





Bacterias resistentes a los antibióticos en alimentos de origen animal. Revisión sistemática

Erika Rodríguez-Patiño¹ , Isabella Betancourth-Arteaga¹ ,
Adriana Lucía Romero-Martínez¹ , Mónica Chávez-Vivas² .

Resumen: Bacterias resistentes a los antibióticos en alimentos de origen animal. Revisión sistemática.

Introducción. La problemática alrededor de la resistencia a los antibióticos se intensifica por la presencia de patógenos resistentes en alimentos de origen animal.

Objetivo. Presentar el estado de la prevalencia de bacterias resistentes a antibióticos (BRA) y los principales genes de resistencia a antibióticos (GRAs) que se reportan en alimentos de origen animal y en animales destinados al consumo humano. **Materiales y métodos.** Se realizó una revisión sistemática basada en la guía PRISMA, empleando las bases de datos: Science Direct, Redalyc, Scopus, Hinari, Scielo, Dialnet, PLOS, ProQuest, Taylor, Lilacs y PubMed/Medline con estudios originales realizados entre enero de 2017 y abril 2023. **Resultados.** Un total de 2620 estudios fueron identificados y 71 estudios cumplieron los criterios de inclusión. La carne de res, leche cruda/productos lácteos no pasteurizados y las heces de animales de granja fueron las muestras más estudiadas. Las BRAs más frecuentes fueron *Escherichia coli* productora de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE), *Salmonella spp.* resistente a múltiples fármacos (MDR) y *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (SARM). Los GRAs más reportados fueron *bla*, *tet* y *sul* mediados por plásmidos e integrones, principalmente. **Conclusiones.** En esta revisión sistemática se encontró, que los aislamientos de *E. coli*, *Salmonella spp.* y *S. aureus* son los que más frecuentemente presentaron resistencia a la tetraciclina ampicilina y el sulfametoxazol/trimetoprima con el predominio de los genes *bla*, *tet* y *sul*, que están siendo diseminados por elementos genéticos móviles entre bacterias y a humanos a través de clones zoonóticos con una alta estabilidad en el tiempo. **Arch Latinoam Nutr 2023; 73(4): 313-327.**

Palabras clave: resistencia, antibióticos, alimentos, ganado, aves de corral.

Abstract: Antibiotic-resistant bacteria in foods of animal origin. Systematic review. **Introduction.** The

problem around antibiotic resistance is intensified by the presence of resistant pathogens in foods of animal origin. **Objective.** Present the state of the prevalence of antibiotic resistant bacteria (ARB) and the main antibiotic resistance genes (AGRs) that are reported in foods of animal origin and in animals intended for human consumption. **Materials and methods.** A systematic review was carried out based on the PRISMA guide, from the Science Direct, Redalyc, Scopus, Hinari, Scielo, Dialnet, PLOS, ProQuest, Taylor, Lilacs and PubMed/Medline databases with original studies carried out between January 2017 and April of 2023. **Results.** A total of 2620 studies were identified, and 71 studies met the inclusion criteria. Beef, raw milk/unpasteurized dairy products, and farm animal feces were the most studied samples. The most common resistant bacteria were extended-spectrum β -lactamase (ESBL)-producing *Escherichia coli*, *Salmonella spp.* multidrug resistant (MDR) and methicillin resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA). The AGRs most reported were *bla*, *tet* and *sul*, mediated mainly through plasmids and integrons. **Conclusions.** In this systematic review it was found that the isolates of *E. coli*, *Salmonella spp.* and *S. aureus* are the ones that most frequently presented resistance to tetracycline ampicillin and sulfamethoxazole/trimethoprim with a predominance of the *bla*, *tet* and *sul* genes, which are being disseminated by mobile genetic elements between bacteria and humans through zoonotic clones with high stability over time. **Arch Latinoam Nutr 2023; 73(4): 313-327.**

Keywords: resistance, antibiotics, foods, livestock, poultry.

Introducción

La sociedad se encuentra en una lucha constante contra la resistencia a los antibióticos, debido a la pérdida de efectividad de los antibióticos (1). La problemática se intensifica por la presencia de patógenos resistentes fuera del entorno clínico, especialmente detectados en animales de consumo humano (2,3).

¹Programa de Medicina. Facultad Ciencias de la Salud. Universidad Libre, seccional Cali-Colombia. ²Departamento de Ciencias Básicas Biomédicas. Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad Libre, Campus Valle del Lili-Santiago de Cali -Colombia. Grupo de investigación GIMMEIN. Autor para la correspondencia: Mónica Chávez Vivas. e-mail: monikchavez@gmail.com, monica.chavezv@unilibre.edu.co



Al utilizar de manera habitual los antibióticos en los criaderos de animales destinados a la alimentación para tratar y prevenir enfermedades infecciosas o para promover su crecimiento, se favorece la diseminación de bacterias resistentes a los antibióticos (BRA) y genes de resistencia a los antibióticos (GRA) entre los animales, sus productos y el medio ambiente terrestre y acuático (4). Las muestras fecales de animales de granja pueden contener BRA y GRA facilitando su diseminación en el suelo, los cultivos destinados a la alimentación y en los sistemas de aguas (4-11).

En este sentido, con las actividades agrícolas, el sacrificio animal, la producción de alimentos de origen animal y el transporte de animales destinados a la alimentación se puede introducir BRA y GRA en la cadena alimentaria (11-19).

Algunos investigadores sugieren que antibióticos residuales en la carne cruda puede también contribuir al desarrollo de BRA en la microbiota intestinal humana (14, 15,18). Esto se debe a que los humanos y el ganado comparten bacterias patógenas y comensales y porque se usan las mismas clases de antibióticos en medicina humana y veterinaria. La resistencia a los antibióticos también pone en peligro la eficacia de los antibióticos para curar a los animales de infecciones bacterianas que amenazan su salud, bienestar y productividad (20).

El objetivo de esta revisión sistemática es describir el estado de resistencia a los antibióticos de bacterias aisladas de alimentos de origen animal y de animales de consumo humano y la distribución de la resistencia de los genes de resistencia a lo largos del mundo. En segundo lugar, brindamos una evaluación de la transmisión de bacterias resistentes de animales a humanos.

Materiales y métodos

Protocolo de estudio

Esta revisión se llevó a cabo siguiendo la pauta del informe PRISMA (*Preferred*

Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-analysis). La información se recopiló mediante la búsqueda de artículos publicados en bases de datos electrónicas y servicios de indexación como PubMed/Medline, ScienceDirect (Elsevier), Scopus, Scielo, PLOS, Hinari, Redalyc, Dialnet, Taylor, ProQuest y Lilacs. Las combinaciones de términos de búsqueda utilizados fueron "bacterias resistentes a los antibióticos", "Genes resistentes a los antibióticos", "alimentos de origen animal", "animales destinados a la producción de alimentos", "animales de consumo humano", "animales de alimentación", "animales de granja". Otros descriptores específicos de animales destinados a la alimentación fueron: "aves de corral", "pollos", "cerdos", "porcinos", "ganado", "ganado de carne", "ganado lechero", "pescado". Se aplicaron los conectores lógicos booleanos (AND/Y, OR/O) para la adecuada búsqueda e identificación de registros de acuerdo con la pregunta de investigación.

Los artículos incluidos cumplieron los siguientes criterios:1) la estrategia de búsqueda estuvo restringida al idioma inglés y español; 2) debía ser un estudio de investigación original o un meta-análisis publicado en una revista científica; 3) información que describa la prevalencia de BRAs y GRAs aislados de animales de consumo humano o alimentos de origen animal; 4) estudios publicados entre enero de 2017 y abril de 2023. Se excluyó los artículos de revisión, las revisiones sistemáticas, las editoriales y las declaraciones de política.

Resultados

Características del estudio

Un total de 2620 registros se encontraron en las bases de datos analizadas; sin embargo, 71 artículos cumplieron los criterios de inclusión propuestos (6-76) (Figura 1).

El mayor número de publicaciones se recopilaron de Asia (20 artículos), especialmente en China con ocho estudios, seguido de África con 16 estudios publicados.

Los reportes de BRAs y GRAs que se reportaron con mayor frecuencia provenían de muestras de carne de res (24 estudios), leche cruda/productos lácteos no pasteurizados (23 estudios) y heces de animales de granja (17 estudios).

