

# Resistencia a los antimicrobianos en ambiente y fauna silvestre

## Mecanismos de resistencia y líneas genéticas emergentes e implicancias en salud humana

**CARMEN TORRES**

Facultad de Ciencia y Tecnología, Universidad de La Rioja (UNIRioja). Logroño, España

[carmen.torres@uniroja.es](mailto:carmen.torres@uniroja.es)

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) supone una gran amenaza a la salud pública que debe ser abordada desde una perspectiva global, lo que se denomina una perspectiva *One Health*, que implica el ecosistema humano, animal y ambiental. En esta ponencia se abordará la importancia del ambiente y la fauna silvestre en la emergencia, acumulación y diseminación de genes de resistencia a antimicrobianos (GRAM) o de bacterias multirresistentes (BMR), que sean especialmente relevantes en salud humana y animal. Para ello se analizará la evolución de BMR portadoras de mecanismos de resistencia de gran importancia en salud pública, en ecosistemas muy diversos: aves (migratorias, rapaces), mamíferos, aguas (residuales o superficiales), o aire en entornos ganaderos. En esta línea, se aportarán datos obtenidos por el grupo de investigación de la Universidad de La Rioja «Resistencia a los antibióticos desde la perspectiva *One Health*» (One Health-UR), enfocado a los siguientes microorganismos: **1)** *Staphylococcus aureus* con resistencia a meticilina (SARM): se analizará la evolución de las cepas con mecanismo tanto *mecA* como *mecC* y también la relevancia de la resistencia a linezolid. Se aportarán datos respecto a la diversidad de líneas genéticas asociadas a las cepas SARM y, muy especialmente, a aquellas que se encuentran en la interfase animal-hombre, como es el

caso de SARM-CC398 o de SARM-CC130, asociadas al mecanismo *mecC*, y que han sido detectadas en numerosos animales silvestres (buitre negro, cigüeñas, ciervos, ratón de campo o conejo silvestre, entre otros) o en muestras acuáticas. Se aportarán datos sobre el genoma de estos microorganismos y sobre las características fenotípicas y genotípicas que pueden ayudar a su identificación. Se analizarán los factores que pueden contribuir a la diseminación de las variantes SARM en fauna silvestre y muestras ambientales y su impacto en salud pública. **2) *Escherichia coli*** portador de genes de beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE), muy especialmente las de clase CTX-M y SHV, beta-lactamasas de plasmídicas de tipo AmpC (muy especialmente las de tipo CMY-2) o carbapenemasas (muy especialmente las de tipo KPC). Se analizarán las variantes de estas beta-lactamasas que circulan en fauna silvestre y medio ambiente, los clones bacterianos que las portan y el impacto que pueden tener en la evolución de dichos mecanismos de resistencia en el ámbito clínico. A través de esta ponencia se observará cómo la fauna silvestre y el medioambiente es un espejo en el que podemos ver reflejado todo lo que estamos observando en el ámbito clínico y, por tanto, el ecosistema natural debe estar contemplado en todas las estrategias de vigilancia y control de la resistencia a los antimicrobianos. En definitiva, la perspectiva *One Health* es un abordaje imprescindible en la lucha contra la resistencia a los antimicrobianos que requiere la participación de equipos de trabajo multidisciplinar, con una visión global.

**Palabras clave:** resistencia antimicrobiana, líneas genéticas emergentes, fauna silvestre.