

## CARACTERIZACIÓN ETIOLÓGICA DE LAS MAMITIS CLÍNICAS Y SUBCLÍNICAS EN EL GANADO OVINO LECHERO

Esnal, A. Extramiana, A.B.  
ANALÍTICA VETERINARIA  
analitica @analiticaveterinaria.com. Tfno: 946744251

### RESUMEN

Un total de 16965 muestras de leche de ovino lechero procedentes de casos de mastitis subclínica y 1013 muestras procedentes de casos de mastitis clínica, fueron analizadas para la identificación de los patógenos implicados. Una vez descartados los cultivos negativos y contaminados, y desglosados los cultivos mixtos, se incluyeron en el estudio un total de 11936 aislamientos de mastitis subclínicas y 875 aislamientos de mastitis clínicas. A nivel subclínico, los estafilococos coagulasa negativos (SCN) fueron el grupo de patógenos más aislado (52.94%), seguidos de *Staphylococcus aureus* (10.99%) y *Mycoplasma* spp (9.53%). Las diferentes especies incluidas en Streptococcaceae tuvieron porcentajes de aislamiento variable, aunque en su conjunto representaron también un grupo de patógenos destacable, con un 10.14% de las cepas aisladas en muestras subclínicas. Las Enterobacterias representaron el 5.64% de cepas subclínicas, mientras que el resto de patógenos aislados (*Corynebacterium* spp, *Pseudomonas* spp, *Bacillus* spp, *Mannhemia* spp, *Pasteurella* spp, *Arcanobacterium pyogenes* y otros) tuvieron cada uno de ellos frecuencias de aislamiento inferiores al 3%. Por el contrario, a nivel de mastitis clínica, *Mycoplasma* spp, patógeno responsable de la Agalaxia Contagiosa, fue la especie más aislada, con el 24.11% de las cepas aisladas, seguida de *Staphylococcus aureus* (21.71%), SCN (20.00%), Enterobacteria (9.49%) y Streptococcaceae (9.26%). El resto de patógenos tuvieron

porcentajes de aislamiento en mastitis clínicas inferiores al 5%. Se estimó el potencial patógeno de cada microorganismo para inducir mastitis clínica, calculando lo que se denominó Índice de Patogenicidad Clínica (IPC), cociente entre su frecuencia de aislamiento en mastitis clínica y su frecuencia de aislamiento en mastitis subclínica. Según este índice, los microorganismos más patógenos fueron, por este orden, *Mannhemia* / *Pasteurella* spp, *Arcanobacterium pyogenes*, *Mycoplasma* spp, *Pseudomonas* spp y *Staphylococcus aureus*, algunos de ellos muy minoritarios a nivel subclínico. Por el contrario, los microorganismos que mostraron menor potencial clínico fueron *Corynebacterium* spp y los SCN. Las frecuencias de aislamiento estuvieron en consonancia con otros estudios publicados, con la salvedad del importante papel que *Mycoplasma* spp jugó tanto en la casuística clínica como subclínica, y que pone en evidencia la grave situación de Agalaxia Contagiosa que padece la cabaña ovina lechera en España. Por otro lado, se observó una elevada correlación entre el potencial para inducir mastitis clínica y el recuento de células somáticas inducido por cada microorganismo y publicado por diversos autores.

**Abreviaturas clave:** IPC = Índice de Patogenicidad Clínica; MC = mastitis clínica; MS = mastitis subclínica; RCS = recuento de células somáticas; SCN = *Staphylococcus coagulasa negativo*.

### INTRODUCCIÓN

El conocimiento de los microorganismos causantes de mastitis en el ganado ovino lechero es importante para la aplicación de programas de control de esta enfermedad, ya que debido a las diferencias

que presentan entre sí en cuanto a hábitat, formas de transmisión, contagiosidad y repercusión clínica y productiva, las estrategias de control se pueden enfocar de diferentes formas. Los trabajos realizados al respecto son

numerosos, aunque en la mayor parte de ocasiones se centran en estudios etiológicos sobre un número de rebaños limitado y en áreas geográficas concretas. En este sentido, este estudio incluye un número muy elevado de muestras y de rebaños, y ampliamente representativo del conjunto del territorio español. Por otro lado, estudiar las diferencias en la distribución de los diferentes microorganismos en función del tipo de mastitis, clínica o subclínica, es importante ya que pueden ser el reflejo de que en los rebaños la etiología predominante puede ser distinta a nivel clínico que a nivel subclínico. Las mastitis clínicas son escasamente investigadas salvo que aparezcan en forma de brote clínico