Si bien los métodos genéticos y genómicos para identificar y monitorear la resistencia a los

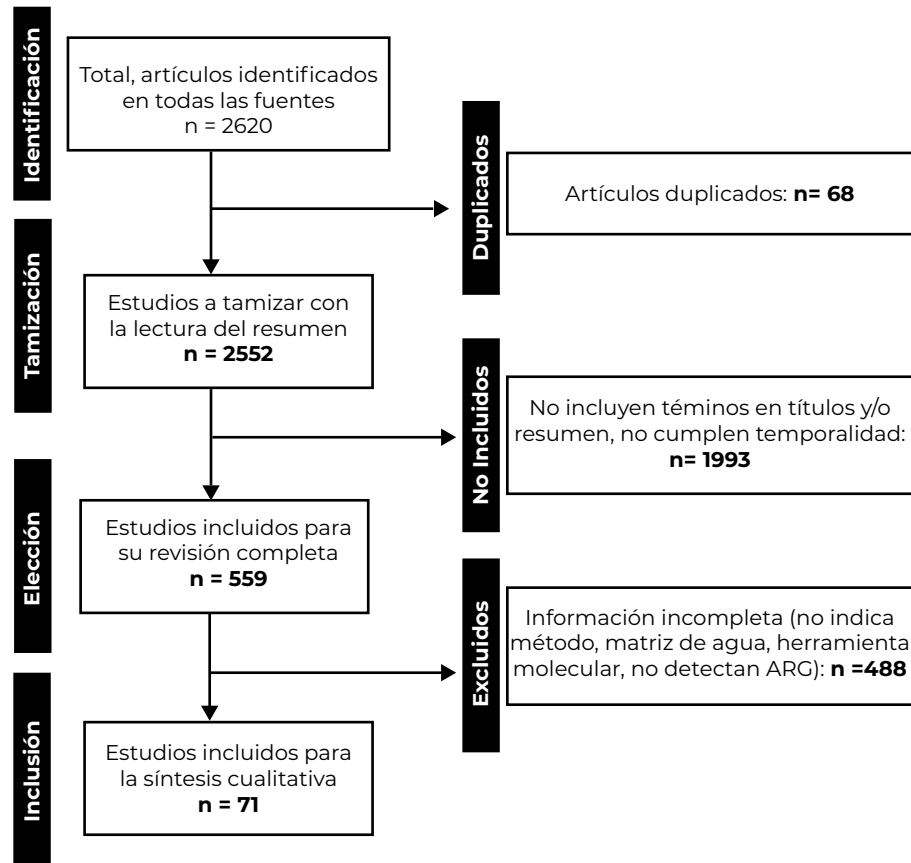


Figura 1. Algoritmo para la revisión de literatura.

antimicrobianos están experimentando un rápido desarrollo, aún los métodos fenotípicos basados en la difusión en disco siguen siendo los más usados como se observa en la Tabla 1.

Los datos de resistencia a los antimicrobianos se tomaron directamente de cada estudio y la interpretación de las mediciones de las concentraciones inhibitorias o zonas de inhibición en términos de resistencia, resistencia intermedia y susceptible estuvo sujeta a la interpretación del autor, siguiendo en la mayoría de los casos los criterios establecidos por el Instituto de Estándares Clínicos de Laboratorio (CLSI) (en 47 estudios) o por el Comité Europeo de Pruebas de Susceptibilidad Antimicrobiana (EUCAST) (en 14 estudios).

Prevalencia y perfiles de resistencia a los antimicrobianos en bacterias patógenas

El análisis de susceptibilidad antimicrobiana de

los aislamientos bacterianos obtenidos a partir de muestras de hisopados rectales o cloacales, leche cruda/productos lácteos no pasteurizados y biopsias gástricas de animales de granja se basaron en función de los puntos de corte clínicos (21-36).

La mayoría de los estudios reportaron la resistencia a los antibióticos basados en criterios de la clínica humana, sólo tres publicaciones reportaron los patrones de susceptibilidad con puntos de corte específicos para medicina veterinaria como fue el caso de la evaluación de la susceptibilidad al ceftiofur que se realizó en aislamientos de *Escherichia coli* y *Staphylococcus aureus* obtenidos de leche cruda de vacas con mastitis bovina (38-40).

En términos generales, entre los estudios analizados, los reportes de bacterias resistentes a los antibióticos más frecuentes se realizaron para las bacterias Gram

Tabla 1. Estudios basados en el método de identificación bacteriana, el método de detección fenotípica y molecular en la presente revisión sistemática.

Tipo de método	No de estudios	Referencias
Método de identificación bacteriana		
Pruebas de morfología/bioquímica	60	(10, 14-18, 20, 22-25, 29-31, 34-42, 45-73)
Chromagar	3	(26, 66, 69)
API	3	(34, 42, 68)
VITEK®	3	(7, 56, 62)
MALDI-TOF	6	(19, 52, 54, 63, 65, 74)
Serotipificación- aglutinación directa en portaobjetos utilizando antisueros específicos	8	(23, 31, 34, 42, 59, 68, 69, 70)
Método de detección antimicrobiana		
Método de difusión en disco (método de difusión en disco Kirby Bauer/agar Mueller Hinton)	60	(6-10, 12, 13, 15-26, 28-31, 33, 35-37, 39-41, 43, 45-56, 59-65, 67-72, 74-76)
Ensayo de dilución/microdilución en caldo/ Sistema automatizado MicroScan autoSCAN-4	7	(52, 54, 58, 65, 71, 73, 74)
VITEK® 2	2	(7, 62)
Pruebas moleculares		
Ensayo de PCR (PCR convencional, PCR multiplex)	56	(6, 7, 9, 10, 12-14, 16-19, 22-26, 29, 30, 33-36, 38-56, 59, 60, 63, 70-76)
Tipificación por PCR-RFLP, ribotipificación-PCR y ERIC-PCR	7	(32, 47, 59, 60, 69, 72, 76)
Electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE)	10	(9, 23, 30, 31, 34, 43, 52, 59, 70, 74)
Tipificación de secuencias multilocus (MLST)	6	(25, 43, 54, 66, 75, 76)
Secuenciación por la técnica de Sanger ABI 3730, 3130/ ABI PRISM®3500/Illumina/ whole genome sequencing (WGS)	24	(11, 17, 20, 21, 24, 25, 35, 36, 38, 39, 44, 45, 47, 51, 54, 61, 63-66, 68, 71, 74, 75)

negativas, *E. coli* y *Salmonella spp* en 27 y 20 estudios, respectivamente y para bacterias Gram positivas, *S. aureus*, reportada en 14 estudios, especialmente en países de África, Asia y Europa (Figura 2A).

En estos casos, la tetraciclina fue el antibiótico con más reportes de resistencia (44 estudios), seguido de ampicilina y sulfametoxazol/trimetoprima (26 estudios c/u) (Figura 2B).

Un aspecto relevante lo constituyó la presencia de bacterias MDR (con resistencia simultánea a más de tres clases de antibióticos) que fueron reportadas en 38 artículos (Figura 2B). El mayor número de aislamientos MDR se reportó en heces, hisopados cloacales de pollos e hisopados rectales de ganado y cerdos (9, 24, 30, 35, 47-50, 67, 71, 76). En los

alimentos de origen animal, los aislamientos MDR se reportaron principalmente en carne cruda y productos cárnicos (12, 40, 41, 44, 46, 55, 62, 69) y en leche cruda/ productos lácteos no pasteurizados (12, 30, 41, 49, 62, 69).

E. coli y *Salmonella spp.* fueron los aislamientos MDR más reportados en muestras cloacales y rectales de animales de granja especialmente en países europeos (18, 53, 56, 70), africanos (22, 42, 45, 48), asiáticos (15, 61) y en los Estados Unidos (23,24).

En muestras de carne de pollo en mercados de Bangladesh, los aislamientos de *E. coli*-MDR fueron del 50% (14). Del mismo modo, Jaja *et al* (46) reportaron una alta prevalencia de aislamientos de *E. coli*-MDR en expendios de carnes en Sudáfrica.

Otra de las enterobacterias reportadas con frecuencia como MDR fue *Yersinia enterocolitica*, la cual se

