-645. <https://doi.org/10.1038/nrmicro3330>
- Yu, Y., Zhang, Y., Wang, Y., Liao, M., Li, B., Rong, X., Wang, C., Ge, J., Wang, J., & Zhang, Z. (2023). The Genetic and Phenotypic Diversity of *Bacillus* spp. From the Mariculture System in China and Their Potential Function against Pathogenic *Vibrio*. *Marine Drugs*, 21(4), 228. <https://doi.org/10.3390/md21040228>
- Zainab, S. M., Junaid, M., Rehman, M. Y. A., Lv, M., Yue, L., Xu, N., & Malik, R. N. (2021). First insight into the occurrence, spatial distribution, sources, and risks assessment of antibiotics in groundwater from major urban-rural settings of Pakistan. *Science of The Total Environment*, 791, 148298. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.148298>

- Zhao, H., Yan, B., Mo, X., Li, P., Li, B., Li, Q., Li, N., Mo, S., Ou, Q., Shen, P., Wu, B., & Jiang, C. (2019). Prevalence and proliferation of antibiotic resistance genes in the subtropical mangrove wetland ecosystem of South China Sea. *MicrobiologyOpen*, 8(11), e871. <https://doi.org/10.1002/mbo3.871>
- Zimmermann, P., Ziesenitz, V. C., Curtis, N., & Ritz, N. (2018). The Immunomodulatory Effects of Macrolides—A Systematic Review of the Underlying Mechanisms. *Frontiers in Immunology*, 9, 302. <https://doi.org/10.3389/fimmu.2018.00302>

ANEXOS

Anexo 1. Fotografías tomadas durante la ejecución de la tesis

Figura 8

Muestreo de *Ucides occidentalis*. a) Recolección de cangrejos en zonas de muestreo, b) Ejemplares recolectados, c) Pesado de *U. occidentalis* y d) Registro del ancho cefalotorácico de *U. occidentalis*

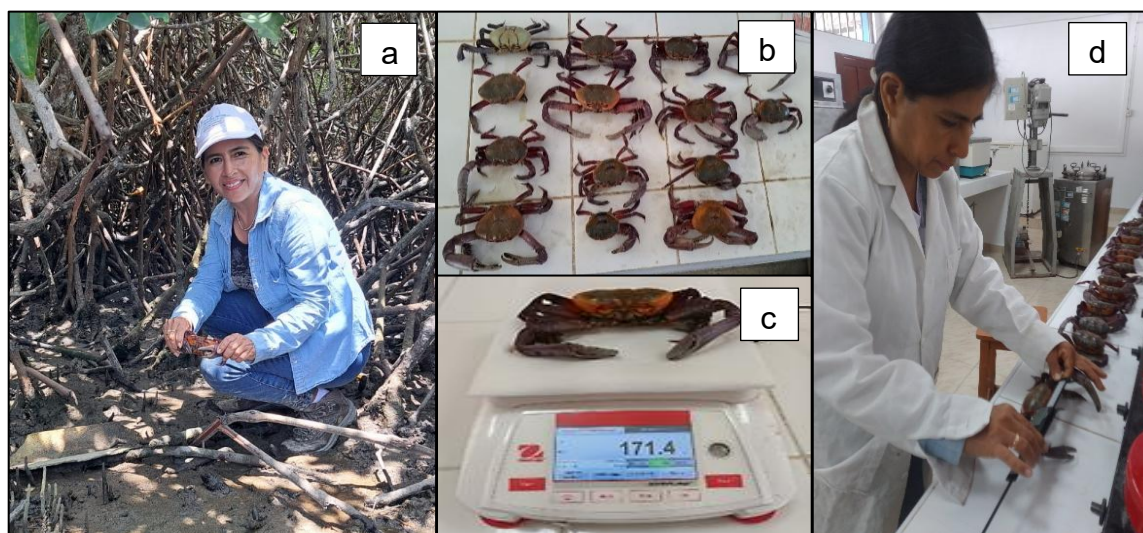


Figura 9

Colonias de cepas bacterianas aisladas. a) Colonias aisladas en medio TCBS, b) colonias en medio MRS, c) y d) colonias aisladas en medio TSA y e) y f) cepas aisladas en caldo lauril sulfato