## MATERIAL Y MÉTODOS

### Muestreo

En el estudio se incluyeron un total de 17978 muestras de leche recibidas en el laboratorio de diagnóstico veterinario ANALITICA VETERINARIA, localizado en el País Vasco, España, en el ámbito del servicio habitual de diagnóstico que ofrece dicho laboratorio. Las muestras correspondieron a ovejas afectadas de mastitis clínica o sospechosas de padecer mastitis subclínica, y pertenecientes a aproximadamente 2000 rebaños de ganado ovino lechero distribuidos por todo el territorio español.

Se catalogaron como de mastitis clínicas, aquellas muestras que fueron identificadas como tales por parte del veterinario que envió las muestras, así como muestras que aunque no hubieran sido identificadas como clínicas por parte del mismo, presentaban una evidente alteración de la secreción láctea atribuible a un caso clínico de mastitis, tal como aspecto sanguinolento y aspecto purulento. Se catalogaron como de mastitis subclínicas, aquellas muestras que fueron identificadas como tales por parte del veterinario que envió las muestras y procedentes de glándulas mamarias seleccionadas en base a procedimientos de diagnóstico en campo como el California Mastitis Test (CMT) o la exploración clínica de ubres, así como muestras que aunque no

agudo, pues cuando el veterinario clínico acude a la explotación para realizar un diagnóstico de mastitis, o bien no hay ovejas clínicas en ese momento o bien han sido ya tratadas con antibióticos, lo que las inhabilita para su análisis. La elevada incidencia clínica de microorganismos muy poco prevalentes a nivel subclínico, supone una llamada de atención sobre la necesidad de analizar casos clínicos para tener un diagnóstico completo de la problemática de mastitis de un rebaño. Finalmente, en el estudio se incluye una sistemática identificación de la presencia de *Mycoplasma spp* en los cultivos, poniendo en evidencia una grave situación de Agalaxia Contagiosa en España.

hubieran sido identificadas como subclínicas por parte de dicho veterinario, se enviaron al laboratorio para diagnóstico etiológico de mastitis y no presentaban alteración aparente de la secreción láctea.

Así, se incluyeron en el estudio 16965 muestras de leche de casos de mastitis subclínica y 1013 muestras de leche de casos de mastitis clínica. Una vez desglosados los cultivos positivos mixtos, el número total de cepas aisladas fue de 12811, de las cuales 11936 correspondieron a casos de mastitis subclínica y 875 a episodios de mastitis clínica (Tabla 1).

Las muestras fueron recogidas según la técnica elegida por los diferentes veterinarios clínicos, aunque en términos generales se siguieron las indicaciones del laboratorio: desinfección del pezón con algodón impregnado en alcohol, descarte de los primeros chorros de leche y recogida de una muestra de leche en tubo estéril de rosca de 7 ml de capacidad. Las muestras pudieron sufrir diferentes procesos de conservación hasta su envío: congelación durante un periodo indeterminado de tiempo, refrigeración durante varios días o envío al laboratorio el mismo día de su recogida. En todos los casos fueron enviadas por un sistema de transporte urgente en un plazo inferior a 24 horas. Las muestras fueron procesadas en el laboratorio siempre el mismo día de su recepción.

