

ECOLOGIA MICROBIANA AMBIENTAL EN LA EXPLOTACION INDUSTRIAL
DEL CONEJO.

C. Lara Gargallo

Departamento de Patología Animal (Microbiología e Inmunología)
Facultad de Veterinaria. Universidad de Zaragoza.

INTRODUCCION

En el curso de los últimos años, la cunicultura ha experimentado en nuestro país un gran desarrollo, y lo que antes se consideraba como una actividad secundaria, ha pasado a ser un subsector de la ganadería con peso específico propio y en el que día a día se va mejorando en tecnificación y profesionalización.

Uno de los factores que ha influido en esta evolución ha sido el hecho de haberse comenzado a criar el conejo de forma intensiva, en explotaciones que poseen sistemas para controlar las condiciones ambientales en el interior de las naves utilizadas, como son la temperatura, humedad, iluminación, etc., y para ello, es necesario disponer de construcciones casi herméticamente cerradas, en las que todos estos factores pueden ser regulados mecánicamente, lo que provocará la instauración en esas explotaciones de un microbismo ambiental propio, que solo se modificará drásticamente cuando se realice un vacío sanitario.

Es precisamente con los microorganismos que forman parte del ambiente de estas naves con los que han de convivir los animales en ellas alojados, y su conocimiento y evolución a lo largo de un periodo de tiempo ha sido el objeto de la presente comunicación.

MATERIAL Y METODOS

Se ha estudiado la flora aerobia del ambiente en las naves de una explotación industrial situada en las proximidades de Zaragoza, tanto en su aspecto cuantitativo como cualitativo, durante un periodo de tiempo de 19 meses que abarcaban 6 estaciones climáticas consecutivas.

Para la toma de muestras empleamos un muestreador de aire SAS, que utiliza un método volumétrico de impacto para la captación de las bacterias presentes en el ambiente a estudiar.

El número de controles que realizamos a lo largo de la experiencia fue de 80, llevándolos a cabo siempre el mismo día de la semana y aproximadamente a la misma hora, a fin de que los trabajos rutinarios que se realizan en la nave no influyeran de manera decisiva en los resultados cuantitativos.

La nave estudiada, era de maternidad, en la que se alojaban machos, hembras y gazapos (éstos hasta el destete), siendo la densidad media de animales en la misma durante el tiempo que duró el muestreo de 2.500, que correspondían a 410 hembras, 50 machos y aproximadamente entre 1.800 a 2.000 gazapos.

Utilizamos como medio de cultivo el Plate Count Agar (Difco), el cual era distribuido en placas de Petri "Contact Plate".

El tiempo de muestreo que seleccionamos en el aparato SAS era de 20 segundos, y posteriormente las placas eran incubadas a 30°C durante 48 horas.

Realizados los recuentos, procedíamos posteriormente a la selección de las colonias para su estudio cualitativo, empleando para el mismo las técnicas comúnmente utilizadas en nuestro laboratorio.

RESULTADOS

Cuantitativamente, los resultados obtenidos se reflejan en

los siguientes cuadros:

PROMEDIO DE LOS RESULTADOS OBTENIDOS PARA CADA ZONA,
 TRAS REALIZAR LOS 80 MUESTREOS, EXPRESADOS EN U.F.C./m³ DE AIRE,
 AGRUPADOS POR ESTACIONES METEOROLOGICAS

ESTACION CLIMATICA	Aerobios viables		Enterobacterias	
	A	P	A	P
Invierno 1	3.550	3.350	533	480
Primavera 1	4.380	3.183	516	433
Verano 1	3.550	2.633	716	566
Otoño 1	5.233	5.650	716	616
Invierno 2	7.210	5.283	1.400	1.100
Primavera 2	4.866	4.450	1.316	916

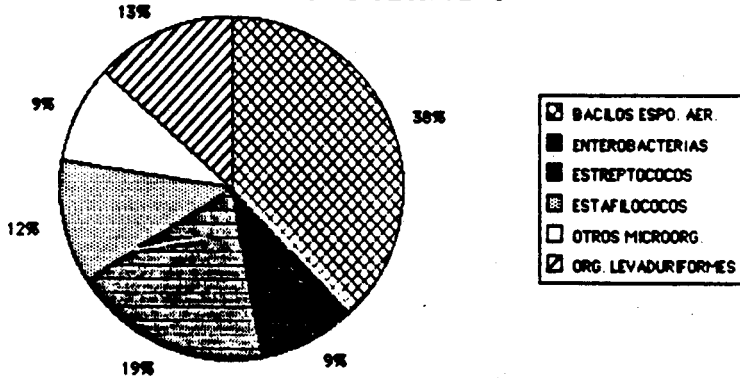
ESTACION CLIMATICA	Streptococos		Stafilococos	
	A	P	A	P
Invierno 1	2.000	1.416	1.666	1.383
Primavera 1	1.900	1.200	1.633	1.050
Verano 1	2.466	2.100	2.466	1.283
Otoño 1	2.500	2.066	3.450	4.050
Invierno 2	5.483	4.250	4.633	3.900
Primavera 2	3.333	2.666	3.283	2.400