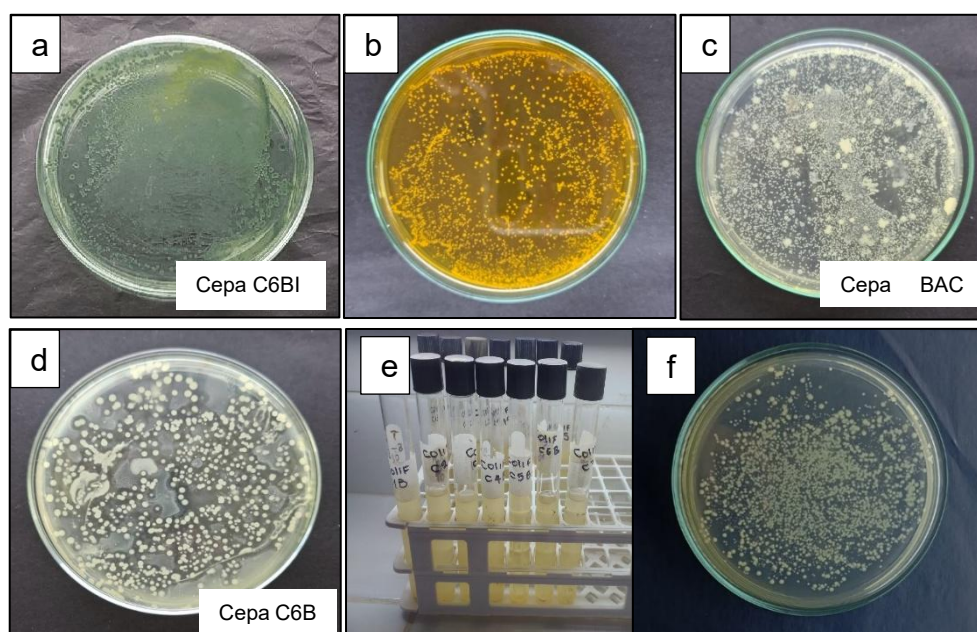


Figura 10

*Purificación de cepas bacterianas aisladas de tejidos de *Ucides occidentalis**

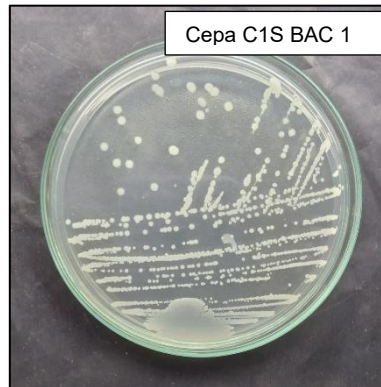


Figura 11

*Observación microscópica de cepas teñidas con tinción de Gram. a) Cepa presuntiva de *Vibrio* spp. (coco bacilo negativo) b) Cepa presuntiva a *Vibrio* spp. (coco bacilo negativo) y c) Cepa presuntiva a *Bacillus* spp. (bacilo positivo)*

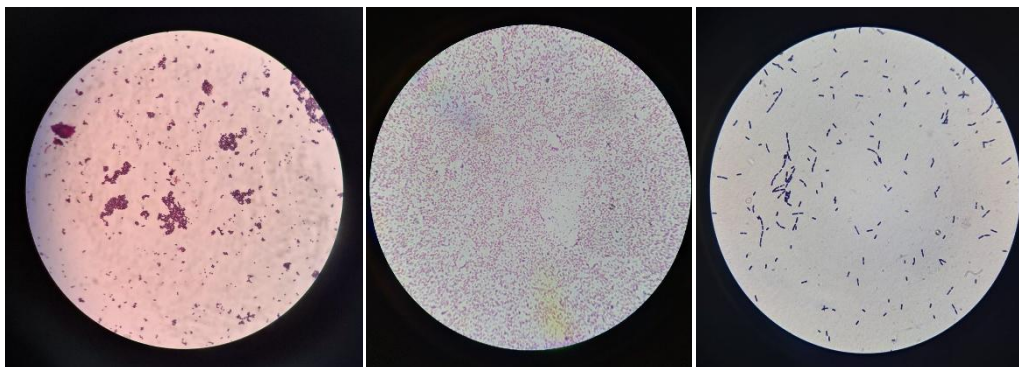


Figura 12

Antibiogramas realizados en cepas aisladas de U. occidentalis. a) cepa DB 100 y b) cepa DM 101

