

DINÁMICA DE LA CONTAMINACIÓN POR *SALMONELLA* EN PRODUCCIÓN AVÍCOLA

El uso de las técnicas genéticas permite identificar los tipos de gérmenes que pueden presentarse en sistemas integrados de producción aviar.



Fuente: Imagen de Pexels.com

La producción de carne de pollo es una de las actividades agroproductivas más grandes y de mayor importancia a nivel mundial. La carne de pollo se ha convertido en la principal fuente de proteína en diversas regiones del mundo, debido principalmente a su bajo costo de producción, corto ciclo y exquisito sabor; sin embargo, muchas veces los productos avícolas están contaminados con distintos gérmenes que causan cuadros clínicos de diarrea. Aproximadamente 95 millones de cuadros clínicos de diarrea y 50.771 muertes en el mundo cada año son

producidos por serotipos no tifoideos de *Salmonella entérica*. Frecuentemente, estos serotipos son resistentes a los antibióticos lo que hace que sea de difícil control. Por lo tanto, investigar y conocer la epidemiología de *salmonella* en sistemas integrados de producción aviar brindará pautas para su control.

Bajo este pensamiento, investigadores de la Unidad de Investigación de Enfermedades Transmitidas por Alimentos y Resistencia a los Antimicrobianos de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Central del Ecuador, en colaboración

con investigadores del Instituto de Parasitología de la McGill University, de la División del Laboratorio de Alimentos del Departamento de Agricultura y Mercado de New York y del Instituto de Medicina Tropical Antwerp de Bélgica, decidió investigar la dinámica de la contaminación por *salmonella* utilizando dos colecciones de este germen provenientes de plantas de alimentos, granjas de pollos de engorde y mataderos comerciales de dos empresas avícolas.

Para cumplir el objetivo, los investigadores recolectaron 243 aislados de *salmonella* de dos compañías de pollos de

engorde y estudiaron su genoma completo con técnicas moleculares. Luego, utilizando diferentes herramientas bioinformáticas determinaron las características genéticas de las *salmonellas*. Estos análisis incluyeron: predicción de serotipos, identificación de perfil de múltiples fragmentos de secuencias de ADN para tipificar las *salmonellas* (MLST), análisis de similitud genética, identificación de genes de resistencia a antimicrobianos, genes de virulencia y genes de resistencia a desinfectantes, así como identificación de plásmidos.

Los análisis de secuencias revelaron que *Salmonella infantis* (82,3%) y *Salmonella amsterdam* (8,2%) fueron los serotipos más frecuentes. La mayoría de los aislamientos de este germen mostraron un potencial alto de resistencia a los antibióticos y desinfectantes. De estos aislados, *S. infantis* fue el serotipo con mayores perfiles de multiresistencia (97,5%), presentándose varias opciones de tratamiento solo en las cepas provenientes de piensos (alimento seco para ganado) y sus materias primas. En las dos colecciones se pudieron establecer 54 patrones de virulencia compuestos por 116 genes, algunos de los cuales permiten a la bacteria evadir el sistema de defensa del ser humano, mejorar la captación de hierro y resistir el efecto de desinfectantes. Además, el 97,5 % de los aislados de *S. infantis* contenía



Fuente: Imagen de Pexels.com

en su interior un mega plásmido (una fracción de ADN) que desempeña un papel importante en la diseminación global de resistencia a los antimicrobianos y en transferir virulencia a otras bacterias. El análisis del árbol filogenético (diagrama de relaciones evolutivas entre organismos) mostró que había grupos de *salmonella* que eran específicos de nicho (condiciones ambientales para subsistir), mientras que otros estaban distribuidos a lo largo de las cadenas de producción de pollos de engorde.

Con estos resultados los investigadores concluyeron que *S. infantis* fue el serotipo predominante y que diversos genotipos de esta variante pudieron ser localizados a lo largo de la cadena productiva y de productos listos para su comercialización. Además, sugieren que dados los perfiles de multiresistencia y el potencial génico para tolerar los desinfectantes

que presenta este serotipo, las infecciones causadas por *S. infantis* podrían ser de difícil tratamiento. También sugieren que los resultados de esta investigación podrían brindar soporte técnico para el diseño de intervenciones orientadas al control de este patógeno.

El presente estudio sienta las bases para que empresas productoras de alimentos alrededor del mundo puedan entender e implementar estudios genómicos en gérmenes patógenos alimenticios. De esta manera se podrían mejorar las prácticas utilizadas para el control de bacterias en el sector productivo y el sector de la salud. Estas prácticas incluyen la elección adecuada de antibióticos terapéuticos y desinfectantes. Además, los datos generados mediante esta técnica permiten trazar y controlar posibles brotes desde su origen.

Muchos casos de diarrea causados por *salmonella* podrían evitarse si las empresas de producción avícola identificaran tempranamente la presencia de gérmenes patógenos alimenticios utilizando técnicas genómicas.

Medina-Santana et al. (2022)