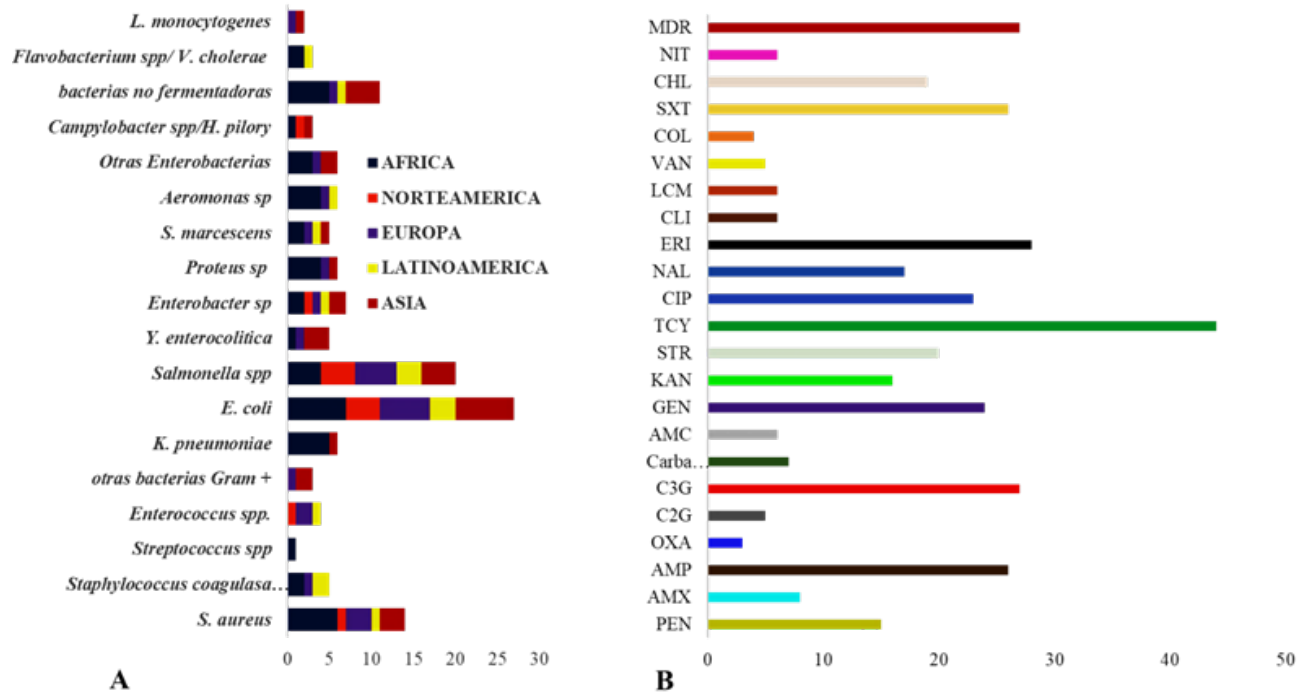


Figura 2. A. Distribución de los aislamientos bacterianos por continente según los estudios revisados. B. Antibióticos a los que se reportan resistencia en los artículos revisados. Penicilinas: penicilina (PEN), ampicilina (AMP), amoxicilina (AMX) oxacilina (OXA), amoxicilina-clavulánico (AMC), Cefalosporinas de primera generación (C1G): cefalotina (CEP), cefalexina (LEX), C2G: cefuroxima (CXM), cefoxitina (FOX), C3G: ceftazidima (CAZ), cefixima (CFM), cefotaxima (CTX), cefoperazona (CFP), Ceftriaxona (CRO), Ceftiofur (EFT), C4G: cefepime, Carbapenemes: Imipinem (IMP), meropenem (MEM), ertapenem (ETP), gentamicina (GEN), amikacina (AMK), kanamicina (KAN), estreptomycin (STR), neomicina (NEO), ácido nalidixico (NAL), ciprofloxacino (CIP), norfloxacina (NOR), ofloxacino (OFX), eritromicina (ERI), tetraciclina (TCY), azitromicina (AZT), oxitetraciclina (OXT), vancomicina (VAN), colistina (COL), clindamicina (CLI), lincomicina (LCM), nitrofuratoína (NIT), cloranfenicol (CHL), trimetoprima-sulfametoxazol (SXT).

detectó en el 90% de los hisopados rectales de cerdos y productos porcinos en Malasia (34), estos animales han sido implicados como un importante reservorio de la bacteria en la cavidad oral, que luego se excreta en las heces (31, 34, 54). También se reportó un 70% de estos aislamientos en muestras de carne que se encontraban en sitios de venta al por menor en Egipto (44) y en el 63% de las muestras de mariscos tomadas en tres mercados centrales de Tailandia (68).

Prevalencia de Genes de resistencia a los antibióticos en alimentos de origen animal.

Un total de 50 publicaciones reportaron GRAs en alimentos crudos de origen animal o en animales destinado al consumo humano, la mayoría de ellas en Asia (45 estudios), seguido de África (25 estudios)

(Figura 3). Las publicaciones hacen referencia principalmente a los genes *bla* (codifica para la β -lactamasa y confiere resistencia a antibióticos β -lactámicos) en 24 estudios, genes *tet* (confiere resistencia a tetraciclinas) en 23 estudios, genes *sul* (confiere resistencia a sulfamidas) en 11 estudios, genes *aac(6')-aph(2'')* (confiere resistencia a aminoglucósidos) y genes *add* (codifica por la enzima 3''(9)-O-aminoglucósido adeniltransferasa, confiere resistencia aminoglucósidos) en 8 estudios. Los genes *bla*, *tet* y *sul* se reportaron principalmente entre los aislamientos de *E. coli* presentes en alimentos crudos de origen animal (14, 30, 44, 46, 58, 64, 65, 68) y en heces de animales de granja (8, 10, 11, 48-50).

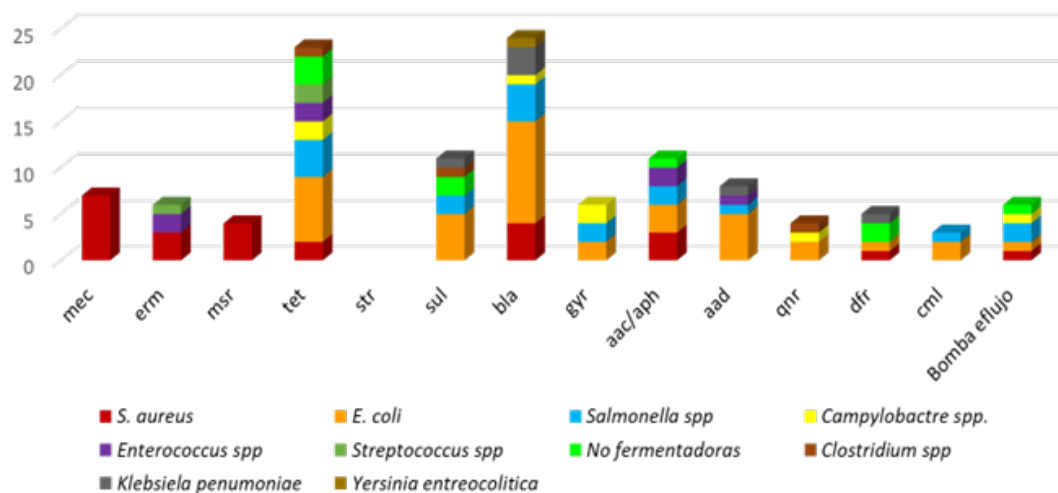


Figura 3. Distribución de los genes de resistencia a los antibióticos (GRA) entre los aislamientos bacterianos reportados en los artículos revisados.

Discusión

Prevalencia y perfiles de resistencia a los antimicrobianos en bacterias patógenas

Aunque se viene restringiendo el uso de antibióticos en animales productores de alimentos, especialmente cuando se emplea como agentes profilácticos o promotores del crecimiento (2-4), se continúa reportando bacterias patógenas con resistencia a los antibióticos aisladas de alimentos de origen animal especialmente *E. coli*, *Salmonella spp* y *S. aureus*. Sin embargo, el análisis de susceptibilidad a los antibióticos en la mayoría de los estudios analizados se basó en función de los puntos de corte clínicos. Silva *et al* (37), plantean que estos tipos de análisis podrían estar sesgados por las diferencias que existen entre animales y humanos, desde el punto de vista fisiológico, farmacocinético y farmacodinámico, por lo que se obtendrían datos imprecisos, incluso a clases de antimicrobianos de importancia crítica, como las cefalosporinas de cuarta generación y los carbapenémicos. Como alternativa a los puntos de corte clínicos, se propone establecer puntos de corte epidemiológicos (*epidemiological cut-*

offs ECOFFS), en los que se utiliza la interpretación de resistencia normalizada (NRI, por sus siglas en inglés) de concentraciones inhibitorias mínimas o diámetros de zona de inhibición (IZD, por sus siglas en inglés) para identificar umbrales y distinguir las poblaciones bacterianas de tipo salvaje (WT por sus siglas en inglés) de las de tipo no salvaje (no WT por sus siglas en inglés) (5), pero los ECOFFS requieren ser estandarizado para cada especie animal.

Se destacan los reportes de *E. coli* productora de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) (38, 50, 55, 58, 65, 74) y de *S. aureus* resistente a meticilina (SARM)(12, 25, 30, 40, 62) que son dos géneros motivo de preocupación en infecciones asociadas al entorno hospitalario (1, 2). La contaminación de los alimentos de origen animal con estas bacterias patógenas representa una gran amenaza para la salud pública, debido a que se plantea que los determinantes de resistencia a los antibióticos que transportan estas bacterias se puedan transferir al microbiota intestinal humana, además del riesgo de contraer enfermedades transmitidas por alimentos (46, 62, 73).

Las deposiciones (heces) de los animales de granja destinados a consumo humano fueron las fuentes principales de *E. coli* productores de BLEE (reportada en 10 estudios) y *Salmonella spp.* resistente a los antibióticos (reportada en 6 estudios), lo que

constituyen motivo de preocupación porque sería una fuente potencial de patógenos resistentes y de GRA para los productos agrícolas y el suelo.