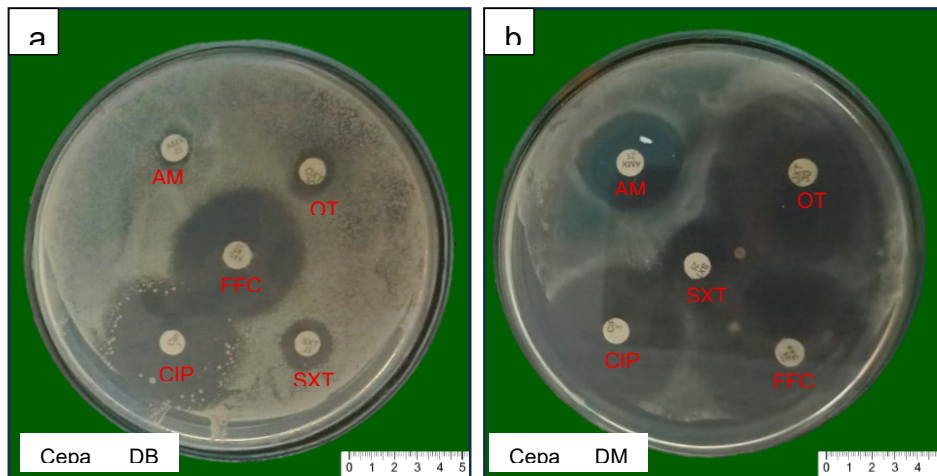
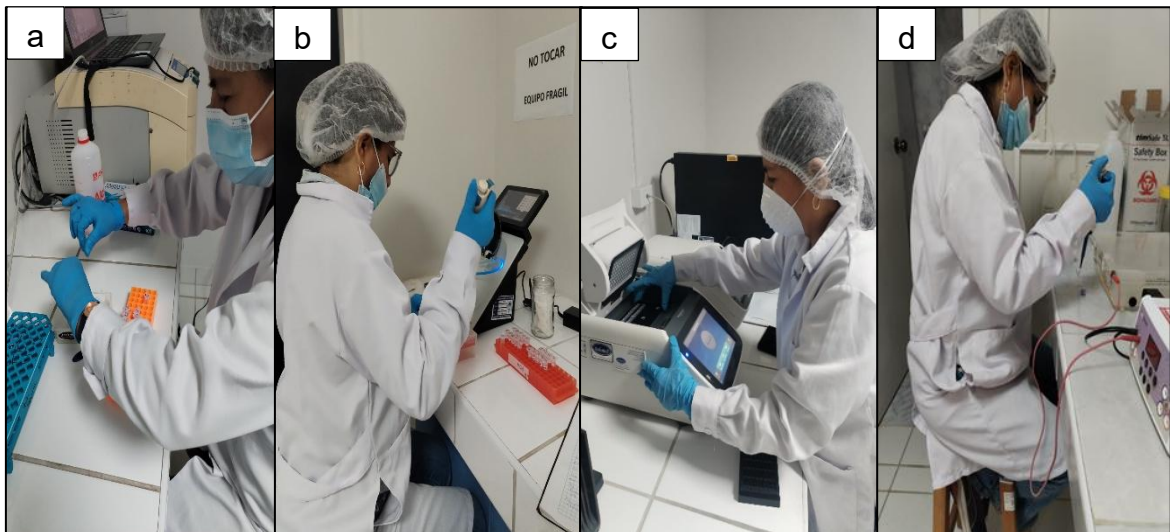


Figura 13

Proceso para la identificación molecular de las cepas. a) extracción de ADN, b) cuantificación de ADN, c) PCR y d) migración de amplicones



Anexo 2. Antibiogramas realizados en cepas bacterianas aisladas de *U. occidentalis*

Tabla 19

*Diámetros de inhibición (mm) de cepas bacterianas aisladas en TCBS de *Ucides occidentalis**