Cualitativamente, los resultados obtenidos se reflejan en las siguientes tablas:

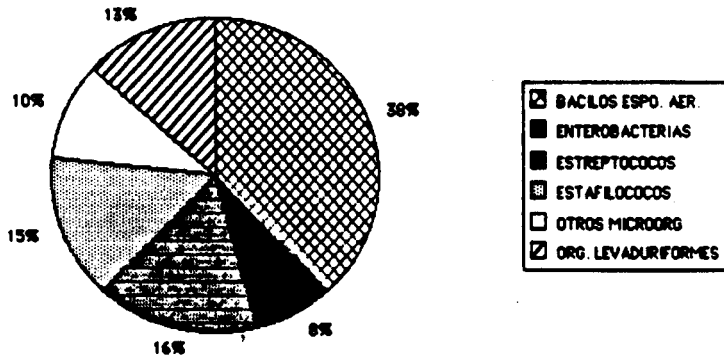
<u>Familia Enterobacteriaceae</u>	<u>Nº de veces aislado</u>	<u>% de aislamiento</u>
CITROBACTER FREUNDII	24	30
ENTEROBACTER SPP.*	64	80
EDWARSIELLA TARDA	1	1'25
ESCHERICHIA COLI	80	100
HAFNIA ALVEI	6	7
KLEBSIELLA OXYTOCA	1	1'25
SALMONELLA SPP.	10	12
SERRATIA MARCESCENS	1	1'25
SHYGELLA BOYDII	2	2'50
* ENTEROBACTER AEROGENES		
* ENTEROBACTER AGLOMERANS		
* ENTEROBACTER CLOACAE		
<u>Familia Bacillaceae</u>		
BACILLUS CEREUS var. MYCOIDES	80	100
BACILLUS LICHENIFORMIS	80	100
BACILLUS MEGATERIUM	80	100
BACILLUS PANTOTHENTICUS	80	100
BACILLUS POLIMYXA	60	75
<u>Familia Streptococcaceae</u>		
STREPTOCOCCUS Grupo III	80	100
<u>Familia Micrococcaceae</u>		
STAPHYLOCOCCUS EPIDERMIDIS	80	100
STAPHYLOCOCCUS AUREUS	35	43'75
<u>Otros microorganismos</u>		
ALCALIGENES FAECALIS	8	10
BORDETELLA SPP.	3	3'75
MORAXELLA SPP.	1	1'25
PASTEURELLA SPP.	7	8'75
PSEUDOMONAS SPP *	80	100
* PSEUDOMONAS AERUGINOSA		
* PSEUDOMONAS CEPACIA		
* PSEUDOMONAS DIMINUTA		
* PSEUDOMONAS FLUORESCENS		
* PSEUDOMONAS MALTOPHILLA		

FRECUENCIA DE AISLAMIENTO DE LOS MICROORGANISMOS ESTUDIADOS

INVERNO 1

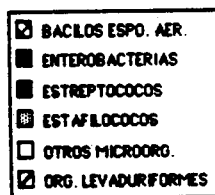
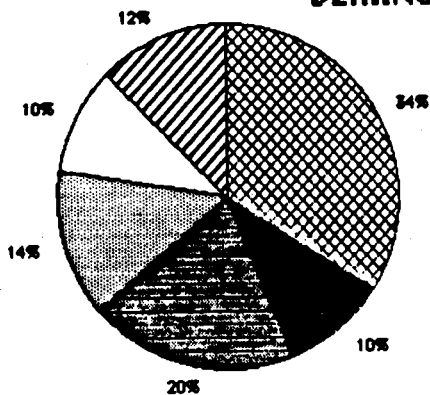


PRIMAVERA 1

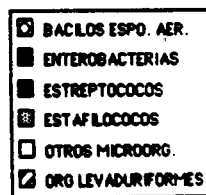
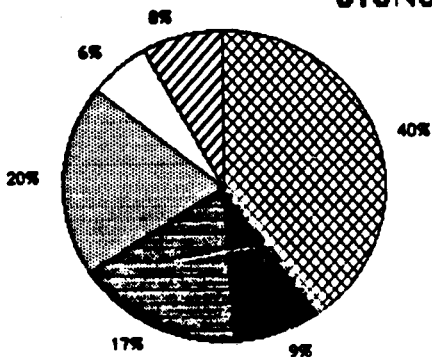


