

CARACTERIZACIÓN GENOTÍPICA DE LA RESISTENCIA A LOS ANTIMICROBIANOS EN *S. AUREUS* CAUSANTES DE MASTITIS BOVINA EN ARGENTINA

*GENOTYPIC CHARACTERIZATION OF ANTIMICROBIAL RESISTANCE IN *S. AUREUS* CAUSING BOVINE
MASTITIS IN ARGENTINA*

Investigadoras USAL:

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

Investigadora Externa:

Mestorino, Olga Nora

Alumno USAL:

Giammona Gallart, Lucas

Palabras clave: mastitis bovina, *Staphylococcus aureus*, antibióticorresistencia

Keywords: bovine mastitis, *Staphylococcus aureus*, antibiotic resistance

Resumen

Staphylococcus aureus es uno de los principales agentes causales de mastitis bovina, la enfermedad con mayor impacto económico sobre la industria lechera a nivel mundial. Se caracteriza por su capacidad de evadir la respuesta inmune del hospedador y resistir al efecto de los antimicrobianos, provocando infecciones persistentes de presentación clínica o subclínica crónica y recidivante. La caracterización fenotípica y genética de los microorganismos aislados a partir de animales vinculados a la producción de alimentos es de interés fundamental en el marco de “Una Salud”. Bajo este concepto, *S. aureus* se encuentra dentro de las bacterias con mayor relevancia y cuya resistencia a los antimicrobianos es especialmente preocupante. Desde el año 2013, nuestra investigación se ha centrado en la identificación fenotípica de la antibióticorresistencia en aislamientos provenientes de mastitis bovina. A la fecha se han hallado, mediante métodos cualitativos, *S. aureus* resistentes a diferentes grupos de antimicrobianos. Sin embargo, es necesario complementar la información obtenida a través de estudios genéticos que expliquen los perfiles encontrados. Si bien existen numerosos reportes internacionales que incluyen la caracterización molecular de aislamientos provenientes de mastitis bovina, son escasos los datos a nivel nacional. En consecuencia, los objetivos generales de la propuesta son caracterizar genotípicamente la resistencia antimicrobiana de *S. aureus* causantes de mastitis bovina, provenientes de establecimientos lecheros de Argentina, y evaluar la relación existente entre los parámetros farmacodinámicos (CMI y CBM) y los genotipos de resistencia hallados.

Abstract

Staphylococcus aureus is one of the main causal agents of bovine mastitis, which has the greatest economic impact on the dairy industry worldwide. Characterized by its ability to evade the host's immune response and to resist the effect of antimicrobials, this microorganism causes persistent infections with chronic and recurrent clinical or subclinical presentation. The phenotypic and genetic characterization of microorganisms isolated from animals linked to food production, is of fundamental interest within the context of "One Health". Under this concept, *S. aureus* is among the most relevant bacteria and whose antibiotic resistance is especially worrying. Since 2013, our research has focused on the phenotypic identification of antibiotic resistance in isolates causing bovine mastitis. Consequently, to date, *S. aureus* that are resistant to different groups of antibiotics have been found using qualitative methods. However, it is highly relevant to complement the information obtained through genetic studies. Although there are numerous international reports that include the molecular characterization of isolations from bovine mastitis, there are few national reports. Consequently, the general objective is to perform the genetic characterization of the antimicrobial resistance in *S. aureus* causing bovine mastitis and whose origin is in dairy farms of Argentina, and to evaluate the relationship between the pharmacodynamic parameters (MIC and MBC) and the resistance genotypes found.