

Epidemiología de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina con enfoque “Una Sola Salud”

Epidemiology of Methicillin-Resistant Staphylococcus aureus with a “One Health” Approach

- ¹ Jeremy Leonel Sangucho Suntasig  <https://orcid.org/0009-0003-0979-3975>
Universidad Técnica de Ambato (UTA), Ambato, Ecuador.
Carrera de Laboratorio Clínico, Facultad de Ciencias de la Salud
jsangucho2593@uta.edu.ec
- ² Ana Rafaela Burgos Mayorga  <https://orcid.org/0000-0001-9676-1952>
Universidad Técnica de Ambato (UTA), Ambato, Ecuador.
Carrera de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias Agropecuarias
ar.burgos@uta.edu.ec
- ³ Sandra Margarita Cruz Quintana  <https://orcid.org/0000-0002-8510-1294>
Universidad Técnica de Ambato (UTA).
sm.cruz@uta.edu.ec
- ⁴ Evelyn Katherine Jaramillo Ruales  <https://orcid.org/0000-0002-1638-0031>
Universidad Técnica de Ambato (UTA), Ambato, Ecuador.
Carrera de Laboratorio Clínico, Facultad de Ciencias de la Salud.
ek.jaramillo@uta.edu.ec



Artículo de Investigación Científica y Tecnológica

Enviado: 14/04/2025

Revisado: 18/05/2025

Aceptado: 19/06/2025

Publicado: 02/07/2025

DOI: <https://doi.org/10.33262/anatomiadigital.v8i3.3421>

Cítese: Sangucho Suntasig, J. L., Burgos Mayorga, A. R., Cruz Quintana, S. M., & Jaramillo Ruales, E. K. (2025). Epidemiología de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina con enfoque “Una Sola Salud”. *Anatomía Digital*, 8(3), 6-28.
<https://doi.org/10.33262/anatomiadigital.v8i3.3421>



ANATOMÍA DIGITAL, es una Revista Electrónica, Trimestral, que se publicará en soporte electrónico tiene como misión contribuir a la formación de profesionales competentes con visión humanística y crítica que sean capaces de exponer sus resultados investigativos y científicos en la misma medida que se promueva mediante su intervención cambios positivos en la sociedad. <https://anatomiadigital.org>
La revista es editada por la Editorial Ciencia Digital (Editorial de prestigio registrada en la Cámara Ecuatoriana de Libro con No de Afiliación 663) www.celibro.org.ec

Esta revista está protegida bajo una licencia Creative Commons Atribución-NoComercial-CompartirIgual 4.0 International. Copia de la licencia: <https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/deed.es>



Palabras claves:

Staphylococcus aureus resistente a la meticilina, virulencia, genes, resistencia antimicrobiana, “Una Sola Salud”.

Resumen

Introducción. *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina representa una amenaza significativa para la salud pública debido a su capacidad de diseminación, colonización y resistencia a múltiples antibióticos. Su distribución entre humanos, animales, alimentos y medio ambiente enfatiza la necesidad de abordarlo desde el enfoque “Una Sola Salud”.

Objetivo. Analizar la epidemiología de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina, incluyendo su perfil de virulencia, distribución en distintos reservorios, frecuencia de genes de resistencia y evaluación del perfil de susceptibilidad.

Metodología. Se realizó una revisión bibliográfica en bases de datos PubMed, Scopus y BVS, utilizando términos MeSH y operadores booleanos, aplicando el método PRISMA para la selección de los artículos.

Resultados. Al analizar 26 estudios enfocados en SARM, se identificó que los factores de virulencia más prevalentes fueron: *nuc*, *hla*, *hly*, *clfA*, *clfB*, *coa*, *ica* e *icaD*, además, de las enterotoxinas *seb*, *sel*, *seo* y genes inmunomoduladores *scn*, *sak* y *chp*. De igual manera, el reservorio animal presentó mayor prevalencia de SARM (22,8%), seguido del humano (18,8%), alimentos (7,7%) y medio ambiente (4,6%). Además, se reportó una alta prevalencia del gen *mecA* (57,1%) y *blaZ* (70,7%), y una baja frecuencia de la variante *mecC* (2,5%). Finalmente, se observó una alta tasa de resistencia a cefoxitina, oxacilina, penicilina y ampicilina en todos los reservorios. Asimismo, se halló un dato preocupante la resistencia a vancomicina en el reservorio animal, no obstante, el linezolid se mantiene como antibiótico de última opción terapéutica con una resistencia casi nula en los reservorios. **Conclusión.** *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina presenta diversos factores de virulencia y genes de resistencia, con una prevalencia elevada en distintos reservorios, lo que pone en evidencia su potencial riesgo zoonótico. **Área de estudio general:** Salud. **Área de estudio específica:** Microbiología. **Tipo de estudio:** Revisión bibliográfica sistemática.

Keywords:

Methicillin-resistant *Staphylococcus*

Abstract

Introduction. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) represents a significant threat to public health due to

aureus, virulence, genes, antimicrobial resistance, One Health.

its capacity for dissemination, colonization, and resistance to multiple antibiotics. Its distribution among humans, animals, food, and environment emphasizes the need to address it from a “One Health” approach. **Objective.** To analyze the epidemiology of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*, including its virulence profile, distribution in different reservoirs, frequency of resistance genes and evaluation of the susceptibility profile. **Methodology.** A literature review was performed in PubMed, Scopus, and BVS databases, using MeSH terms and Boolean operators, applying the PRISMA method for article selection. **Results.** Analysis of 26 MRSA-focused studies identified the most prevalent virulence factors as: *nuc*, *hla*, *hly*, *clfA*, *clfB*, *coa*, *ica*, and *icaD*, in addition to enterotoxins *seb*, *sel*, *seo*, and immunomodulatory genes *scn*, *sak*, and *chp*. The highest MRSA prevalence was identified in animal reservoirs (22.8%), followed by human (18.8%), food (7.7%), and environmental samples (4.6%). A high prevalence of the *mecA* (57.1%) and *blaZ* (70.7%) genes was observed, whereas the *mecC* gene was detected at a lower frequency (2.5%). Resistance to cefoxitin, oxacillin, penicillin, and ampicillin was consistently high across all reservoirs. Notably, resistance to vancomycin was detected in animal-derived isolates, representing a significant concern. Nevertheless, linezolid remained highly effective, with negligible resistance observed in the studied reservoirs. **Conclusion.** Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* exhibits a broad range of virulence factors and resistance determinants, with considerable prevalence across multiple reservoirs, highlighting its zoonotic potential and the importance of integrated surveillance within a One Health framework. **General Area of Study:** Health. **Specific area of study:** Microbiology. **Type of study:** Systematic bibliographic review.

1. Introducción

Antecedentes *Staphylococcus aureus* es una bacteria coco gram positivo y coagulasa positiva que se dispone en forma de “racimo de uvas”, y forma colonias de color dorado o amarillas. Este patógeno oportunista principalmente coloniza piel y mucosas, siendo

causante tanto de infecciones cutáneas leves como foliculitis e impétigo, o a su vez infecciones más graves que aumentan el riesgo de mortalidad como endocarditis, bacteremia, osteomielitis, neumonía y sepsis (1).

