

Jorge Rodríguez¹, Ysabel Koga¹, Arnaldo Alvarado¹, Katherine Porturas¹, Stephane Lovon¹.
¹Laboratorio Microbiología, BIOSERVICE SRL, Peru

RESUMEN

Cuarenta y tres aislados clínicos de *Salmonella enteritidis* provenientes de aves comerciales peruanas fueron caracterizados mediante cultivo, análisis bioquímico, perfil de resistencia a antibióticos y análisis molecular. Una huella genética de ADN mediante BOXAIR y REP-PCR fue generada para caracterizar la variabilidad genética. BOXA1R y REP-PCR y análisis de UPGMA sugieren moderada heterogeneidad genética y la presencia de al menos dos grupos genéticos en los 43 aislados de *Salmonella enteritidis*. Un 97.67% de los aislados fueron resistentes a más de un antibiótico con un patrón más común de resistencia antibiótica a oxitetraciclina y amoxicilina. Un total del 53.48% de los aislados mostraron un patrón de multidrogo resistencia a más

INTRODUCCIÓN

Salmonella enteritidis es un patógeno importante en producción aviar y salud pública, el cual en los últimos 30 años ha incrementado su incidencia alrededor del mundo¹. En el Perú, este incremento se asocia con la presencia de casos clínicos, contaminación de carcasas y resistencia a antimicrobianos. Estudios de variabilidad genética permiten investigar la adaptación y evolución de los microorganismos incluyendo *Salmonella*. Técnicas de REP-PCR y BOX A1R han demostrado su utilidad debido a la elevada reproducibilidad y alto poder discriminatorio². El objetivo del presente estudio fue describir la variabilidad genética y perfiles de resistencia antibiótica en aislados de *Salmonella enteritidis*.

MATERIALES Y METODOS

Cuarenta y tres casos clínicos de *Salmonella enteritidis* provenientes de pollos de carne (39) y gallinas de postura (4) recibidos entre enero del 2012 a marzo del 2013 fueron aislados mediante agar *Salmonella-Shigella* (Figura 1) y agar MacConkey, posteriormente confirmadas por pruebas bioquímicas y PCR. Perfil de resistencia antibiótica para ciprofloxacina, norfloxacina, fosfomicina, enrofloxacina, amoxicilina, doxiciclina, florfenicol, sulfa trimetoprim y oxitetraciclina fue realizado.

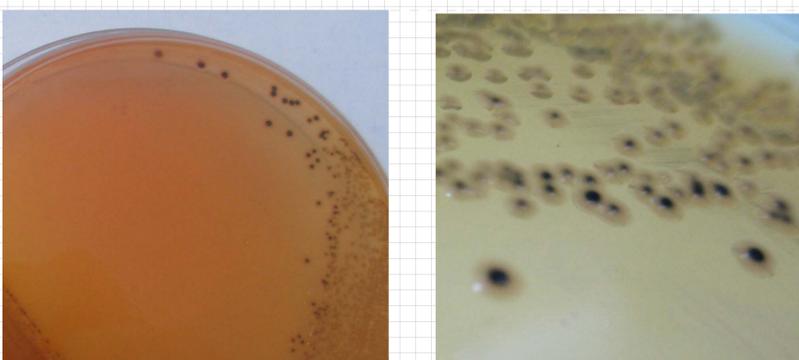


Figura 1. Aislamiento de *Salmonella* en agar *Salmonella-Shigella* (SS) proveniente de pollos de carne.

ADN genómico fue utilizado para identificación de género, especie y serotipo mediante PCR (Soumet *et al.* 1999). REP-PCR y BOXAIR-PCR fueron realizados utilizando los cebadores y condiciones descritas por Dombek *et al.* (2000) y Albufera *et al.* (2009). Dendogramas utilizando método UPGMA y NJ fueron generados a partir de una matriz de distancia genética (Dice-Sorensen) mediante Gel analyzer v2010a y Mega v5.1.

RESULTADOS

Cuarenta y tres cepas de *Salmonella enteritidis* mostraron correspondencia entre las pruebas bioquímicas, cultivo diferencial y PCR. Un 97.67% (42/43) de los aislados fueron resistentes a más de un antibiótico. El patrón más común de resistencia antibiótica fue a oxitetraciclina y amoxicilina con un 90.69% y doxiciclina con un 86.04%. Un 53.48% (23/43) de los aislados fueron resistentes a más de 4 antibióticos. BOX A1R y REP-PCR mostraron moderada heterogeneidad genética. Análisis de UPGMA sugiere la presencia de al menos 2 clusters genéticos (Figura 2), sin embargo no se aprecia correlación entre patrones de resistencia antibiótica y dichos clusters. Los resultados sugieren elevado nivel de resistencia antibiótica y moderada heterogeneidad genética en aislados de *S. enteritidis* en aves comerciales de Perú.

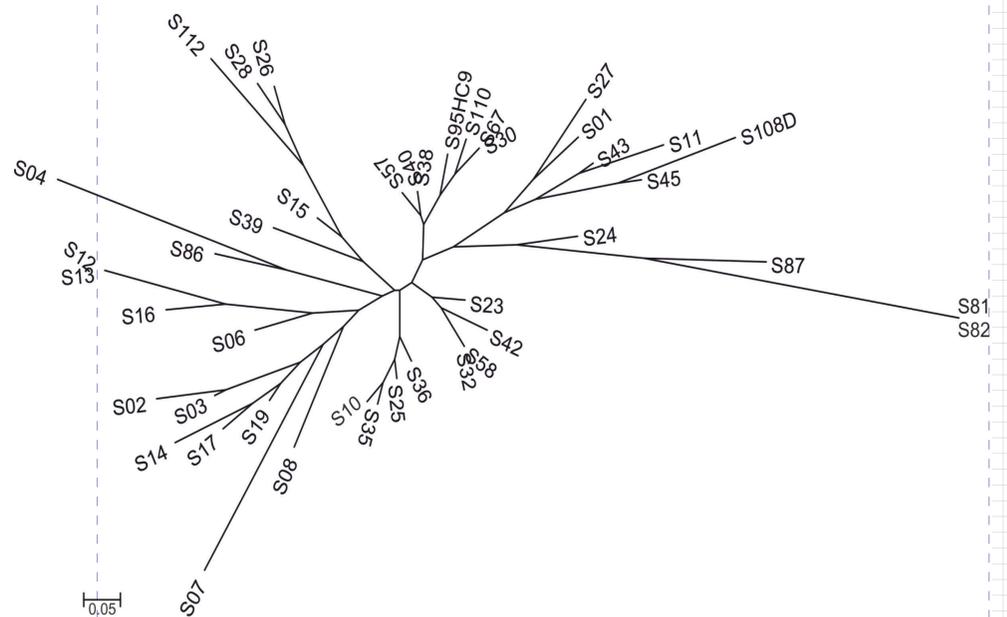


Figura 2. Dendograma basado en distancia genética de 43 aislados de *Salmonella enteritidis* mediante método UPGMA.

BIBLIOGRAFIA

1. Liebana, E., y col. (2001). Journal of Clinical Microbiology 39: 154-161.
2. Albufera, U., y col. (2009). Infection, Genetics and Evolution 9: 322-327.