

III CONGRESO DE LA ASOCIACION NACIONAL DE VETERINARIOS DE PORCINO

COMUNICACIONES PÓSTER SANIDAD

JUEVES, 22 NOVIEMBRE 2012



anavepor
ASOCIACION NACIONAL DE VETERINARIOS DE PORCINO

ZARAGOZA DEL 21 AL 22 DE NOVIEMBRE DE 2012

III CONGRESO DE LA ASOCIACION NACIONAL DE VETERINARIOS DE PORCINO



Infecciones por *salmonella* en cerdas reproductoras de Navarra

V. GARRIDO, B. SAN ROMÁN, S. SÁNCHEZ, J. LABAIRU,
A. ZABALZA-BARANGUÁ Y M.J. GRILLÓ



INFECCIONES POR *SALMONELLA* EN CERDAS REPRODUCTORAS DE NAVARRA

V. Garrido, B. San Román, S. Sánchez, J. Labairu, A. Zabalza-Baranguá y M.J. Grilló
Instituto de Agrobiotecnología (CSIC-Universidad Pública de Navarra-Gobierno de Navarra),
Campus de Arrosadía, Pamplona
victoria.garrido@unavarra.es

Introducción: La salmonelosis es la segunda zoonosis más frecuente de la Unión Europea (UE), asociada mayoritariamente al consumo de huevos y derivados del pollo y del cerdo. Para preservar la salud de los consumidores, la UE ha propuesto realizar controles exhaustivos en todas las fases de la producción porcina “*de la granja a la mesa*” llevado a cabo diversos estudios de prevalencia en granjas (con heces de cerdas reproductoras) y en mataderos (con ganglios linfáticos mesentéricos -GLM- de cerdos de engorde) y, según los resultados obtenidos, establecer medidas control, que podrían incluir restricciones en el comercio internacional de carne y productos del cerdo para aquellos países que no cumplan los objetivos fijados de reducción de la prevalencia de *Salmonella*. Sobre la base de la presencia de *Salmonella* en heces, recogidas en las granjas de reproducción, las cerdas son consideradas como uno de los principales factores de riesgo asociados a la transmisión del patógeno a los lechones. Sin embargo, no existen trabajos que determinen la presencia del patógeno en GLM de cerdas desconociéndose, por tanto, el verdadero estatus infeccioso y papel de estas hembras como fuente de infección para los lechones.

Material y Métodos: Se analizó la presencia de *Salmonella* en GLM de una población representativa del 58% del censo total de cerdas reproductoras de Navarra (239 cerdas) y del 81% de las explotaciones con >1200 hembras/explotación (13 explotaciones). Para ello, las muestras de GLM fueron procesadas siguiendo la Norma ISO 6579:2002/Amd1:2007 y caracterizadas mediante serotipado, fagotipado y resistencias antimicrobianas (RA).

Resultados y Discusión: *Salmonella* spp. fue aislada en el 6,7% del total de animales analizados y en el 46,1% de las explotaciones, con una media de 14,5% infectados por explotación. La mayoría (7/16) de las cepas aisladas fueron *S. Typhimurium* DT104B, DT195 y DT193, presentando las dos primeras múltiples RA. Destacó la presencia de *S. Enteritidis* en el 12,5% de los animales infectados. En conjunto, el 56,3% de las cepas presentó RA a, al menos, 5 antibióticos de 3 familias diferentes, siendo el perfil A-C-S-Su-T, asociado al fagotipo DT104B, el más aislado.

Conclusiones: Todo ello indica una baja prevalencia de salmonelosis en las cerdas reproductoras de Navarra, lo que podría ser indicativo, en ausencia de otras fuentes de infección, de una baja prevalencia también en cerdos de engorde.

**III CONGRESO
DE LA ASOCIACION
NACIONAL
DE VETERINARIOS
DE PORCINO**



Evidencia de diferentes niveles de infección por *Salmonella* spp. en explotaciones ecológicas y convencionales de cebo porcino

R.C. MAINAR-JAIME, J. ÁLVAREZ-RODRÍGUEZ, S. ANDRÉS, E. MONLEÓN, C. NOGAREDA Y D. VILLALBA



EVIDENCIA DE DIFERENTES NIVELES DE INFECCIÓN POR *SALMONELLA* SPP. EN EXPLOTACIONES ECOLÓGICAS Y CONVENCIONALES DE CEBO PORCINO

R.C. Mainar-Jaime¹, J. Álvarez-Rodríguez², S. Andrés¹, E. Monleón³, C. Nogareda²
y D. Villalba²

¹Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria (CITA) de Aragón, Zaragoza

²Dept. Producción Animal, Universidad de Lleida

³Dirección actual: Dept. Anatomía e Histología Humanas, Universidad de Zaragoza

rcmainar@aragon.es

Introducción: El consumo de carne de cerdo está considerado una de las principales fuentes de salmonelosis para el hombre. Por ello, es importante conocer la situación sanitaria de las explotaciones porcinas con respecto a esta infección. El modelo productivo podría implicar diferencias en la exposición de los animales a *Salmonella* spp. En este estudio estimamos la posible exposición a este patógeno en una muestra de cerdos procedentes de distintos sistemas productivos mediante la utilización de la serología.