Muestreo	Zona	Cepas	Penicilinas	Fluoroqui- nolonas	Tetraciclinas	Sulfonami- da	Fenicoles
			Amoxicilina (25 µg)	Ciprofloxacina (5 µg)	Oxitetraciclina (30 µg)	Sulfametoxazol/trimetoprim (25 µg)	Florfenicol (30 µg)
1	ZA SNLMT	SM 18	22,00±2,65	29,67±1,53	18,67±1,53	17,00±2,65	33,00±3,00
	El Bendito	BI 30	19,00±1,73	23,33±1,53	12,67±0,58	25,33±2,89	26,33±1,15
	El Bendito	BI 33	29,00±2,65	29,00±1,73	10,67±0,58	32,67±2,08	34,67±4,16
	Jeli	JI 41	38,33±4,73	39,33±1,15	23,67±3,06	50,00±0,00	33,00±1,53
	DRT	DI 42	18,33±1,53	23,00±1,00	10,67±1,53	23,67±3,21	28,67±1,73
	Jeli	JB 53	39,00±1,73	29,33±1,15	20,67±3,06	45,67±1,15	31,67±1,15
	DRT	DI 79	22,00±3,61	26,00±1,00	18,00±2,00	23,33±1,53	32,33±2,52
2	ZA SNLMT	SI 22	14,00±3,61	19,67±0,58	19,00±1,73	22,00±1,00	25,00±1,00
	El Bendito	BB 27	24,67±2,08	27,67±2,08	23,33±1,53	29,67±0,58	30,33±0,58
	DRT	DB 100	8,67±1,53	26,00±4,36	18,67±0,58	10,00±2,00	32,00±0,00
	DRT	DM 101	17,67±4,04	30,00±2,00	37,67±4,04	23,33±2,52	32,00±2,65
	Jeli	JB 110	20,33±0,58	33,67±0,58	19,67±0,58	25,67±1,15	20,33±0,58
3	El Bendito	V1					
	El Bendito	V5	8,67±2,08	23,00±2,65	16,00±1,00	21,67±1,15	19,00±1,00
	El Bendito	V17	18,33±1,53	32,67±2,08	20,33±1,15	30,67±1,15	26,00±1,00
	Jeli	V29	0,00±0,00	22,33±1,53	15,00±0,00	13,33±1,15	19,00±1,73
	Jeli	V33	10,00±0,00	27,00±1,73	15,33±1,15	11,33±0,58	19,00±7,81
	DRT	V39	16,00±2,00	30,67±1,15	22,00±0,00	25,00±3,61	25,00±0,00

Nota. DRT: Desembocadura del río Tumbes. ZA SNLMT = zona de amortiguamiento del Santuario Nacional los Manglares de Tumbes

Tabla 20

Diámetros de inhibición (mm) de cepas bacterianas aisladas en TSA de *Ucides occidentalis*

Muestreo	Zona	Cepas	Penicilinas	Fluoroqui- nolonas	Tetraciclinas	Sulfonami- da	Fenicoles
			Amoxicilina (25 µg)	Ciprofloxacina (5 µg)	Oxitetraciclina (30 µg)	Sulfametoxazol/trimetopri- m (25 µg)	Florfenicol (30 µg)
1	ZA SNLMT	ST 43	16,67±0,58	28,00±1,73	11,67±2,08	31,00±0,00	26,00±1,53
	ZA SNLMT	ST 44	18,67±3,79	32,33±2,52	10,67±3,06	36,67±2,89	27,67±2,52
	Desembocadura	DT 45	39,67±0,58	35,00±2,65	23,00±1,00	48,00±1,73	35,00±0,58
	DRT	DT 46	16,33±0,58	31,67±4,73	18,67±2,08	28,00±1,00	29,00±2,52
							Continua...
	El Bendito	BT 47	31,67±1,53	30,00±1,00	15,00±2,00	29,67±0,58	29,67±4,04
	El Bendito	BT 48	38,67±5,51	38,00±1,73	19,67±1,53	32,67±2,08	28,67±2,00
	Jeli	JT 76	16,67±2,08	30,67±5,13	14,67±1,53	27,67±2,08	29,67±1,53
	Jeli	JT 107	21,00±1,73	31,67±1,53	10,67±1,15	26,67±3,51	29,67±1,53
2	ZA SNLMT	SM 14	0,0±0,00	35,33±0,58	13,67±0,58	18,00±1,73	0,00±0,00
	ZA SNLMT	SB 23	19,67±1,53	22,67±2,52	20,33±0,58	23,67±1,15	27,33±0,58
	El Bendito	BT 20	9,67±1,53	19,67±1,53	23,00±1,73	14,33±1,15	20,67±1,15
	Jeli	JT 51	28,67±2,08	22,00±4,58	20,67±1,53	16,67±2,52	22,67±2,08
	DRT	DT 52	26,67±1,15	32,67±1,15	25,33±1,53	30,00±1,73	30,00±0,00
3	ZA SNLMT	B3	29,67±0,58	29,67±0,58	17,00±1,73	20,00±1,73	7,33±0,58
	ZA SNLMT	B7	14,33±2,89	27,00±0,00	17,33±0,58	22,67±2,52	9,00±1,00
	El Bendito	B21	0,00±0,00	16,00±0,00	10,67±0,58	15,67±0,58	20,00±0,00
	El Bendito	B26	23,67±3,21	41,00±1,73	8,00±1,00	22,67±2,31	29,00±1,00
	Jeli	B37	8,00±1,00	21,33±1,53	9,00±1,00	14,00±1,00	23,00±0,00
	DRT	B47	8,33±0,58	20,00±0,00	12,67±0,58	20,33±0,58	21,00±0,00

Nota. DRT: Desembocadura del río Tumbes. ZA SNLMT = zona de amortiguamiento del Santuario Nacional los Manglares de Tumbes

Tabla 21

Diámetros de inhibición (mm) de cepas bacterianas aisladas en TSA de Ucides occidentalis presuntivas a Bacillus spp.

