

ANÁLISIS DE LA RESISTENCIA ANTIMICROBIANA DE *Salmonella* spp. DE ORIGEN PORCINO DURANTE EL PERÍODO 2000-2016

Ibar M¹, Vigo G², Cappuccio C⁵, Perez E³, Perfumo C³, Pantozzi F¹, Giacoboni G⁴

Facultad de Ciencias Veterinarias (FCV). Universidad Nacional de La Plata (UNLP). (1) Servicio de Diagnóstico Bacteriológico y Antimicrobianos (Se.Di.ByA). (2) Cátedra de Microbiología. (3) Laboratorio de Patología Especial Veterinaria. (4) Departamento de Microbiología. (5). INTA Marcos Juárez.

En Argentina, el consumo de productos y subproductos de origen porcino ha aumentado significativamente en los últimos 20 años, alcanzando 12,88 kg/hab/año en el año 2016.

Se ha demostrado que los cerdos son una importante fuente de infección de *Salmonella* spp. en humanos, ya que se reconoce al cerdo como un portador asintomático de bacterias de este género.

A principios de la década del 90, emergieron cepas de *Salmonella* resistentes a diferentes antimicrobianos (ATM), las cuales en la actualidad representan un grave problema para la Salud Pública

El objetivo de este trabajo fue analizar los datos de resistencia antimicrobiana de los aislamientos de *Salmonella* spp. de origen porcino obtenidos entre los años 2000 y 2016 en el "Laboratorio de Diagnóstico e Investigaciones Bacteriológicas" (L.A.D.I.B.) (2000-2015), actualmente denominado "Servicio de Diagnóstico Bacteriológico y Antimicrobianos" (Se.Di.ByA.) (2015-2016) de la FCV-UNLP.

Durante el período 2000-2016 se aislaron 282 cepas de *Salmonella* spp. de cerdos, principalmente de contenido cecal, nódulos linfáticos cecales y materia fecal, provenientes de animales con y sin sintomatología clínica. El procesamiento de las muestras y la identificación fenotípica de los aislamientos de *Salmonella* spp. se realizó según las normas FDA/BAM/AOAC. La determinación de la sensibilidad antimicrobiana se realizó por la técnica de difusión por discos y la interpretación de los resultados según las tablas recomendadas por el CLSI.

Los 6 ATM que tuvieron mayor porcentaje de resistencia en forma decreciente fueron: tetraciclina (TET) 21,6% (n=61), estreptomycin (S) 18,4% (n=52), ampicilina (AMP) 13,5% (n=38), cloranfenicol (CMP) 12,8% (n=36), ácido nalidixico (NAL) 8,5% (n=24), trimetoprima-sulfametoxazole (TMS) 7,8% (n=22). En menor porcentaje hubo resistencia a nitrofurantoina (NIT) 6% (n=17), gentamicina (GEN) 5% (n=14), fosfomicina (FOS) 1,8% (n=5), ciprofloxacina (CIP) 1,4% (n=4), polimixina B (POL-B) 0,7% (n=2), colistina (COL) 0,7% (n=2). Además se observó muy bajo porcentaje de resistencia a enrofloxacin (ENR) 0,35% (n=1), ceftiofur (TIO) 0,35% (n=1), amicacina (AKN) 0,35% (n=1) y cefalotina (CEF) 0,35% (n=1). El 17% (n=48) de las cepas fueron multiresistentes (MR) (resistentes a 3 o más grupos de ATM). Se hallaron 38 patrones de resistencia diferentes. Los patrones MR más prevalentes fueron: AMP-S-TET-CMP-TMS y GEN-AMP-S-NAL-CMP. Se destaca la emergencia de resistencia a FOS a partir del año 2007 y a CIP y ENR a partir del año 2015.

Los resultados de la resistencia antimicrobiana coinciden con los ATM más comúnmente utilizados en las explotaciones porcinas, los cuales son administrados con fines terapéuticos, profilácticos o como promotores de crecimiento. Un factor que influye en la selección y diseminación de las bacterias MR es el uso excesivo de ATM en las granjas (7). La emergencia de *Salmonella* MR en cerdos influye directamente en la Salud Pública, desde el año 2000 considerado como "Una sola salud".