

UNIVERSIDAD TÉCNICA DE AMBATO
FACULTAD DE CIENCIAS AGROPECUARIAS



CARRERA DE MEDICINA VETERINARIA

"Revisión bibliográfica: Factores que contribuyen a la propagación de resistencia antimicrobiana (RAM) en la fauna silvestre."

**DOCUMENTO FINAL DEL PROYECTO DE INVESTIGACIÓN COMO REQUISITO
PARA OBTENER EL GRADO DE MÉDICO VETERINARIO**

AUTOR:

Alex Dario Pilco Chicaiza

TUTOR:

Mvz. Ana Rafaela Burgos Mayorga. Mg

Cevallos-Ecuador

2025

"Revisión bibliográfica: Factores que contribuyen a la propagación de resistencia antimicrobiana (RAM) en la fauna silvestre"

REVISADO POR


Mvz. Mg. Burgos Mayorga Ana Rafaela .

TUTOR

APROBADO POR LOS MIEMBROS DE CALIFICACIÓN

Fecha


.....

12/02/2025
.....

Ing. Pedro Pablo Pomboza, PhD.

PRESIDENTE DEL TRIBUNAL DE CALIFICACIÓN


.....

12/02/2025
.....

Méd. Mg. Borja Caicedo Byron Enrique.

MIEMBRO DEL TRIBUNAL DE CALIFICACIÓN


.....

12/02/2025
.....

Dra. Cruz Quintana Sandra Margarita, PhD.

MIEMBRO DEL TRIBUNAL DE CALIFICACIÓN

AUTORIA DE LA INVESTIGACIÓN

El suscrito, **ALEX DARIO PILCO CHICAIZA**, portador de cédula de ciudadanía número: **1805059522**, libre y voluntariamente declaro que el Informe Final del Proyecto de investigación titulado: **“Revisión bibliográfica: Factores que contribuyen a la propagación de resistencia antimicrobiana (RAM) en la fauna silvestre”** es original, auténtico y personal. En tal virtud, declaro que el contenido es de mi sola responsabilidad legal y académica, excepto donde se indican las fuentes de información consultadas.



ALEX DARIO PILCO CHICAIZA

DERECHO DE AUTOR

Al presentar este Informe Final del Proyecto de Investigación titulado “**Revisión bibliográfica: Factores que contribuyen a la propagación de resistencia antimicrobiana (RAM) en la fauna silvestre**” como uno de los requisitos previos para la obtención del título de grado de Ingeniero Agrónomo, en la Facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Técnica de Ambato, autorizo a la Biblioteca de la Facultad, para que este documento esté disponible para su lectura, según las normas de la Universidad.

Estoy de acuerdo en que se realice cualquier copia de este Informe Final, dentro de las regulaciones de la Universidad, siempre y cuando esta reproducción no suponga una ganancia económica potencial.

Sin perjuicio de ejercer mi derecho de autor, autorizo a la Universidad Técnica de Ambato la publicación de este Informe Final, o de parte de él.



Alex Dario Pilco Chicaiza

DEDICATORIA

Con todo mi corazón, dedico este trabajo.

A mis padres, Luis Pilco y Jenny Chicaiza por ser el faro que guía mi camino. Su amor incondicional, su fe en mí y su apoyo constante han sido la base de este logro.

A mis hermanas, Erika y Jessica por ser mis confidentes, mi refugio. Su amor, consejos y fe en mí han sido una fuente inagotable de fortaleza.

A mi pareja, por creer en mí incluso cuando yo dudaba, por cada palabra de aliento y por compartir este viaje lleno de retos, tristezas y alegrías.

A mis amigas, Yadi y Eli quienes me recordaron que incluso en los momentos más difíciles siempre hay espacio para la risa y el compañerismo ya que ustedes no solo hicieron de esta etapa una experiencia inolvidable por eso siempre las llevaré en mi corazón.

Y a mí mismo, por la perseverancia, la dedicación y el esfuerzo que me permitieron llegar a donde estoy.

AGRADECIMIENTO

En primer lugar, quiero expresar mi más profundo agradecimiento a mi familia, quienes han sido mi pilar incondicional a lo largo de este camino. Gracias por su amor, paciencia y apoyo en los momentos más desafiantes.

A mi pareja, gracias por tu comprensión, aliento y compañía en este proceso. Has estado a mi lado en cada paso, brindándome fortaleza y recordándome que los sueños son alcanzables con esfuerzo y dedicación.

A mis amigos de la universidad, quienes hicieron de este viaje una experiencia inolvidable. Gracias por las largas horas de estudio compartido, las risas en los momentos de estrés y el compañerismo que hizo que todo.