Su estructura consta de una pared celular compuesta principalmente de peptidoglicano que le otorga rigidez y protección frente a la lisis osmótica, también consta de ácidos teicoicos los cuales juegan un papel primordial en la adhesión a superficies y en la respuesta inmune del huésped. La cápsula de polisacáridos de *Staphylococcus aureus* en la mayoría de las cepas está representada por los serotipos cap 5 y cap 8, esta cápsula le ayuda a evadir la respuesta inmune del huésped inhibiendo la fagocitosis. Además, su membrana celular está compuesta por una bicapa lipídica en la que se ubican ácidos lipoteicoicos, proteínas de adhesión que facilitan la colonización de tejidos y formación de biofilms (2) (3) .

Staphylococcus Aureus Resistente a la Meticilina (SARM) es una variante que tiene la capacidad para resistir a la acción de los antibióticos β – lactámicos, debido a la producción de proteínas modificadas como la proteína de unión a penicilinas PBP2a. Además, se ha identificado que mutaciones en la región del gen *pbp4*, que codifica la proteína PBP4, de igual forma contribuye a la resistencia mediante el fortalecimiento de la reticulación del peptidoglicano otorgándole una estructura más robusta dificultando la acción de los antibióticos (4).

SARM se ha clasificado epidemiológicamente en grupos: asociado a hospitales (HA-SARM), a la comunidad (CA-SARM) y al ganado (LA-SARM) (5). En el último grupo se destaca este patógeno como agente etiológico de mastitis bovina, inflamación de la glándula mamaria que se presenta en forma clínica o subclínica (6). Esta enfermedad afecta de manera significativa a la salud del ganado, disminuye la calidad de la leche y representa una posible fuente de transmisión zoonótica (7) (8).

El enfoque “Una Sola Salud” abarca estrategias que permiten interconectar la salud humana, animal y del medioambiente para abordar temas como la resistencia a los antibióticos. La diseminación de patógenos que han desarrollado resistencias a diversos fármacos se produce a través de distintos reservorios, lo que demanda una estrategia de control integral y multisectorial. Por lo que la puesta en marcha de acciones globales elaboradas por entidades como la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO), la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE) y la Organización Mundial de la Salud (OMS), resulta fundamental para combatir esta problemática y contribuir a la salud pública (8).

Por lo expuesto anteriormente, esta revisión bibliográfica se enfoca en la epidemiología de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina con un enfoque “Una Sola Salud”, incluyendo su perfil de virulencia, su distribución en distintos reservorios, la frecuencia

de genes de resistencia y evaluación del perfil de susceptibilidad, para comprender los patrones de diseminación y aportar evidencia útil para el diseño de medidas preventivas y de control en la salud pública (35).

2. Metodología

Para esta revisión se realizó la búsqueda de artículos, en las bases de datos PubMed, Scopus y BVS, usando términos Mesh y operadores booleanos (AND y OR), con la siguiente estrategia de búsqueda: ("Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*/genetics"[Mesh] AND "Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*/pathogenicity"[Mesh] OR "Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus*/virology"[Mesh]) OR ("Staphylococcal Infections/epidemiology"[Mesh] AND "Farms"[Mesh]).

Los criterios para la búsqueda bibliográfica incluyeron artículos de acceso gratuito, artículos originales, reportes de casos y ensayos clínicos publicados en los últimos 5 años. Para seleccionar los artículos, se llevó a cabo una lectura y análisis de los textos completos. El proceso de búsqueda se realizó de acuerdo con la metodología PRISMA como se detalla en la **Figura 1**.

.

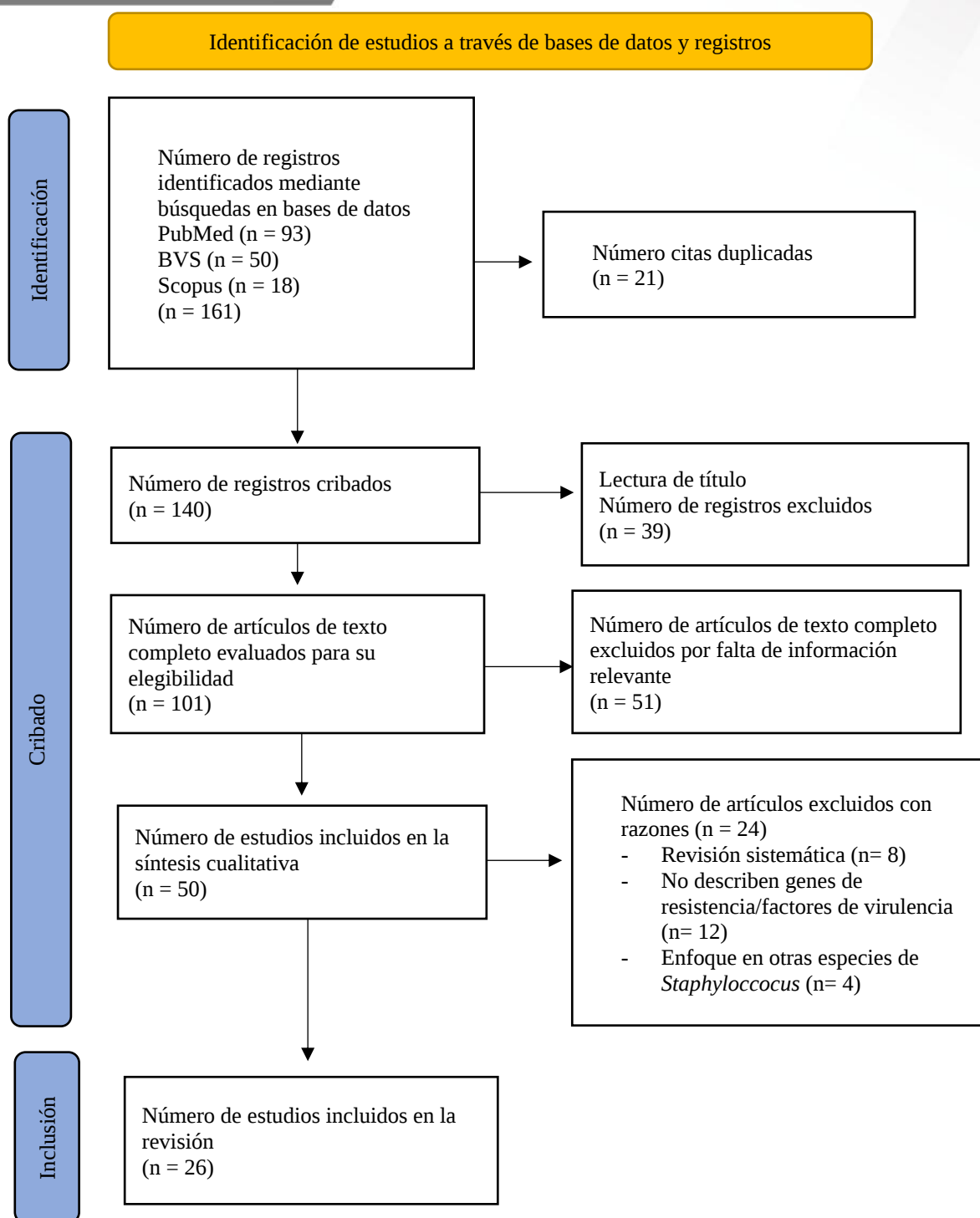


Figura 1. Diagrama PRISMA para una revisión bibliográfica de epidemiología de SARM.