FRECUENCIA DE AISLAMIENTO DE LOS MICROORGANISMOS ESTUDIADOS

VERANO 1

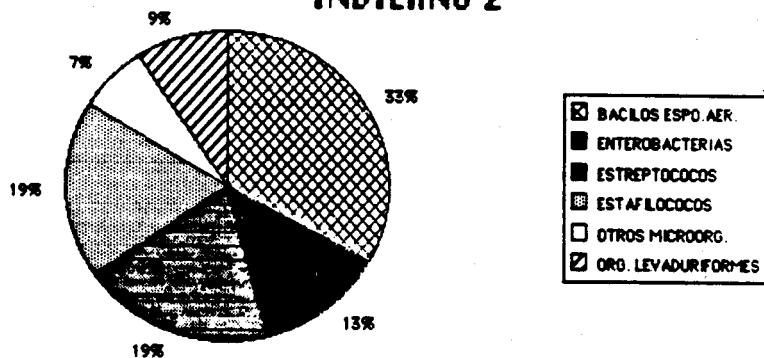


OTOÑO 1

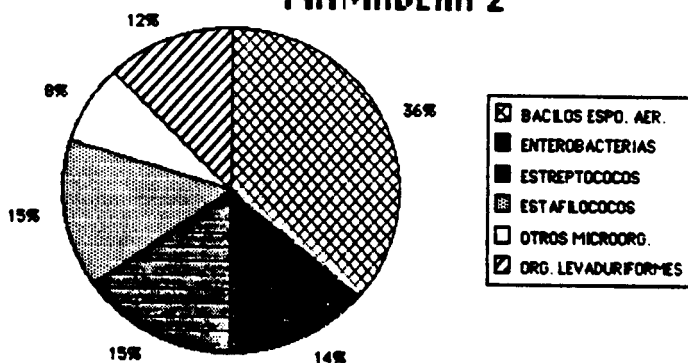


FRECUENCIA DE AISLAMIENTO DE LOS MICROORGANISMOS ESTUDIADOS

INVIerno 2



PRIMAVERA 2



DISCUSION

A lo largo de las 80 semanas en las cuales nosotros hemos controlado la carga microbiana ambiental, observamos un incremento de los microorganismos aerobios viables que se nos han desarrollado sobre el medio de cultivo utilizado, sufriendo éstos un notable descenso en los últimos muestreos realizados coincidentes con la última estación meteorológica analizada, aunque manteniéndose estos recuentos en valores absolutos superiores a los promedios que hemos contabilizado durante las tres primeras estaciones meteorológicas estudiadas.

MORISSE (1.977) analiza la carga microbiana ambiental en una explotación cunícola por el método gravimétrico, y aunque cuantitativamente los datos no son comparables con los obtenidos por nosotros, señala un incremento de dicha contaminación desde la zona de entrada del aire a la de salida.

Nuestros datos presentan una mayor concordancia con los expuestos por SUAREZ (1.976) cuando analiza la carga microbiana en explotaciones de aves y observamos similitud cuando afirma en la primera conclusión de su tesis doctoral, que la puerta de entrada constituye una fuente de contaminación microbiana reflejada fundamentalmente en el factor aéreo.

Los microorganismos de la familia Enterobacteriaceae se comportan de manera similar en lo referente a la evolución de los mismos a lo largo del tiempo de muestreo, incrementándose progresivamente, pero a diferencia de los restantes grupos de microorganismos analizados, el descenso detectado en los promedios obtenidos para este grupo bacteriano durante la última estación meteorológica muestreada, no es tan marcado como el detectado para los otros grupos, y además como ocurre en el caso de los Estreptococos el promedio de aislamientos obtenido en dicha estación meteorológica (Primavera 2) sobrepasa el promedio obtenido en las otras estaciones meteorológicas muestreadas con anterioridad, excepción hecha de los resultados de Invierno 2 que coinciden con los máximos alcanzados.

Los recuentos obtenidos para los grupos de microorganismos de los Estreptococos y Estafilococos, nos indican que constituyen la flora dominante junto con los bacilos esporulados aerobios, datos reflejados en las gráficas que recogen la frecuencia de aislamiento de los microorganismos. MORISSE (1.977) señala como microorganismos dominantes en la flora de la nave por él estudiada, también a estos dos grupos, incluyendo a los del género Pseudomonas. No indica en su estudio cualitativo a los microorganismos pertenecientes al género Bacillus, dato este que no concuerda con los obtenidos por nosotros en los cuales estas bacterias constituyen el grupo dominante de los aislados.