A todos ustedes, les dedico este logro, ya que sin su apoyo no habría sido posible



Ciencia Latina
Internacional

Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar, Ciudad de México, México.
ISSN 2707-2207 / ISSN 2707-2215 (en línea), noviembre-diciembre 2024,
Volumen 8, Número 6.

https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v8i6

REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA: FACTORES QUE CONTRIBUYEN A LA PROPAGACIÓN DE RESISTENCIA ANTIMICROBIANA (RAM) EN LA FAUNA SILVESTRE

**LITERATURE REVIEW: FACTORS CONTRIBUTING TO THE
SPREAD OF ANTIMICROBIAL RESISTANCE (AMR) IN
WILDLIFE**

Alex Dario Pilco Chicaiza
Universitat Técnica de Ambato, Ecuador

Ana Rafaela Burgos Mayorga
Universidad Estatal de Milagro

DOI: https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v8i6.15477

Revisión bibliográfica: Factores que contribuyen a la propagación de resistencia antimicrobiana (RAM) en la fauna silvestre

Alex Dario Pilco Chicaiza¹apilco9522@uta.edu.ec<https://orcid.org/0009-0000-0604-3587>

Universidad Técnica de Ambato

Ambato – Ecuador

Ana Rafaela Burgos Mayorgaar.burgos@uta.edu.ec<https://orcid.org/0000-0001-9676-1952>

Universidad Técnica de Ambato

Ambato – Ecuador

RESUMEN

La resistencia antimicrobiana es un desafío global que impacta la salud pública, la fauna silvestre y los ecosistemas naturales debido al uso excesivo de antibióticos en la agricultura, la ganadería y el manejo inadecuado de residuos. Este estudio analiza bibliográficamente la propagación de la RAM en fauna silvestre mediante la interacción entre contaminación ambiental, contacto con bacterias resistentes y condiciones de cautiverio, que tiene como objetivo analizar la interrelación entre la contaminación ambiental, el contacto y la transmisión de bacterias resistentes entre humanos, animales de granja y la fauna silvestre, y las condiciones en entornos de cautiverio, para comprender cómo estos factores contribuyen significativamente a la propagación de la resistencia antimicrobiana (RAM) en la fauna silvestre. La metodología empleó criterios de inclusión y exclusión, identificando 716 artículos en bases de datos científicas, reducidos a 69 documentos relevantes. Los hallazgos muestran que factores como aguas residuales, estiércol animal, y la intensificación de la acuicultura generan presión selectiva para el desarrollo de bacterias resistentes en fauna silvestre y ecosistemas remotos. Aves migratorias y mamíferos marinos actúan como vectores globales, mientras que los centros de rehabilitación animal contribuyen a la diseminación de bacterias resistentes en condiciones de cautiverio. Los genes blaCTX-M, mecA y mcr-1 fueron identificados como críticos en la propagación de resistencia. Se concluye que la mitigación requiere enfoques interdisciplinarios, mejoras en prácticas agropecuarias, regulación del uso de antimicrobianos, monitoreo en rutas migratorias y educación. Este enfoque integral busca reducir la diseminación de la RAM y proteger tanto la salud humana como la biodiversidad.

Palabras clave: resistencia antimicrobiana, fauna silvestre, contaminación ambiental, genes de resistencia, mitigación

¹ Autor principal

Correspondencia: apilco9522@uta.edu.ec

Literature Review: Factors Contributing to the Spread of Antimicrobial Resistance (AMR) in Wildlife

ABSTRACT

Antimicrobial resistance is a global challenge that impacts public health, wildlife, and natural ecosystems due to the excessive use of antibiotics in agriculture, livestock, and inadequate waste management. This study bibliographically analyzes the spread of AMR in wildlife through the interaction between environmental contamination, contact with resistant bacteria, and captivity conditions, which aims to analyze the interrelationship between environmental contamination, contact and transmission of resistant bacteria between humans, farm animals and wildlife, and conditions in captive environments, to understand how these factors significantly contribute to the spread of antimicrobial resistance (AMR) in wildlife. The methodology applied inclusion and exclusion criteria, identifying 716 articles from scientific databases, which were narrowed down to 69 relevant documents. Findings indicate that factors such as wastewater, animal manure, and the intensification of aquaculture exert selective pressure, fostering the development of resistant bacteria in wildlife and remote ecosystems. Migratory birds and marine mammals act as global vectors, while animal rehabilitation centers contribute to the dissemination of resistant bacteria under captivity conditions. The genes blaCTX-M, mecA, and mcr-1 were identified as critical in resistance propagation. It is concluded that mitigation requires interdisciplinary approaches, improvements in agricultural practices, stricter regulations on antimicrobial use, monitoring of migratory routes, and education. This comprehensive approach aims to reduce AMR dissemination and safeguard both human health and biodiversity.