**Tabla 1.** Características del muestreo.

	Total		MS		MC	
	N	(%)	N	(%)	N	(%)
Total muestras	17978	100.0	16965	100.0	1013	100.0
Negativas	5428	30.19	5255	30.98	173	17.08
Contaminadas	717	3.99	673	3.97	33	4.34
Positivas	11833	65.82	11037	65.06	796	78.58
Cultivos puros	10855	60.38	10138	59.76	717	70.78
Cultivos mixtos	978	5.44	899	5.30	79	7.80
Total aislamientos <sup>1</sup>	12811		11936		875	

Total aislamientos<sup>1</sup>: Número total de cepas aisladas desglosando los cultivos mixtos

MS: Mastitis subclínicas

MC: Mastitis clínicas

### Análisis bacteriológico

Se sembraron 0,02 ml de leche de cada muestra en medio agar Columbia con 5% de sangre de carnero (bioMérieux S.A), incubándose las placas durante 7 días a 37°C en condiciones de aerobiosis y realizándose lecturas a 24 y 48 h, así como a 5-7 días. Además, una mezcla de todas las leches remitidas de cada caso o rebaño, se cultivó selectivamente para el aislamiento de *Mycoplasma* spp, mediante siembra directa y tras enriquecimiento en caldo PPPLO, de 0,02 ml de leche en medio agar PPLO, siendo incubadas las placas a 37°C en atmósfera enriquecida con CO<sub>2</sub> durante 9 días.

Se consideraron cultivos positivos aquellos que presentaban crecimiento bacteriano significativo, considerado como 5 o más colonias similares, salvo en el caso de *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus agalactiae* y *Arcanobacterium pyogenes*, en los que se consideraron cultivos positivos aquellos que presentaban al menos una única colonia de dichas bacterias. Se consideraron cultivos negativos aquellos que presentaban ausencia de crecimiento bacteriano o menos de 5 colonias salvo en las tres especies bacterianas citadas anteriormente. Se consideraron cultivos positivos puros aquellos que presentaban crecimiento bacteriano significativo de una única especie, y cultivos positivos mixtos aquellos que presentaban crecimiento bacteriano significativo de 2 especies bacterianas. Finalmente, se

consideraron cultivos contaminados aquellos que presentaban crecimiento de tres o más especies bacterianas, salvo aquellos en los que estaban presentes *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus agalactiae*, *Arcanobacterium pyogenes* o *Mycoplasma* spp, en cuyo caso que consideraron como cultivos positivos de dichas especies.

La metodología utilizada para la identificación de los microorganismos fue en términos generales la recomendada por el National Mastitis Council (1990). Se utilizaron como técnicas básicas preliminares la tinción de Gram, la catalasa en los gram positivos y la oxidasa en los gram negativos. Se identificaron como Micrococcaceae los cocos gram-positivos catalasa-positivos, diferenciándose entre SCN + *Micrococcus* spp por un lado, y *Staphylococcus aureus* por otro, en base al test de coagulasa y de aglutinación con partículas de latex tapizadas de fibrinógeno porcino y IgG de conejo (Staphytect, Oxoid Ltd.). Se identificaron como Streptococcaceae los cocos gram-positivos catalasa negativos, realizándose sobre ellos las pruebas de CAMP, hidrólisis de la esculina y la bilis-esculina, así como puntualmente pruebas de aglutinación con partículas de látex sensibilizadas con inmunoglobulinas específicas de los grupos de Lancefield. Se consideraron como *Streptococcus agalactiae* los estreptococos CAMP-positivos, esculina y bilisesculina-negativos y positivos a la aglutinación para grupo B de Lancefield. Se consideraron como *Streptococcus uberis* los estreptococos

esculina-positivos y bilisesculina-negativos, como *Enterococcus* spp los estreptococos esculina-positivos y bilisesculina-positivos y como *Streptococcus* spp los estreptococos esculina-negativos y bilisesculina-negativos distintos de *Streptococcus agalactiae*. Los bacilos gram-positivos catalasa-positivos y con morfología colonial característica del género se identificaron como *Corynebacterium* spp, mientras que aquellos beta-hemolíticos y catalasa-negativos se identificaron como *Arcanobacterium pyogenes*. Otros bacilos gram-positivos y catalasa-positivos, fueron identificados como *Bacillus* spp cuando su morfología colonial fue característica de este género. Los bacilos gram-negativos, oxidasa-negativos, fermentadores de la glucosa y con crecimiento en agar MacConkey, se consideraron como Enterobacterias. Los bacilos gram-negativos oxidasa-positivos y con crecimiento en agar MacConkey se consideraron como *Pseudomonas* spp,

