

11/2014

Estudio del microorganismo *Staphylococcus aureus* presente en fauna salvaje



Un trabajo ha analizado más de 2.000 muestras de diferentes especies de fauna salvaje para estudiar el microorganismo *Staphylococcus aureus*, que causa enfermedades como neumonías e infecciones del torrente sanguíneo y que ha desarrollado resistencia frente a antibióticos. Los resultados del estudio indican que los tipos más frecuentes de este microorganismo son específicos para las distintas especies animales que los hospedan y son resistentes a un determinado antibiótico, si bien la mayoría fueron sensibles a todos los antibióticos probados.

Staphylococcus aureus es un microorganismo que se encuentra habitualmente en animales y personas en las fosas nasales, la garganta y la piel, pero también es el agente causante de enfermedades, tales como neumonías e infecciones del torrente sanguíneo. La importancia de este tipo de microorganismos radica en la existencia de resistencias frente a los antibióticos y las limitadas opciones de tratamiento en salud pública. Dichas resistencias se han encontrado en animales domésticos pero también están presentes en la fauna salvaje.

En el presente artículo se han analizado muestras de diferentes especies de fauna salvaje para evaluar la diversidad genética y los genotipos predominantes de *Staphylococcus aureus* sensible a la meticilina (MSSA). Se tomaron 2.230 muestras de piel y/o de fosas nasales de 40 buitres leonados, 157 cabras monteses, 54 ciervos y 713 jabalíes capturados con jaulas trampa o procedentes de la actividad cinegética de 10 provincias diferentes de España entre marzo de 2009 y noviembre de 2011.

La proporción de portadores de MSSA fueron 5,00% en buitre, 22,93% en cabra montés, 19,78% en ciervo y 17,67% en jabalí y la mayor parte de los aislamientos fueron realizados a partir de muestras nasales (78,51%) respecto a la piel (21,49%). En cuanto a la identificación molecular, se identificaron 63 tipos diferentes mediante la tipificación spa a partir del gen de la proteína A de *Staphylococcus aureus*, incluyendo 25 nuevos tipos. Los más comunes fueron T528 (43,59%) en cabra montés, T548 y T11212 (15,79% y 14,04%) en ciervos y T3750 (36,11%) en jabalíes. Mediante la tipificación de la secuenciación de varios alelos (*Multilocus sequence typing* – MLST), se detectaron 27 tipos, de los cuales 12 no habían sido descritos previamente. Las más frecuentes fueron ST581 en cabra montés (48,72%), ST425 en ciervo (29,82%) y ST2328 en jabalí (42,36%). Los aislados de buitre leonado pertenecieron a ST133.

Se ha observado especificidad de hospedador para los tipos más frecuentes y mostraron resistencia contra bencilpenicilina, aunque la mayoría de los *S. aureus* aislados fueron sensibles a todos los antibióticos probados. Aunque el origen de esta resistencia es desconocida, estudios anteriores han demostrado que está ampliamente diseminada en los animales de producción y en las personas.

Santiago Lavín

Santiago.Lavin@uab.cat

Referencias

Porrero, M. Concepción; Mentaberre, Gregorio; Sánchez, Sergio; Fernández-Llario, Pedro; Casas-Díaz, Encarna; Mateos, Ana; Vidal, Dolors; Lavín, Santiago; Fernández-Garayzábal, José-Francisco; Domínguez, Lucas. *Carriage of Staphylococcus aureus by Free-Living Wild Animals in Spain*. Applied and Environmental Microbiology 80(16):4865-4870. 2014. doi: 10.1128/AEM.00647-14.

[View low-bandwidth version](#)