3. Resultados

En la presente revisión bibliográfica se analizaron 26 investigaciones que reportaron datos de distintos reservorios (humano, animal, medio ambiente y alimentos) y regiones

geográficas. A continuación, se presenta un análisis de la epidemiología de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina, describiendo los factores de virulencia asociados a su patogenicidad, la frecuencia de aislamientos por reservorio, la caracterización molecular enfatizando los genes prevalentes implicados en la resistencia antimicrobiana y el perfil de resistencia a distintos antibióticos de interés.

3.1. Factores de virulencia en SARM

Entre los factores de virulencia comúnmente identificados se destacan los relacionados con toxinas, adhesinas, evasión del sistema inmunitario, sistemas de secreción y formación de biopelículas. El gen *nuc*, codificante de la nucleasa termoestable fue reportado como universal en algunos estudios (9), mientras que los genes *hla*, *hly*, *clfA*, *clfB* y *coa* también se mostraron con una alta prevalencia en aislamientos asociados al ganado y productos lácteos, representando mecanismos clásicos de citotoxicidad y agregación plaquetaria (10). Por otro lado, la leucocidina de *Panton – Valentine* (PVL) codificada por *lukF-PV* y *lukS-PV*, presentó una distribución variable, evidenciando alta frecuencia en aislamientos de ganado y alimentos listos para el consumo (hasta 85,7%) (11), y también en cepas comunitarias CA – SARM, especialmente en África (12). No obstante, hubo ausencia en los alimentos ST398 de origen porcino, lo que sugiere un patrón asociado más a entornos hospitalarios y comunitarios (5).

Los reguladores de adhesión y formación de biopelículas como *icaA*, *icaB*, *icaD*, *icaR* y *agr* (predominantemente tipo I) se distribuyen ampliamente entre los aislados, lo que destaca el potencial para formar biopelículas y persistir en superficies y tejidos (11) (12). La presencia del sistema *agr* tipo I en la mayoría de los aislados cumple un rol clave en la expresión de múltiples toxinas y exoenzimas, asociándose con mayor grado de virulencia y riesgo para la salud pública (13). Adicionalmente, genes moduladores del sistema inmune como *scn* (inhibidor del complemento), *sak* (estafiloquinasa) y *chp* (proteína inhibidora de quimiotaxis) se identificaron principalmente en aislamientos hospitalarios, pero también se detectaron en cepas de origen animal, lo que sugiere una posible transferencia inter – reservorio (11).

En relación con las Enterotoxinas Estafilocócicas (SE), se identificaron genes como *seb*, *seg*, *seo*, *sel*, *sei* y *sed* en muestras de leche cruda y productos derivados, siendo *seo* el más prevalente (35,7%), también se encontró una alta prevalencia de *sel* (75,5%) y *seb* (67,3%). Por otro lado los genes *tst* (toxina del síndrome de shock tóxico) y *etb* (toxina exfoliativa) fueron reportados con baja frecuencia o ausentes (6) (11).

3.2. Reservorios de SARM

La diseminación de *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina fue documentada a partir de datos reportados en estudios de diversas regiones **Tabla 1**.

Tabla 1. Frecuencia de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina por reservorios

Región	Reservorios				Autor
	Humano (%)	Animales (%)	Medio ambiente (%)	Alimentos (%)	
Nigeria	9,1	-	-	17,5	(2)
Japón	-	15,7	-	-	(4)
Corea	-	3,7	0,6	0,4	(5)
Indonesia	11,9	-	-	13,8	(6)
Italia	-	-	-	0,7	(7)
Portugal	-	-	-	8,1	(8)
Nigeria	-	55,0	-	-	(9)
Pakistán	-	-	-	5,4	(10)
China	-	-	-	2,9	(11)
Nigeria	0	1,0	-	-	(12)
India	-	-	-	9,3	(13)
Corea	-	39,0	2,4	7,8	(14)
China	8,9	6,9	2,7	-	(15)
Arabia Saudita	-	3,1	6,7	2,5	(16)
Polonia	33,3	-	-	0,7	(17)
Corea	15,0	19,0	10,0	-	(18)
Turquía	-	-	-	14,2	(19)
Brasil	21,7	-	-	-	(20)
India	7,9	2,1	-	1,9	(21)
Estados Unidos	44,0	-	-	-	(22)
Camerún	-	-	-	23,0	(23)
Portugal	-	78,4	-	-	(24)
Chile	0,9	-	-	-	(25)
Brasil	53,9	-	-	-	(26)
Ecuador	-	-	5,3	-	(27)

Se evidenció que el patógeno estudiado ha sido aislado en todos los reservorios, el reservorio animal en promedio presentó el mayor porcentaje de casos (22,4%), seguido del humano (18,8%), alimentos (7,7%) y medio ambiente (4,6%) **Figura 2**.

Un hallazgo relevante que coinciden los autores es que los animales destinados a la producción de alimentos constituyen un reservorio crítico, que favorece la transmisión a humanos, ya sea a través del contacto directo o mediante la cadena alimentaria (9). Consecuentemente, la mayor prevalencia de *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina en animales de producción se reportó, principalmente en estudios realizados en Nigeria (55%) (9) y Portugal (78,4%) (24). Por otro lado, aunque en humanos la frecuencia de casos fue menor en comparación con el reservorio animal, esta sigue siendo

significativa, con prevalencias reportadas en Polonia (33,3%) (17), Brasil (21,7%) (20) y Corea (15%) (18). Es así como los datos muestran que la exposición por manipulación o consumo de productos contaminados contribuyen a la reinfección, tal como indicaron estudios realizados en China donde se encontró SARM tanto en animales como en humanos (15).

En el reservorio de alimentos se destaca la detección de casos en productos de origen animal, como leche cruda, con tasas relativamente elevadas en Camerún (23%) (23), Turquía (14,2%) (19) e Indonesia (13,8%) (6). En este contexto la mastitis bovina emerge como un factor de riesgo para la contaminación de animales de producción. Se ha reportado que *Staphylococcus aureus* puede representar entre el 6% y 74% de las infecciones intramamarias (17), con presencia significativa de cepas resistente a meticilina. La mastitis no genera solamente un impacto negativo en la producción y calidad de la leche, sino también constituye una fuente directa de transmisión a través del consumo de productos contaminados. De manera alarmante, se ha señalado que la presencia de mastitis subclínica, debido a su curso asintomático, facilita la diseminación silenciosa de SARM tanto en la leche como en el ambiente de ordeño (10) (23). Además la contaminación ha sido atribuida a la falta de higiene durante el ordeño y procesamiento, lo que representa un riesgo de transmisión zoonótica especialmente en regiones donde la pasteurización no es una práctica común (6) (23).

Por su parte en el ambiente se mostraron prevalencias mucho menores en estudios realizados en Corea (2,4% y 10,0%) (14) y Arabia Saudita (6,7%) (16), evidenciando la capacidad de este microorganismo para persistir en los entorno agrícolas y hospitalarios, lo cual representa un riesgo de contaminación y diseminación.