mientras que los bacilos o cocobacilos gram negativos, oxidasa-positivos y sin crecimiento en agar MacConkey, fueron considerados como *Mannhemnia haemolytica* o *Pasteurella* spp. En estos casos se confirmó la identificación mediante el sistema API (bioMérieux S.A.). Levaduras, mohos y *Prototheca* spp. se identificaron mediante tinción de gram y morfología colonial. Finalmente, todas las placas se leyeron a 5-7 días con el fin de observar el crecimiento tardío de *Mycoplasma* spp, basado en la aparición de una alfa-hemólisis característica y la observación de las colonias bajo lupa de 20-60 aumentos. En todos los casos positivos, se verificó que el cultivo selectivo de micoplasmas en agar PPLO realizado sobre la mezcla de leches del rebaño fuera positivo y en caso contrario, se realizaron subcultivos del agar sangre a agar PPLO para confirmar el crecimiento de la bacteria.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados microbiológicos del estudio se muestran en la Tabla 2. La distribución de cada microorganismo está expresada como el porcentaje de aislamiento

respecto al total de aislamientos obtenidos, una vez desglosados los cultivos mixtos en dos aislamientos cada uno de ellos.

**Tabla 2.** Distribución de los diferentes microorganismos en conjunto y según el tipo de mastitis (MS y MC). Índice de patogenicidad clínica (IPC) estimado para cada microorganismo en base al cociente de la frecuencia de aparición en MC y la frecuencia de aparición en MS.

	Total		MS		MC		IPC
	N	(%)	N	(%)	N	(%)	
SCN + Micrococcus spp	6494	50.69	6319	52.94	175	20.00	0.38
Staphylococcus aureus	1502	11.72	1312	10.99	190	21.71	1.98
Mycoplasma spp	1348	10.52	1137	9.53	211	24.11	2.53
Enterobacteria	756	5.90	673	5.64	83	9.49	1.68
Streptococcus spp	476	3.72	441	3.69	35	4.00	1.08
Enterococcus spp	418	3.26	400	3.35	18	2.06	0.61
Corynebacterium spp	340	2.65	332	2.78	8	0.91	0.33
Pseudomonas spp	304	2.37	265	2.22	39	4.46	2.01
Bacillus spp	284	2.22	276	2.31	8	0.91	0.39
Streptococcus agalactiae	232	1.81	224	1.88	8	0.91	0.48
Mannheimia / Pasteurella spp	183	1.43	142	1.19	41	4.69	3.94
Streptococcus uberis	166	1.30	146	1.22	20	2.29	1.88
Mohos	147	1.15	129	1.08	18	2.06	1.91
Arcanobacterium pyogenes	112	0.87	94	0.79	18	2.06	2.61
Levaduras	31	0.24	31	0.26	0	0.00	0.00
Otros	18	0.14	15	0.13	3	0.34	2.62

Micrococcaceae (*Staphylococcus* spp + *Micrococcus* spp) fué el grupo de patógenos

más aislado en términos globales (SCN+ *Micrococcus* spp: 50.69%; *Staphylococcus*

*aureus*: 11.72%), resultado coincidente con algunos de los principales estudios etiológicos de mastitis del ganado ovino lechero realizados en España (Marco, 1994; González-Rodríguez y col., 1995; Gonzalo y col., 2002). No obstante la frecuencia de aislamiento fue en torno a diez puntos inferior a la obtenida por estos autores, en cuyos estudios no se detectó la presencia de *Mycoplasma* spp en ninguno de los rebaños incluidos. Precisamente, fue del 10.52% la frecuencia de aislamiento de esta bacteria en el presente estudio, que incluyó una elevada proporción de muestras procedentes de zonas endémicas de Agalaxia Contagiosa como Castilla y León. Streptococcaceae (que incluyó *Streptococcus agalactiae*, *Streptococcus uberis*, *Enterococcus* spp y *Streptococcus* spp) representó el 3º grupo más aislado, con el 10.09% de los aislamientos, en sintonía con otros trabajos (Marco, 1994: 13.7%; González-Rodríguez y col., 1995: 16.2%). Destaca la relativamente elevada frecuencia de aislamiento del grupo de Enterobacterias (5.9%), en comparación con otros trabajos (Marco, 1994: 0.8%; González-Rodríguez y col., 1995: 0.4%; Gonzalo y col., 2002: 0.21%). Asimismo, la frecuencia de *Mannheimia/Pasteurella* spp y de *Pseudomonas* spp, fue también superior a estos estudios, aunque en ambos casos los valores fueron inferiores al 2.5%.

