



Výskyt rezistentných CoNS v primárnej produkcii potravín ako základ pre vývoj algoritmického modulu v integrovanom farmovom systéme

Occurrence of resistant CoNS in primary food production as a foundation for developing an algorithmic module within an integrated farm system

Regecová, I., Výrostková, J., Pipová, M., Kožárová, I., Zigo, F., Sláma, P., Bendowski V.

Abstract

Antimicrobial resistance, particularly in resistant MR-CoNS such as *Staphylococcus chromogenes* and *Staphylococcus warneri*, poses a risk to animal health and food safety. Therefore, in this study, samples of milk, meat, and environmental swabs were analyzed. The isolates were identified using PCR and tested for susceptibility to selected antibiotics, including oxacillin and *mecA* gene detection. In total, 115 CoNS isolates were confirmed, of which 34 belonged to *S. chromogenes* and *S. warneri*. Among the identified isolates, 73% showed resistance to β -lactams, as well as to teicoplanin (6%), gentamicin (15%), erythromycin (73%), and tetracycline (88%). These results form the basis for the development of an algorithmic module within the integrated farm system, enabling the monitoring of cattle health and targeted treatment. This approach supports sustainable and safe milk and meat production while reducing antibiotic usage.

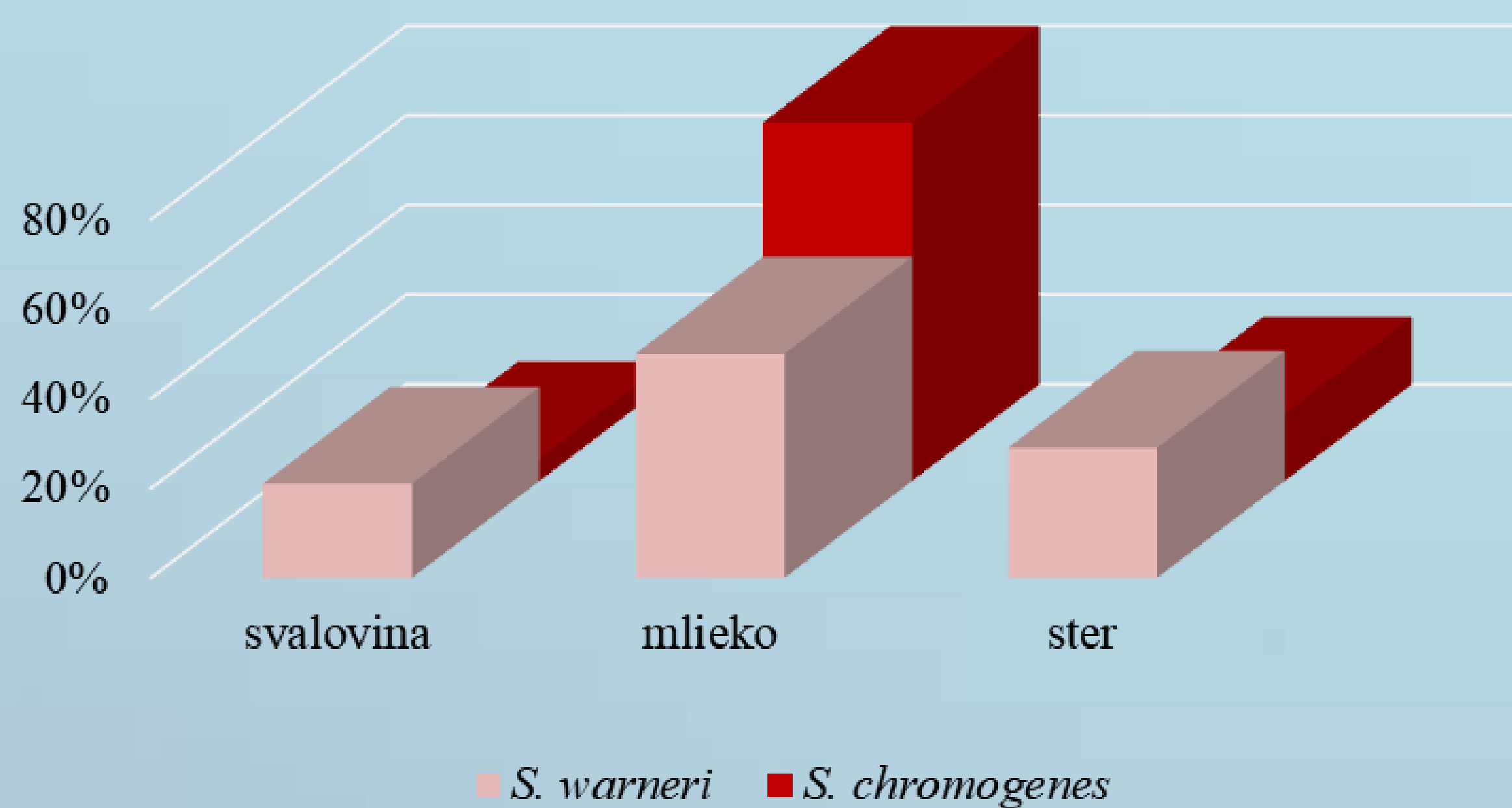
Key words: algorithmic module, antimicrobial resistance, CoNS, integrated farm system

