



## Identificados más de 400 genes de resistencia a antibióticos en granjas europeas



La resistencia a antibióticos es considerada una de las mayores amenazas para la salud y no solo afecta al ser humano. Una investigación internacional en la que participa la Universidad Complutense de Madrid ha recorrido más de 350 granjas de pollos y cerdos de nueve países de la Unión Europea y ha identificado, utilizando herramientas genómicas, 407 genes de resistencia a antibióticos en los más de 9.000 animales analizados.



Más de 9.000 pollos y cerdos se han analizado en la Unión Europea en este estudio. / [Brian Johnson & Diane Kantner](#)

**UCC- UCM, 23 de junio.-** A partir del análisis de una muestra de 9.000 cerdos y pollos de nueve granjas de la Unión Europea, un equipo de investigación internacional en el que participa la Universidad Complutense de Madrid (UCM) ha identificado la presencia de 407 genes de resistencia a antibióticos, algunos presentes en todas las explotaciones estudiadas.

Para llevar a cabo este estudio, cuyos resultados se acaban de publicar en *Nature Microbiology*, los científicos recorrieron una veintena de granjas de cada país participante –Bélgica, Bulgaria, Alemania, Dinamarca, España, Francia, Italia, Holanda y Polonia– recogiendo muestras y, posteriormente, utilizando secuenciación masiva para generar más de 5.000 gigabases en secuencias de ADN.

“Debido al tamaño del estudio, podemos considerar que los resultados obtenidos pueden representar el microbioma y resistoma en granjas de características similares en toda Europa”, destaca Bruno González Zorn,



investigador de la Facultad de Veterinaria y del Centro de Vigilancia Sanitaria Veterinaria (VISAVET) de la UCM y autor del estudio.

Una de las novedades del estudio es que se ha utilizado metagenómica para conocer no solo los genes de resistencia presentes en las bacterias que se pueden aislar, como se suele hacer, sino que se han detectado a partir de la secuenciación completa del ADN presente en el contenido intestinal. “Esto nos permite conocer los genes de resistencia a antibióticos que, potencialmente, podrían transmitirse, independientemente de la bacteria en la que se encuentren”, explica González Zorn.

Otro resultado relevante es la asociación entre el uso de antibióticos y la prevalencia de genes de resistencia, observándose una relación directa: variaciones aproximadamente del 30% en el uso de antibióticos reducen al 50% la abundancia de genes de resistencia, añade el veterinario.

### **Más homogeneidad en cerdos**

El laboratorio español participa en el Consorcio Europeo que ha llevado a cabo el estudio, el proyecto EFFORT. “Actualmente, estamos liderando los aspectos relacionados con la capacidad de transmisión de estos genes de resistencia a antibióticos. La mayoría de ellos se encuentran en plataformas genéticas, llamadas plásmidos, que son las que permiten a estos genes pasar de una bacteria a otra. Conocer la diversidad con los plásmidos presentes en las granjas y su similitud con los que encontramos en el hombre es clave para conocer la capacidad de los genes de resistencia para transmitirse a otros ecosistemas fuera de las granjas”, detalla el investigador de la UCM.

De los centenares de genes identificados, los científicos han observado cómo se distribuyen de manera diferente entre ambas especies, si bien 33 fueron detectados en todas las granjas de cerdos y 49 en todas las de pollos. De todos estos, 24 fueron comunes en ambos animales.

También es relevante la homogeneidad de los resultados obtenidos en las muestras de cerdos donde en la mayoría de ellos se han encontrado genes de resistencia a tetraciclinas, macrólidos, betalactámicos y aminoglicósidos. Por el contrario, en las muestras de pollos los resultados obtenidos fueron muy heterogéneos encontrándose también genes de resistencia a los mismos antibióticos, pero en cantidades muy diferentes entre las muestras analizadas.

“Todo esto indica que el resistoma en porcino y en aves de carne es sustancialmente diferente. Es decir que el microbioma de los cerdos presenta una combinación de genes de resistencia diferente a la combinación presente en el microbioma de los pollos”, indica el experto.

El volumen de las granjas, países y muestras secuenciadas convierten este resultado, según el veterinario de la UCM, en una herramienta para que la industria y los veterinarios optimicen y reduzcan el uso de los antibióticos en la lucha contra un problema que puede postularse en un futuro como la primera causa de muerte del mundo.

“En España ya hemos conseguido reducir in 82% la utilización de colistina en ganadería, y estos resultados apuntan que vamos en el camino correcto. La



clave está en basar las medidas para controlar la resistencia en evidencia científica sólida, controlar y atajar el problema de la resistencia a antibióticos desde la perspectiva de Salud Pública”, concluye González Zorn.



**Referencia bibliográfica:** Patrick Munk, Berith Elkær Knudsen, Oksana Lukjachenko, Ana Sofia Ribeiro Duarte, Liese Van Gompel, Roosmarijn E. C. Luiken, Lidwien A. M. Smit, Heike Schmitt, Alejandro Dorado Garcia, Rasmus Borup Hansen, Thomas Nordahl Petersen, Alex Bossers, Etienne Ruppé, Haitske Graveland, Alieda van Essen, Bruno Gonzalez-Zorn, Gabriel Moyano, Pascal Sanders, Claire Chauvin, Julie David, Antonio Battisti, Andrea Caprioli, Jeroen Dewulf, Thomas Blaha, Katharina Wadepohl, Maximiliane Brandt, Dariusz Wasyl, Magdalena Skarzyńska, Magdalena Zajac, Hristo Daskalov, Helmut W. Saatkamp<sup>4</sup>and Katharina D. C. Stärk, Ole Lund, Tine Hald, Sünje Johanna Pamp, Håkan Vigre, Dick Heederik, Jaap A. Wagenaar, Dik Mevius and Frank M. Aarestrup. 'Abundance and diversity of the faecal resistome in slaughter pigs and broilers in nine European countries'. *Nature Microbiology* 2018. DOI: 10.1038/s41564-018-0192-9.



¿Alguna duda o sugerencia? Si quieres comentar esta información, te responderemos en nuestro correo [uccucm@ucm.es](mailto:uccucm@ucm.es) o en nuestras redes sociales.