Las frecuencias de aislamiento en función del tipo de mastitis mostraron diferencias notables. En el caso de mastitis clínicas, *Mycoplasma* spp pasó a ser el microorganismo más frecuentemente aislado, con un 24.11% de los aislamientos, mientras que representó el 9.53% de los aislamientos en mastitis subclínicas. Por su parte, *Staphylococcus aureus* representó el 21.71% de las cepas aisladas en casos clínicos, duplicando al porcentaje de participación en mastitis subclínicas (10.99%). Por el contrario, el grupo de los SCN, si bien manifestó una patogenicidad clínica elevada (20.00% de los casos), su frecuencia a nivel clínico fue marcadamente inferior que a nivel subclínico (52.94%). Hay que destacar también el incremento en la implicación en casos clínicos respecto a los casos subclínicos, que experimentaron especies minoritarias como *Pseudomonas* spp, *Mannheimia/Pasteurella* spp y *Arcanobacterium pyogenes*. El importante papel que juega *Staphylococcus*

*aureus* en las mastitis clínicas del ganado ovino y la menor patogenicidad a nivel clínico de los SCN está ampliamente documentado (Marco, 1994; Bergonier y col., 2002; Bergonier y col., 2003). Los casos de mastitis clínica por *Mannheimia* spp y *Pasteurella* spp afectaron principalmente a ovejas en su primera fase de lactación, en el periodo de amamantamiento del cordero o en un corto intervalo de tiempo tras el destete, en concordancia con la importancia que algunos autores le dan al cordero como factor de transmisión de este microorganismo a la glándula mamaria de la oveja (Simmons y col., 1954; Scott y col., 1998). Respecto a *Pseudomonas* spp, un elevado número de aislamientos correspondieron a brotes agudos de mastitis clínicas a nivel de rebaño, problema que ha sido documentado por otros autores (Las Heras y col., 1999; Yeruham y col., 2005).