En países de la Unión Europea se destacó la presencia de aislamientos de *Salmonella*, principalmente en aves de corral, las especies más reportadas fueron *S. Enteritidis*, *S. Typhimurium* y *S. Kentucky* (18, 53, 56, 70) con resistencia más frecuente a las tetraciclinas y a las quinolonas, y en los Estados Unidos con un 22% de resistencia a las fluoroquinolonas y entre 41-46% a las tetraciclinas (23, 24) coincidiendo con los reportes de la Unión Europea; aunque los aislamientos provenían también de ganado y cerdos. Los estudios revisados en África muestran que la problemática de resistencia de *Salmonella* está relacionada con cepas productoras de BLEEs que se obtienen de muestras cloacales y rectales de animales de granjas comerciales de Nigeria (22), Egipto (42), Etiopía (45) y Sudáfrica (48).

En Asia, los reportes señalan una mayor prevalencia de aislamientos de *Salmonella* resistentes a varias clases de antibióticos como es el estudio realizado en productos cárnicos que se venden al por menor, abarcando la mayoría de las capitales provinciales de China en el que se determinó que los aislamientos de *S. Weltevreden* y *S. Enteritidis* presentaron altas tasas de resistencia a la tetraciclina (65,6%), ampicilina (45,4%), trimetoprim-sulfametoxazol (40,8%), estreptomina (40,4%) y ácido nalidíxico (35,8%), mientras que, los aislamientos de *S. Indiana* mostraron resistencia a las cefalosporinas de espectro extendido (incluidas la ceftriaxona y la cefepima), ciprofloxacina y muchas otras clases de antibióticos (15). Resultados similares se reportan en los aislamientos obtenidos de muestras de leche cruda recolectadas en cinco distritos de la parte sur de la provincia de Punjab, sólo acloranfenicol y ofloxacina se registró mayor sensibilidad (61).

En las cepas de *S. aureus*, se encontró que el mayor número de reportes de SARM se efectuó a partir de muestras de carne (siete estudios) y de pescado (cuatro estudios) que se encontraban en los sitios de expendio, especialmente en países de África (12, 40, 41, 62). Sin embargo, también existe alta prevalencia de SARM en alimentos de origen animal en Europa (25, 37, 39), Estados Unidos (72) y en Asia (26, 64), lo que representa un enorme problema de salud pública en estas regiones.

Los *Enterococcus* son otras de las bacterias Gram positivas que se reportan en muestras de animales destinados al consumo humano y en sus

productos, especialmente *Enterococcus faecalis* y *E. faecium* (73, 19, 20, 36). Los *Enterococcus* son habitantes del intestino de animales destinados al consumo humano y pueden contaminar fácilmente los productos alimenticios si no se manejan adecuadamente. Algunos estudios señalan una alta prevalencia de *Enterococcus* resistentes a los antibióticos en alimentos fermentados, como es el caso de los reportes en muestras de quesos que se venden al por menor en tiendas de Eslovaquia y Hungría (fenotipo de resistencia: rifampicina 100%, vancomicina 85,7%, teicoplanina 71,4%, eritromicina 71,4%, minociclina 57,1%) (19). Así como en muestras de queso que se vende en bazares y supermercados locales en Ankara (Turquía) (fenotipo de resistencia: ácido nalidíxico 100%, kanamicina 98,6%, rifampicina 78,4%, ampicilina 48,8% y ciprofloxacina 45,5%) (20). Un análisis realizado en muestras de carne de cerdo fermentado que se ofrecen en los mercados de la provincia de Chiang Rai, Tailandia determinó los fenotipos con resistencia principalmente a ciprofloxacina (97,5%), eritromicina (78,2%) y tetraciclina (67,2%) (36).

En alimentos cárnicos procesados también se reporta cepas de *Enterococcus* resistentes. El estudio que incluyó muestras de carne de pollo, pavo molido, carne molida y chuletas de cerdo en ventas al por menor en varias ciudades de los Estados Unidos determinó aislamientos resistentes a penicilina, ciprofloxacina, gentamicina, kanamicina, tetraciclina y tylosina (73).

Todos estos antibióticos a los cuales se reportan habitualmente resistencia se han empleado en medicina veterinaria durante décadas como promotores de crecimiento o para prevenir o tratar infecciones (3, 4), lo que contribuye a fortalecer el aumento de bacterias resistentes en los productos alimenticios generados a partir de estos animales. En este sentido, el estudio realizado con muestras de hisopados rectales de cerdos en Argentina, demostró que la presencia de aislamientos de *Enterococcus* resistentes a la tetraciclina estaba relacionada con el uso generalizado de zinc y tetraciclina como promotores

de crecimiento en la alimentación de estos animales. Esta práctica ejerce una presión selectiva en especies bacterianas zoonóticas y contribuye a la propagación de la resistencia a los antibióticos como lo sugieren los autores (57).

Por otra parte, algunos estudios no encontraron enterococos resistentes a algunos antibióticos en las muestras de alimentos analizadas, como es el caso de la vancomicina (20, 36, 73). Los autores atribuyen este resultado a las restricciones impuestas al empleo de la avoparcina (análogo de la vancomicina) como estimulador del crecimiento en países europeos y en Tailandia (20, 36) y al uso de la vancomicina en medicina veterinaria en los Estados Unidos (73).

Hay también una preocupación con respecto al reporte de aislamientos de *Campylobacter* resistentes a los antibióticos que probablemente vienen siendo seleccionados por el uso de antimicrobianos en la cría intensiva de animales, especialmente en la avicultura. Particularmente la resistencia a las fluoroquinolonas en los aislamientos obtenidos de las aves de corral (7, 47, 51, 66).

En esta revisión se encontró que la tetraciclina, ampicilina y sulfametoxazol/trimetoprima fueron los antibióticos en los que más frecuentemente se reportaron bacterias resistentes. Estos antimicrobianos se usan comúnmente en el ganado, cerdos y las aves de corral por la actividad que presentan contra una gran variedad de microorganismos patógenos, además son empleados para acelerar el aumento de peso y para prevenir o tratar brotes de enfermedades infecciosas (4). *Campylobacter* es considerado una bacteria que habitualmente coloniza el tracto intestinal en los animales destinados al consumo humano con gran capacidad de adquirir resistencia a los antibióticos. Couliadiaty *et al* (7) reportaron en granjas de pollos de Burkina Faso a *Campylobacter* resistente a ciprofloxacina y ácido nalidíxico (37,5%), ampicilina (50%) y tetraciclina (87,5%), que son los antibióticos más utilizados por los agricultores. Sithole *et al* (47) reportaron alta prevalencia de aislamientos de *Campylobacter spp* resistentes a la

tetraciclina y ampicilina, que son antibióticos utilizados intensivamente en la producción porcina en Sudáfrica. Además, tiene la capacidad de transmitir sus determinantes de resistencia a los antibióticos a otras bacterias. En este sentido, Hull *et al* (51) comprobaron la transferencia de GRAs entre especies en *C. coli* y *C. jejuni* que habían sido aisladas de hisopados cloacales y rectales de animales de granja en Carolina del Norte y de carne cruda lista para la venta al por menor. Los autores plantean que este intercambio genético puede ayudar a la adaptación de estos patógenos, conducir a una mayor resistencia y aumentar la persistencia de *Campylobacter* en el procesamiento de alimentos. Varios investigadores hacen énfasis en la necesidad de hacer seguimiento a estas cepas resistentes por el riesgo que representan para la seguridad alimentaria, al diseminarse con facilidad tienen la potencialidad de causar brotes de enfermedades transmitidas por los alimentos y el agua (7, 47, 51, 55, 66).

En concordancia con estos resultados, entre los aislamientos de *E. coli* resistentes a los antibióticos obtenidos de carne de aves de corral, pollos de engorde y gallinas ponedoras en Bangladesh, el patrón de resistencia coincidió con los antibióticos de uso común, como la tetraciclina y otros (14). Un estudio realizado en granjas en Filipinas reportó alta similitud entre los aislamientos de *E. coli* obtenidos de muestras de carne de res, pollo, cerdo, huevos y leche cruda con aislamientos ambientales recolectadas de hisopos cloacales y rectales de animales. También se reportó la presencia de residuos de antibióticos entre restos alimenticios, por lo que los autores sugieren la posibilidad de ingresar al humano cepas resistentes y residuos de antibióticos mediante el consumo de estos tipos de alimentos (33).

En este sentido, en el estudio realizado en muestras de leche recolectadas de hatos lecheros ubicados en Karnataka, India, se detectó residuos de azitromicina y tetraciclina. La estabilidad de estos antibióticos sólo se logró reducir aplicando temperaturas entre 70°C y 100°C durante 24 horas o someténdolas a pH ácidos de 4-5, por lo que los autores sugieren que la detección cualitativa y cuantitativa de antibióticos en la leche debe realizarse estrictamente para garantizar su consumo seguro (16). Sin embargo, Brown *et al.* (13) realizaron análisis de leches no pasteurizada en lecherías de Kenia, y a pesar de la detección de residuos de los antibióticos β -lactámicos y tetraciclinas no encontraron relación significativa con la presencia de *E. coli* resistente a estos antibióticos.

