

Resumen

La industria lechera en el Ecuador se encuentra afectada por la mastitis, una enfermedad bacteriana capaz de generar cambios en el estado del animal, de sus productos y subproductos. Las islas Galápagos cuentan con hatos lecheros que han sido reportados con esta infección, la identificación de microorganismos por métodos tradicionales presenta limitaciones al ser menos sensible y específica, es por eso, que el objetivo del presente estudio fue utilizar herramientas moleculares para la identificación de los agentes causales de mastitis. Se utilizó el análisis mediante PCR del gen ARNr 16S para caracterizar 56 cepas aisladas de leche de ganado bovino positivo para mastitis subclínica de las islas Santa Cruz, Isabela y Floreana. Se identificó al *Staphylococcus aureus* como el mayor agente causal de mastitis con 21%, seguido de *Staphylococcus haemolyticus* y *Staphylococcus chromogenes* (14%), los aislados de *Bacillus licheniformis* y *Staphylococcus agnetis* (5%), *Lactococcus garvieae*, *Micrococcus luteus*, *Enterobacter cloacae*, *Macrococcus caseolyticus*, *Enterobacter tabaci*, *Bacillus megaterium* y *Pseudomonas putida* (4%) cada uno. En el resto de aislados se identificó a *Bacillus subtilis*, *Escherichia coli*, *Macrococcus bohemicus*, *Arthrobacter sp*, *Acinetobacter calcoaceticus*, *Cellulomonas flavigena*, el estafilococo coagulasa negativo *Staphylococcus equorum* y *Rothia terrae* representados en menor número (2%). La identificación molecular permitió establecer a *Staphylococcus spp.* y *Bacillus spp.* como principales causantes de mastitis, siendo *S. aureus* el patógeno prevalente en casos de mastitis subclínica.

Palabras clave:

- **MASTITIS BOVINA**
- **GEN ARNR 16S**
- **IDENTIFICACIÓN MOLECULAR**
- **ISLAS GALÁPAGOS, ECUADOR**

Abstract

The dairy industry in Ecuador is affected by mastitis, which is a bacterial disease capable of generating changes in the health of the animal and milk derivatives. Galapagos Islands have dairy herds that have been reported with this infection, the identification of microorganisms by traditional methods has limitations as it is less sensitive and specific. The objective of this study was to use molecular tools for the identification of the causal agents of mastitis. PCR analysis of the 16S rRNA gene was used to characterize 56 strains isolated from milk of subclinical mastitis-positive cattle from Santa Cruz, Isabela and Floreana islands. *Staphylococcus aureus* was identified as the major causative agent of mastitis with 21%, followed by *Staphylococcus haemolyticus* and *Staphylococcus chromogenes* (14%), isolates of *Bacillus licheniformis* and *Staphylococcus agnetis* (5%), *Lactococcus garvieae*, *Micrococcus luteus*, *Enterobacter cloacae*, *Macrococcus caseolyticus*, *Enterobacter tabaci*, *Bacillus megaterium* & *Pseudomonas putida* (4%). The remaining isolates included *Bacillus subtilis*, *Macrococcus bohemicus*, *Escherichia coli*, *Arthrobacter* sp, *Acinetobacter calcoaceticus*, *Cellulomonas flavigena*, *Rothia terrae* and *Staphylococcus equorum* represented in smaller numbers (2%). Molecular identification allowed establishing *Staphylococcus* spp. and *Bacillus* spp. as the main causes of mastitis. *S. aureus* was the prevalent pathogen in cases of subclinical mastitis.

Key words:

- **BOVINE MASTITIS**
- **16S RRNA GENE**
- **MOLECULAR IDENTIFICATION**
- **GALÁPAGOS ISLANDS, ECUADOR**