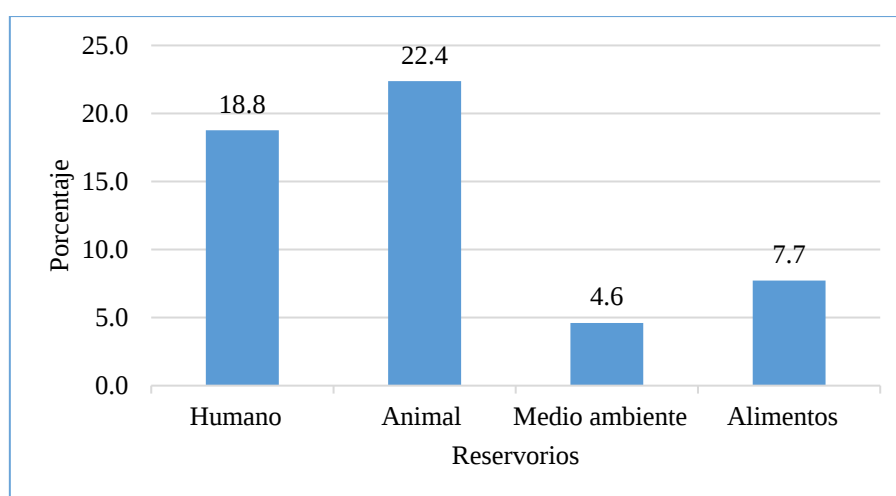


Figura 2. Frecuencia de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina por reservorios

3.3. Caracterización molecular de SARM

La resistencia a meticilina en *Staphylococcus aureus* esta mediada principalmente por la adquisición del casete cromosómico estafilocócico (*SCCmec*) que contiene genes como *mecA* y *mecC*, los cuales codifican la proteína de unión a penicilina alterada PBP2a que se caracteriza por su baja afinidad a los antibióticos β -lactámicos (9). Este mecanismo influye en la supervivencia de las cepas de SARM en presencia de altas concentraciones de betalactamasas (11). Los estudios previos indican que el gen *mecC*, es una variante que presenta baja prevalencia (8). En cambio, el gen *blaZ* codifica una serina betalactamasa de clase A mediada por *blaI* y *blaR*, que hidroliza el anillo β -lactámico confiriendo resistencia a la penicilina, ampicilina y otras penicilinas comunes (11).

Tabla 2. Frecuencia de genes de resistencia de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina

Reservorio	Genes			Autor
	<i>mecA</i> (%)	<i>mecC</i> (%)	<i>blaZ</i> (%)	
Alimentos	20	-	-	(6)
Humanos	10	-	-	(6)
Alimentos	8,1	0	-	(8)
Animales	100	10,5	-	(9)
Humanos	5,1	4,3	-	(10)
Alimentos	100	-	98,0	(11)
Animales	100	0	-	(12)
Alimentos	27,3	0	9,7	(13)
Alimentos	14,2	-	75,0	(19)
Alimentos	100	-	-	(21)
Alimentos	100	-	-	(23)
Animales	100	0	100	(24)

Se evidencia que existe una mayor prevalencia del gen *mecA* en aislados de origen animal (100%), en comparación con los aislados en humanos y alimentos **Tabla 2**. Por otro lado en el reservorio de alimentos se observó frecuencias de *mecA* desde el 8,1% (8) y 100% (11), esto sugiere una circulación heterogénea de cepas SARM en alimentos, posiblemente influenciada por factores en la cadena de producción como la falta de medidas de sanidad.

La presencia de *mecC* fue relativamente baja en promedio (2,5%) **Figura 3**, marcado principalmente al reservorio animal con un reporte de 10,5% (9), en humanos 4,3% (10) y ausente en el reservorio de alimentos, lo que refleja que *mecC* es un gen emergente, con una distribución ecológica limitada.

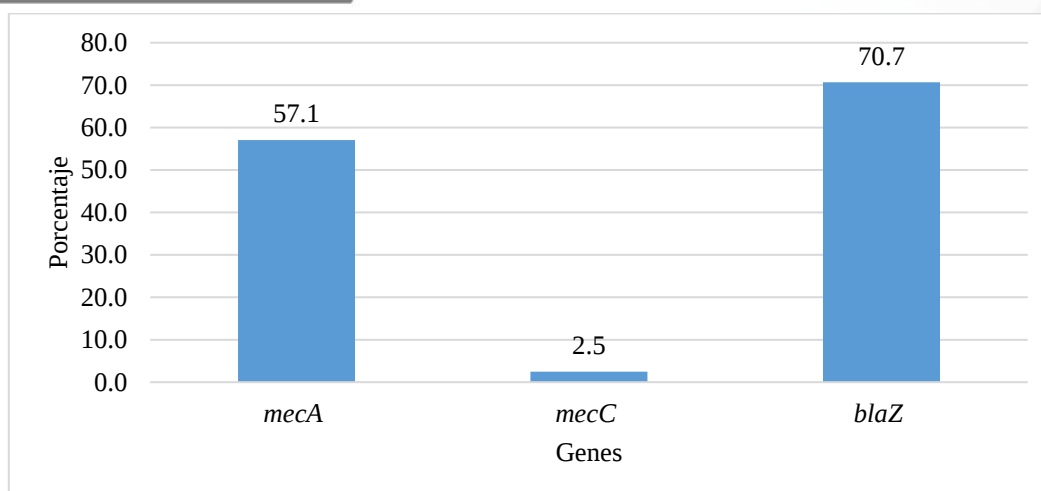


Figura 3. Frecuencia de genes de resistencia de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina

Además, la frecuencia del gen *blaZ* fue particularmente alta, en alimentos se reportó frecuencias de 98,2% y 75% en aislados de carne y leche respectivamente (11), en animales del 100% (24) y en humanos no se encontró reportes.

3.4. Resistencia antimicrobiana de SARM

El perfil de resistencia de *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina en diferentes reservorios, ha mostrado patrones comunes y diferencias marcadas entre reservorios, lo que refleja el impacto del uso no controlado de antibióticos en diferentes campos. El uso de cefoxitina (FOX) como método de identificación fenotípica de SARM se encontró reflejado en los porcentajes elevados de resistencia en todos los reservorios evaluados (13). En el reservorio animal, humano y medio ambiente se encontró el 100% de resistencia en la mayoría de los estudios **Figura 4**, lo que refuerza su sensibilidad diagnóstica. No obstante, en alimentos se reportó un promedio de resistencia menor 90,5%, lo que indica que algunas cepas no expresan fenotípicamente la resistencia a cefoxitina pese a tener el mecanismo de resistencia mediado por el gen *mecA*. Del mismo modo la resistencia a Oxacilina (OXA), se halló en todos los reservorios. En alimentos el promedio fue de 77,6 %, mientras que en aislamientos de origen animal y humano se reportó un promedio de resistencia del 100%, lo que corrobora que también es usado como método de detección de resistencia a meticilina (6).

Asimismo, la penicilina y ampicilina al ser del grupo de los betalactámicos son altamente susceptibles a la hidrólisis mediada por β -lactamasas, por lo que es evidente la resistencia a Penicilina (PEN) en todos los reservorios con un promedio del 100%. Del mismo modo, se encontró un promedio alto de resistencia del 96,4% en humanos y el 100% en alimentos para Ampicilina (AMP) (13) (23).