Keywords: antimicrobial resistance, wildlife, environmental contamination, resistance genes

Artículo recibido 18 octubre 2024
Aceptado para publicación: 20 noviembre 2024



INTRODUCCIÓN

La resistencia antimicrobiana (RAM) es un problema global que afecta tanto a los seres humanos como a los animales de granja y fauna silvestre (Tinoco et al., 2020). Por lo tanto, su estudio es crucial debido al impacto en la salud pública y la biodiversidad (Migura et al., 2024). En este contexto, Ramey (2021) asevera que este fenómeno dificulta el tratamiento de infecciones y facilita la propagación de enfermedades en fauna silvestre, además, está influenciado por varios factores interrelacionados, entre los más comunes se encuentran: la contaminación ambiental, el contacto y transmisión de bacterias resistentes y las condiciones de cautiverio o libertad en las que se mantienen los animales (Ramey & Ahlstrom, 2023).

En primera instancia, la contaminación ambiental desempeña un papel crucial en la propagación de la resistencia antimicrobiana en la fauna silvestre (Mohamed et al., 2022). Los residuos de antibióticos provenientes de la agricultura intensiva, la ganadería y los desechos industriales contaminan el suelo y el agua; mismos que se presentan como moléculas que después las bacterias pueden asimilar hasta generar resistencia (Holmes et al., 2016). De igual manera, los cuerpos de agua cercanos a estas fuentes presentan niveles elevados de bacterias resistentes que los animales silvestres pueden ingerir, extendiendo el problema a través de la cadena trófica de las comunidades silvestres y, en el caso de las aves migratorias, a grandes distancias (Wang et al., 2017).

De manera similar, los ecosistemas acuáticos son especialmente vulnerables, ya que los ríos y lagos acumulan contaminantes que afectan a las especies acuáticas (Holmes et al., 2016). Además, la demanda de productos hidrobiológicos de la acuicultura ha aumentado en los últimos años, impulsada por nuevas tecnologías para intensificar los sistemas agropecuarios y aumentar los niveles de producción (Grilo et al., 2020). La intensificación está relacionada a estrés por manipulación frecuente, alta densidad de población y mala calidad del agua, lo que lleva a inmunosupresión y vuelve más susceptibles a los animales a enfermedades infecciosas (Puig et al., 2019). Por este motivo, el control de la enfermedad se basa principalmente en el uso de antibióticos, siendo la oxitetraciclina, el enrofloxacin y el florfenicol los más utilizados (Tinoco et al., 2020). La práctica inadecuada y el uso indiscriminado de estos medicamentos, así como la falta de diagnóstico clínico y las escasas prescripciones veterinarias, han



propiciado el desarrollo de la resistencia a los antimicrobianos en ecosistemas acuáticos (Hwengwere et al., 2022).

Por otro lado, según Carraro et al. (2022) este fenómeno también ocurre en animales terrestres domésticos y silvestres, como los cerdos salvajes que actúan como intermediarios en la transmisión de bacterias resistentes (Carraro et al., 2022). En el caso de los entornos de cautiverio, como zoológicos y refugios de vida silvestre, los animales enfrentan un riesgo elevado de exposición y desarrollo de RAM (Wang et al., 2017). La proximidad facilita la transmisión de bacterias resistentes y el uso frecuente de antibióticos en estos contextos selecciona bacterias resistentes, que se propagan rápidamente en la población cautiva (Tinoco et al., 2020). Además, la alta densidad y limitada diversidad genética contribuyen a la rápida propagación de enfermedades, exacerbada por estresores del cautiverio que debilitan el sistema inmunológico de los animales (Van den Honert & Gouws, 2018). En consecuencia, es crucial implementar estrategias de manejo que minimicen el uso de antibióticos y promuevan la salud general de los animales en cautiverio para reducir el riesgo de desarrollo y propagación de bacterias resistentes, esto incluye mejorar las condiciones de vida, implementar programas de monitoreo y control de enfermedades, y fomentar la investigación sobre alternativas a los antibióticos tradicionales (Giono S. et al., 2021).

Por otro parte, los programas de reintroducción de animales a su hábitat natural también presentan riesgos (Ramey, 2021), animales que han desarrollado o adquirido bacterias resistentes en cautiverio pueden liberar estas bacterias en el medio silvestre al ser reintroducidos, infectando a otras especies y propagando RAM en nuevos entornos (Lorenti et al., 2021). Esto puede alterar las dinámicas microbianas naturales y afectar la resiliencia de los ecosistemas a largo plazo (Lorenti et al., 2021).

En términos simples, la resistencia microbiana en la fauna silvestre es un problema complejo que requiere una comprensión profunda de las interacciones entre los factores que la promueven. Por lo tanto, la presente investigación tiene como objetivo analizar bibliográficamente la interrelación entre la contaminación ambiental, el contacto y la transmisión de bacterias resistentes entre humanos, animales de granja y la fauna silvestre, y las condiciones en entornos de cautiverio, para comprender cómo estos factores contribuyen significativamente a la propagación de la resistencia antimicrobiana (RAM) en la fauna silvestre.



METODOLOGÍA

La metodología empleada en el desarrollo del presente artículo se fundamenta en el uso de criterios de inclusión y exclusión para la selección de información relevante. La recopilación de datos se realizó mediante gestores de información como Scielo, Science Direct, Pubmed, Medline y Web of Science.