La problemática se intensifica con la presencia de bacterias MDR patógenas fuera del ámbito clínico como en heces de aves de corral, ganado y cerdos, así como directamente en carne y leche crudas y sus derivados por la dificultad que supone el tratamiento de las infecciones que causan y por el impacto epidemiológico debido a la posibilidad de provocar brotes epidémicos como ha sido reportado (21, 27, 39, 40).

Aislamientos MDR de *Salmonella* se reportó en hisopos cloacales de pollos de engorde de granjas de Malasia (35), y en carnes de pollo y cerdo que se ofrecen en los mercados minoristas de la provincia de Guangdong en China (56).

Es así como Pongsilp et al (68) plantean que debido a que las cepas MDR representan un riesgo de propagación a través de los alimentos deberían ser incluidas en los programas de vigilancia.

Prevalencia de Genes de resistencia a los antibióticos en alimentos de origen animal.

Los genes *bla*, *tet*, *sul*, *aac(6')-aph(2'')* y *add* fueron los principalmente reportados entre los aislamientos obtenidos de alimentos crudos de origen animal y en las heces de animales de granja que también son reportados en humanos, lo que implica el papel de los alimentos crudos en la diseminación de estos genes de resistencia a través de las cadenas alimentarias o a través del contacto laboral con el animal destinado al consumo humano.

En cuanto a las bacterias-MDR, las publicaciones revisadas describen variados mecanismos de resistencia. Así por ejemplo, en aislamientos de *S. aureus* obtenidos de hisopados rectales de cerdos en la provincia de Guangdong, China, el fenotipo MDR se explica por la presencia del gen *cfr* que codifica por una metiltransferasa que modifica la A2503 en el ARNr 23S, confiere resistencia a cinco clases de antibióticos (fenicoles, lincosamidas, oxazolidinonas, pleuromutilinas y estreptogramina A) (39).

La resistencia entre las bacterias-MDR se explica también por la presencia de bombas de eflujo, que son proteínas transportadoras de membrana, organizadas en super familias y tienen la capacidad de expulsar antimicrobianos estructuralmente disímiles. Los aislamientos de *S. aureus*-MDR en muestras de hisopados rectales de cerdos en

porquerizas en Portugal se detectaron los genes *mepA*, *mepR*, que codifican para bombas de eflujo de la familia de extrusión de múltiples fármacos y tóxicos (MATE, *multidrug and toxic compound extrusion*) (25). Entre los aislamientos de *Salmonella*-MDR que colonizaban a manipuladores de alimentos y de animales de granja (bovinos, pollos y ovejas) en Lagos, Nigeria, el 58,3% de ellos albergaban los genes *acrA*, *acrB* y *tolC*, miembro de la familia de bombas de eflujo de división celular de nodulación de resistencia (RND, *resistance-nodulation-cell division*)(22).

Los aislamientos resistentes de *Campylobacter spp.*, obtenidos de una instalación de producción intensiva de cerdos en Sudáfrica, se identificó el gen *cme B* que codifica por la proteína perteneciente a la familia RND (47).

Transmisión zoonótica de la resistencia antimicrobiana a los humanos.

Los elementos genéticos móviles, como plásmidos, transposones e integrones albergan GRAs que facilitan la diseminación de estos genes entre las poblaciones bacterianas y el fortalecimiento de los aislamientos-MDR de origen animal.

Viñes et al (6) reportaron en 18 aislamientos de *E. coli* resistentes a la colistina (13 de terneros, cuatro de cerdos y uno de un granjero) la detección del gen *mcr-1* (confiere resistencia a colistina) asociado con los plásmidos IncX4, IncI2 e IncHI2. Los autores plantean, que la transmisión del gen *mcr-1* al agricultor ocurrió por transferencia horizontal desde los aislamientos presentes en los terneros, debido a que los plásmidos eran muy similares (99 % de cobertura, 99,97 % de identidad), lo que destaca el papel del ganado como reservorio de aislamientos con potencial zoonótico (6).

En el caso de los aislamientos de *Acinetobacter Baumannii* obtenidos de carne cruda de pollo se detectó el gen *mcr-1* en un plásmido que se transmite fácilmente entre varias especies Gram negativas,

incluidas *E. coli*, *Klebsiella pneumoniae* y *P. aeruginosa* (67). Este hallazgo indica claramente una probable propagación horizontal de determinantes de resistencia a la colistina entre enterobacterias y bacterias no fermentadoras de origen animal.

En aislamientos de *E. coli* resistentes a quinolonas se detectó GRAs de la familia *Qnr* (*qnrA1*, *qnrB4* y *qnrS1*) mediados también por plásmidos, y además, alta prevalencia de estos aislamientos en animales destinados a la producción de alimentos y productos derivados de ellos, lo que potencialmente podría propagar clones de alto riesgo que albergan determinantes de resistencia a quinolonas según lo plantean los autores del estudio (33).

Así mismo, en muestras de queso y carnes crudas de pollo, cerdo y ternera de diversos supermercados de Alemania se aisló *E. coli* productores de BLEE con el gen *bla* CTX-M-1 insertado en un punto caliente para la recombinación del plásmido IncII, lo que supone que la transmisión del gen podría promoverse aún más (75).

El análisis de secuencia del genoma completo (WGS, por sus siglas en inglés) en plásmidos que portaban GRA en *Salmonella spp* que se aisló de animales destinados al consumo humano en los Estados Unidos y reveló una alta diversidad genética y el predominio de un tipo de plásmido asociado con los aislamientos de ganado, y otro tipo con aislamientos de pollo (24).

Los integrones se describieron también como transportadores de genes de resistencia, especialmente entre los aislamientos con fenotipo MDR. Así, entre los aislamientos de *E. coli* resistentes a carbapenemes obtenidos de heces de cerdos en Alemania se detectó el gen *bla*VIM-1, el cual estaba alojado en un integrón de clase 1 o en el plásmido IncHI2 (65). En los aislamientos de *E. coli*-MDR circulantes en granjas de cría extensiva de ganado en China se detectó integrones en más del 6% de los casos (30). Sin embargo, los aislamientos de *E. coli* con características particulares se hacen más estables mostrando baja variabilidad

genética. Los aislamientos de *E. coli* productores de VIM-1 que circularon en granjas avícolas de Alemania se distribuyeron sólo en dos linajes clonales, uno de ellos agrupó los aislamientos que transportaron el gen *bla*VIM-1 en el plásmido IncHI2 y el segundo linaje agrupó a los aislamientos que portaban el gen en el cromosoma (65).

Estos resultados evidencian la necesidad de emplear medidas estrictas de prevención para evitar la propagación de elementos móviles que transportan determinantes de la resistencia entre los animales destinados al consumo y monitorear su aparición.

Por otro lado, el análisis de la estructura genética de los aislamientos bacterianos permite también establecer el vínculo epidemiológico entre las bacterias de origen zoonótica y humano. Es así como mediante los análisis de tipificación de secuencias multilocus (MLST, por sus siglas en inglés) y electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE, por sus siglas en inglés) se determinó los linajes de *E. coli* que circulaban entre los alimentos minoristas y los humanos en mercados de Egipto. Con el análisis PFGE evidenció una similitud del 75 % entre los aislamientos provenientes de muestras de humanos, carne de res y pollo. Los resultados de MLST estableció seis secuencias tipo (ST) compartidos entre los aislamientos: ST1011, ST156, ST48, ST224 (en pollo y carne de res), ST10 (en humanos y pollo) y ST226 (en humanos y carne de res), evidenciando un posible vínculo epidemiológico con peligros zoonóticos potenciales (43).

Los aislamientos de *E. coli*-MDR que prevalecieron entre los trabajadores avícolas y las aves de corral en entornos avícolas de Nigeria compartieron los ST48 y ST10 y se observó que dos aislamientos provenientes de fuentes humanas y ambientales que se originaron en la misma granja compartieron un nuevo ST (21).

La estructura genética de la población de *K. pneumoniae* de cerdos, granjeros, y en individuos que vivían en la misma granja, pero sin contacto con animales reveló una gran diversidad genética con 196 ST distribuidos en cuatro filogrupos (Kp1 a Kp4) y se identificó el intercambio de clones de *K. pneumoniae* entre cerdos y humanos para los siguientes ST: ST4788, ST661, ST3541 y ST29 (63).

Entre los aislamientos de *Salmonella spp.* resistentes a los antibióticos se observó baja diversidad genética y alta estabilidad en el tiempo de ciertos clones. La secuenciación del gen *fliC* de *Salmonella spp* aislados

de granjas de pollos de engorde en Egipto reveló la estrecha identidad de las cepas aisladas con otras cepas de referencia de *Salmonella* en diferentes países (42). El análisis de las cepas de *S. Infantis*-MDR recolectadas de pollos de engorde en diferentes años y regiones de Italia, mostró que el 80,5% de los aislados eran BLEE, portadores del gen *blaCTX-M1* con un perfil de PFGE prevalente (Xbal.0126). Las cepas restantes tenían una homología genética del 81% al 97% con el perfil Xbal.0126, y se reportaron dos cepas con el perfil Xbal.2621 aisladas de humanos y de heces de aves, confirmando la difusión de este tipo de cepas a lo largo de la cadena alimentaria de los pollos de engorde y en humanos (70).