Materiál a metodika

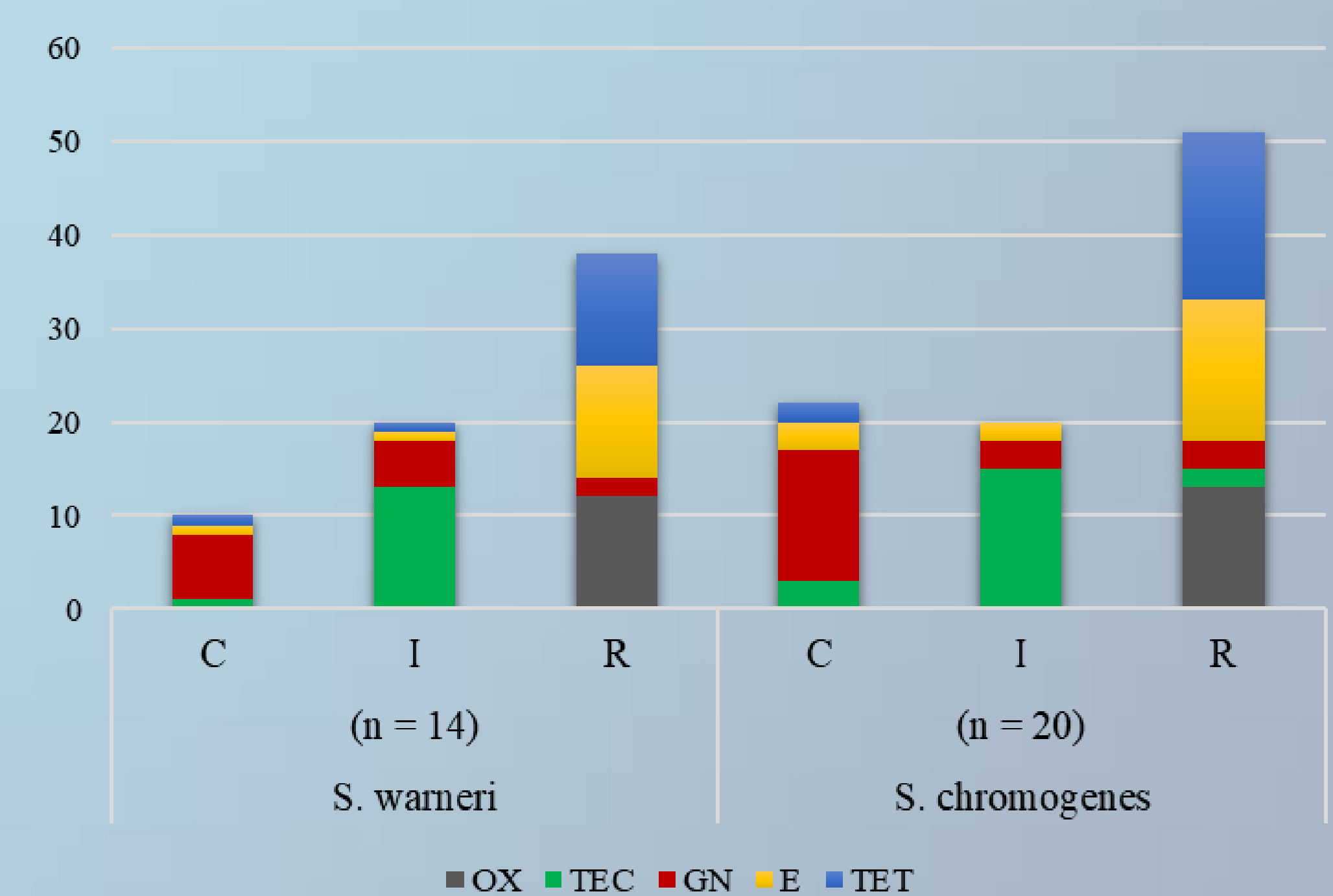
- Vyšetrované vzorky – 2 vzorky stehennej svaloviny hovädzieho dobytká, 4 vzorky surového kravského mlieka a 2 vzorky sterov z náradia používaného pri jatočnom opracovaní.
- Mikrobiologické vyšetrenie – podľa STN ISO normy 6887-1(2017)a 6888-1 (2021)
- Izolácia DNA – podľa Sharmu et al. (2000).
- PCR amplifikácia – podľa Strommenger et al. (2003) s použitím primerov 16S1 a 16S2 (Amplia s.r.o, Slovensko)
- Sekvenácia podľa Sangeru – komerčnou spoločnosťou (GATC Biotech AG, Nemecko a SEQme, Česká republika)
- Získané sekvencie boli porovnávané s dostupnými sekvenciami v databáze GenBank-EMBL, pomocou programu BLAST (softvérový balík NCBI)
- Testovanie citlivosti na antibiotiká pomocou mikrodilučnej metódy – oxacilín (OX), teikoplanín (TEC), gentamicín (GN), erytromycín (E), tetracyklín (TET)
- Detekcia prítomnosti *mecA* génu – podľa Poulsena a kol. (2003)
- Pozitívna kontrola – referenčný kmeň *S. aureus* CCM 4750

