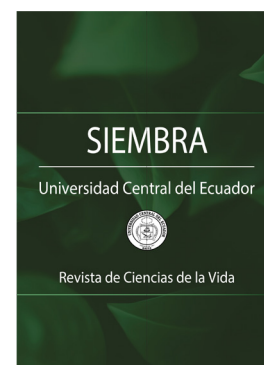


Comparación de los factores de virulencia y perfiles de resistencia en aislamientos de *Salmonella* spp colonizantes o causantes de diarrea en la interfaz salud humana-animal

Maritza Alejandra Ramírez-López¹, Elsa María Tamayo-Legorreta²,
Vianney Ortiz-Navarrete³, Celia Alpuche-Aranda⁴



Siembra 12 (3) (2025): Edición especial: Memorias del II Congreso Internacional: Resistencia a los Antimicrobianos con Enfoque One Health

¹ Instituto Nacional de Salud Pública, Centro de Investigación sobre Enfermedades Infecciosas, México.

✉ maritza.ramirez@insp.edu.mx

² Instituto Nacional de Salud Pública, Centro de Investigación sobre Enfermedades Infecciosas, México.

✉ emtamayo@insp.mx

🌐 <https://orcid.org/0000-0003-3344-0718>

³ Instituto Politécnico Nacional, Centro de Investigación y Estudios Avanzados, México.

✉ vortiz@cinvestv.mx

🌐 <https://orcid.org/0000-0001-6546-9713>

⁴ Instituto Nacional de Salud Pública, Centro de Investigación sobre Enfermedades Infecciosas, México.

✉ celia.alpuche@insp.mx

🌐 <https://orcid.org/orcid/0000-0002-5405-5256>

Introducción

Salmonella es uno de los patógenos zoonóticos más importantes a nivel mundial. Los cerdos son reservorios típicos de esta bacteria y una fuente importante de infección humana. Algunos rasgos intrínsecos hacen que algunos serovares o cepas de *Salmonella* sean más virulentos. El objetivo de la investigación fue comparar los factores de virulencia y perfiles de resistencia entre las cepas de *Salmonella* spp aisladas de materia fecal de porcinos y humanos.

Material y métodos

Este estudio fue diseñado para evaluar los perfiles de resistencia antimicrobiana [RAM] y la frecuencia de genes de virulencia entre 15 cepas de *Salmonella* aisladas de material fecal porcina obtenidas después de realizar un muestreo en una granja porcícola semitecnificada localizada en Jiutepec, Morelos, México y 9 cepas aisladas de materia fecal de casos de diarrea humana obtenidas de una población monitoreada de cerca que acudieron a tres Centros de Salud [CS] cercanos a la granja (CS Jiutepec, CS Huizachera, CS Calera Chica), incluyendo a la población que presentaban síntomas de enfermedad diarreica y fueron referenciados al Hospital General “Dr. José G. Parres” en Cuernavaca, Morelos. La serotipificación de los aislamientos de *Salmonella* de cerdos y humanos se realizó en el Instituto Nacional de Diagnóstico y Referencia Epidemiológica [InDRE], basándose en el esquema WKL que consiste en aglutinar la bacteria con antiseros específicos para identificar variantes de antígenos somáticos [O] y flagelados [H]. La susceptibilidad antimicrobiana a 10 antibióticos se confirmó mediante concentración mínima inhibitoria [MIC] usando la técnica de microdilución en caldo [1]. La confirmación genotípica de genes de virulencia [VG] se realizó por PCR punto final [2]. La tipificación molecular se determinó mediante electroforesis en gel de campo pulsado [PFGE].