Criterios de inclusión

- Artículos en idioma inglés, español y portugués.
- Documentos desde el periodo 2018-2024.
- Documentos de revisión (meta-análisis).
- Artículos de índole experimental.

Criterios de exclusión

- Artículos en idioma fuera de inglés, español y portugués.
- Documentos anteriores al año 2018.
- Tesis.
- Libros por lo que no se tiene acceso a información actualizados sobre RAM en fauna.

Los operadores booleanos utilizados empleados “AND”, “OR” corresponden a las cadenas de búsqueda. Ambos se han combinado con las palabras clave para generar cadenas de búsqueda para encontrar información válida y cumplir con el objetivo de trabajo. Algunas de las cadenas de búsqueda se enlistan a continuación:

(“Contaminación ambiental” OR “Polución ambiental”) AND (“Bacterias resistentes” OR “Bacterias multirresistentes”) AND (“Fauna silvestre” OR “Vida salvaje”) AND (“Resistencia antimicrobiana” OR “RAM”)

“Resistencia antimicrobiana” AND (“Entornos de cautiverio” OR “Zoológicos” OR “Centros de rehabilitación de fauna”) AND (“Transmisión de bacterias” OR “Propagación de bacterias resistentes”)

(“Contaminación ambiental” OR “Polución”) AND (“Transmisión de bacterias resistentes” OR “Bacterias resistentes a antibióticos”) AND (“Fauna silvestre” OR “Animales salvajes”)

(“Contaminación” OR “Exposición ambiental”) AND (“Antibióticos” OR “Residuos antimicrobianos”) AND (“Fauna silvestre” OR “Especies en cautiverio”) AND (“Resistencia antimicrobiana” OR “RAM”)

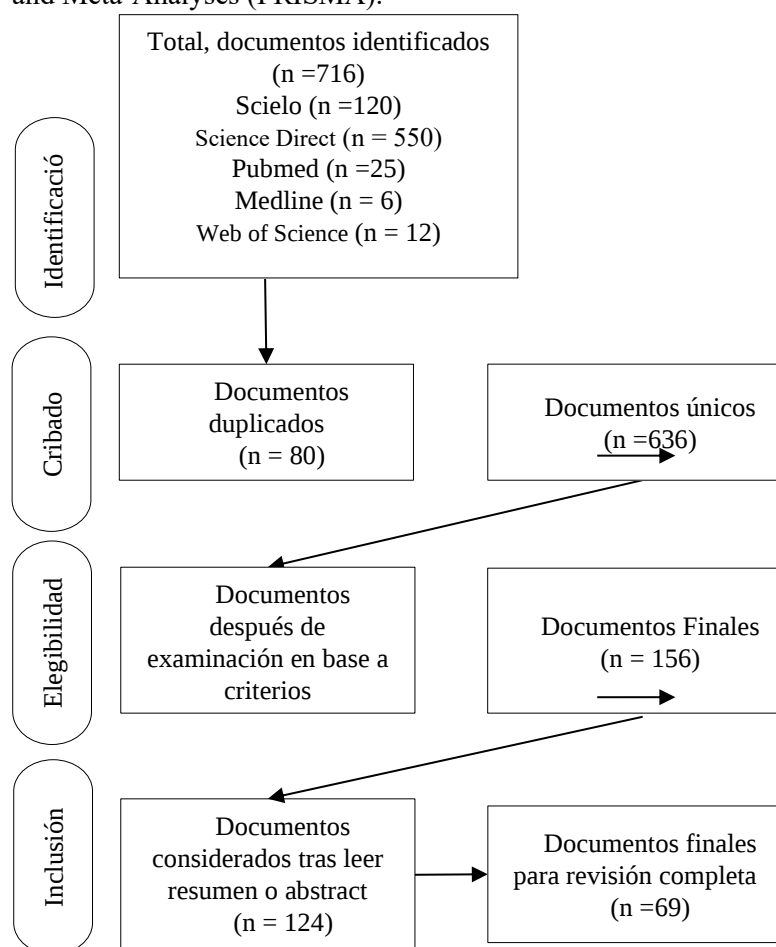


“Resistencia antimicrobiana” AND (“Fauna silvestre” OR “Especies en cautiverio”) AND (“Contaminación ambiental” OR “Contaminación por antibióticos”)

(“Resistencia bacteriana” OR “Bacterias multirresistentes”) AND (“Condiciones en cautiverio” OR “Fauna en cautiverio”) AND (“Contaminación ambiental”)

Una vez generadas las cadenas de búsqueda fue fundamental filtrar la información hasta definir el número final de documentos analizados. Este proceso se enlista en la figura 1 a continuación detallada:

Figura 1.- Selección de documentos metodología Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses (PRISMA).



