



Autor:
 M.G. M.V. Karina Mendoza Arias - Bioservice SRL
 Ph.D. Mg M.V. Jorge Rodríguez Bailón - Bioservice SRL
 M.G. M.V. Ysabel Koga Yanagui - Bioservice SRL
 M.V. Arnaldo Alvarado Sánchez - Bioservice SRL

GALLIBACTERIUM ANATIS: UN PATÓGENO AVIAR IMPORTANTE

Definición

Gallibacterium anatis, microorganismo relativamente 'nuevo', es un cocobacilo, gram negativo, inmóvil, encapsulado, no esporulado, pleomórfico, mesófilo y anaerobio facultativo o microaerófilo, el cual crece satisfactoriamente en agar sangre de ovino al 5 por ciento, pero no en otros medios de cultivo comunes o simples, y reduce los nitratos a nitritos (Christensen *et al.*, 2003; Bojesen *et al.*, 2004; Bisgaard *et al.*, 2005; Bojesen *et al.*, 2007; Koga *et al.*, 2007; Garcia *et al.*, 2005; Kristensen *et al.*, 2010; Zepeda *et al.*, 2009; Bojesen *et al.*, 2011; Mendoza *et al.*, 2014).

Historia

El género *Gallibacterium*, comprende una sola especie, *G. anatis* y dos genomospecies. Representa a bacterias previamente reportadas como *Actinobacillus salpingitidis*, *Pasteurella haemolytica aviar* y *P. anatis*. Kjos-Hanssen (1950) publicó el primer trabajo sobre esta bacteria, que probablemente representa el organismo posteriormente nombrado como *Gallibacterium*; él aisló *Pasteurella* hemolítica causante de una peritonitis y salpingitis. Desde entonces, varios autores han publicado trabajos sobre lo que presumiblemente es *Gallibacterium*, pero con otros nombres (Christensen *et al.*, 2003; Bojesen *et al.*, 2003; Bisgaard *et al.*, 2005).

En 1982, Bisgaard descubrió la existencia de un grupo taxonómico, denominado *Gallibacterium* con características fenotípicas comunes a cepas clasificadas como *A. salpingitidis* y *P. haemolytica aviar*. En esta etapa, la caracterización se realizó utilizando métodos fenotípicos, que no permitieron establecer una relación filogenética. Sin embargo, después del análisis de hibridación ADN-ADN de cepas de *A. salpingitidis* y *P. haemolytica aviar*, evidenciaron un género-común confirmándose con el análisis de secuencias del ARNr 16 S, que *P. anatis* y *A. salpingitidis* formaban un género (Christensen *et al.*, 2003; Bojesen *et al.*, 2003; Bisgaard *et al.*, 2005).

Distribución del microorganismo en el mundo

Cepas de *Gallibacterium* se han reportado en países de Europa, África, Asia y América. En la mayoría de los casos, esta bacteria fue aislada de aves comerciales; sin embargo, también se ha reportado su presencia en aves domésticas y silvestres tales como pavos, gansos, patos, faisanes, perdices, garzas, etc. (Christensen *et al.*, 2003; Bojesen *et al.*, 2003; Bisgaard *et al.*, 2005).

Taxonomía

G. anatis pertenece al orden *Pasteurellales*, familia *Pasteurellaceae* y género *Gallibacterium*. La familia *Pasteurellaceae* es muy heterogénea, presenta controversia en cuanto a su clasificación taxonómica.

Actualmente, la familia *Pasteurellaceae* comprende 13 géneros según la "Formerly List of Bacterial names with Standing in Nomenclature", éstos son: *Actinobacillus*, *Aggregatibacter*, *Avibacterium*, *Bibersteinia*, *Gallibacterium*, *Haemophilus*, *Histophilus*, *Lonopinella*, *Mannheimia*, *Nicoletella*, *Pasteurella*, *Phocoenobacter* y *Volucrobacter* (Christensen *et al.*, 2003; Bojesen *et al.*, 2003; Bisgaard *et al.*, 2005).

Importancia

Gallibacterium anatis es un patógeno primario importante, debido a que puede provocar una infección sistémica en las aves, además causa serios daños en la ganancia de peso y en producción de huevos.

Por otro lado, también puede estar presente en combinación con otros microorganismos, situación que puede complicar aún más el estado sanitario de las aves; y por ende, de su control (Christensen *et al.*, 2003; Bojesen *et al.*, 2004; Bisgaard *et al.*, 2005; Bojesen *et al.*, 2007; Koga *et al.*, 2007; Garcia *et al.*, 2005; Kristensen *et al.*, 2010; Zepeda *et al.*, 2009; Bojesen *et al.*, 2011; Mendoza *et al.*, 2014).

Varios autores han publicado trabajos sobre lo que presumiblemente es *Gallibacterium*, pero con otros nombres (Christensen *et al.*, 2003; Bojesen *et al.*, 2003; Bisgaard *et al.*, 2005).

Cuadro clínico

Los animales afectados presentan cara hinchada, secreción nasal, fiebre, depresión, postración, anorexia, dificultad respiratoria, crestas y barbillas cianóticas, diarrea verde café, deshidratación, disminución en la postura (gallinas) y mortalidad variable. A la necropsia se observa congestión en senos infraorbitarios y tráquea, hepatomegalia con puntos hemorrágicos, esplenomegalia, aerosaculitis, peritonitis y en otros casos, hemorragia en miocardio, inflamación renal, folículos deformes (gallinas), salpingitis, atrofia ovárica, ruptura folicular (Fig. 1) (Christensen *et al.*, 2003; Bojesen *et al.*, 2004; Bisgaard *et al.*, 2005; Bojesen *et al.*, 2007; Koga *et al.*, 2007; Garcia *et al.*, 2005; Kristensen *et al.*, 2010; Zepeda *et al.*, 2009; Bojesen *et al.*, 2011; Mendoza *et al.*, 2014).

