

RELEVAMIENTO DE MICROORGANISMOS AEROBIOS PRESENTES EN CAVIDAD ORAL DE CANINOS DOMÉSTICOS

Patrucco, Marianela; Seif, Brenda Aldana; Amasino, Ana Julia; Palazzo, Augusto; Pena, Irene; Villat, María Cecilia; Coll Cárdenas, Fernanda

Universidad Nacional de La Plata, Facultad de Ciencias Veterinarias, Cátedra de Enfermedades Infecciosas, calle 60 y 118 s/n, La Plata, Buenos Aires, Argentina.

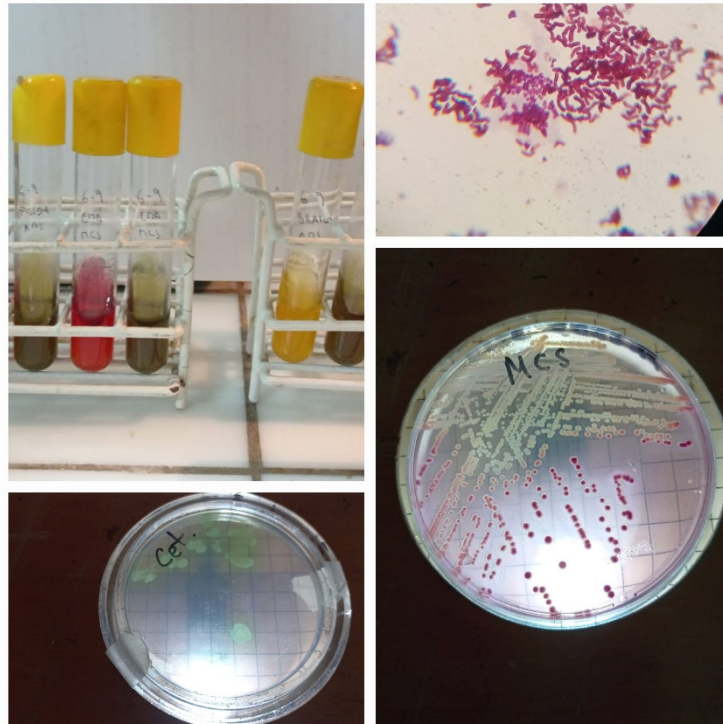
mpatrucco@fcv.unlp.edu.ar

Multiplicidad de microorganismos forman parte de la flora normal de los caninos domésticos, con diferentes localizaciones, siendo inocuos e incluso benéficos para la salud de dichos animales. La cavidad oral, por su conformación anatómica y diversidad de tejidos que se encuentran allí, facilita la coexistencia de variados ecosistemas microbianos¹. Muchos de estos revisten especial importancia tanto para la salud animal como para la humana. Es así, por ejemplo, que los *Staphylococcus* son microorganismos residentes en la microbiota normal de las mucosas y piel tanto de humanos como de animales. Sin embargo, algunas especies son patógenos oportunistas, que pueden causar serias enfermedades cutáneas en tejidos o cavidades². Otro de los agentes que pueden hallarse con frecuencia en las mucosas son las *Pseudomonas*, que además se caracterizan por participar en múltiples procesos infecciosos como patógenos secundarios, siendo junto con los anteriormente mencionados, de importancia por su capacidad para generar resistencia a los fármacos comúnmente utilizados en Medicina Veterinaria, dificultando la resolución de los cuadros clínicos. Además, en la microbiota oral canina pueden encontrarse enterobacterias, siendo la composición bacteriana presente dependiente de los hábitos alimenticios, el estado de salud y el contacto con otras especies. En ese sentido, los humanos, al estar en estrecho contacto con los perros y con su saliva, pueden estar expuestos a microorganismos polirresistentes que son potencialmente patógenos³.