Con respecto a la resistencia combinada a meticilina y Vancomicina (VRSA) se evidenció un promedio alarmante de 34,2 % en el reservorio animal, reportada en un estudio realizado en Nigeria, en el cual identifican la resistencia a vancomicina mediada por los genes *VanA* y *VanC*, mientras que en alimentos el 2,2 % y fue nula la resistencia reportada en humanos en los estudios analizados. Aunque en estos reservorios la resistencia fue muy baja, el hallazgo en animales es preocupante, puesto que la vancomicina es uno de los antibióticos de última opción terapéutica, la resistencia se relacionaría con el uso selectivo de glucopéptidos en ganadería y las distintas formas de cría de animales en granjas de distintas regiones (9) (23).

En el análisis del grupo de antibióticos (MLSB) mostró variabilidad entre los reservorios. La resistencia a Clindamicina (CLI) alcanzó un promedio de 98% en animales, 82,9% en el ambiente y 59,8 % en humanos; mientras que para Eritromicina (ERI) se encontró un promedio de 76% en animales, 67,2% en ambiente y 81,2% en humanos. Estos datos obtenidos reflejan el uso continuo de estos antibióticos especialmente en cerdos, donde se reporta el uso frecuente de macrólidos y lincosamidas (18). Por último se evidenció que el Linezolid (LZD) uno de los antibióticos de última línea que pertenece al grupo de oxazolidinonas (11) aún conserva su eficacia contra SARM, puesto que no se reportó resistencia en el reservorio humano ni de alimentos. Sin embargo, en el reservorio animal se halló un promedio de 0,9% de resistencia a este antibiótico, dato relacionado con la presencia de genes como el *cfr* que confiere resistencia a múltiples antibióticos mediante la metilación del ARN ribosomal. Aunque en ciertos casos no genera resistencia fenotípica las mutaciones en su región promotora pueden afectar su expresión, además, su asociación con el gen *fexA* sugiere una transmisión por plásmidos, lo cual podría influir a futuro en la eficacia de este antibiótico (18).

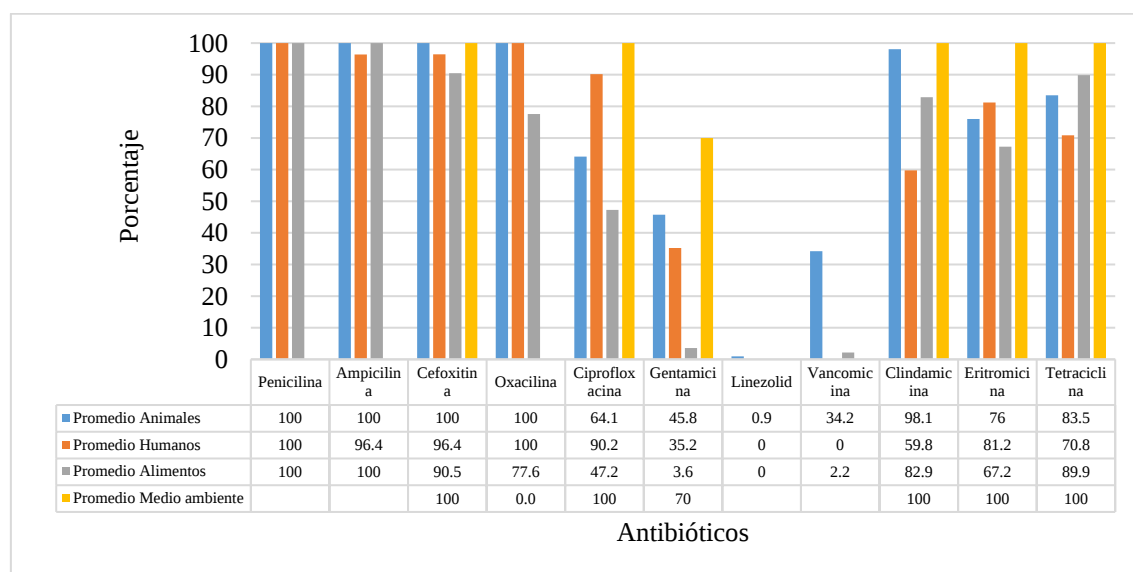


Figura 4. Perfil de resistencia de *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina por reservorios

4. Discusión

Staphylococcus aureus resistente a meticilina representa una amenaza constante para la salud pública, es por eso por lo que el enfoque “One Health” ha ido obteniendo relevancia en el análisis y control de la diseminación de SARM en diferentes reservorios (21). Diversos estudios han destacado la urgencia de estudiar los reservorios de SARM para respaldar las estrategias de control, frente a hallazgos como niveles altos de similitud genética (> 84%) entre cepas aisladas en vacas, humanos y superficies (23), lo cual resalta su potencial zoonótico. Asimismo, el uso indiscriminado de antibióticos tanto en la medicina humana como veterinaria ha favorecido a la persistencia de cepas resistentes (1).

Los factores de virulencia identificados en esta revisión sistemática reflejan la diversidad de mecanismos patógenos de SARM, desde una perspectiva zoonótica se encontró alta prevalencia de genes como *nuc*, *hla*, *hly*, *clfA*, *coa* y el operón *ica* tanto en cepas humanas como animales, lo cual sugiere rutas convergentes de diseminación entre reservorios. Esta convergencia coincide con un estudio en India (13), donde se reportó una alta prevalencia de *icaA* e *icaD* en aislamientos de leche, semejantes a los hallados previamente en dispositivos médicos.

Por otra parte, en cuanto a la distribución de enterotoxinas se identificaron genes como *seb*, *seg*, *seo*, *sel*, *sei* y *sed* en aislados proveniente de muestras de leche, siendo *seo* (35,7%), *seb* (67,3%) y *sel* (75,5%) los más prevalente en India (13). Sin embargo, no fueron identificados genes como *sec*, *see*, *seh*, *sen* y *sep*, lo que indicaría que existen diferencias en los procesos de producción. Estos datos se relacionan con el reporte de Patel (29) que describe que el 41,9% de los aislamientos portaban genes de virulencia, y destacó la combinación de enterotoxinas *seg*, *sei*, *sem*, *sen*, *seo* y *seu*, mientras que, no identificó factores como *icaA*, *icaD*, *pvl*, *eta* y *etb*. Esta heterogeneidad coincide con la ausencia de enterotoxinas en aislados *mecA* positivos, lo que recalca la diversidad entre reservorios y las prácticas de producción (30).

La detección de genes moduladores del sistema inmune como *scn*, *sak* y *chp* en cepas animales sugiere una posible transferencia cruzada entre reservorios, puesto que estos genes principalmente se relacionan con aislados humanos. Este patrón ha sido también documentado por Zou (15) quien menciona que el linaje CC9 no presentó genes inmunomoduladores, pero si genes de resistencia asociados a ganado como *tetL*, *fexA*, *aac6 – Aph2* en aislados de origen humano, lo que podría indicar un origen zoonótico.

De acuerdo con nuestros resultados, el reservorio animal presentó un promedio mayor de casos de SARM (22,4%) seguido del reservorio humano (18,8%), alimentos (7,7%) y medio ambiente (4,6%). Al compararlos con otros estudios, se observa una correlación con la alta prevalencia de SARM en animales de producción, principalmente en vacas

lecheras, cerdos y pollos de engorde. Tal es el caso de Beshiru (9), que reportó una frecuencia de SARM del 61% en muestras rectales y 49% nasales de una misma población de vacas lecheras, mientras que Lee (14) registro el 21,5 % de SARM en muestras recuperadas de pollos de engorde y entornos agrícolas. Por otro lado, en granjas porcinas se halló una prevalencia del 61,8%, donde fueron portadores tanto animales, trabajadores y muestras de polvo ambiental, según Zou (15) lo cual sería indicativo de una transmisión cruzada.