Todo el proceso para el desarrollo y simplificación se abordó por medio de cuatro fases, durante la fase de identificación, se realizaron búsquedas en varias bases de datos académicas, incluidas SCIELO, Science Direct, PubMed, MEDLINE y Web of Science. En total, se identificaron 716 documentos potencialmente relevantes: 120 en SCIELO, 550 en Science Direct, 25 en PubMed, 6 en MEDLINE y 12 en Web of Science. El objetivo de este proceso preliminar es identificar tantos estudios como sea

posible relacionados con la pregunta de investigación. A continuación, se efectuó el cribado, este paso es importante para evitar redundancias y garantizar que cada estudio revisado sea único. Los 636 artículos restantes representan estudios que fueron evaluados con más detalle. En la tercera etapa, de elegibilidad, los documentos restantes fueron evaluados por su relevancia y calidad con respecto a los criterios específicos del estudio. Luego de esta evaluación, 156 documentos cumplieron con los criterios establecidos y fueron considerados los documentos finales para su inclusión en el análisis.

Finalmente, se estudiaron en detalle los resúmenes de los 156 artículos, lo que permitió seleccionar 124 artículos que parecían relevantes para un análisis completo. Después de un análisis más detallado, sólo 69 de estos artículos se consideraron relevantes y de calidad suficiente para ser incluidos en la revisión final. Este paso garantiza que el conjunto de estudios incluidos en el análisis sea lo más sólido y relevante posible, y que permita responder a los objetivos de la revisión bibliográfica.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Laborda et al. (2022) consideran que, la resistencia a los antibióticos es un problema crítico y aunque los centros de atención médica son los principales focos de su aparición, evolución y propagación, otros ecosistemas también juegan un papel significativo en esta diseminación, donde los factores como las aguas residuales, los animales de granja y las mascotas contribuyen al desarrollo de la resistencia a los antibióticos (Laborda et al., 2022). Fernández et al. (2021) señala que la presencia de genes y bacterias resistentes a los antibióticos en animales salvajes es más un indicio de contaminación causada por actividades humanas que un resultado de la selección natural de resistencia, no obstante, una vez que la resistencia aparece en la naturaleza, la fauna silvestre puede facilitar su propagación a través de distintos ecosistemas.

Según Van de Honert (2018), actualmente se desconoce el destino de las bacterias resistentes a los antibióticos en ecosistemas remotos, se estima que la vida silvestre desempeña un papel crucial en su evolución, ya que muchas especies silvestres portan bacterias resistentes y recorren grandes áreas a lo largo de sus vidas. Sin embargo, se podría esperar que la resistencia antimicrobiana fuera mínima en estos animales debido a la menor exposición a antibióticos, diversos estudios han demostrado que muchas enfermedades infecciosas en la fauna están vinculadas a microorganismos resistentes a los medicamentos (García et al., 2022). Esta resistencia a los tratamientos comunes es un factor relevante



en la aparición de nuevas enfermedades en la fauna, lo que agrava el problema de salud pública, especialmente con el creciente contacto entre animales silvestres, humanos, ganado y animales domésticos (Beleza et al., 2021) (Villalobos et al., 2024).

Genes de resistencia

Los genes de resistencia son segmentos de ADN en bacterias que les permiten sobrevivir en presencia de antibióticos, esto ocurre en diferentes bacterias por mecanismos como la conjugación, transducción o transformación (Hwengwere et al., 2022). Una vez que una bacteria adquiere un gen de resistencia, puede replicarse y transmitir este rasgo a futuras generaciones, lo que complica el tratamiento de las infecciones (Fernández et al., 2021).

Las bacterias pueden volverse resistentes a través de varios mecanismos, entre los cuales se destacan la mutación genética y la adquisición de genes de resistencia mediante transferencia horizontal. Según Laborda et al. (2022), cuando una bacteria es expuesta repetidamente a un antibiótico, aquellas que portan mutaciones que les confieren resistencia pueden sobrevivir y reproducirse, aumentando la frecuencia de bacterias resistentes en la población. Este proceso es acelerado en entornos donde los antibióticos son utilizados de manera excesiva o inadecuada (Bamunusinghage & Neelawala, 2022).

Para Hwengwere et al. (2022) las bacterias emplean varios mecanismos para resistir a los antibióticos, como: bombas de eflujo para expulsar los antibióticos, degradación o modificación enzimática de los antibióticos, vías metabólicas alternativas, sobreproducción o modificación de las dianas de los antibióticos, reducción de la permeabilidad de la pared celular para bloquear la entrada de antibióticos (Blanco et al., 2024). Por lo que, las infecciones resistentes a los antibióticos en humanos, relacionadas con el consumo de alimentos contaminados y el contacto directo con animales, provocan un aumento de los fracasos terapéuticos, una mayor gravedad de la infección y tasas de mortalidad (Facoone y Leon, 2022). Las bacterias resistentes son más persistentes en la cadena alimentaria y pueden colonizar el intestino humano, lo que provoca infecciones más difíciles de tratar (Jorquera et al., 2021). Existen diferentes tipos de genes de resistencia que confieren protección a bacterias contra familias específicas de antibióticos (Badi & Salah, 2022).

