

PERFIL DE RESISTENCIA ANTIMICROBIANA DE *Staphylococcus pseudintermedius* RESISTENTES A METICILINA, AISLADOS DE DERMATITIS CANINA. RESULTADOS PRELIMINARES.

Colombatti Olivieri MA¹, Smith V¹, Moreira J¹, Mas J², Srednik ME¹ E-mail: mcolombatti@fvvet.uba.ar

¹Universidad de Buenos Aires, Fac. de Cs. Veterinarias. Cátedra de Microbiología. ² Director Técnico de Laboratorio Diagnostest, El Palomar, Buenos Aires, Argentina.

INTRODUCCIÓN

Staphylococcus pseudintermedius es el patógeno oportunista más común en perros, relacionado frecuentemente a piodermias. Los aislamientos *S. pseudintermedius* resistentes a metilicina (SPRM) están asociados con la portación del gen *mecA*, que codifica una proteína (PBP2a) con baja afinidad por los antibióticos beta-lactámicos. La incidencia de SPRM ha aumentado significativamente en todo el mundo y se ha convertido en un problema importante debido a la resistencia a múltiples fármacos (MDR), además del riesgo potencial de transmisión zoonótica.

OBJETIVO

Determinar los perfiles de sensibilidad antimicrobiana y genes de resistencia en SPRM aislados de muestras clínicas de piel de caninos en la región de Área Metropolitana de Buenos Aires (AMBA)

MATERIALES & MÉTODOS

Se analizó un total de n=52 estafilococos coagulasa-positivos (ECP) aislados de muestras clínicas de dermatitis canina, obtenidos de un laboratorio de diagnóstico veterinario de la Provincia Buenos Aires. Los aislamientos se identificaron por pruebas bioquímicas convencionales y pruebas moleculares mediante la determinación del gen *nuc*. Se determinó la sensibilidad antimicrobiana por el método de difusión con monodiscos de penicilina (PEN), oxacilina (OXA), clindamicina (CLI), eritromicina (ERY), además de gentamicina (GEN), rifampicina (RIF), cloramfenicol (CLO), tetraciclina (TET), doxamicina (DO), trimetoprim/sulfametoxazol (TMS) (CLSI, VET01S, 2020) y ciprofloxacina (CIP) (CLSI, M100, 2020) en los aislamientos SPRM. Se realizó el *D-test* para determinar la resistencia inducible a clindamicina (MLS_i) y PCR de los genes *mecA*, *bla_Z*, *ermB*, *ermC* y *mrsA*.

RESULTADOS

Del total de aislamientos ECP, 50 pertenecieron al grupo *S. intermedius* (SIG), de los cuales 26 fueron identificados como **SPRM (52%)**. La Figura 1 resume los porcentajes de resistencia a los diferentes antimicrobianos (ATM) utilizados. Entre los SPRM, el 46,15% fueron multi-resistentes (MDR), el mismo porcentaje (46,15%) presentó resistencia extendida (XDR) y ningún aislamiento presentó pan-resistencia (PDR) (Figura 2). El perfil de resistencia más frecuente resultó ser: OXA-PEN-CLI-ERY-TMS-CIP en el 30,8% de los aislamientos (Tabla 1), y uno de ellos mostró MLS_i (Foto 1). Todos los aislamientos SPRM fueron **positivos al gen *mecA***. Además, todos los que eran resistentes a PEN fueron positivos para el **gen *bla_Z*** y los que eran resistentes a CLI y/o ERY también fueron positivos al **gen *ermB***, pero negativos para *ermC* y *mrsA*.

Figura 1: Resistencia a los diferentes ATM

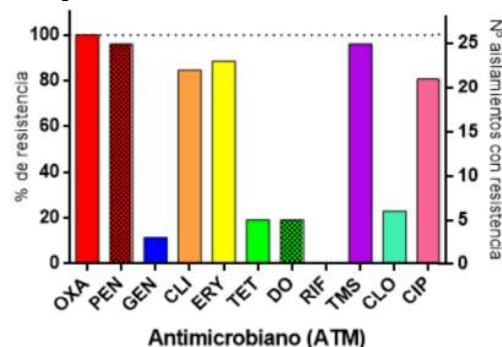


Foto 1: *D-test*



Figura 2: Resistencia según n° grupos de ATM

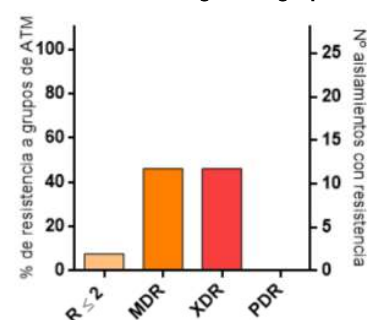


Tabla 1: Perfiles de resistencia de las cepas SPRM (una cepa mostró resistencia a CLI por MLS_i)

N° ATM	N° grupos ATM	Perfiles de resistencia a antimicrobianos (ATM)	N° cepas (%)
2	2	OXA-TMS	1 (3,85)
3	2	OXA-PEN-TMS	1 (3,85)
5	4	OXA-PEN-CLI-ERY-TMS	1 (3,85)
5	4	OXA-PEN-CLI-ERY-CLO	1 (3,85)
5	4	OXA-PEN-ERY-TMS-CIP	1 (3,85)
6	5	OXA-PEN-CLI-ERY-TMS-DO	1 (3,85)
6	5	OXA-PEN-CLI ¹ -ERY-TMS-CIP	8 (30,77)
7	6	OXA-PEN-CLI-ERY-TMS-CIP-GEN	3 (11,53)
7	6	OXA-PEN-CLI-ERY-TMS-CIP-CLO	5 (19,23)
8	6	OXA-PEN-CLI-ERY-TMS-CIP-TET-DO	4 (15,37)

CONCLUSIONES

Los SPRM representan una amenaza potencial tanto para la salud pública como veterinaria. En nuestro estudio, **mas de la mitad de los aislamientos fueron SPRM, de los cuales el 92,3% fueron MDR o XDR**. Esta información es importante para mejorar nuestro conocimiento sobre la prevalencia de aislamientos resistentes que comprometen las posibilidades terapéuticas disponibles.