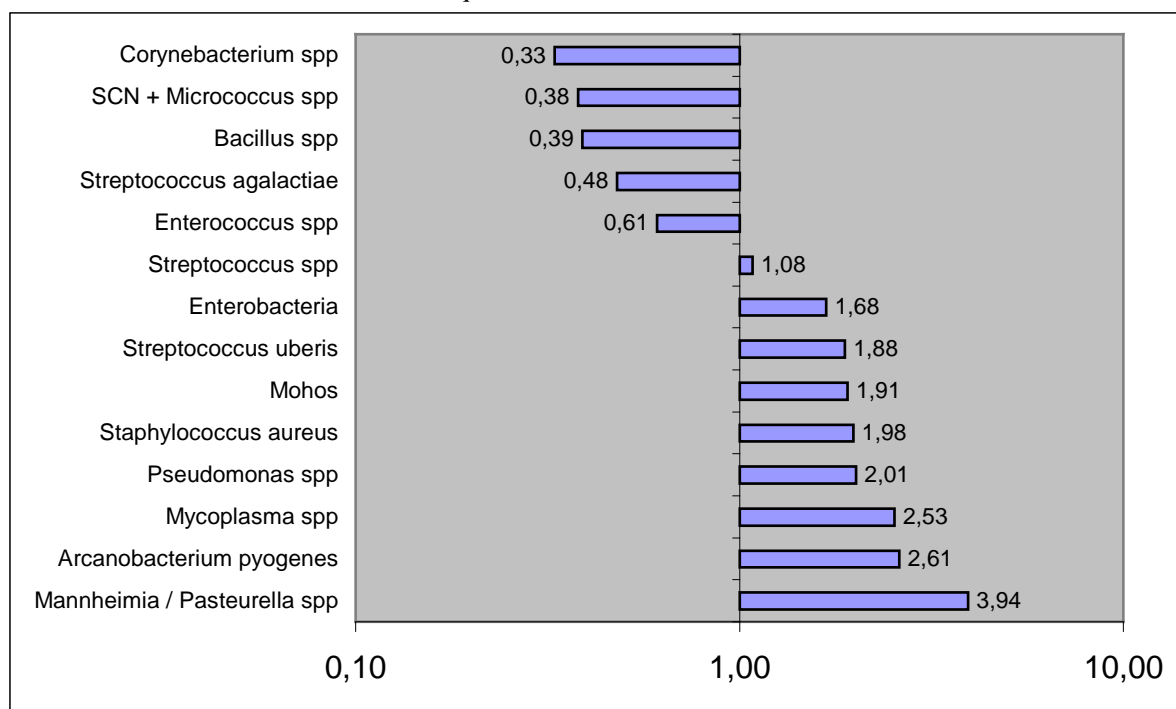
La proporción entre la frecuencia de aislamiento en casos de mastitis clínica y la frecuencia de aislamiento en casos de mastitis subclínica, puede ser un buen indicador del potencial patógeno de cada microorganismo. En el presente estudio se calculó para cada grupo o especie bacteriana lo que se denominó Índice de Patogenicidad Clínica (IPC), calculado como el cociente entre la frecuencia de aislamiento en mastitis clínicas y la frecuencia de aislamiento en mastitis subclínicas. Un IPC inferior a 1 indica una mayor frecuencia subclínica que clínica, mientras que un IPC superior a 1 indica lo contrario. En el gráfico 1 se puede observar el IPC de cada microorganismo ordenado de menor a mayor. Las especies con mayor patogenicidad a nivel clínico fueron *Mannheimia* spp y *Pasteurella* spp, con una participación a nivel clínico casi 4 veces superior que a nivel subclínico (IPC: 3.94). Por su parte, la implicación clínica de *Arcanobacterium pyogenes* (IPC: 2.61), *Mycoplasma* spp (IPC: 2.53), *Pseudomonas* spp (IPC: 2.01) y prácticamente *Staphylococcus aureus* (IPC: 1.98), fue superior al doble de su implicación a nivel subclínico. *Streptococcus uberis* y Enterobacterias también fueron más frecuentes en mastitis clínicas que subclínicas, pero con una patogenicidad a nivel clínico inferior. Por el contrario, Las corinebacterias y los SCN fueron bacterias con un marcado carácter

subclínico, pues su implicación en mastitis clínicas fue tres veces menor a su implicación en mastitis subclínicas (IPC 0.33 y 0.38 respectivamente). Hay que destacar la baja potencialidad clínica observada en *Streptococcus agalactiae* (IPC: 0.48), que además se ser poco frecuente a nivel global (1.81%), su implicación clínica fue menos de la mitad de su implicación subclínica (IPC: 0.48).

El índice de patogenicidad calculado guarda buena correlación con el recuento de células somáticas (RCS) medio inducido por cada uno de los microorganismos, de acuerdo a diversos estudios. En el trabajo de Marco (1994), *Mannheimia* spp, Enterobacterias y *Staphylococcus aureus*, indujeron los RCS más elevados, mientras que Micrococos, SCN y Corinebacterias, mostraron los valores más bajos, resultados claramente concordantes con nuestro estudio. En el rango intermedio se situaron los estreptococos. Igualmente, en el trabajo de Gonzalo y col. (2002), *Pasteurella* spp, *Staphylococcus aureus* y

*Arcanobacterium pyogenes* se situaron en 2º, 3º y 4º puesto respectivamente en cuanto a RCS inducidos, mientras que los microorganismos con menor RCS medio fueron los SCN novobiocina-sensibles, *Micrococcus* spp y *Corynebacterium* spp. Hay que destacar de este trabajo dos resultados. Por una lado, al diferenciar los SCN entre novobiocina-sensibles (SCN-NS) y novobiocina resistentes (SCN-NR), se observaron diferencias significativas de patogenicidad, siendo muy superior el RCS medio inducido por los SCN-NS, por encima de los estreptococos, que se situaron en un rango medio, que los SCN-NR. En nuestro estudio no se tuvo en cuenta esta diferenciación, pero existen datos disponibles para poder calcular el IPC de ambos grupos de SCN. En segundo lugar, en el estudio de Gonzalo y col., *Streptococcus agalactiae* se situó en el primer puesto de patogenicidad estimada en base a RCS inducido ( $7104 \times 10^3$  cél/ml), mientras que en nuestro estudio esta bacteria mostró un potencial patógeno para provocar episodios clínicos bastante discreto.