Muestreo	Zona	Cepas	Penicilinas	Fluoroqui- nolonas	Tetraciclinas	Sulfonami- da	Fenicoles
			Amoxicilina (25 µg)	Ciprofloxacina (5 µg)	Oxitetraciclina (30 µg)	Sulfametoxazol/trimetoprim (25 µg)	Florfenicol (30 µg)
1	DRT	DBAC 54	22,00±2,00	28,33±1,53	13,00±1,73	25,67±2,08	32,67±0,00
	DRT	DBAC 55	12,67±0,58	29,67±0,58	18,00±1,00	19,00±1,00	29,00±3,21
	El Bendito	BBAC 57	16,00±1,00	30,00±0,00	17,33±3,21	25,33±2,08	28,33±3,06
	Jeli	JBAC 88	22,67±2,08	33,00±2,89	24,00±1,73	45,33±3,79	34,33±6,93
	ZA SNLMT	SBAC 90	11,33±1,15	22,33±0,58	12,00±3,46	14,00±3,00	28,00±2,31
2	DRT	DBAC 30	29,67±0,58	31,00±0,00	27,00±1,00	27,67±0,58	31,00±1,00
	Jeli	JBAC 31	19,33±1,15	22,67±1,15	20,00±1,73	23,33±1,15	30,67±1,15
	Jeli	JBAC 32	18,67±1,15	30,00±1,00	26,00±1,00	30,67±1,53	23,67±1,15
	ZA SNLMT	SBAC 81	20,00±0,00	30,00±1,00	29,33±1,15	32,33±2,52	24,67±0,58
	El Bendito	BBAC 82	17,33±1,15	15,67±1,15	21,67±2,08	18,00±1,00	25,33±0,58
	El Bendito	BBAC 83	24,33±1,15	30,33±1,15	25,67±1,15	18,33±2,08	30,00±0,00
3	ZA SNLMT	C1S - BAC	8,00±0,00	14,33±0,58	9,33±1,15	20,00±0,00	23,67±0,58
	ZA SNLMT	C4S - BAC	11,33±1,15	15,33±0,58	9,67±0,58	17,33±0,58	19,67±0,58
	El Bendito	C2B - BAC	8,67±0,58	22,33±0,58	10,67±0,58	13,33±2,89	21,67±1,15
	Jeli	C6J - BAC	15,33±0,58	22,33±0,58	15,67±1,15	15,00±0,00	28,33±0,58
	DRT	C2D - BAC	16,33±0,58	24,67±0,58	18,67±1,15	30,33±0,58	28,33±0,58
	DRT	C6D - BAC	8,00±0,00	23,00±0,00	12,33±1,15	14,67±2,52	18,00±0,00

Nota. DRT: Desembocadura del río Tumbes. ZA SNLMT = zona de amortiguamiento del Santuario Nacional los Manglares de Tumbes

Tabla 22

Diámetros de inhibición (mm) de cepas bacterianas aisladas en MRS de Ucidés occidentalis presuntivas a BAL

