



**Universidad  
Nacional  
Villa María**

**Biblioteca Central "Vicerrector Ricardo A. Podestá"**  
Repositorio Institucional

# **Caracterización genética de aislamientos de *Staphylococcus aureus* provenientes de mastitis bovina en Córdoba**

---

Año  
2019

Autores

Egea, Ana L.; Barcudi, Danilo; Breser,  
María; Felipe, Verónica; Bocco, José L.;  
Porporato, Carina y Sola, Claudia

Este documento está disponible para su consulta y descarga en el portal on line de la Biblioteca Central "Vicerrector Ricardo Alberto Podestá", en el Repositorio Institucional de la **Universidad Nacional de Villa María**.

## CITA SUGERIDA

Egea, A. L., [et al.] (2019). *Caracterización genética de aislamientos de *Staphylococcus aureus* provenientes de mastitis bovina en Córdoba*. 1ra JONAS. Jornada Nacional de Agroalimentos y Sustentabilidad : memorias de la jornada nacional de agroalimentos y sustentabilidad (JoNAS) - Resumen. Villa María: Universidad Nacional de Villa María



Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución 4.0 Internacional



Universidad  
Nacional  
Villa María

Instituto Académico  
Pedagógico de Ciencias  
Básicas y Aplicadas

1° JONAS  
Jornada Nacional  
de Agroalimentos  
y Sustentabilidad

## CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE AISLAMIENTOS DE *Staphylococcus aureus* PROVENIENTES DE MASTITIS BOVINA EN CÓRDOBA

Egea, Ana L.<sup>1</sup>, Barcudi, Danilo<sup>1</sup>; Breser María<sup>2,3</sup>; Felipe Verónica<sup>2,3</sup>; Bocco José L.<sup>1</sup>; Porporato Carina<sup>2,3</sup>; Sola Claudia<sup>1</sup>

1- Centro de Investigaciones en Bioquímica Clínica e Inmunología (CIBICI-CONICET). Universidad Nacional de Córdoba.

2- Instituto Académico Pedagógico de Ciencias Básicas y Aplicadas, Universidad Nacional Villa María.

3- Centro de Investigaciones y Transferencia de Villa María (CITVM-CONICET), Universidad Nacional Villa María.

Correo electrónico: cporporatto@unvm.edu.ar

*Staphylococcus aureus* es un patógeno responsable de infecciones graves asociadas al hospital y a la comunidad, en los seres humanos y también de infecciones del ganado lechero con un impacto considerable en la economía del sector lácteo. Estas bacterias tienen la capacidad de adquirir resistencia a los antibióticos, emergiendo así cepas de *S. aureus*, resistentes a meticilina (MRSA), y el control de su diseminación es uno de los principales objetivos en salud pública a nivel mundial. El aumento en el número de infecciones por MRSA asociadas a la comunidad ha dado lugar a estudios tendientes a evaluar el origen de estas cepas y las bases que determinan su mayor virulencia. El objetivo del presente trabajo fue realizar la caracterización molecular y determinar la resistencia a los antimicrobianos de aislamientos de *S. aureus* bovinos, con el fin de determinar los linajes diseminados en el ganado y su relación con aquellos que producen infecciones en humanos. Se estudiaron 130 aislamientos bovinos de *S. aureus* provenientes de 14 establecimientos de la provincia de Córdoba, obtenidos y caracterizados previamente por el grupo. Se analizó la susceptibilidad a los antimicrobianos por difusión en disco y amplificación de los genes *mecA/C* y *ermA/C* por reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Se detectó 100% de susceptibilidad a Cefoxitina, Oxacilina, Ciprofloxacina, Tetraciclina y Gentamicina y PCR *mecA/C* negativa, confirmando la susceptibilidad a  $\beta$ -Lactámicos y 5% (7/130) de resistencia a Eritromicina-Clindamicina y PCR/*ermC* positiva, verificando la resistencia por MLS<sub>bi</sub> (resistencia a macrólidos, lincosamidas y estreptograminas B inducible). En una muestra representativa (n: 35) se efectuó la caracterización molecular por electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE) (pulsotipo), tipificación de la proteína A (*spaA* typing) (t) y tipificación multilocus de secuencias del DNA (MLST), y se infirió el tipo secuencial (ST)/Complejo Clonal (CC). El 40% de las cepas pertenecieron al CC97: t267(n: 12), t1190(n:1) y t2844(n:1). Se detectaron 11 genotipos y el 68% de los aislamientos estuvieron representados por dos principales: 1-DD-t267 (34%, n: 12) y 2-DDO-t17743 (34%, n:12). El genotipo DD-t267, pertenece al CC97, fue el único genotipo resistente a macrólidos y lincosaminas en el 25% (3/12) de los aislamientos. Además, se detectó una distribución clonal de las cepas en los diferentes establecimientos, lo que avala la transmisión dentro de los mismos. Los resultados sugieren el salto evolutivo, del linaje DD-t267-CC97, desde el ganado bovino al hombre con alta capacidad de diseminación en Argentina, siendo el ganado un posible reservorio de genotipos resistentes a los antimicrobianos.



**Universidad  
Nacional  
Villa María**

Instituto Académico  
Pedagógico de Ciencias  
**Básicas y Aplicadas**

**1º JONAS**  
Jornada Nacional  
de Agroalimentos  
y Sustentabilidad

**Área temática:** salud animal

**Preferencia de exposición:** póster