Así mismo, los aislamientos de *Y. enterocolitica* en cerdos sacrificados de mataderos de China se caracterizó por patrones de PFGE específicos de la región y confirmó que las cepas aisladas de cerdos están estrechamente relacionadas con las cepas aisladas de infecciones humanas (13).

Limitaciones y fortalezas

Esta revisión sistemática tiene las siguientes fortalezas; la búsqueda se limitó a un período que abarcó los últimos siete años (2017-2023), lo que permite al lector comprender la tendencia actual en la resistencia a los antibióticos en bacterias de origen zoonótico. En esta revisión se describen las técnicas más comúnmente empleadas para evaluar la resistencia, las BRAs y GRAs más prevalentes a nivel global y las clases de antibióticos a los que más frecuentemente se reporta resistencia. Además, se revisan los estudios que mediante la tipificación genética demostraron la baja variabilidad genética de los aislamientos zoonóticos, el patrón de diseminación de clones resistentes en diferentes áreas geográficas y la relación genética entre las bacterias zoonóticas con las bacterias de origen humano.

Sin embargo, algunas limitaciones se presentaron. En primer lugar, los artículos incluidos se centraron sobre la literatura científica y no se incluyeron publicaciones gubernamentales que informan sobre este campo. En segundo lugar, no se incluyeron los estudios en acuicultura donde la resistencia ha sido ampliamente reportada. En tercer lugar, en el periodo evaluado no se encontraron publicaciones en Oceanía, lo que limitó el análisis epidemiológico a nivel global. Varios estudios de BRA basaron sus reportes sobre resultados empleando técnicas fenotípicas más que

moleculares y no se logró determinar en ellos la estructura genética de las bacterias reportadas y la dinámica de su transmisión.

Conclusiones

Esta revisión evidenció alta prevalencia de aislamientos resistentes a los antibióticos, incluidas bacterias MDR. Se destaca *E. coli*, *Salmonella spp.* y *S. aureus* con resistencia a la tetraciclina, la ampicilina/penicilina y el sulfametoxazol/trimetoprima. Estos antibióticos son empleados comúnmente en la medicina humana y veterinaria, lo que limita las opciones de tratamiento, especialmente con la presencia de cepas MDR.

La reducción del consumo de antimicrobianos como la vancomicina en los animales de granja ha sido una de las estrategias que se ha implementado en algunos países, con la reducción significativa de reportes de enterococos resistentes a este antibiótico.

Entre los estudios revisados se encontró alta prevalencia de aislamientos con los GRAs *bla*, *tet* y *sul* frecuentemente transportados por plásmidos o integrones. Estos aislamientos constituyen un reservorio importante de GRAs que pueden diseminarse con facilidad a otras bacterias zoonóticas y a las de origen humano.

Se encontraron estudios que señalaron la baja variabilidad genética entre los aislamientos resistentes de origen zoonótico, con el predominio de uno o dos clones que se mantienen invariables durante décadas. El seguimiento de estos clones en la cadena alimentaria debería ser una prioridad epidemiológica para establecer estrategias de intervención que lleven a reducir los riesgos que representan para la salud pública.

Mejorar la vigilancia epidemiológica de las bacterias zoonóticas resistentes requiere desarrollar pruebas de susceptibilidad antimicrobiana basada en puntos de corte específicos, para su uso en medicina veterinaria e intensificar el empleo de métodos moleculares que permitan conocer la estructura genética y la dinámica de su diseminación.

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener ningún conflicto de interés.

References

1. Antimicrobial Resistance Collaborators. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. *Lancet* 2022; 399(10325):629-655. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(21\)02724-0](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(21)02724-0).
2. Spellberg B, Hansen G, Kar A, Cordova C, Price LB, Johnson JR. Antibiotic Resistance in Humans and Animals. NAM Perspectives. Discussion Paper, National Academy of Medicine, Washington, DC Johnson. 2016. <https://doi.org/10.31478/201606d>
3. Schar D, Sommanustweechai A, Laxminarayan R, Tangcharoensathien V. Surveillance of antimicrobial consumption in animal production sectors of low- and middle-income countries: Optimizing use and addressing antimicrobial resistance. *PLoS Med*. 2018; 15(3): e1002521. <https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1002521>
4. Manyi-Loh C, Mamphweli S, Meyer E, Okoh A. Antibiotic Use in Agriculture and Its Consequential Resistance in Environmental Sources: Potential Public Health Implications. *Molecules*. 2018;23(4):795. <https://doi.org/10.3390/molecules23040795>
5. Kronvall G, Smith P. Normalized resistance interpretation, the NRI method: Review of NRI disc test applications and guide to calculations. *APMIS*. 2016; 124(12):1023-1030. <https://doi.org/10.1111/apm.12624>
6. Viñes J, Cusco A, Napp S. *et al*. Transmission of similar mcr-1 carrying plasmids among different *Escherichia coli* lineages isolated from livestock and the Farmer. *Antibiotics (Basel)*. 2021; 10:313. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10030313>
7. Couliadiaty AG, Sanou A, Houngbedji CA. *et al*. Prevalence and sensitivity to antibiotics of *Campylobacter spp.* in chicken, farmers and soil in Bobo-Dioulasso, Burkina Faso. *PAMJ - One Health*. 2021; 4:(8). <https://doi.org/10.11604/pamj-oh.2021.4.8.28089>
8. Abo-Amer AE, Shobrak MY, Altalhi AD. Isolation and antimicrobial resistance of *Escherichia coli* isolated from farm chickens in Taif, Saudi Arabia. *J Glob Antimicrob Resist*. 2018; 15:65-68. <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2018.05.020>
9. Vega V, Talavera M, Barba J, Zepeda AP, Reyes NE. Antimicrobial resistance of *Escherichia coli* isolated from cattle carcasses and feces in Center of Mexico. *Rev Mex Cienc Pecu*. 2020;11(4): 991-1003. <https://doi.org/10.22319/rmcp.v11i4.5073>
10. Ndegwa E, Almehmadi H, Kim C, Kaseloo P, Ako AA. Longitudinal Shedding Patterns and Characterization of Antibiotic Resistant *E. coli* in Pastured Goats using a Cohort Study. *Antibiotics (Basel)*. 2019; 8(3):136. <https://doi.org/10.3390/antibiotics8030136>
11. Weinroth MD, Scott HM, Norby B. *et al* Effects of ceftiofur and chlortetracycline on the resistomes of feedlot cattle. *Appl Environ Microbiol*. 2018; 84(13):e00610-18. <https://doi.org/10.1128/AEM.00610-18>
12. Bissong MEA, Tahnteng BF, Ateba CN, Akoachere JTK. Pathogenic Potential and Antimicrobial Resistance Profile of *Staphylococcus aureus* in Milk and Beef from the Northwest and Southwest Regions of Cameroon. *Biomed Res Int*. 2020; 2020:6015283. <https://doi.org/10.1155/2020/6015283>
13. Brown K, Mugoh M, Call DR, Omulo S. Antibiotic residues and antibiotic-resistant bacteria detected in milk marketed for human consumption in Kibera, Nairobi. *PLoS ONE*. 2020; 15(5): e0233413. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0233413>.
14. Rahman M, Husna A, Elshabrawy HA *et al*. Isolation and molecular characterization of multidrug-resistant *Escherichia coli* from chicken meat. *Sci Rep*.2020; 10:10. doi:1038/s41598-020-78367-2.
15. Yang X, Wu Q, Zhang J, Huang J, Chen L, Wu S, *et al*. Prevalence, Bacterial Load, and Antimicrobial Resistance of *Salmonella Serovars* Isolated from Retail Meat and Meat Products in China. *Front Microbiol*.2019; 10:2121. doi: 10.3389/fmicb.2019.02121.
16. Kurjogi M, Issa Mohammad YH, Alghamdi S, Abdelrahman M, Satapute P, Jogaiah S. Detection and determination of stability of the antibiotic residues in cow's milk. *PLoS ONE*. 2019; 14(10): e0223475. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0223475>.
17. Tavakol M, Momtaz H, Mohajeri P, Shokoohizadeh L, Tajbakhsh E. Genotyping and distribution of putative virulence factors and antibiotic resistance genes of *Acinetobacter baumannii* strains isolated from raw meat. *Antimicrob Resist Infect Control*. 2018; 7:120. <https://doi.org/10.1186/s13756-018-0405-2>
18. Kalaba V, Ilic T, Golic B, Kalaba D, Sladojevic Z. Resistance of *Salmonella spp.* isolated from poultry meat to antimicrobial drugs. *Earth Environ Sci*. 2021;854: 0120421. doi: 10.1088/1755-1315/854/1/012042.
19. Výrostková J, Regecová I, Dudriková E, Marcin CA, Vargová M, Ková M, *et al*. Antimicrobial Resistance of *Enterococcus sp.* Isolated from Sheep and Goat Cheeses. *Foods*. 2021;10:1844. <https://doi.org/10.3390/foods10081844>
20. Sanlibaba P, Senturk E. Prevalence, characterization and antibiotic resistance of enterococci from traditional cheeses in Turkey. *Int J Food Prop*. 2018;21(1):1955-1963. doi:10.1080/10942912.2018.1489413.
21. Aworh M, Kwaga J, Hendriksen R, Okolocha E, Thakur S. Genetic relatedness of multidrug resistant *Escherichia coli* isolated from humans, chickens and poultry environments. *Antimicrob Resist Infect Control*.2021; 10:58. doi:10.21203/rs.3.rs-36732/v1.
22. Olubisose ET, Ajayi A, Adeleye AI, Smith SL. Molecular and phenotypic characterization of efflux pump and biofilm in multi-drug resistant non-typhoidal *Salmonella*