Muestreo	Zona	Cepas	Penicilinas	Fluoroqui- nolonas	Tetraciclinas	Sulfonami- da	Fenicoles
			Amoxicilina (25 µg)	Ciprofloxacina (5 µg)	Oxitetraciclina (30 µg)	Sulfametoxazol/trimetoprim (25 µg)	Florfenicol (30 µg)
1	ZA SNLMT	SLAC 93	22,00±2,65	24,67±2,52	11,00±1,00	28,67±1,15	28,67±1,53
	ZA SNLMT	SLAC 98	18,33±1,53	32,33±2,52	10,33±3,51	29,33±2,08	27,33±2,65
	ZA SNLMT	SLAC 100	30,00±4,36	34,67±4,62	23,67±1,53	15,67±3,79	29,67±1,73
	El Bendito	BLAC 101	24,00±1,00	33,33±2,89	12,00±1,73	27,00±1,00	27,00±3,21
	DRT	DLAC 105	15,67±1,53	22,00±0,00	11,33±1,53	21,00±1,00	27,00±2,31
2	ZA SNLMT	SLAC 34	14,67±2,52	13,00±1,00	19,33±1,15	9,00±1,00	18,67±1,53
	El Bendito	BLAC 38	28,67±1,15	16,33±2,08	19,33±1,15	18,00±0,00	16,67±0,58
	El Bendito	BLAC 39	23,67±2,89	30,00±1,00	29,33±2,08	16,00±1,73	29,67±1,53
	DRT	DLAC 42	22,33±2,31	17,67±0,58	21,00±2,65	19,33±4,04	32,33±2,52
	Jeli	JLAC 43	17,33±0,58	24,33±0,58	20,00±0,00	21,00±0,00	20,67±2,31
	Jeli	JLAC 44	23,00±1,00	29,00±1,73	26,33±1,15	10,67±1,15	23,33±2,89
3	DRT	C1D-LAC	21,33±1,15	22,33±0,58	6,67±0,58	24,33±1,15	20,67±0,58
	DRT	C2D-LAC	16,33±0,58	26,33±1,15	17,33±2,08	24,33±0,58	25,67±1,15
	Jeli	C3J-LAC	6,00±0,00	15,67±0,58	8,67±0,58	18,67±1,15	22,00±0,00
	Jeli	C4J-LAC	14,33±1,15	19,67±1,53	20,00±0,00	14,33±1,15	25,00±0,00
	El Bendito	C2B-LAC	7,33±0,58	16,33±0,58	10,00±0,00	20,33±0,58	20,67±0,58

Nota. DRT: Desembocadura del río Tumbes. ZA SNLMT = zona de amortiguamiento del Santuario Nacional los Manglares de Tumbes

Tabla 23

*Diámetros de inhibición (mm) de cepas bacterianas aisladas en caldo lauril sulfato de *Ucides occidentalis**

Muestreo	Zona	Cepa	Penicilinas	Fluoroqui- nolonas	Tetraciclinas	Sulfonami- da	Fenicoles
			Amoxicilina (25 µg)	Ciprofloxacina (5 µg)	Oxitetraciclina (30 µg)	Sulfametoxazol/trimetoprim (25 µg)	Florfenicol (30 µg)
1	Bendito	BC 49	9,00±1,73	30,00±0,00	8,67±3,06	29,67±0,58	28,67±3,79
	ZA SNLMT	SC 50	18,67±0,58	32,33±2,52	13,00±2,65	28,00±1,73	27,00±0,58
	El Bendito	BC 69	24,00±1,00	32,67±2,08	12,33±2,52	26,00±1,00	28,00±3,21
	El Bendito	BC 84	26,67±2,89	30,67±1,15	19,67±1,53	29,00±1,73	29,00±1,15
	El Bendito	BC 106	22,67±2,08	33,33±2,89	24,00±1,73	45,33±3,79	34,33±6,93
2							<i>Continua...</i>
	ZA SNLMT	SC 66	13,67±2,31	16,33±0,58	16,67±0,58	24,67±1,53	26,67±0,58
	DRT	DC 67	15,00±1,73	27,67±0,58	10,00±1,00	13,00±1,00	19,33±1,15
	Jeli	JC 68	25,67±1,15	13,00±1,00	15,67±2,08	16,67±0,58	15,67±0,58
	El Bendito	BC 69-C	20,00±0,00	33,00±1,73	14,33±1,15	16,33±2,31	12,33±0,58
	DRT	DC 70	15,67±1,15	18,00±2,00	20,67±1,15	27,33±0,58	26,67±0,58
	ZA SNLMT	SC 104	14,00±1,73	14,33±1,15	12,00±2,65	9,67±0,58	24,67±1,15
3	ZA SNLMT	C3S -COL	25,00±1,00	29,67±0,58	21,67±0,58	30,67±1,15	28,00±2,00
	El Bendito	C5B -COL	10,67±0,58	20,33±0,58	16,67±1,53	23,33±1,53	23,33±2,52
	DRT	C6D -COL	10,00±0,00	21,67±1,53	17,67±1,15	21,00±1,00	22,33±0,58
	DRT	C7D -COL	10,67±0,58	21,00±1,73	17,00±1,00	20,67±2,08	23,00±1,73
	Jeli	C4J -COL	10,00±1,00	20,33±0,58	16,67±1,53	22,33±1,15	25,33±0,58