**Gráfico 1.** Índices de Patogenicidad clínica (IPC) de cada microorganismo ordenados de menor a mayor, utilizando una escala logarítmica. A la izquierda del valor 1, microorganismos con mayor frecuencia relativa de aislamiento en mastitis subclínicas que en mastitis clínicas. A la derecha, microorganismos con mayor frecuencia relativa de aislamiento en mastitis clínicas que en mastitis subclínicas.



## CONCLUSIONES

El estudio, que incluyó muestras de mastitis provenientes de toda la geografía española, mostró la importancia que tiene la Agalaxia Contagiosa en la patología mamaria de la cabaña de ovino lechero del país, con una importante repercusión a nivel clínico, ya que en la cuarta parte de las mastitis clínicas analizadas se aislaron micoplasmas. Al margen de esta especie, los estafilococos fueron los microorganismos más aislados tanto en mastitis clínicas como subclínicas. Sin embargo, las diferencias en la distribución de los diferentes microorganismos en función del tipo de mastitis, estimado en base al que se denominó Índice de Patogenicidad Clínica,

permitió identificar como las especies de mayor potencial patógeno a *Mannheimia* y *Pasteurella* spp, *Arcanobacterium pyogenes*, *Mycoplasma* spp, *Pseudomonas* spp y *Staphylococcus aureus*, mientras que las especies con menor potencial patógeno fueron los SCN y *Corynebacterium* spp. Estos resultados, en comparación con diversos estudios, muestran que en términos generales las mismas especies bacterianas que inducen lo recuentos de células somáticas más elevados son también las que provocan más casos de mastitis clínica en proporción a su prevalencia subclínica.

## BIBLIOGRAFÍA

Bergonier, D., De Crémoux, R., Rupp, R., Lagriffoul, G., Berthelot, X. 2003. Mastitis of dairy small ruminants. *Vet. Res.* 34:689-716.

Bergonier, D., Berthelot, X. 2003. New advances in epidemiology and control of ewe mastitis. *Livestock Production Science.* 79(1):1-16.

González Rodríguez, M.C., Gonzalo, C., San Primitivo, F., Cármenes, P. 1995. Relationship between somatic cell count and intramammary infection of the half udder in dairy ewes. *J. Dairy Sci.* 78:2753-2759.

Gonzalo, C., Ariznabarreta, A., Carriedo, J.A. Mammary pathogens and their relationship to somatic cell count and milk yield losses in Dairy ewes. 2002. *J. Dairy Sci.* 85:1460-1467.

Las Heras, A., Dominguez, L., Lopez, I, Fernandez-Garayzabal, J.F. 1999. Outbreak of acute ovine mastitis associated with

*Pseudomonas aeruginosa* infection. *Vet Rec.* 145(2):111-112.

Marco, J.C. 1994. Mastitis en la oveja latxa: epidemiología, diagnóstico y control. Tesis Doctoral, Univ. Zaragoza, Spain.

Scott, M.J., Jones, J.E. 1998. The carriage of *Pasteurella haemolytica* in sheep and its transfer between ewes and lambs in relation to mastitis. *J. Comp. Pathol.* 118(4):359-63.

Simmons, G.C., Ryley, J.W. 1954. Ovine mastitis, with special reference to mastitis caused by *Pasteurella mastitidis*. *Queensland J. Agric. A. Sci.* 11:29-35.

Yeruham, I., Schwimmer, A., Friedman, S., Leitner, G., Zamir, S., Ilsar-Adiri, N., Goshen, T. 2005. Investigation and control of mastitis outbreaks caused by *Pseudomonas aeruginosa* in a sheep flock and a goat herd. *Berl Munch Tierarztl Wochenschr.* 118(5-6):220-3.

## ANALÍTICA VETERINARIA