- Serovars* isolated from food animals and handlers in Lagos Nigeria. *One Health Outlook*. 2021;9(3):2. doi:10.1186/s42522-021-00035-w.
23. Chen CY, Strobaugh TP, Nguyen LHT, Abley M, Lindsey RL, Jackson CR. Isolation and characterization of two novel groups of kanamycin-resistance ColE1-like plasmids in *Salmonella enterica* serotypes from food animals. *PLoS ONE*. 2018; 13(3): e0193435. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0193435>
 24. McMillan EA, Gupta SK, Williams LE, Jové T, Hiott LM, Woodley, T.A. Antimicrobial Resistance Genes, Cassettes, and Plasmids Present in *Salmonella enterica* Associated with United States Food Animals. *Front Microbiol*. 2019;10:832.doi: 10.3389/fmicb.2019.00832.
 25. Lopes E, Conceic T, Poirel L, De Lencastre H, Aires deSousa M. Epidemiology and antimicrobial resistance of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* isolates colonizing pigs with different exposure to antibiotics. *PLoS ONE*. 2019 14(11): e0225497. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0225497>
 26. Ma Y, Zhao Y, Tang J, Tang C, Chen J, Liu J. Antimicrobial susceptibility and presence of resistance & enterotoxins/enterotoxinlikes genes in *Staphylococcus aureus* from food. *CyTA-J Food*. 2018; 16:1, 76-84. Doi:10.1080/19476337.2017.1340341
 27. Puig-Peña Y, Leyva-Castillo V, Tejedor-Arias R, Illnait-Zaragozí MT, Aportela-López N, Camejo-Jardines A, et al. Antimicrobial Resistance in Bacteria Isolated from Foods in Cuba *MEDICC Rev*. 2020;22(3):40-45
 28. Hernández RE, Báez, M, Alfonso P, Espinosa I. Susceptibilidad antimicrobiana y formación de biopelícula en aislados de *Escherichia coli* procedentes de gallinas ponedoras. *Rev Salud Anim* 2017;39 (3):00-00. http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_rtttext&pid=S0253570X2017000300005&lng=es.
 29. Ríos A, Morales-Cauti S, Vilca M, Carhuallanqui A, Ramos D. Determinación del perfil de resistencia antibiótica de *Salmonella enterica* aislada de cerdos faenados en un matadero de Lima, Perú. *Rev investig vet Perú*. 2019;30(1):438-445. <http://dx.doi.org/10.15381/rivep.v30i1.15701>
 30. Gan T, Shu G, Fu H, Yan Q, Zhang W, Tang H. Antimicrobial resistance and genotyping of *Staphylococcus aureus* obtained from food animals in Sichuan Province, China. *BMC Vet Res*. 2021;17(1):177. doi:10.1186/s12917-021-02884-z.
 31. Liang J, Wang X, Xiao Y, Cui Z, Xia S, Hao Q, et al. Prevalence of *Yersinia enterocolitica* in pigs slaughtered in Chinese abattoirs. *Appl Environ Microbiol* 2012;78(8):2949-56. doi: 10.1128/AEM.07893-11.
 32. Rehman MU, Zhang H, Huang S et al. Characteristics of Integrons and Associated Gene Cassettes in Antibiotic-Resistant *Escherichia coli* Isolated from Free-Ranging Food Animals in China. *J Food Sci*. 2017;82(8):1902-1907. doi:10.1111/1750-3841.13795.
 33. Belotindos L, Villanueva M, Miguel J, et al. Prevalence and Characterization of Quinolone-Resistance Determinants in *Escherichia coli* Isolated from Food-Producing Animals and Animal-Derived Food in the Philippines. *Antibiotics*. 2021; 10:413. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10040413>.
 34. Thong KL, Tan L, Ooi PT. Genetic diversity, virulotyping and antimicrobial resistance susceptibility of *Yersinia enterocolitica* isolated from pigs and porcine products in Malaysia. *J Sci Food Agric*. 2018; 98:87-95.
 35. Ibrahim S, Wei Hoong L, Lai Siong Y, Mustapha Z, C W Zalati CWS, Aklilu E, et al. Prevalence of Antimicrobial Resistance (AMR) *Salmonella spp.* and *Escherichia coli* Isolated from Broilers in the East Coast of Peninsular Malaysia. *Antibiotics (Basel)*. 2021;10(5):579. doi:10.3390/antibiotics10050579
 36. Chotinantakul K, Chansiw N, Okada S. Antimicrobial resistance of *Enterococcus spp.* isolated from Thai fermented pork in Chiang Rai Province, Thailand. *J Glob Antimicrob Resist* 2018; 12:143-148. doi: 10.1016/j.jgar.2017.09.021.
 37. Silva N, Phythian CJ, Currie C, Tassi R, Ballingall KT, Magro G, et al. Antimicrobial resistance in ovine bacteria: A sheep in wolf's clothing?. *PLoS ONE*. 2020; 15(9): e0238708. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0238708>
 38. Ganda EK, Gaeta N, Sipka A, Pomeroy B, Oikonomou G, Schukken YH, et al. Normal milk microbiome is reestablished following experimental infection with *Escherichia coli* independent of intramammary antibiotic treatment with a third-generation cephalosporin in bovines. *Microbiome*. 2017;5(1):74. doi: 10.1186/s40168-017-0291-5.
 39. Li H, Andersen PS, Stegger M, et al. Antimicrobial Resistance and Virulence Gene Profiles of Methicillin-Resistant and -Susceptible *Staphylococcus aureus* From Food Products in Denmark. *Front. Microbiol*. 2019; 10:2681.doi: 10.3389/fmicb.2019.02681.
 40. Abdel KA, Zaher HM. Occurrence of multidrug resistant methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* among healthy farm animals: a public health concern. *Int J Vet Sci Med* 2019; 7:1, 55-60.
 41. El Seedy FR, Samy AA, Salam HSH, Khairy EA, Koraney AA. Polymerase chain reaction detection of genes responsible for multiple antibiotic resistance *Staphylococcus aureus* isolated from food of animal origin in Egypt. *Vet World*. 2017;10(10): 1205-1211.
 42. Magdy OS, Moussa IM, Hussein HA, et al. Genetic diversity of *Salmonella enterica* recovered from chickens farms and its potential transmission to human. *J Infect Public Health* 2020; (4):571-576. doi: 10.1016/j.jiph.2019.09.007.
 43. Ramadan H, Jackson CR, Frye JG et al. Antimicrobial Resistance, Genetic Diversity and Multilocus Sequence Typing of *Escherichia coli* from Humans, Retail Chicken and Ground Beef in Egypt. *Pathogens* 2020;9(5):357. doi: 10.3390/pathogens9050357.
 44. Younis GA, Elkenany RM, Dowidar HA. Virulence genotyping and antimicrobial resistance profiles of *Yersinia enterocolitica* isolated from meat and meat products in Egypt. *Braz J Biol* 2021;81(2):424-436. doi: 10.1590/1519-6984.229998.