Nota. DRT: Desembocadura del río Tumbes. ZA SNLMT = zona de amortiguamiento del Santuario Nacional los Manglares de Tumbes

Tabla 24

Diámetros de inhibición (mm) de Vibrio spp. tomadas del cepario de la FIPCM de Ucides occidentalis

Zona	Código	Especie*	Penicilinas	Fluoroqui- nolonas	Tetraciclinas	Sulfonamida	Fenicoles
			Amoxicilina (25 µg)	Ciprofloxacina (5 µg)	Oxitetraciclina (30 µg)	Sulfametoxazol/trimetoprim (25 µg)	Florfenicol (30 µg)
A	4C	<i>V. fortis</i>	14,00±2,65	35,00±1,00	21,33±1,15	32,33±2,52	28,00±1,73
	5 B-hem	<i>V. alginolyticus</i>	1,33±4,04	37,67±2,08	26,33±1,15	37,33±2,52	32,00±2,00
	15 B-Int	<i>V. alginolyticus</i>	17,67±3,06	44,00±5,20	22,33±0,58	36,00±2,00	27,67±5,86
	16 B-Int	<i>V. alginolyticus</i>	22,00±2,00	26,00±1,00	22,33±0,58	19,33±3,06	28,33±1,53
B	23 hep	<i>V. parahaemolyticus</i>	21,67±1,53	39,00±1,73	34,00±1,73	37,00±3,00	30,00±0,00
	45 int	<i>V. alginolyticus</i>	14,33±0,58	37,00±4,36	21,67±0,58	36,00±4,00	27,67±2,08
	53 int	<i>V. alginolyticus</i>	15,00±2,65	34,33±1,53	21,67±0,58	34,33±3,79	29,33±1,15

Nota. *Genero Vibrio

A. Bendito

B. Puerto Pizarro

Anexo 3. Análisis estadístico, ANOVA y prueba de Kruskal-Wallis

Tabla 25

Promedio $\pm$ Desviación estándar de cepas aisladas de U. occidentalis recolectados en diferentes zonas del manglar de Tumbes

Zona	Cepas presuntivas (<i>Vibrio</i> spp.)	Bacterias totales	Cepas presuntivas (<i>Bacillus</i> spp.)	Bacterias ácido lácticas	Cepas presuntivas (coliformes)
ZA SNLMT	6,67 $\pm$ 8,14 ^a	11,30 $\pm$ 3,79 ^a	5,00 $\pm$ 2,00 ^a	3,67 $\pm$ 3,79 ^a	2,67 $\pm$ 1,53 ^a
DRT	6,00 $\pm$ 3,61 ^a	12,00 $\pm$ 6,00 ^a	5,00 $\pm$ 1,00 ^a	3,67 $\pm$ 3,06 ^a	2,33 $\pm$ 2,08 ^a
El Bendito	11,30 $\pm$ 8,96 ^a	11,00 $\pm$ 8,72 ^a	4,67 $\pm$ 1,53 ^a	2,33 $\pm$ 1,53 ^a	4,33 $\pm$ 0,58 ^a
Jeli	5,33 $\pm$ 4,04 ^a	6,67 $\pm$ 4,73 ^a	5,00 $\pm$ 0,00 ^a	2,00 $\pm$ 1,73 ^a	1,00 $\pm$ 1,00 ^a

Nota. DRT: Desembocadura del río Tumbes. ZA SNLMT = zona de amortiguamiento del Santuario Nacional los Manglares de Tumbes

Tabla 26

Análisis de varianza (ANOVA) de cepas aisladas de U. occidentalis recolectados en diferentes zonas del manglar de Tumbes

Cepas aisladas	ANOVA	Suma de Cuadrados	gl	Media Cuadrática	F	p
Cepas presuntivas (<i>Vibrio</i> spp.)	Zona	66,7	3	22,2	0,505	0,689
	Residuos	352	8	44		
Bacterias totales	Zona	52,9	3	17,6	0,475	0,709
	Residuos	297,3	8	37,2		
Cepas presuntivas (<i>Bacillus</i> spp.)	Zona	0,25	3	0,0833	0,0455	0,986
	Residuos	14,667	8	1,8333		
Bacterias ácido lácticas	Zona	6,92	3	2,31	0,318	0,812
	Residuos	58	8	7,25		
Cepas presuntivas (Coliformes)	Zona	16,9	3	5,64	2,82	0,107
	Residuos	16	8	2		