En la fauna silvestre, se han identificado varios genes de resistencia comunes que están asociados a bacterias capaces de sobrevivir a la exposición a antibióticos (Coral y Yauri, 2021). Entre los más



frecuentes, se encuentran los genes *blaCTX-M*, que confieren resistencia a los betalactámicos, presentes en *Escherichia coli* y otras enterobacterias (Liu et al., 2024). También destacan los genes *gyrA* y *parC*, que otorgan resistencia a las quinolonas, y son comunes en bacterias como *Salmonella enterica* (Torres, 2019). Además, *Staphylococcus aureus* en fauna silvestre puede portar el gen *mecA*, el cual lo hace resistente a meticilina (Sato et al., 2024). Otros genes como *mcr-1*, que otorga resistencia a la colistina al modificar la proteína de unión a penicilina, han sido detectados en especies bacterianas tanto en animales salvajes como en el ambiente, lo que sugiere una amplia diseminación de la resistencia en diferentes ecosistemas (Calvaho et al., 2020). La identificación de estos genes en la fauna silvestre refleja un proceso de contaminación ambiental causado principalmente por actividades humanas, como el uso excesivo de antibióticos en la ganadería (Rodríguez & Betancourth, 2023).

Los genes más representativos de resistencia, como *vanA* y *vanB*, afectan a los glucopéptidos (por ejemplo, la vancomicina), alterando la síntesis de la pared celular. Aunque estos genes se detectan principalmente en bacterias de entornos hospitalarios, también se han encontrado en bacterias de fauna silvestre en regiones donde hay contacto con desechos o aguas contaminadas provenientes de hospitales o granjas (Rincon et al., 2024). Esto demuestra que los animales silvestres pueden actuar como reservorios de resistencia y contribuir a la propagación de estos genes fuera de los entornos humanos (Barletta, 2018).

Por otro lado, el gen *tet(A)*, que codifica bombas de eflujo que expulsan tetraciclinas de las bacterias, reduciendo así la eficacia de este antibiótico, ha sido identificado en bacterias de animales salvajes (Starrantiron, 2018). Este hallazgo es preocupante, ya que los animales pueden transportar y diseminar este gen en diferentes ecosistemas, exponiendo a otras especies animales y potencialmente a humanos a bacterias resistentes (Barletta, 2018). La rápida diseminación de estos mecanismos de resistencia entre especies bacterianas, facilitada por la fauna, agrava la crisis de la resistencia antimicrobiana y representa una amenaza tanto para la salud pública como para la biodiversidad (Narváez y Menjivar, 2019).

En la Tabla 1 se expone información concerniente a la tipología de bacterias, descripción, animal donde fue aislada y la resistencia a los antibióticos, la información resumida se muestra a continuación:

Tabla 1.- Resumen de RAM correlacionada con los animales que la padecen.

Nombre	Descripción	Animal	Antibióticos con resistencia	Genes de Resistencia	Referencias
<i>Escherichia coli (E. coli)</i>	Bacteria gramnegativa, común en el intestino de animales y humanos. Algunas cepas son patógenas.	Aves migratorias como gaviotas y patos.	Cefalosporinas, Fluoroquinolonas	bla (CTX-M, TEM, SHV), gyrA, parC	(Facoone y Leon, 2022)
<i>Salmonella spp.</i>	Género de bacterias gramnegativas.	Reptiles como tortugas, lagartos)	Ampicilina, Tetraciclina	bla (TEM, SHV), tetA, tetB	(Binkley et al., 2024)
<i>Staphylococcus aureus</i>	Bacteria grampositiva. MRSA (Staphylococcus aureus resistente a la meticilina).	Mamíferos marinos (delfines, focas).	Meticilina, Vancomicina	mecA, vanA, vanB	(Carraro et al., 2022)
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	Bacteria gramnegativa, frecuentemente asociada con infecciones nosocomiales en humanos.	Roedores silvestres (ratas, ratones)	Carbapenémicos, Cefalosporinas, Aminoglucósidos	bla (KPC, NDM, OXA-48), aac(6')-Ib	(Fernández et al., 2021)
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	Bacteria gramnegativa	Aves rapaces (águilas, halcones)	Aminoglucósidos, Betalactámicos	mexA, mexB, oprM, blaVIM, blaIMP	(Castañeda et al., 2021)
<i>Campylobacter jejuni</i>	Bacteria gramnegativa, patógena en humanos y animales.	Mamíferos salvajes (ciervos, zorros)	Macrólidos, Fluoroquinolonas	cmeB, gyrA, 23S rRNA	(Cheng & Zhang, 2022)
<i>Enterococcus faecalis</i>	Bacteria grampositiva, parte del microbiota intestinal.	Aves carroñeras (buitres, cuervos)	Vancomicina, Aminoglucósidos	vanA, vanB, aac(6')-Ie-aph(2'')-Ia	(Mohammed, 2021)
<i>Mycobacterium avium</i>	Bacteria grampositiva, causa enfermedades en aves y mamíferos.	Aves acuáticas (flamencos, cisnes)	Claritromicina, Rifampicina	rrl, erm	(Ayaka y Yamaguchi, 2021)
<i>Aeromonas spp.</i>	Género de bacterias gramnegativas, común en ambientes acuáticos.	Peces y anfibios (truchas, ranas)	Cefalosporinas, Fluoroquinolonas	bla (PER, VEB, VIM), qnr	(Anca & Carpa, 2021)
<i>Chlamydia psittaci</i>	Bacteria gramnegativa, causa la psitacosis en aves y humanos.	Aves psitácidas (loros, pericos)	Tetraciclinas, Doxiciclina	tetA, tetB	(Sheykhsaran, 2019)



