

Los pollitos recién eclosionados son una fuente de bacterias resistentes a antimicrobianos para las granjas de gallinas de puesta

Las bacterias aisladas predominantes cambian durante el ciclo productivo.

Miguel A. Moreno, Silvia García-Soto, Marta Hernández, Carmen Bárcena, David Rodríguez-Lázaro, María Ugarte-Ruíz, Lucas Domínguez, 2019. *Veterinary Microbiology*, 230:221-227.

<https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2019.02.007>

En gallinas de puesta no suelen detectarse bacterias resistentes a antimicrobianos, y por ello el objetivo de este estudio longitudinal fue comprobar si los pollitos recién eclosionados eran una fuente de estas bacterias. Se monitorizaron las pollitas desde la eclosión hasta la puesta, utilizando *Escherichia coli* como modelo, pertenecientes a cuatro lotes comerciales diferentes alojados en la misma granja. Se analizó la susceptibilidad antimicrobiana frente a 14 antibióticos, en diez colonias de cada una de las ocho muestras por lote. En general (313 aislados), se detectaron mayores porcentajes de resistencia para la tetraciclina (26,8 %), seguida por las sulfonamidas (16,3 %), ampicilinas (16,0 %) y las quinolonas (10,9 % y 9,3 % para la ciprofloxacina y el ácido nalidíxico, respectivamente). Los porcentajes de resistencia de las bacterias fueron mayores en los pollos recién eclosionados respecto a los de las pollitas y las gallinas ($p < 0,05$) para las tetraciclinas, sulfonamidas, trimetoprim y el cloranfenicol. Se detectaron cuarenta perfiles diferentes de fenotipos resistentes, en su mayoría susceptibles totales (182 aislados; 58,1 %), seguido de perfiles específicos de tetraciclina (28 aislados; 8,9 %) y ciprofloxacina / ácido nalidíxico (11 aislados; 3,5 %). Mediante la secuenciación del genoma completo se detectaron 17 genes y mutaciones de cinco genes cromosómicos relacionados con la resistencia, siendo los más frecuentes tetA, blaTEM-1B y sul1. A partir de la tipificación multilocus de secuencias se detectaron 58 tipos de MLST diferentes, la mayoría de ellos presentes únicamente en una muestra. El ST155 (27/142) fue el más detectado, seguido del ST10 (19/142) y el ST48 (9/142). Aunque en la granja, la detección de las poblaciones de *E. coli* en pollos recién eclosionados no fuera clara, los datos obtenidos sugieren que estas bacterias no permanecieron como población predominante en las excretas de las pollitas y las gallinas de puesta.

Day-old chicks are a source of antimicrobial resistant bacteria for laying hen farms

Predominant isolates changed during the production cycle.

Miguel A. Moreno, Silvia García-Soto, Marta Hernández, Carmen Bárcena, David Rodríguez-Lázaro, María Ugarte-Ruíz, Lucas Domínguez, 2019. *Veterinary Microbiology*, 230:221-227.

<https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2019.02.007>

Antimicrobial resistant bacteria are rarely detected in laying hens and the objective of this longitudinal study was to test day-old chick as a source. Four different commercial batches raised on the same farm were monitored from day-old chick to laying hens using *Escherichia coli* as a model. Ten colonies from each of the eight samplings per batch were tested for antimicrobial susceptibility using 14 antimicrobials. Overall (313 isolates), higher resistance percentages were detected for tetracycline (26.8%), followed by sulphonamides (16.3%), ampicillin (16.0%) and quinolones (10.9% and 9.3% for ciprofloxacin and nalidixic acid, respectively). Resistance percentages of bacteria from day-old chicks were higher than those of pullets and hens ($p < 0.05$) for tetracycline, sulphonamides, trimethoprim and chloramphenicol. Forty different phenotypic resistance profiles were detected, led by fully susceptible (182 isolates; 58.1%), and followed by single tetracycline (28 isolates; 8.9%) and ciprofloxacin/ nalidixic acid (11 isolates; 3.5%) profiles. By whole-genome sequencing, 17 genes and mutations of five chromosomal genes related to resistance were detected, the most frequent being tetA, blaTEM-1B and sul1. Using multilocus sequencing analysis, 58 different MLST types were detected, most of them only in a particular sample. The ST155 (27/142) was the most frequently detected, followed by ST10 (19/142) and ST48 (9/142). The fate on the farm of the detected *E. coli* populations in old-day chicks was not clear, but our data suggest that they did not remain in the predominant faecal population of pullets and laying hens.