SIEMBRA

<https://revistadigital.uce.edu.ec/index.php/SIEMBRA>

ISSN-e: 2477-8850

Periodicidad: semestral

vol. 12, núm 3, 2025

siembra.fag@uce.edu.ec

DOI: [https://doi.org/10.29166/siembra.v12i3\(Especial\)](https://doi.org/10.29166/siembra.v12i3(Especial))



Esta obra está bajo licencia internacional Creative Commons Atribución-No Comercial

Resultados

Se analizaron 24 cepas de *Salmonella*, de las cuales 15/24 (62,5%) fueron aisladas de materia fecal de cerdos y 9/24 (37,5%) de humanos. Los serotipos identificados en las muestras incluyen *Salmonella enterica* serotipo Enteritidis, *Salmonella enterica* serotipo Sekondi, *Salmonella enterica* serotipo Anatum, entre otros. Estos serotipos son comunes en infecciones zoonóticas y pueden ser transmitidos de animales a humanos. El serotipo más frecuente en cerdos fue *Salmonella* serogrupo B 9/24 (37,5%), y en humanos, *Salmonella enterica* serotipo Enteritidis 3/24 (12,5%) seguida de *Salmonella enterica* serotipo Sekondi 2/24 (8,33%). El perfil de susceptibilidad en los aislamientos de *Salmonella* de origen porcino muestra resistencia a múltiples antibióticos, incluyendo ampicilina 14/24 (58,3%), ácido nalidíxico 10/24 (41,67), tetraciclina (62,5%), y los aislamientos de origen humano presentaron una mayor resistencia a ácido nalidíxico 7/24 (29,17%), tetraciclina 5/9 (20,83%) y cloranfenicol 4/9 (16,67%). Es de llamar la atención la presencia de la resistencia a ceftazidima (8,33%), cefotaxima (8,33%) y colistina (12,5%), antibióticos de uso clínico, en cerdos. La resistencia a múltiples antibióticos es preocupante ya que limita las opciones de tratamiento y puede complicar el control de brotes de *Salmonella* en granjas porcinas. Se evidenció la presencia de siete genes de virulencia, los genes con mayor frecuencia en aislamientos de origen porcino fueron *sopB*, *agfA*, *ssaQ*, *mgtC*, *InvA*, *hilA* y en aislamientos de origen humano *sopB*, *agfA*, *ssaQ*. Estos genes se encuentran en diferentes islas de patogenicidad, como SPI-1 y SPI-2 (*Salmonella* Pathogenicity Islands 1 y 2), que son cruciales para la invasión y supervivencia dentro del huésped. Por PFGE se pudo identificar patrones de bandas diferentes entre diferentes cepas de *Salmonella* de origen porcino y humano comprobándose que existe una diversidad genética entre las cepas mostrando que no están clonalmente relacionadas. Sin embargo, observamos la presencia de bandas similares en cepas de origen porcino sugiriendo que las cepas bacterianas tienen un origen clonal, lo que es consistente con un brote en la granja porcina (Figura 1, cuadro verde).

Las cepas de *Salmonella* spp MDR de cerdos y humanos no tienen una relación clonal. Sin embargo, hay una clona mayoritaria en cerdos (cuadro verde) que representa un pequeño brote de *Salmonella* en la granja. La multiresistencia antimicrobiana está seleccionada en diferentes clones de *Salmonella* spp colonizante tanto en cerdos como en humanos.