Factores ambientales

La resistencia antimicrobiana en la fauna silvestre y el medio ambiente es una preocupación ambiental creciente, con implicaciones diversas. Se ha detectado resistencia clínica relevante, como la producida por betalactamasas de espectro extendido (ESBL), carbapenemasas y resistencia a colistina, en animales salvajes, especialmente en aves silvestres (Calvaho et al., 2020). Aunque el origen de estos genes de resistencia es incierto, se sospecha que el contacto con aguas residuales o estiércol animal podría estar implicado (Bamunusinghage & Neelawala, 2022).

La liberación incontrolada de antimicrobianos en el ambiente, principalmente por prácticas agrícolas y manejo inadecuado de residuos, agrava esta situación (Cheng & Zhang, 2022). Antimicrobianos, junto con bacterias resistentes (ARB) y genes de resistencia (ARGs), son liberados en suelos, ríos y lagos, afectando no solo el microbiota local, sino también a la fauna silvestre en áreas remotas (Viso, 2017). Esto se vincula al aumento en la demanda de alimentos y el mal uso de antimicrobianos, lo que subraya la necesidad de una vigilancia constante y de medidas preventivas para mitigar la propagación de resistencia en ambientes naturales (Plaza & Alt, 2021) (Badi & Salah, 2022).

Además, la resistencia antimicrobiana refleja la interacción compleja entre nichos ecológicos. Se ha reportado la presencia de linajes clonales de bacterias resistentes, como *E. coli* productores de ESBL y *S. aureus* resistentes, en la fauna silvestre, lo que destaca la conexión entre humanos, animales domésticos y fauna salvaje (Giono S. et al., 2021). Los plásmidos desempeñan un papel clave en la evolución de la resistencia, y la fauna silvestre se convierte en una fuente significativa de transferencia de genes a otros ecosistemas (Andrew, 2021).

Para abordar este problema, se requiere un enfoque multidisciplinario que incluya la ecología de enfermedades infecciosas y la ecología del paisaje. Estos enfoques permiten identificar áreas de alto riesgo y diseñar programas de vigilancia adecuados, contribuyendo a controlar de manera más eficaz la propagación de la resistencia antimicrobiana en el entorno (Bennet & Waller, 2019) (Baros et al., 2022).

Resistencia antimicrobiana por contaminación ambiental

Entre los principales factores que contribuyen a la resistencia, según Salah et al. (2022), los animales destinados a la producción de alimentos, especialmente los que se crían en sistemas intensivos, son los más importantes. La cría de alta densidad y el uso de antibióticos de amplio espectro en la alimentación



animal crean una presión selectiva que acelera el desarrollo de bacterias resistentes (Millanao & Barrientos, 2019). Esto ha dado lugar a cepas de bacterias resistentes a los antibióticos como *Staphylococcus aureus* resistente la meticiclina (*MRSA*), *Salmonella*, *Campylobacter* y *E. coli*, que pueden transmitirse a los seres humanos a través del consumo de carne y otros productos alimenticios contaminados (Lorenti et al., 2021) (Guerrero, 2021).

El uso de antibióticos en diversos entornos, desde la agricultura hasta la industria alimentaria, ha dado lugar a la liberación continua de bajas concentraciones de antibióticos en el agua y el suelo a través de plantas de tratamiento de aguas residuales, desechos agrícolas y el uso de estiércol en las granjas, jardines, entre otros (Blanco y otros, 2024). Estas minúsculas concentraciones son asimiladas por las bacterias y al entrar en contacto con el microbiota de los animales silvestres permiten el desarrollo gradual de resistencia y fomentan la evolución de microorganismo resistentes en las comunidades microbianas de la vida silvestre (Millanao & Barrientos, 2019).