Výsledky

- ✓ Grafické zobrazenie percentuálneho zastúpenia jednotlivých druhov stafylokokov vo vzorkách



- ✓ Grafické zobrazenie citlivosti jednotlivých druhov stafylokokov vo vzorkách



- ✓ Detekcia génu *mecA* u izolátov *S. chromogenes* a *S. warneri*



- ✓ Vytvorenie algoritmického modulu v integrovanom farmovom systéme



Záver

Rezistentné CoNS predstavujú významný rizikový faktor pre zdravie zvierat a zároveň pre bezpečnosť potravín, preto je nevyhnutné ich systematicky sledovať. Výskyt génu *mecA* u izolátov *S. warneri* a *S. chromogenes* poukazuje na potenciál šírenia rezistencie v agropotravinovom reťazci, čo zvyšuje význam preventívnych opatrení na farmách. Zavedenie integrovaného farmového systému umožňuje komplexný monitoring zdravotného stavu dobytká a včasnú identifikáciu rizikových zvierat. Algoritmický modul, ktorý sa vyvíja na základe dát o rezistentných izolátoch umožní cieľenú liečbu, zlepšenie hygieny a zníženie šírenia patogénov. Takýto integrovaný prístup podporuje udržateľnú a bezpečnú produkciu mlieka a mäsa a zároveň minimalizuje potrebu antibiotík.

The study was conducted as part of the Visegrad Fund project no. 22430046: Control of antimicrobial resistance by the Integrated Farm System within "Farm to Fork" strategy. The project is co-financed by the governments of Czechia, Hungary, Poland and Slovakia through Visegrad Grants from the International Visegrad Fund. The mission of the fund is to advance ideas for sustainable regional cooperation in Central Europe.