Comparando nuestros resultados con los obtenidos por diferentes autores en el estudio de la carga microbiana en explotaciones porcinas, observamos una concordancia cuando el muestreador empleado es de tipo volumétrico, y así, como señala METHLING (1981) Witek obtiene 298 UFC/l, Müller de 340 a 1.400 UFC/l, mientras que los resultados expresados cuando el procedimiento es la sedimentación presentan una gran discordancia con los obtenidos por nosotros, Raczkiwicz (1980), de 1.700 a 2.100 UFC/l; Kavenkin (1974) de 13 a 80 UFC/l.

La evolución de la carga microbiana ambiental que hemos obtenido a lo largo de nuestra experiencia, manifiesta una similitud con la evolución que señalan otros autores como LE BARS (1968), SUAREZ (1976), SAUTER y cols. (1980) en la que se observa que con el paso del tiempo la densidad microbiana aumenta cuantitativamente de forma progresiva, sin que por ello se detecte una relación directa con el incremento de procesos patológicos en los animales alojados. Se debe pensar, no obstante, que ese aumento debe de ser controlado mediante técnicas adecuadas de desinfección, al objeto de evitar que alcance un determinado nivel, e incluso que puedan acantonarse grupos bacterianos potencialmente patógenos, originando con ello el que puedan detectarse con más frecuencia procesos patológicos tanto de tipo respiratorio como digestivo, con lo cual se debería proceder a una limpieza total de la nave y posteriormente introducir animales con la debida garantía sanitaria para iniciar un nuevo ciclo de producción.

Dentro de los microorganismos de la familia Enterobacteria-

ceae detectados, el género Escherichia es el que presenta una mayor frecuencia de aislamiento, coincidiendo en este dato con SUAREZ (1976) y SAUTER y cols. (1980).

Los microorganismos del género Proteus no han sido aislados en ninguna de las muestras analizadas, dato coincidente con SUAREZ (1976), quizá debido a la dependencia nutritiva que presentan estos microorganismos, como señalan Arndt y Ritts citado por este mismo autor.

El género Neisseria es señalado en su estudio sobre el ambiente de una nave dedicada a la cría del conejo por MORISSE (1977), dato no concordante con nuestros resultados, ya que en todos los muestreos realizados no hemos obtenido ningún microorganismo perteneciente a este género.

El género Pseudomonas ha sido detectado con una frecuencia semejante a la que indican SAUTER y cols. (1980) para explotaciones avícolas.

Staphylococcus aureus es detectado por SAUTER y cols. (1980) con una frecuencia mayor que la obtenida por nosotros, quizá en función del tipo de animales alojados en las naves estudiadas.

RESUMEN

Se ha estudiado la flora aerobia del ambiente, tanto cuantitativa como cualitativamente de una nave dedicada a maternidad en una explotación de tipo industrial (con condiciones ambientales en su interior controladas) a lo largo de 19 meses, observando un incremento de las bacterias que constituyen dicha flora con el paso del tiempo y detectándose una ligera disminución al modificarse las condiciones de ventilación por aumento de la temperatura exterior.

Los bacilos aerobios esporulados representan el grupo mayoritario de esa flora, oscilando entre el 33 y 40% según la estación climática considerada; los Estreptococos oscilan entre el 15 y 20%; los Estafilococos entre el 12 y 20% y las Enterobacterias entre el 8 y 14%.

Consideramos como flora autóctona de dicha nave a Escherichia coli, Bacillus spp., Streptococcus spp., Staphylococcus epidermidis y Pseudomonas spp. ya que han sido detectados en todos los muestreos realizados.

BIBLIOGRAFIA

Le Bars J. Dynamique de la pollution bactérienne et fongique de l'atmosphère des locaux d'élevage en aviculture. Rech Vet 1968; 10: 141-166.

Methling W, Mehlhorn G, Beer K, et al. Quantity and quality of microbial air contamination in pigsties of breeding farms. Monatsh Veterinar Med 1981; 36: 732-739.

Morisse JP, Bodolec JL, Andrieux J. Etude des relations entre pathologie respiratoire et environnement dans un élevage de reproduction de lapins de chair. Rec Med Vet 1977; 153: 915-922.

Sauter EA, Petersen CF, Steele EE, Parkinson JF, Dixon JE, Stroh RC. The airborne microflora of poultry houses. Poul Sci 1981; 60: 569-574.

Suarez S. Ecosistema de las explotaciones avícolas. Variaciones de la flora aerobia con especial referencia a Enterobacteriaceae. Tesis Doctoral, Zaragoza 1976.