45. Eguale T, Birungi J, Asrat D et al. Genetic markers associated with resistance to beta-lactam and quinolone antimicrobials in nontyphoidal *Salmonella* isolates from humans and animals in central Ethiopia. *Antimicrob Resist Infect Control*. 2017; 6:13. doi: 10.1186/s13756-017-0171-6.
46. Jaja IF, Oguttu J, Jaja CJ, Green E. Prevalence and distribution of antimicrobial resistance determinants of *Escherichia coli* isolates obtained from meat in South Africa. *PLoS ONE*. 2020; 15(5): e0216914. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0216914>
47. Sithole V, Amoako DG, Abia ALK. Occurrence, Antimicrobial Resistance, and Molecular Characterization of *Campylobacter spp.* in Intensive Pig Production in South Africa. *Pathogens* 2021; 10, 439. <https://doi.org/10.3390/pathogens10040439>
48. Tshitshi L, Manganyi MC, Montso PK, Mbewe M, Ateba CN. Extended Spectrum Beta-Lactamase-Resistant Determinants among Carbapenem-Resistant Enterobacteriaceae from Beef Cattle in the North West Province, South Africa: A Critical Assessment of Their Possible Public Health Implications. *Antibiotics (Basel)* 2020; 9(11):820. doi: 10.3390/antibiotics9110820.
49. Badi S, Cremonesi P, Abbassi MS. Antibiotic resistance phenotypes and virulence-associated genes in *Escherichia coli* isolated from animals and animal food products in Tunisia. *FEMS Microbiol Lett*. 2018;365(10). doi: 10.1093/femsle/fny088.
50. Adator EH, Narvaez C, Zaheer R et al. A One Health Comparative Assessment of Antimicrobial Resistance in Generic and Extended-Spectrum Cephalosporin-Resistant *Escherichia coli* from Beef Production, Sewage and Clinical Settings. *Microorganisms*. 2020;8(6):885. doi: 10.3390/microorganisms8060885.
51. Hull DM, Harrell E, Van AHM, Correa M, Thakur S. Antimicrobial resistance and interspecies gene transfer in *Campylobacter coli* and *Campylobacter jejuni* isolated from food animals, poultry processing, and retail meat in North Carolina, 2018–2019. *PLoS ONE*. 2021;16(2):e0246571. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0246571>
52. Kaesbohrer A, Bakran-Lebl K, Irrgang A et al. Diversity in prevalence and characteristics of ESBL/pAmpC producing *E. coli* in food in Germany. *Vet Microbiol*. 2019; 233:52-60. doi: 10.1016/j.vetmic.2019.03.025.
53. Juez-García M, Álvarez J, Sotodosos M, Ugarte M. Asociación entre resistencia a antibióticos y serotipos en *Salmonella* de transmisión alimentaria. *REMASP*. 2020; 4(5): 1-8.
54. Terentjeva M, Ibilds K, Meistere J et al. Virulence Determinants and Genetic Diversity of Yersinia Species Isolated from Retail Meat. *Pathogens*. 2022; 11(1):37. <https://doi.org/10.3390/pathogens11010037>
55. Costa MM, Cardo M, Soares P, Cara M, Leite A. A. Multi-Drug and β -Lactam Resistance in *Escherichia coli* and Food-Borne Pathogens from Animals and Food in Portugal, 2014–2019. *Antibiotics*. 2022; 11:90. <https://doi.org/10.3390/antibiotics11010090>.
56. Baran A, Erdoğan A, Kavaz A, Adigüzel MC. Some specific microbiological parameters and prevalence of *Salmonella spp.* in retail chicken meat from Erzurum province, Turkey and characterization of antibiotic resistance of isolates. *Biosci J*. 2019;35(3):878-891. <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/42187>
57. Vallejo M, Gil MS, Parada RB, Marguet ER. Resistencia a metales pesados y antimicrobianos en cepas de *Enterococos* aisladas de cerdos del Valle Inferior del Río Chubut – Argentina. *Rev Colombiana Cienc Anim*. 2020; 12(2): e763. <https://doi.org/10.24188/recia.v12.n2.2020.763>
58. Vásquez-Jaramillo L, Ramírez NF, Akineden Ö, Fernández Silva JA. Presence of extended-spectrum beta-lactamase (ESBL)-producing Enterobacteriaceae in bulk-tank milk of bovine dairy farms in Antioquia, Colombia. *Rev Colomb Cienc Pecu*. 2017; 30 (2):85-100. <https://revistas.udea.edu.co/index.php/rccp/article/view/327056>
59. Zhang L, Fu Y, Xiong Z, Ma Y, Wei Y, Qu X, et al. Highly Prevalent Multidrug-Resistant *Salmonella* From Chicken and Pork Meat at Retail Markets in Guangdong, China. *Front Microbiol*. 2018; 9: 2104. doi: 10.3389/fmicb.2018.02104.
60. Zhang WZ, Li WG, Liu YQ et al. The molecular characters and antibiotic resistance of *Clostridioides difficile* from economic animals in China. *BMC Microbiol*. 2020; 20:70. <https://doi.org/10.1186/s12866-020-01757-z>
61. Qamar A, Ismail T, Akhtar S. Prevalence and antibiotic resistance of *Salmonella spp.* in South Punjab-Pakistan. *PLoS ONE*. 2020; 15(11): e0232382. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0232382>
62. Mekhloufi OA, Chieffi D, Hammoudi A, Bensefia SA, Fanelli F, Fusco V. Prevalence, Enterotoxigenic Potential and Antimicrobial Resistance of *Staphylococcus aureus* and Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) Isolated from Algerian Ready to Eat Foods. *Toxins* 2021; 13, 835. <https://doi.org/10.3390/toxins13120835>
63. Leangapichart T, Lunha K, Jiwakanon J et al. Characterization of *Klebsiella pneumoniae* complex isolates from pigs and humans in farms in Thailand: population genomic structure, antibiotic resistance and virulence genes. *J Antimicrob Chemother*. 2021;76(8):2012-2016. <https://doi.org/10.1093/jac/dkab118>
64. Kulangara V, Nair N, Sivasailam A, Sasidharan S, Kollannur JD, Syam R. Genotypic and phenotypic β -lactam resistance and presence of PVL gene in *Staphylococci* from dry bovine udder. *PLoS ONE*. 2017; 12(11): e0187277. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0187277>
65. Irrgang A, Tenhagen BA, Pauly N, Schmoger S, Kaesbohrer A, Hammerl JA. Characterization of VIM-1-Producing *E. coli* Isolated From a German Fattening Pig Farm by an Improved Isolation Procedure. *Front Microbiol*. 2019; 10:2256. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02256>
66. Andrzejewska M, Szczepańska B, Śpica D, Klawe JJ. Prevalence, Virulence, and Antimicrobial Resistance of *Campylobacter spp.* in Raw Milk, Beef, and Pork Meat in Northern Poland. *Foods*. 2019;8(9):420. doi: 10.3390/foods8090420.

67. Chaffoori MH, Al-Shadeedi MJ, Al-Massody AJ, Ghasemian A. Drug resistance and virulence traits of *Acinetobacter baumannii* from Turkey and chicken raw meat. *Comp. Immunol Microbiol Infect.* 2020; 70:101451. doi: 10.1016/j.cimid.2020.101451.
68. Pongsilp N, Nimnoi P. Diversity and antibiotic resistance patterns of enterobacteria isolated from seafood in Thailand. *CyTA- J Food* 2018;16:1, 793-800. doi: 10.1080/19476337.2018.1479453.
69. Arslan S, Özdemir F. Prevalence and antimicrobial resistance of *Listeria* species and molecular characterization of *Listeria monocytogenes* isolated from retail ready-to-eat foods. *FEMS Microb Lett.* 2020;367(4):fnaa006. <https://doi.org/10.1093/femsle/fnaa006>
70. Casagrande Proietti P, Stefanetti V, Musa L, et al. Genetic Profiles and Antimicrobial Resistance Patterns of *Salmonella Infantis* Strains Isolated in Italy in the Food Chain of Broiler Meat Production. *Antibiotics (Basel).* 2020;9(11):814. doi: 10.3390/antibiotics9110814.
71. Ohta N, Norman KN, Norby B. Population dynamics of *Salmonella enteric* in response to antimicrobial use in beef feedlot cattle. *Sci Rep* 2017;7(1):14310. doi: 10.1038/s41598-017-14751-9.
72. Haskell KJ, Schriever SR, Fonoimoana KD, et al. Antibiotic resistance is lower in *Staphylococcus aureus* isolated from antibiotic-free raw meat as compared to conventional raw meat. *PLoS ONE.* 2018; 13 (12): e0206712. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0206712>.
73. Tyson GH, Nyirabahizi E, Crarey E, Kabera C, Lam C, Rice C, et al. Prevalence and antimicrobial resistance of *enterococci* isolated from retail meats in the United States, 2002 to 2014. *Appl Environ Microbiol.* 2018; 84: e01902-17. <https://doi.org/10.1128/AEM.01902-17>.
74. Irrgang A, Hammerl JA, Falgenhauer L, Guiral E, Schmogger S, Imirzalioglu C, et al. Diversity of CTX-M-1-producing *E. coli* from German food samples and genetic diversity of the blaCTX-M-1 region on IncI1 ST3 plasmids. *Vet Microbiol* 2018; 221:98-104. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2018.06.003>
75. Delgado EJ, Palo T, Ruiz FA, et al. Genomic surveillance of antimicrobial resistance shows cattle and poultry are a moderate source of multi-drug resistant non-typhoidal *Salmonella* in Mexico. *PLoS ONE.* 2021;16(5): e0243681. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0243681>.
76. Xiaoting W, Chengcheng N, Chunhui J, Yan L, Jing L, Qingling M, et al. Antimicrobial resistance profiling and molecular typing of ruminant-borne isolates of *Clostridium perfringens* from Xinjiang, China. *J Glob Antimicrob Resist.* 2021;27:41-45. <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2021.08.003>

Recibido: 19/10/2023
Aceptado: 23/01/2024