

Perfil de resistencia antimicrobiana de *Staphylococcus pseudintermedius* resistentes a meticilina, aislados de dermatitis canina

Resultados preliminares

MARÍA ALEJANDRA COLOMBATTI OLIVIERI¹, VIRGINIA SMITH¹, JEREMÍAS MOREIRA¹, JAVIER ALEJANDRO MAS² Y MARIELA ELIZABETH SREDNIK¹

¹ Cátedra de Microbiología, Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad de Buenos Aires (UBA). Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina

² Director técnico del Laboratorio Diagnotest. El Palomar, Buenos Aires, Argentina

mcolombatti@fvet.uba.ar

Staphylococcus pseudintermedius es el patógeno oportunista más común en perros, relacionado frecuentemente a piodertrias. Los aislamientos *S. pseudintermedius* resistentes a metilicina (SPRM) están asociados con 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. El objetivo de este estudio fue determinar los perfiles de sensibilidad antimicrobiana y genes de resistencia en SPMR aislados de muestras clínicas de piel de caninos en la región de Área Metropolitana de Buenos Aires (AMBA). 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), doxaciclina (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 (MLSi) y PCR de los genes *mecA*, *blaZ*, *ermB*, *ermC* y *mrsA*. Del total de aislamientos ECP, 50 pertenecieron al grupo *S. intermedius* (SIG), de los cuales 26 fueron identificados como SPRM. Entre los SPRM, n=12 (46,15 %) fueron MDR, y n=12 (46,15 %) presentaron resistencia extendida (XDR). El perfil de resistencia más frecuente resultó ser: PEN, OXA, FOX, CIP, CLI, ERY, TMS en 8 (30,8 %) aislamientos, y uno de ellos mostró MLSi. Todos los aislamientos SPRM fueron positivos a los genes *mecA*, *blaZ* y *ermB*. Los SPRM representan una amenaza potencial tanto para la salud pública como veterinaria. En nuestro estudio, casi la mitad de los aislamientos fueron MDR, y más del 45 % XDR. Esta información es importante para mejorar nuestro conocimiento sobre la prevalencia de aislamientos resistentes que comprometen las posibilidades terapéuticas disponibles.

Palabras clave: *Staphylococcus pseudintermedius*, resistencia antimicrobiana, resistencia a meticilina.