Además en un estudio realizado en Dinamarca (3) se evidenció un aumento progresivo de positividad del patógeno en estudio, específicamente del linaje LA – MRSA CC398 en granjas porcinas a lo largo de los años, del 3,5% en el 2008, alcanzando el 67,6% en el 2014. Además este linaje ha sido identificado tanto en alimentos como en humanos, lo cual pone en manifiesto su potencial riesgo de transmisión (9).

Con respecto al reservorio humano, aunque la prevalencia fue menor sigue siendo preocupante. El estudio de Inawaga (31) reportó el 7% de SARM en pacientes hospitalizados con una tasa considerable de cepas de origen comunitario. En cuanto a los alimentos, se obtuvo un promedio del 7,7% de prevalencia, lo cual se ve reflejado con estudios donde se reportó valores que oscilaron entre 6,2% y 35,3 % en carne de cordero y de pavo respectivamente (3). Asimismo, en el estudio de Krukowski (17) se identificó SARM en el 41,7% de muestras de leche con mastitis subclínica, lo que sugiere que la leche cruda representa una fuente de exposición significativa.

Cabe señalar, que en el reservorio del medio ambiente se reportó frecuencias bajas en general obteniendo en nuestra revisión un promedio del 4,6%. No obstante, Zou (15) aisló SARM en el polvo de granjas y el reporte en hospitales de Inawaga (31) resaltan que el entorno puede ser considerado como un reservorio secundario.

En general estos hallazgos nos permiten identificar que el reservorio animal es el principal nicho de origen de SARM, seguido del reservorio humano que se considera un receptor que facilita la diseminación de este. De igual manera los alimentos y el medio ambiente llegan actuar como rutas de exposición para contraer SARM, este análisis facilita el diseño de programas de control adaptados al contexto epidemiológico de cada reservorio o región. Tales como, la implementación de programas de monitoreo, la regulación del uso incontrolado de antibióticos en medicina veterinaria, la vigilancia continua de trabajadores expuestos y la adopción de procesos de control de calidad en la producción alimentaria que son acciones claves para contrarrestar la diseminación de SARM.

Con respecto a la distribución de genes de resistencia, se mostró un predominio del gen *mecA* destacando como marcador de confirmación de aislados de SARM, con un promedio de prevalencia del 57,1%. Esto coincide con el estudio realizado en Pakistán, donde se encontró consistente la presencia del gen *mecA* 21,6% en aislamientos

provenientes de leche cruda y mastitis bovina, esto sugiere que los alimentos actúan como vectores de transmisión indirecta a humanos (10). Sin embargo, la prevalencia de *mecA* varió de 8,1% al 100% en ciertos estudios, esta heterogeneidad podría indicar que factores propios de la cadena de producción son responsables de la circulación de SARM.

Por el contrario para el gen *mecC* se obtuvo una prevalencia promedio considerablemente menor del 2,5%, hallado principalmente en el reservorio animal y humano, y ausente en alimentos. Estos hallazgos sugieren que *mecC* es un gen emergente con una distribución aún restringida. Sin embargo, podría representar un riesgo para la salud pública por una posible transmisión zoonótica, puesto que en Nigeria se ha encontrado *mecC* en diversos animales domésticos y fauna silvestre (2).

En este sentido, otro gen de interés es el *blaZ* que contribuye a la resistencia fenotípica mediante su coexpresión con *mecA*. En nuestra revisión se obtuvo un promedio del 70,7%, esta prevalencia es comparable con el hallazgo de Zhang (11) quien reportó *blaZ* en el 97,9% de aislados de SARM obtenidos de leche cruda (11). Por el contrario, en un estudio realizado en Nigeria no se identificó *blaZ*, lo que puede atribuirse a la diferencia en la fuente de aislamiento o métodos de detección (9). Además, es importante recalcar que se encontró una homología > 90% del gen *blaZ* entre aislados de origen animal y humano, lo que respalda la posible transferencia horizontal entre reservorios, mediante plásmidos y transposones (11).

Tal como se ha evidenciado en estudios anteriores el perfil de resistencia resalta la interacción entre componentes genéticos de SARM en distintos reservorios. Con respecto a los métodos de identificación fenotípica, el uso de oxacilina y cefoxitina presentan una sensibilidad del 100%, y una especificidad del 74,04% y 92,59% respectivamente (6). Es así como, se reportó una elevada tasa de resistencia en el reservorio humano, animal y del medio ambiente, lo que refleja su utilidad diagnóstica **Figura 4**. Sin embargo se observó una resistencia menor en alimentos 90,5% para cefoxitina y 77,6% para oxacilina, lo cual podría relacionarse con una baja expresión del gen *mecA* o la presencia de variantes como el *mecC* (13).

Por otro lado, se evidenció la resistencia del 100% a penicilina y ampicilina, lo que refleja la presencia universal del gen *mecA*. De hecho en China (11) se identificó que todos los aislados de LA – SARM fueron resistencia a penicilina (100%), al igual que, en Nigeria se reportó que 38 aislamientos provenientes de muestras nasales y rectales de cerdos, esto como consecuencia del uso extensivo en medicina veterinaria (9).

Con respecto al grupo MLSB, se reportó una elevada resistencia a clindamicina principalmente en animales y a eritromicina en humanos. Esto se relaciona con el incremento de la resistencia del 62% a 98% para clindamicina, y del 73% a 100% para eritromicina entre 2018 y 2020 en granjas porcinas de Corea (18) al igual que con la

detección de genes *ermA* (10,5%) y *ermC* (21,1%), que inducen la metilación de la región 23s del ARNr (9).

Un hallazgo alarmante es la presencia de genes de resistencia *vanA* y *vanC*, y la resistencia a vancomicina del 34,2% en animales y 2,2% en alimentos **Figura 4**. En este sentido Beshiru (9), reportó 19,7% de *vanA*, 7,9% de *vanC* y 7,9% en el que coexistían estos genes, y niveles de resistencia a vancomicina del 23,7% en aislados nasales y 44,7% de muestras rectales. Por el contrario, en India no se identificó resistencia a vancomicina en aislados de leche (13) ni en aislados de LA – SARM reportados en China (11). Por lo tanto, la presencia de estos genes es consecuencia del uso incontrolado de antibióticos en medicina veterinaria. En este sentido, esto representa una amenaza para la salud pública, puesto que, podría ocurrir una transferencia hacia cepas humanas, dificultando el tratamiento debido a la pérdida de eficacia de este antibiótico considerado de última línea terapéutica.

Por lo tanto, el linezolid se mantiene como una opción para tratar cepas multirresistentes. Puesto que, en el presente estudio se reportó el 0,9% de resistencia, lo que confirma su alta eficacia. Este hallazgo se relaciona con lo reportado por Beshiru (9), el 100% de asilamientos mostraron susceptibilidad a linezolid y tedizolid. De hecho según Lee (18) el uso de oxazolidinonas en medicina veterinaria está prohibida en la mayoría de los países, por lo cual la esporádica aparición de esta resistencia se debería a una posible circulación de genes, como el *cfr* (18). Esto resalta la importancia de implementar una vigilancia genómica, incluso en situaciones donde el uso del fármaco sea restringido, para evitar una diseminación silenciosa.

