

T-6

Antibioresistencia en el contexto *One Health*: el caso de *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (SARM)

Carmen Torres Manrique

Departamento de Agricultura y Alimentación, Universidad de La Rioja, Logroño. Coordinadora del Grupo de Investigación Resistencia a los Antibióticos desde la Perspectiva *OneHealth* (OneHealth-UR).
carmen.torres@unirioja.es

La resistencia de las bacterias a los antibióticos es un problema que preocupa a las autoridades científicas y sanitarias, y que la Organización Mundial de la Salud (OMS) considera como uno de los retos más relevantes para la salud pública global. La resistencia a los antibióticos, que ha aumentado enormemente en los últimos años, compromete el tratamiento de las infecciones tanto en medicina humana como en veterinaria, y asimismo pone en riesgo muchos de los últimos avances de la medicina moderna, que requiere el uso profiláctico de los antibióticos. Por otro lado, cada vez es más evidente que el estudio de la resistencia a los antibióticos debe hacerse desde la perspectiva *OneHealth* que engloba a los ecosistemas humano, animal y ambiental, ya que están interconectados.

Staphylococcus aureus es un microorganismo comensal en el hombre y en muchos animales, pero también es un importante patógeno oportunista que puede estar implicado en numerosas infecciones. La resistencia a meticilina en *S. aureus* (cepas SARM), implica resistencia a casi todos los antibióticos beta-lactámicos y representa un grave problema clínico, asociado a infecciones en el ámbito hospitalario y también en el comunitario. El mecanismo de resistencia implicado en la mayoría de los casos es *mecA*, codificante de la proteína fijadora de penicilina PBP2a. Desde el año 2005 se ha evidenciado la existencia de variantes de SARM que están asociadas al ámbito animal, y muy especialmente a animales de granja (denominadas SARM-AG) y que están teniendo un gran impacto en salud pública. Una de las líneas genéticas más relevantes dentro de SARM-AG es la denominada ST398, asociada fundamentalmente a ganado porcino, aunque también se puede detectar en otros animales de producción, e incluso se puede encontrar en animales de vida libre o en muestras ambientales (aire del entorno de las granjas, aguas residuales). Asimismo, se ha detectado con frecuencia SARM-CC398 en muestras de alimentos de origen animal, principalmente en derivados del cerdo. La línea genética SARM-ST398 puede colonizar y causar infecciones en el ser humano, especialmente en personas con contacto profesional con animales de granja (generalmente cerdos). Esta línea genética es especialmente frecuente en hospitales localizados en

zonas geográficas con alta densidad de ganado porcino, lo que plantea distintas vías de diseminación, además del contacto directo con los animales. El estudio de SARM-AG en los entornos humano, animal y ambiental supone un modelo importante para comprender la dimensión del abordaje *OneHealth* y será analizado a través de las investigaciones sobre SARM ST398 llevadas a cabo por el grupo de investigación OneHealth-UR de la Universidad de La Rioja; asimismo, se analizará la situación en otros países.

Por otro lado, en el año 2011 se describió un nuevo mecanismo de resistencia a meticilina en *S. aureus*, denominado *mecC*, que codifica la proteína PBP2c. Las cepas SARM con el mecanismo *mecC* se detectaron inicialmente en ganado bovino y en personas del entorno ganadero en UK. En los años siguientes se detectaron cepas SARM-*mecC* esporádicamente en otros animales de consumo y en casos infrecuentes de infecciones en humanos. Sin embargo, numerosas publicaciones han puesto de manifiesto la detección más frecuente de este tipo de cepas en distintos animales de vida libre (erizo, ciervos, ratones de campo, buitres, etc). Se presentarán datos relativos a SARM-*mecC* obtenidos tanto por el grupo de investigación OneHealth-UR como por otros grupos de investigación que permitirán analizar aspectos evolutivos de este linaje en la interfaz animal-hombre-ambiente.