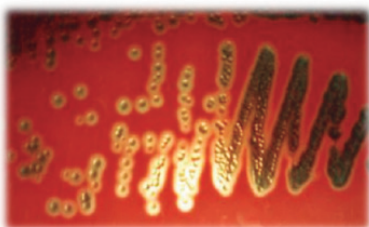
Figura 1. Signos y lesiones de la Infección de *Gallibacterium anatis*



Diagnóstico

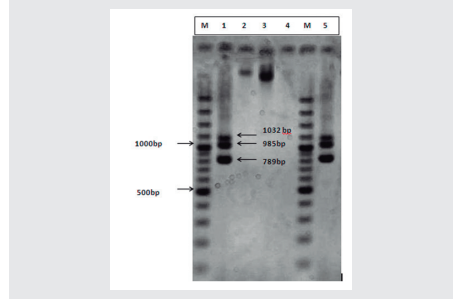
Se puede realizar a través del aislamiento microbiológico del agente en agar sangre (en donde produce hemólisis), además de su identificación y confirmación mediante pruebas de oxidasa, catalasa, indol, ureasa y pruebas bioquímicas con varios carbohidratos. Luego de su identificación se debe realizar el antibiograma para conocer la susceptibilidad de la bacteria. Para determinar el biovar de *Gallibacterium anatis* implicado, se tienen que realizar pruebas bioquímicas con diferentes azúcares utilizando los carbohidratos arabinosa,

xilosa, inositol, sorbitol, maltosa, trehalosa y dextrina descritos por Christensen y col en el 2003, el cual describe 24 tipos de biovars. De acuerdo a los resultados que se obtengan con la fermentación de los azúcares, podremos conocer que biovar tenemos presente.



Además de las pruebas microbiológicas tradicionales, existen pruebas serológicas y pruebas moleculares que pueden dar una confirmación mucho más rápida, con primers diseñados a partir de la secuencia de los genes ribosómicos 16S y 23S de *Gallibacterium*, descritos por Bojesen y col 2007 (Fig 2).

Figura 2. Perfiles de ADN específicos para *Gallibacterium anatis* en gel de agarosa 1%. Línea (especie): 1, *Gallibacterium anatis* ATCC 542; 2, *Pasteurella multocida*; 3, *Ornithobacterium rhinotracheale*; 4, Blanco de PCR; 5, *Gallibacterium anatis* (aislado clínico); M, Generuler 100 bp plus DNA ladder (Fermentas).



Trabajos de investigación realizados en Bioservice

Debido al incremento de casos clínicos en donde además de aislar a las bacterias 'clásicas', se hallaba un tipo de crecimiento diferente, se ha estado trabajando con este microorganismo desde el año 2007 y hemos aislado más de 100 cepas de pollos de carne, gallinas ponedoras, reproductoras y en menor proporción en gallos de pelea con diverso potencial patógeno, la mayoría procedente de Lima, La Libertad, Ica, Madre de Dios, Arequipa y Ucayali. *G. anatis* se logró aislar de diversos órganos como senos

infraorbitarios, tráquea, pulmones, sacos aéreos, hígado y ovario. El 80 por ciento de las cepas de *G. anatis* mostró hemólisis débil y el 20 por ciento hemólisis intensa, asociada con diseminación a varios órganos, demostrando el gran carácter invasivo de las cepas (Mendoza *et al.*, 2014).

De las pruebas bioquímicas realizadas con las cepas aisladas, el 46 por ciento de ellas resultaron del biovar 4. Cabe resaltar que algunas cepas fermentaron todos los azúcares constituyendo un biovar nuevo denominado NI.

En cuanto a la sensibilidad del microorganismo al ser enfrentado con antibióticos, entre el 43 y 51 por ciento de cepas fueron sensibles a Florfenicol, Fosfomicina y Amoxicilina. Entre el 80 y el 98 por ciento fue resistente a Ciprofloxacina, Enrofloxacin, Doxiciclina, Norfloxacina, Espectinomicina y Sulfatrimetroprin.

Es preocupante observar la disminución de la susceptibilidad antimicrobiana a este microorganismo, debido al probable uso inadecuado de los antimicrobianos, constituyendo un serio problema en su control (Mendoza *et al.*, 2014; Bojesen *et al.*, 2011).

Prevención y control

Para este caso es importante la elaboración de programas efectivos de sanidad aviar en los cuales se consideren cepas endémicas de los principales departamentos de producción avícola del Perú.

Conclusión

Debemos considerar a este microorganismo dentro de los análisis microbiológicos, ya que si no lo hacemos, esta bacteria puede ir provocando en forma silenciosa problemas crecientes en la crianza de las aves. Una vez aislada, no debemos hacer mal uso de los antibióticos (subdosificación o sobredosificación sin previo examen de sensibilidad), ya que al aumentar la resistencia bacteriana, podríamos desencadenar que la bacteria genere variabilidad genética haciéndola más patógena y por ende, más difícil de controlar.

Referencia bibliográfica

Para mayor información contactarse al correo del autor: kmendoza@bioservice.com.pe