5. Conclusiones

- El análisis integral de la epidemiología de *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (SARM) permite comprender su patrón de diseminación a diferentes reservorios, lo cual permite fortalecer el enfoque “Una Sola Salud” a través de los datos analizados, para el desarrollo de nuevas estrategias de control, vigilancia y uso controlado de antibióticos.
- Se identificó que *S. aureus* presenta diferentes factores de virulencia que favorecen a su patogenicidad, genes como *hla*, *hly*, *clfA*, *icaA* y *sak* se reportaron en aislados humanos y animales, lo que evidencia su capacidad de adaptación y potencial zoonótico.
- La resistencia a meticilina esta principalmente mediada por el gen *mecA*, con alta prevalencia en animales, y el gen *blaZ* que se reportó con mayor frecuencia en aislados de alimentos, mientras que, *mecC* tuvo una distribución aún limitada. Por su parte, en humanos se encontró una frecuencia menor de los genes *mecA* y *mecC*, y ausencia del *blaZ*.

- Se evidenció una relación entre la presencia de este patógeno en alimentos de origen animal, principalmente leche cruda, carne y alimentos listos para el consumo. Por lo tanto, el hallazgo de cepas portadoras de genes de resistencia y virulencia en alimentos de consumo indica una vía de transmisión indirecta, además, el contacto directo con animales colonizados representa un potencial riesgo zoonótico.

6. Conflicto de intereses

Los autores declaran que no existe conflicto de intereses en relación con el artículo presentado.

7. Declaración de contribución de los autores

Todos autores contribuyeron significativamente en la elaboración del artículo.

8. Costos de financiamiento

La presente investigación fue financiada en su totalidad con fondos propios de los autores.

9. Referencias Bibliográficas

1. Chakrawarti A, Casey CL, Burk A, Mugabi R, Ochoa A, Barlow JW. An observational study demonstrates human-adapted *Staphylococcus aureus* strains have a higher frequency of antibiotic resistance compared to cattle-adapted strains isolated from dairy farms making farmstead cheese. *BioMed Central Veterinary Research* [Internet]. 2024 [cited 2025 April 22];20(75):1–14. Available from: <https://bmcvetres.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12917-024-03910-6>
2. Adeyemi FM, Oyedara OO, Yusuf-Omoloye NA, Ajigbewu OH, Ndaji OL, Adegbite-Badmus MK, et al. Guardians of resistance and virulence: detection of *mec*, *femA*, *Van*, *pvl*, *hlg* and *spa* genes in methicillin and vancomycin-resistant *Staphylococcus aureus* from clinical and food samples in Southwestern Nigeria. *BioMed Central Microbiology* [Internet]. 2024 [cited 2025 April 22];24(1):498. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/39592938/>
3. Sieber RN, Skov RL, Nielsen J, Schulz J, Price LB, Aarestrup FM, et al. Drivers and dynamics of methicillin-resistant livestock-associated *staphylococcus aureus* CC398 in pigs and humans in Denmark. *American Society for Microbiology* [Internet]. 2018 [cited 2025 April 22];9(6). Available from: <https://journals.asm.org/doi/10.1128/mbio.02142-18>

4. Sasaki Y, Aoki K, Ishii Y, Tamura Y, Asai T. First isolation of ST398 methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* carrying staphylococcal cassette chromosome mec type IVd from pig ears in Japan. *The Journal of Veterinary Medical Science* [Internet]. 2022 [cited 2025 April 22];84(9):1211-1215. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9523295/>
5. Back SH, Eom HS, Lee HH, Lee GY, Park KT, Yang SJ. Livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in Korea: antimicrobial resistance and molecular characteristics of LA-MRSA strains isolated from pigs, pig farmers, and farm environment. *Journal of Veterinary Science* [Internet]. 2020 [cited 2025 April 22]; 21(1): e2. Available from: <https://doi.org/10.4142/jvs.2020.21.e2>
6. Rafif Khairullah A, Rehman S, Agus SS, Helmi Effendi M, Chasyer Ramandinianto S, Aega Gololodo M, et al. Detection of mecA gene and methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) isolated from milk and risk factors from farms in Probolinggo, Indonesia. *Faculty1000Research* [Internet]. 2022 [cited 2025 April 22]; 11:722. Available from: <https://f1000research.com/articles/11-722>
7. Giacinti G, Carfora V, Caprioli A, Sagrafoli D, Marri N, Giangolini G, et al. Prevalence and characterization of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* carrying mecA or mecC and methicillin-susceptible *Staphylococcus aureus* in dairy sheep farms in central Italy. *Journal of Dairy Science* [Internet]. 2017 [cited 2025 April 22]; 100(10):7857–7863. Available from: <https://www.journalofdairyscience.org/action/showFullText?pii=S002203021730735X>
8. Oliveira R, Pinho E, Almeida G, Azevedo NF, Almeida C. Prevalence and diversity of staphylococcus aureus and staphylococcal enterotoxins in raw milk from northern portugal. *Frontiers in Microbiology* [Internet]. 2022 [cited 2025 April 22]; 13:846653. Available from: <https://doi.org/10.3389/FMICB.2022.846653/BIBTEX>
9. Beshiru A, Igbinosa IH, Akinnibosun O, Ogofure AG, Dunkwu-Okafor A, Uwhuba KE, et al. Characterization of resistance and virulence factors in livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. *Scientific Reports* [Internet]. 2024 [cited 2025 April 22];14(13235). Available from: <https://www.nature.com/articles/s41598-024-63963-3>
10. Shahzad MA, Yousaf A, Ahsan A, Irshad H, Riaz A, Khan A, et al. Virulence and resistance profiling of *Staphylococcus aureus* isolated from subclinical

- bovine mastitis in the Pakistani Pothohar region. Scientific Reports [Internet]. 2024 [cited 2025 April 22]; 14(1):14569. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38914650/>
11. Zhang Z, Wang J, Wang H, Zhang L, Shang W, Li Z, et al. Molecular Surveillance of MRSA in Raw Milk Provides Insight into MRSA Cross Species Evolution. Microbiology Spectrum [Internet]. 2023 [cited 2025 April 22];11(4). Available from: <https://journals.asm.org/doi/10.1128/spectrum.00311-23>
 12. Okorie-Kanu OJ, Anyanwu MU, Ezenduka EV, Mgbeahuruike AC, Thapaliya D, Gerbig G, et al. Molecular epidemiology, genetic diversity, and antimicrobial resistance of Staphylococcus aureus isolated from chicken and pig carcasses, and carcass handlers. Public Library of Science One [Internet]. 2020 [cited 2025 April 22]; 15(5): e0232913. Available from: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0232913>
 13. Deepak SJ, Kannan P, Savariraj WR, Ayyasamy E, Tuticorin Maragatham Alagesan SK, Ravindran NB, et al. Characterization of Staphylococcus aureus isolated from milk samples for their virulence, biofilm, and antimicrobial resistance. Scientific Reports [Internet]. 2024 [cited 2025 April 22];14(25635):1–12. Available from: <https://www.nature.com/articles/s41598-024-75076-y>
 14. Lee GY, Lee SI, Kim S Do, Park JH, Kim GB, Yang SJ. Clonal distribution and antimicrobial resistance of methicillin-susceptible and -resistant Staphylococcus aureus strains isolated from broiler farms, slaughterhouses, and retail chicken meat. Poultry Science [Internet]. 2022 [cited 2025 April 22];101(10):102070. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0032579122003613>
 15. Zou G, Matuszewska M, Jia M, Zhou J, Ba X, Duan J, et al. A Survey of Chinese Pig Farms and Human Healthcare Isolates Reveals Separate Human and Animal Methicillin-Resistant Staphylococcus aureus Populations. Advanced Science [Internet]. 2022 [cited 2025 April 22]; 9(4):2103388. Available from: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/advs.202103388>
 16. El-Deeb W, Cave R, Fayez M, Alhumam N, Quadri S, Mkrtchyan HV. Methicillin Resistant Staphylococci Isolated from Goats and Their Farm Environments in Saudi Arabia Genotypically Linked to Known Human Clinical Isolates: a Pilot Study. Microbiology Spectrum [Internet]. 2022 [cited 2025 April 22];10(4). Available from: <https://journals.asm.org/doi/10.1128/spectrum.00387-22>

