

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y GENOTÍPICA DE LA RESISTENCIA BACTERIANA EN MICROORGANISMOS AISLADOS DE MASTITIS BOVINA DE DIFERENTES CUENCAS LECHERAS DE ARGENTINA

PHENOTYPIC AND GENOTYPIC CHARACTERIZATION OF BACTERIAL RESISTANCE IN MICROORGANISM ISOLATED FROM BOVINE MASTITIS FROM DIFFERENT MILK PRODUCING AREAS IN ARGENTINA

Investigadoras USAL:

Lucas, Mariana (mariana.lucas@usal.edu.ar); Bosco Borgeat, María Eugenia;
Marchetti, María Laura; Stempler, Ana; Araujo, Laura Emilia; Muñoz, Alejandra Jimena

Investigadora externa:

Mestorino, Olga Nora

Alumno practicante USAL:
Sbrocco Pérez, Federico Leandro

Palabras clave: mastitis bovina, antibióticorresistencia, vigilancia de antibióticorresistencia

Keywords: *bovine mastitis, antibiotic resistance, antibiotic-resistance surveillance*

Resumen

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) es causa de preocupación mundial. La Organización Mundial de la Salud (OMS), en colaboración con la Organización Mundial de Sanidad Animal (OMSA) y la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO), publicaron en 2015 un plan de acción que incluye, entre sus cuatro objetivos principales, reforzar el conocimiento sobre la RAM a través de la vigilancia y la investigación. Controlar microorganismos aislados de animales destinados a producción de alimentos es fundamental y en este contexto hemos desarrollado una línea de investigación vinculada al área de producción lechera, mastitis y RAM. Inicialmente nuestros estudios se centraron en la identificación fenotípica de RAM en *Streptococcus aureus* (*S. aureus*) aislados de mastitis bovina, microorganismo contagioso cuya resistencia es preocupante desde la concepción de “una sola salud”. Sin embargo, otros agentes han cobrado importancia en las últimas décadas debido al aumento de su prevalencia. Entre estos se destaca *Streptococcus uberis*, y aunque a la fecha no se han descrito casos de resistencia a penicilina, la reducción de la sensibilidad a los antibióticos es un dato que resulta de interés para la comunidad científica y el campo de aplicación. Entre las bacterias coliformes aisladas, *Escherichia coli* (*E. coli*) es la de mayor frecuencia en casos de mastitis, y los reportes de resistencia y expresión de betalactamasas de espectro extendido (BLEE/AmpC) ponen de manifiesto la importancia de incluir aislamientos de *E. coli* en el estudio de esta problemática. Paralelamente, resulta de gran interés el estudio de los genes

responsables de la expresión de los fenotipos de resistencia. Si bien existen diversos estudios de caracterización molecular de aislamientos de mastitis en distintos países, son escasos los datos a nivel nacional. El objetivo general del proyecto es evaluar la RAM en *S. aureus*, *S. uberis* y *E. coli* causantes de mastitis bovina en tambos de Argentina, detectar diferentes fenotipos de resistencia bacteriana y complementar nuestros resultados con el análisis genotípico de *S. aureus*. El propósito final es diseñar un mapa de resistencia de las 3 especies bacterianas en estudio para aportar a la vigilancia de la RAM en bacterias de interés en producción animal y salud.

Abstract:

*Antimicrobial resistance (AMR) is a cause of global concern. The World Health Organization (WHO) in collaboration with the World Organization for Animal Health (WOAH) and United Nations Food and Agriculture Organization (FAO), published in 2015 an action plan that includes, among its four main objectives, reinforcing knowledge about AMR through surveillance and research. Controlling isolated microorganisms from animals destined for food production is essential and, in this context, we have developed a line of research linked to the area of milk production, mastitis and RAM. Initially, our studies focused on the phenotypic identification of AMR in *Streptococcus aureus* (*S. aureus*) isolated from bovine mastitis. *S. aureus* is a contagious microorganism whose resistance is alarming in terms of “one health”. However, other mastitis-causing microorganisms have gained importance in recent decades due to its increased prevalence. One of these is *Streptococcus uberis* (*S. uberis*) because, although up to now there are no isolations resistant to penicillin, the susceptibility reduction against this antibiotic, as well as to others frequently used in therapy, represents interesting data to the scientific community and the field of application. On the other hand, among the isolated coliform bacteria, *Escherichia coli* is the most frequent bacteria isolated in mastitis. Due to the increasing importance of resistance and the expression of extended spectrum beta-lactamases (ESBL/AmpC), it is necessary to include *E. coli* isolates in this project. Another interesting fact is to know the genes that are responsible for the expression of the resistance phenotypes found. Although there are various studies of molecular characterization of mastitis isolates in different countries, there is little data in our country. The general objective of the project is to evaluate the AMR in *S. aureus*, *S. uberis* and *E. coli* that cause bovine mastitis in cattle from Argentina, detect different phenotypes of bacterial resistance and complement our results with the genotypic analysis of *S. aureus*. The final purpose is to design a resistance map of the three bacterial species studied to contribute to the surveillance of antibiotic resistance in bacteria of interest in animal production and health.*