



## VARIACIÓN GENÉTICA DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS EN VACAS LECHERAS DEL ESTADO DE JALISCO.

Martha Alicia Castañeda Vazquez<sup>1</sup>, Erika Patricia Salas Castañeda<sup>1</sup>, Hugo Castañeda Vazquez<sup>1</sup>, Francisco Javier Padilla Ramírez<sup>2</sup>, José Alberto Camacho Palafox<sup>2</sup> y Carlos Bedolla Cedeño<sup>3</sup>

1 Laboratorio de Mastitis y Diagnóstico Molecular, CUCBA, UdG, 2 Maestría Interinstitucional en Producción Pecuaria, CUCBA, UDG, 3 Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo. arcoiris2565@hotmail.com

Un problema frecuente en los sistemas de producción láctea es la mastitis bovina, la cual ocasiona disminución en la producción y calidad de la leche. *Staphylococcus aureus* es considerado un patógeno principal de ésta enfermedad, se propaga fácilmente y posee una gran cantidad de genes que le confieren sus características patogénicas.

Los estudios de tipificación genética basados en la variabilidad genica de la bacteria proporcionan datos importantes para el control de su diseminación. Mediante la técnica de electroforesis de campos pulsados (PFGE) se obtiene una buena representación de todo el cromosoma bacteriano, es una técnica de genotipificación utilizada para separar moléculas de ADN genómico completo después de una macrorestricción. El objetivo del presente trabajo fue determinar la variación genética de *Staphylococcus aureus* de vacas lecheras del estado de Jalisco. Se muestrearon 335 vacas de 27 establos de 10 municipios de Jalisco (1,325 muestras de leche). La identificación de cepas de *Staphylococcus aureus* se realizó en el Laboratorio de Mastitis y Diagnóstico Molecular del CUCBA de la Universidad de Guadalajara mediante las características en cultivo y pruebas bioquímicas y la comprobación molecular por PCR. Para determinar la variación genética se utilizó la técnica de electroforesis de campos pulsados (PFGE).

En los resultados se registró prevalencia de *Staphylococcus aureus* en 9.8% del total de las muestras. Se obtuvo un porcentaje de similitud genética del 85.1% y con variación genética del 14.9%. Las 32 cepas analizadas se agruparon en 12 perfiles genéticos con 95% o más de similitud. Los resultados obtenidos con las cepas aisladas nos demuestran la diversidad en la genética de cepas de *Staphylococcus aureus*. El conocimiento de la variabilidad genética puede ayudar en la aplicación de medidas preventivas y tratamientos más eficaces, pues permite la identificación de los factores de virulencia específicos de la bacteria asociados con la mastitis.