Tabla 27

Prueba de Kruskal-Wallis de cepas aisladas de U. occidentalis recolectados en diferentes zonas del manglar de Tumbes

Kruskal-Wallis	χ^2	gl	p
Cepas presuntivas (<i>Vibrio</i> spp.)	0,9821	3	0,806
Bacterias totales	2,7597	3	0,43
Cepas presuntivas (<i>Bacillus</i> spp.)	0,0442	3	0,998
Bacterias ácido lácticas	0,3839	3	0,944
Cepas presuntivas (Coliformes)	6,0842	3	0,108

Anexo 4. Protocolo de extracción de ADN

- A.** Agregue 100 µl de NaCl 5 M y mezcle con vórtex (este paso es importante ya que el complejo CTAB-ADN precipitará si la concentración de NaCl es menor a 0,5 M).
- B.** Agregue 80 µl de solución CTAB/NaCl (lo que, en conjunto con la solución anterior, permitirá remover residuos como proteínas y polisacáridos unidos al CTAB y mantener y mantener los ácidos nucleicos en solución).
- C.** Agite la muestra e incube a 65 °C durante 15 minutos.
- D.** Agregue un volumen igual (aproximadamente 700 a 800 µl) de cloroformo-alcohol isoamílico.
- E.** Agite la muestra en un agitador de tubos durante 5 minutos y centrifugue a 14rpm por 5 minutos.
- F.** Extraiga la fase acuosa (fase superior) y transfiera a un nuevo tubo (evitar tocar o transferir la interfase).
- G.** Elimine los residuos de cloroformo-alcohol isoamílico adecuadamente (en un frasco de residuos de solventes orgánicos).
- H.** Realice un segundo lavado, repitiendo los pasos desde el punto d.
- I.** A la fase acuosa obtenida luego del segundo lavado, agregue 0,6 volúmenes de isopropanol, respecto al volumen recuperado de la fase acuosa (aproximado 600-700 µl).
- J.** Agite la muestra (observar el inicio de la precipitación del ADN) e incube a -20 °C por 30 minutos
- K.** Centrifugue a 14 000 rpm por 10 minutos y elimine el sobrenadante con cuidado de no perder el *pellet* de ADN.
- L.** Agregue 1 ml de etanol al 70% y agite manualmente de modo que el *pellet* y la pared del tubo se laven, seguido centrifugue a 14 000 rpm por 3 minutos y elimine el sobrenadante y quédese con el *pellet*.
- M.** Repita el lavado, una vez más como mínimo.
- N.** Agregue entre 20 a 100 µl de agua NFW o buffer TE (dependiendo de la cantidad de ADN precipitado), para disolver el *pellet* y almacénelo a -20 °C.

Anexo 5. Evaluación del rendimiento y calidad del ADN extraído

- A.** Determine la concentración de ADN y la pureza de la extracción colocando un volumen entre 1 a 2 μl en un espectrofotómetro nano drop onec (Thermo Scientific) se proporciona en la unidad seleccionada ((ng/ μl , $\mu\text{g}/\mu\text{l}$, o $\mu\text{g}/\text{ml}$) los cálculos se basan en una variación de la ecuación de la ley de Beer que utiliza el valor de absorbancia de ácidos nucleicos corregido.
- B.** Verifique que el índice de pureza ($A_{260}/_{280}$) sea mayor o igual a 1,8 que indicaría que hay baja contaminación por proteínas y que el índice de pureza ($A_{260}/_{230}$) sea mayor o igual a 2 que indicaría que hay baja contaminación por ARN.
- C.** Para evaluar la integridad del ADN extraído: prepare un gel de agarosa entre 0,8 a 1% en *buffer* TAE 1x. Antes de que gelifique agregue el agente fluorescente intercalante entre nucleótidos, para la tinción de ácidos nucleicos (ej. Gelred, runsafe, Syber safe, etc.)
- D.** Con una micropipeta mezcle 2 μl de ADN con 1 μl de buffer de carga 6x.
- E.** Coloque la muestra en un pocillo del gel, además seleccione uno de los pocillos para colocar un marcador de peso molecular de fragmentos grandes (ej. de 0,25 a 10 kb).
- F.** Realice una corrida electroforética horizontal a 90 V, por 30 a 35 minutos.
- G.** Retire el gel de la cámara electroforética y colóquelo sobre la pantalla del transiluminador de luz UV o luz azul (dependiendo del agente fluorescente utilizado para el gel).
- H.** Capture la imagen y coloque en la bitácora correspondiente