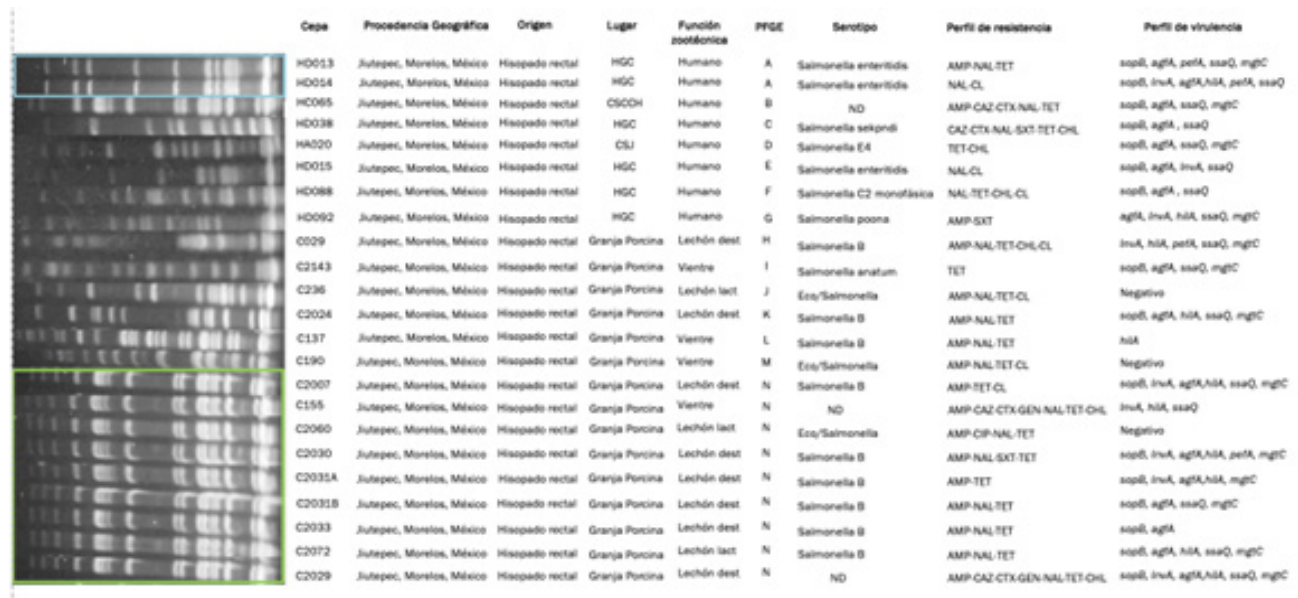


Figura 1. Relación clonal por PFGE de 23 aislamientos representativos de *Salmonella* aislados de heces de cerdos y humano. Los antibióticos analizados son: AMP= Ampicilina, CAZ= Ceftazidima, CTX= Cefotaxima, IMP= Imipenem, AK= Amikacina, GEN= Gentamicina, CIP= Ciprofloxacino, NAL= Ácido nalidíxico, SXR= Sulfametoxazol/trimetoprim, TET= Tetraciclina, CHL= Cloranfenicol, CL= Colistina. HGC= Hospital General de Cuernavaca “Dr José G. Parres, CSCCH= Centro de Salud Calera Chica, CSJ= Centro de Salud Jiutepec. Se obtuvieron 13 pulsotipos con dos clones mayoritarias. El panel verde muestra la agrupación de 9/15 cepas de *Salmonella* idénticas de cerdo indicando que hubo un brote en la granja porcina, y el panel azul agrupa 2/9 cepas de *Salmonella* de humano con una alta homología.

Conclusiones

El identificar cepas resistentes a múltiples antibióticos y con varios factores de virulencia indica un alto potencial patogénico, lo que puede resultar en infecciones severas y difíciles de tratar en humanos y animales. Desde una perspectiva epidemiológica, la clonación de cepas y la resistencia a antibióticos sugieren que el brote de *Salmonella* puede propagarse rápidamente dentro de la granja y potencialmente a otras áreas evidenciando que los cerdos podrían ser un reservorio y una fuente de cepas patógenas de *Salmonella*. Esto subraya la necesidad de medidas de control estrictas y monitoreo continuo para prevenir la diseminación de estas cepas.

Referencias

- Clinical and Laboratory Standards Institute [CLSI]. (2023). *Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing* (33rd ed.). CLSI supplement M100. CLSI.
- Higgins, D., Mukherjee, N., Pal, C., Sulaiman, I. M., Jiang, Y., Hanna, S., Dunn, J. R., Karmaus, W., y Banerjee, P. (2020). Association of virulence and antibiotic resistance in *Salmonella*-statistical and computational insights into a selected set of clinical isolates. *Microorganisms*, 8(10), 1465. <https://doi.org/10.3390/microorganisms8101465>

Palabras clave: *Salmonella* spp, resistencia antimicrobiana, cerdos, humanos