17. Krukowski H, Bakula Z, Iskra M, Olender A, Bis-Wencel H, Jagielski T. The first outbreak of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in dairy cattle in Poland with evidence of on-farm and intrahousehold transmission. *Journal of Dairy Science* [Internet]. 2020 [cited 2025 April 22];103(11):10577-10584. Available from: <https://www.journalofdairyscience.org/action/showFullText?pii=S0022030220306536>
18. Lee JB, Lim JH, Park JH, Lee GY, Park KT, Yang SJ. Genetic characteristics and antimicrobial resistance of *Staphylococcus aureus* isolates from pig farms in Korea: emergence of cfr-positive CC398 lineage. *BioMed Central Veterinary Research* [Internet]. 2024 [cited 2025 April 22]; 20(1):503. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11529005/>
19. Merve Bayrakal G, Aydin A. Investigation of various toxigenic genes and antibiotic and disinfectant resistance profiles of *staphylococcus aureus* originating from raw milk. *Foods* [Internet]. 2024 [cited 2025 April 22];13(21):3448. Available from: <https://www.mdpi.com/2304-8158/13/21/3448/htm>
20. Cavalcante FS, Saintive S, Ferreira DC, Rocha Silva AB, Guimarães LC, Braga BS, et al. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* from infected skin lesions presents several virulence genes and are associated with the CC30 in Brazilian children with atopic dermatitis. *Virulence* [Internet]. 2021 [cited 2025 April 22]; 12(1):260–269. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33356835/>
21. Kurukulasooriya MRP, Tillekeratne LG, Wijayarathne WMDGB, Bodinayake CK, Dilshan UHBY, De Silva AD, et al. Prevalence and molecular epidemiology of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in livestock farmers, livestock, and livestock products in southern Sri Lanka: A one health approach. *Infection, Genetics and Evolution* [Internet]. 2024 [cited 2025 April 22]; 126:105693. Available from: <https://doi.org/10.1016/J.MEEGID.2024.105693>
22. Cranmer KD, Pant MD, Quesnel S, Sharp JA. Clonal Diversity, Antibiotic resistance, and virulence factor prevalence of community associated *staphylococcus aureus* in southeastern Virginia. *Pathogens* [Internet]. 2024 [cited 2025 April 22]; 13(1):25. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10821353/>
23. Esemu SN, Nya’Nying SF, Ndip LM, Bessong PO, Tanih NF, Smith SI, et al. Isolation and characterization of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*

- from bovine mastitis in Northwest Cameroon: public health implications. *BioMed Central Research Notes* [Internet]. 2024 [cited 2025 April 22]; 17(1):389. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11673689/>
24. Silva V, Silva A, Barbero R, Romero M, del Campo R, Caniça M, et al. Resistome, Virulome, and Clonal Variation in Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in healthy swine populations: a cross-sectional study. *Genes* [Internet]. 2024 [cited 2025 April 22];15(5):532. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11121583/>
25. Aravena C, Cáceres J, Bastías AA, Opazo JF, Magna Y, Saralegui C, et al. Nasal carriage, antibiotype and genotype of isolated *Staphylococcus aureus* from Medicine and Nursing students of Campus San Felipe, University of Valparaíso, Chile, during 2017. *Revista Chilena de Infectología* [Internet]. 2021 [cited 2025 April 22];38(6):774–782. Available from: http://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0716-10182021000600774&lng=en&nrm=iso&tlng=en
26. Goes ICRDS, Romero LC, Turra AJ, Gotardi MA, Rodríguez TFS de O, Santos L de O, et al. Prevalence of nasal carriers of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* in primary health care units in Brazil. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo* [Internet]. 2021 [cited 2025 April 22]; 63: e14. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7924983/>
27. Tenezaca Lliguin NM, Orellana Bravo PP, Andrade Tacuri CF, Ortiz Tejedor JG. *Staphylococcus aureus* resistentes a meticilina aislados de teléfonos móviles de estudiantes de Enfermería en Cuenca, Ecuador. *Revista Argentina de Microbiología* [Internet]. 2025 [cited 2025 April 22];57(1):54–58. Available from: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0325754124001585?via%3Dihub>
28. Zuo H, Uehara Y, Lu Y, Sasaki T, Hiramatsu K. Genetic and phenotypic diversity of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* among Japanese inpatients in the early 1980s. *Scientific Reports* [Internet]. 2021 [cited 2025 April 22];11(1):5447. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7940613/>
29. Patel K, Godden SM, Royster EE, Crooker BA, Johnson TJ, Smith EA, et al. Prevalence, antibiotic resistance, virulence, and genetic diversity of *Staphylococcus aureus* isolated from bulk tank milk samples of U.S. dairy herds.

- BioMed Central Genomics [Internet]. 2021 [cited 2025 April 22]; 22(1):367. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8135151/>
30. Ribeiro LF, Sato RA, Pollo A de S, Rossi GAM, Do Amaral LA. Occurrence of methicillin-resistant staphylococcus spp. on Brazilian dairy farms that produce unpasteurized cheese. Toxins [Internet]. 2020 [cited 2025 April 22]; 12(12):779. Available from: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7762534/>
31. Inagawa T, Hisatsune J, Kutsuno S, Iwao Y, Koba Y, Kashiya S, et al. Genomic characterization of Staphylococcus aureus isolated from patients admitted to intensive care units of a tertiary care hospital: epidemiological risk of nasal carriage of virulent clone during admission. Microbiology Spectrum [Internet]. 2024 [cited 2025 April 22];12(6): e0295023. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38709078/>
32. Gerardo Ortiz J, Parra Bernal OF, Segovia Clavijo EP. Susceptibilidad de cepas de Staphylococcus aureus presente en superficies inertes del Hospital José Félix Valdivieso. Anatomía Digital [Internet]. 2023 [citado 22 de abril de 2025]; 6(3.1):44-58. Disponible en: <https://doi.org/10.33262/anatomiadigital.v6i3.1.2647>

El artículo que se publica es de exclusiva responsabilidad de los autores y no necesariamente reflejan el pensamiento de la **Revista Anatomía Digital**.



El artículo queda en propiedad de la revista y, por tanto, su publicación parcial y/o total en otro medio tiene que ser autorizado por el director de la **Revista Anatomía Digital**.



Open policy finder
Formerly Sherpa services