

HUELLA ANTIMICROBIANA. EL VIAJE INVISIBLE DE LA RESISTENCIA AL AMBIENTE

Julián Parada.

Investigador de CONICET. Departamento de Patología Animal de la Facultad de Agronomía y Veterinaria, de la Universidad Nacional de Río Cuarto.

Resumen

La resistencia a antibióticos es una de las mayores preocupaciones para la salud pública en todo el mundo. El surgimiento esporádico de patógenos bacterianos que desarrollaron resistencia a diferentes grupos de antibióticos representa una realidad que complica los tratamientos de infecciones en humanos. Esto también ocurre en las granjas de cerdos, con brotes de enfermedades que se hacen muy difíciles de controlar y que impactan negativamente en las granjas.

La intensificación de los sistemas productivos, el incremento de la presión de producción, sumado al mayor potencial genético y biotecnológico en las granjas, pone a los cerdos en un delicado equilibrio biológico, que se rompe con facilidad. En muchos casos, estos desequilibrios favorecen la actividad de patógenos ocultos, que desencadenan la aparición de brotes de enfermedades. La respuesta más lógica para intentar controlar las pérdidas económicas que derivan de estas enfermedades, es realizar un diagnóstico e implementar luego un tratamiento a partir de la utilización de drogas antimicrobianas.

Desde hace ya algunos años, la aparición de formulaciones antibióticas disponibles para ser administradas masivamente en forma oral, ha facilitado enormemente la aplicación de tratamientos en las granjas, con buenos resultados para el control de brotes de enfermedades infecciosas de origen bacteriano. Sin embargo, estos tratamientos poblacionales deben ser tomados con precaución, ya que no son inocuos. Una vez en el cerdo, los antibióticos no son capaces de discriminar entre bacterias benéficas o patógenos, lo que puede generar un impacto directo en las microbiotas asociadas a las diferentes mucosas corporales, atentando contra el delicado equilibrio inmunológico del animal. La disbiosis generada por el consumo de antibióticos es uno de los efectos adversos más frecuentemente reportados. Sin embargo, el efecto más peligroso y que generalmente no vemos, es la selección constante de bacterias resistentes.

El uso poblacional de antibióticos genera una presión de selección de microorganismos resistentes, que va imprimiendo una huella en la microbiota de la granja, cuya profundidad suele estar asociada a la magnitud del uso. En los últimos años, se ha introducido el concepto de “resistoma”, que refiere al conjunto de genes de resistencia que se puede encontrar en una población. Esta capacidad genética de desarrollar mecanismos que impidan o dificulten el efecto de los antibióticos, se combina con la capacidad intrínseca de las bacterias de interactuar y compartir información genética, lo que lleva a una estabilidad entre los diferentes microorganismos, ya sean patógenos o no. Este resistoma se establece así como un reservorio ambiental de resistencia particular de la granja.

En estudios realizados en *E. coli* como marcador poblacional de resistencia en granjas de cerdos de Argentina, observamos una extensa resistencia a antimicrobianos. La gran mayoría de los aislados fueron resistentes a entre 5 y 6 grupos o familias de antibióticos, con algunas variaciones según la categoría del animal. Resultados similares se obtuvieron cuando evaluamos *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (MRSA) como marcador de resistencia en bacterias Gram positivas, donde encontramos que el 50% de las granjas analizadas tuvieron algún aislamiento de MRSA en los efluentes de salida.

También encontramos una gran diversidad de genes asociados a una menor sensibilidad a antibióticos de uso frecuente. Por ejemplo, la resistencia a betalactámicos más difundida fue la asociada a antibióticos como amoxicilina, de amplio uso en cerdos. La identificación esporádica del gen *mcr-1*, asociado a resistencia a colistina, o el gen *fosL1* asociado a resistencia a fosfomicina, reviste especial importancia desde el punto de vista de la salud pública. Como vemos, el reservorio de resistencia es muy amplio y variable, y suele estar asociado al uso de antibióticos en la granja.

La resistencia a antimicrobianos es una amenaza dinámica y compleja, que puede afectar la manera que controlamos las enfermedades en los cerdos, pero principalmente, debemos verla como una alteración en el equilibrio ambiental que compromete la sustentabilidad del sistema a largo plazo. Una visión global del problema, nos obliga a pensar en el criterio de “Una Salud”, donde la salud pública, la salud del ambiente y la salud de los animales están estrechamente relacionadas.

Referencias

- González MJ, Parada J, Blasko E, Sosa EJ, Suleyman G, Kaur J, Maki G, Prentiss T, Corti Isgro M, Pereyra N, González R, Dagatti A, Galletti P, Pacharoni F, Toselli R, Martinovic Bolia DN, Bonetto C, Del Bo C, Porporatto C, Fernández Do Porto D, Decca L, Bocco JL, Amé MV, Corso A, Carranza AI, Zervos M and Sola C (2025) Phylogenomic insights into LA-MRSA from Argentine pig farm environments: novel OptrA variant and regional emergence of an ST9 lineage co-circulating with international CC398 lineages. *Front. Microbiol.* 16:1662779.
- Li B, Jiang L, Johnson T, Wang G, Sun W, Wei G, Jiao S, Gu J, Tiedje J, Qian X. Global health risks lurking in livestock resistome. *Sci Adv.* 2025 Jun 27;11(26):eadt8073.
- Mounsey O., Marchetti, L., Parada J., y col. 2023. Molecular epidemiology of third-generation cephalosporin-resistant *Escherichia coli* from pigs and dairy cattle in Argentina. *International journal of infectious diseases*, vol 130.
- Mounsey O, Marchetti L, Parada J, Alarcón LV, Aliverti F, Avison MB, Ayala CS, Ballesteros C, Best CM, Bettridge J, Buchamer A, Buldain D, Carranza A, Corti Isgro M, Demeritt D, Escobar MP, Gortari Castillo L, Jaureguiberry M, Lucas MF, Madoz LV, Marconi MJ, Moiso N, Nievas HD, Ramirez Montes De Oca MA, Reding C, Reyher KK, Vass L, Williams S, Giraudo J, De La Sota RL, Mestorino N, Moredo FA, Pellegrino M. Genomic epidemiology of third-generation cephalosporin-resistant *Escherichia coli* from Argentinian pig and dairy farms reveals animal-specific patterns of co-resistance and resistance mechanisms. *Appl Environ Microbiol.* 2024 Mar 20;90(3):e0179123

- Parada J., M. Galas, D. Faccone, P. Tamiozzo, A. Carranza. 2022. Antibiotic resistance and associated resistance determinants in different salmonella enterica serovars isolated from pigs in Argentina. *Veterinary World*, 15(5): 1215-1220.
- Zhang L, Li S, Liu Z, Zhang R, Yang T, Liu D, Ding T, Lu X, Feng J. 2026. Microbial interactions in facilitating antibiotic activity and resistance evolution. *Appl Environ Microbiol* 92:e01931-25