El objetivo de este trabajo fue realizar un relevamiento de la flora aerobia más frecuente de la cavidad bucal de caninos domésticos, buscando a su vez, detectar microorganismos relevantes por su potencial zoonótico o de resistencia a los antimicrobianos habitualmente utilizados en la práctica veterinaria.

Para realizar el relevamiento, se tomaron 20 muestras mediante hisopado periodontal de caninos domésticos, utilizando medio de transporte comercial Stuart (Deltalab), que se mantuvieron bajo refrigeración durante 12 a 24 hs previas a su procesamiento en el laboratorio. Dichas muestras se sembraron en Plate Count Agar (PCA), incubándolas en estufa a 34°C durante 48 hs. A partir de las colonias desarrolladas en este medio se realizó coloración de Gram, prueba de catalasa y repiques en Agar Cetrimide (CET), Agar MacConkey sorbitol (SMAC) y Agar Manitol salado de Chapman (AMS), realizando posteriormente pruebas bioquímicas confirmatorias en Agar citrato de Simmons y Agar Kligler (KIA), de las placas que presentaron desarrollo.

De las muestras sembradas en PCA, la totalidad presentó desarrollo a las 48 hs de cultivo. Posteriormente se les realizó coloración de Gram y las colonias fueron repicadas, según sus características, en los diferentes medios mencionados. A partir de los cultivos en los medios selectivos y diferenciales se obtuvieron los siguientes resultados: se observó desarrollo de colonias rosadas en 7 placas de AMS y de colonias amarillas en 6 placas del mismo medio; en SMAC se evidenció desarrollo de colonias transparentes en 7 placas y rosadas en 3; finalmente en CET hubo desarrollo de colonias con pigmento verde fluorescente en 3 placas y desarrollo de colonias sin pigmento en 8. Las pruebas bioquímicas y de catalasa realizadas a partir de los desarrollos en los diferentes medios facilitaron una aproximación diagnóstica sobre los distintos grupos bacterianos presentes en las muestras. A modo de ejemplo, la Figura muestra algunos de los resultados obtenidos.



Analizando los resultados alcanzados podemos concluir que, dentro de la flora periodontal canina en estudio, se pudo observar la presencia de *Pseudomonas* sp, *Staphylococcus* sp y enterobacterias, las cuales pueden considerarse de importancia dado su potencial riesgo zoonótico y su capacidad de generar resistencia a los antimicrobianos de uso frecuente en medicina veterinaria. Consideramos importante mencionar que, aunque dentro de la flora habitual de la boca de los animales domésticos existen en su gran mayoría microorganismos anaerobios, el presente estudio se orientó a la búsqueda de agentes de respiración aerobia, anaerobios facultativos.

Bibliografía:

- 1- Ciuffo Duque, C. (2019). Identificación fenotípica y detección del gen *mecA* en cepas de *Staphylococcus* sp. resistentes a metilina obtenidas de caninos. Tesis de grado de la Facultad de Veterinarias, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay. Disponible en <http://bibliotecadigital.fvet.edu.uy:8080/xmlui/handle/123456789/2566>
- 2- Corrales, L. C.; Antolinez-Romero, D. M.; Bohorquez-Macias, J. A. and Corredor-Vargas, A. M. (2019). Identificación de microbiota bucal en caninos en estado de abandono. *Nova* [online]. Vol.17, n.32, pp.39-64. ISSN 1794-2470.
- 3- Paz Zarza, V. M.; Pantoja Durán, D. Islas; Martínez, J.; Solano Gálvez, S.; Bolado Hadad, R.; Mangwani Mordani, S.; Martínez Maldonado, A.; Peña Barreto, A. & Vázquez-López, R. (2021). Canine oral microbiota: A source of potentially pathogenic polyresistant bacteria. *Proceedings of Scientific Research Universidad Anáhuac. Multidisciplinary Journal of Healthcare*, 1(1), 14–21. <https://doi.org/10.36105/psrua.2021v1n1.02>