Material y Métodos: Se seleccionaron 208 animales, 89 (42,8%) procedentes de 3 explotaciones que seguían esquemas de producción ecológica y 119 (57,2%) procedentes de 4 explotaciones convencionales. Todos los animales fueron sacrificados en el mismo matadero comercial (febrero-marzo 2012). De cada animal se obtuvo una muestra de sangre durante el sacrificio para la detección de anticuerpos frente a *Salmonella* spp. (ELISA Herdcheck® Swine *Salmonella*, Laboratorios Idexx). Los animales se consideraron positivos utilizando dos puntos de corte diferentes (%DO ≥ 20 y %DO ≥ 40). Para determinar si el sistema de explotación podía estar relacionado con la seroprevalencia observada se realizó un análisis de regresión logística con efectos aleatorios (STATA 12.1).

Resultados y Discusión: La seroprevalencia general observada fue 41,3% ó 13,9% según se utilizara un punto de corte u otro (≥ 20 ó ≥ 40 , respectivamente), siendo siempre significativamente mayor en el grupo de animales pertenecientes a las explotaciones de tipo convencional. Estos presentaron entre 12-23 veces más probabilidad de ser seropositivos (según el punto de corte elegido) que los cerdos de explotaciones ecológicas. Dichas diferencias podrían asociarse con el tipo de presentación del pienso (todas las explotaciones ecológicas suministraban el alimento en forma de harina), con la densidad animal (espacio disponible en ecológico 2,2 m²/cerdo, frente a 0,75 m²/cerdo en convencional) y el uso de antibióticos (menor en ecológico).

Conclusiones: Se observaron diferencias significativas en la seroprevalencia frente a *Salmonella* spp. entre el modelo ecológico y el convencional, pero son necesarios estudios a mayor escala que confirmen los resultados observados.

**III CONGRESO
DE LA ASOCIACION
NACIONAL
DE VETERINARIOS
DE PORCINO**



Aves silvestres: ¿villanos o víctimas de la salmonelosis porcina?

S. ANDRÉS, J.P. VICO Y R.C. MAINAR-JAIME



**AVES SILVESTRES:
¿VILLANOS O VÍCTIMAS DE LA SALMONELOSIS PORCINA?**

S. Andrés, J.P. Vico y R.C. Mainar-Jaime

Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria (CITA) de Aragón

Avda. Montañana, 930. 50059 Zaragoza

rmainar@aragon.es

Introducción: El éxito de los programas de control de salmonelosis porcina depende del conocimiento que se tenga sobre su epidemiología. El papel de las aves silvestres ha sido sugerido muchas veces pero escasamente investigado. En este estudio presentamos los resultados preliminares de un estudio con el que se trata de obtener un mayor conocimiento de la dinámica de esta infección en un área de alta prevalencia en España a través de su estudio en aves silvestres y de la búsqueda de similitudes fenotípicas y genotípicas entre los aislados de *Salmonella* de cerdos y estas aves.

Material y Métodos: Entre septiembre de 2009 y octubre de 2011, en las provincias de Huesca y Zaragoza, se capturaron aves en las cercanías de cebaderos porcinos o en áreas alejadas (>2km) de éstos y se recogieron muestras de heces para determinar la presencia de *Salmonella* spp. En cada explotación también se recogieron muestras de heces de cerdos. Los aislados de *Salmonella* obtenidos se serotiparon y analizaron para determinar la presencia de resistencias antimicrobianas (RA). La técnica de campo pulsado (PFGE) se utilizó para caracterizar genéticamente las cepas aisladas. Los posibles factores de riesgo de infección en las aves se identificaron con un modelo de regresión logística multivariable.

Resultados y Discusión: Se analizaron 379 muestras de 921 aves capturadas en 31 cebaderos y 431 (581 aves) de aves de 10 áreas alejadas de granjas. Un 1,85% (95%CI = 0.93-2.77) de las muestras resultaron positivas. La prevalencia fue 16 veces mayor en muestras de aves próximas a cebaderos y 8 veces mayor en aves no migratorias y 2,5 veces menor en muestras de aves mayoritariamente granívoras. *Typhimurium* fue el serotipo más frecuente en aves, con 4 patrones genéticos relacionados con los 4 tipos de fagos identificados (U310, U311, DT164, DT56). La prevalencia de RA múltiple fue baja (20%). En 3 granjas se observó un alto grado de similitud entre aislados de diferentes especies de aves, y en 4 con las cepas obtenidas de porcino.

Conclusión: Las granjas porcinas facilitarían la transmisión de esta infección entre las aves silvestres independientemente del origen de la infección (aves o porcino). El grado de congregación de aves podría tener mucho que ver en la transmisión de la infección ya que la relación entre aislados de diferentes especies de aves se observó en explotaciones donde las aves eran abundantes.