A esto se suma, el uso excesivo y abusivo de antibióticos en el sector agropecuario que contribuye de forma significativa al desarrollo y propagación de bacterias resistentes a los antibióticos (Barrantes et al., 2022). Entre los factores clave de este uso inadecuado se encuentran la utilización de antibióticos como promotores del crecimiento, las prácticas de medicación masiva y la falta de medidas adecuadas de vigilancia y control (Liu et al., 2024). Otro elemento a considerar es el estiércol, pues constituye un reservorio de compuestos antibióticos y bacterias resistentes (Mills, 2021). Se ha demostrado que el compost promueve la transferencia de material genético al suelo, teniendo en cuenta que las bacterias del compost forman parte del microbiota intestinal excretada por el animal y bacterias fermentadoras ambientales (Narváez & Menjivar, 2019). Estas dos poblaciones entran en contacto con bacterias del suelo y se convierten en receptoras de todos los genes de resistencia y contaminan plantas que a su vez son consumidas por animales generando un ciclo interminable (Swift et al., 2019).

De igual manera el agua es un vector importante para la transmisión de microorganismos resistentes a los antibióticos (Salah et al., 2022). En este contexto los entornos costeros son de particular interés (Freile et al., 2019), ya que proporcionan oportunidades para la transferencia tierra-mar-tierra de bacterias resistentes y genes de resistencia a los antimicrobianos. Dentro de estos entornos, las especies silvestres pueden actuar como centinelas de la salud del ecosistema pues los depredadores marinos,



como los pinnípedos que se sitúan en la cima de la cadena alimentaria o cerca de ella, son propensos a acumular contaminantes, por lo que pueden actuar como indicadores ambientales de contaminación microbiana (Watson et al., 2024).

Ramey (2021) menciona que la resistencia a los antimicrobianos en el medio ambiente es un fenómeno complejo influido por factores naturales, como las interacciones microbianas y la transferencia genética en ecosistemas, así como por factores antropogénicos, entre ellos el uso indiscriminado de antibióticos en actividades humanas.

En el otro sentido, según Binkey et al. (2024), la exposición a microorganismos patógenos y resistentes a los antimicrobianos provenientes de la contaminación ambiental y de fuentes de vida silvestre es el principal medio a través del cual el ganado se infecta y posteriormente transmite estos patógenos a las poblaciones humanas a través de su carne y subproductos (Ramey & Ahlstrom, 2023). Históricamente, algunas de las pandemias más devastadoras de la humanidad han ocurrido debido a la transmisión zoonótica de especies silvestres (Castañeda et al., 2021). La probabilidad de tales transmisiones aumentará a medida que las poblaciones humanas y ganaderas continúen invadiendo hábitats silvestres preservados, y si el consumo de carne de animales silvestres y el comercio no se gestionan adecuadamente (IUCN, 2022).

Resistencia antimicrobiana en condiciones de cautiverio

Aportes como el de Jorquera et al. (2021), mencionan que, los Centros de Rehabilitación de Vida Silvestre (CRV) desempeñan un papel crucial en el cuidado de animales silvestres heridos o huérfanos, brindándoles atención profesional y preparando su eventual regreso a la naturaleza. Sin embargo, estos centros pueden ser focos de desarrollo y diseminación de resistencia a los antimicrobianos, ya que los animales a menudo reciben terapias antibióticas prolongadas (Jorquera et al., 2021).

Un estudio en un CRV en Chile determinó la presencia y perfiles de resistencia a antibióticos en bacterias gramnegativas de animales en rehabilitación y del entorno del centro (Fernández & Anillo, 2019), se identificaron especies bacterianas utilizando MALDI-TOF, una técnica avanzada de espectrometría de masas. Este método permite la identificación rápida y precisa de microorganismos al analizar la composición de proteínas presentes en una muestra, y se evaluó la susceptibilidad antimicrobiana mediante el método de difusión en disco (Mohamed et al., 2022). Los resultados mostraron que las



familias *Enterobacteriaceae* y *Pseudomonadaceae* contenían 11 aislamientos con resistencia a antibióticos críticos como carbapenémicos y quinolonas, destacando un riesgo significativo para la salud pública, donde también se reveló una amplia diversidad de perfiles de resistencia a antibióticos entre las especies bacterianas, tanto en los animales como en su entorno hospitalario (Fernández & Anillo, 2019). Asimismo, el aporte de Lapucki et al. (2024) indica que, la transmisión de bacterias resistentes a los antibióticos entre especies silvestres puede tener importantes implicaciones epidemiológicas, donde la transmisión indirecta de bacterias resistentes a los antimicrobianos entre estas especies es posible debido a que los roedores que habitan colonias de granjas frecuentemente entran en contacto con las heces y pellets de las aves (Mills, 2021). Según Binkey et al. (2024), las medidas de prevención de estas transmisiones zoonóticas se basan en gran medida en el control de objetivos específicos, el bloqueo y el manejo en poblaciones reservorio, para abordar las fuentes ambientales de microorganismos patógenos y resistentes a los antimicrobianos, los métodos se centran en la reducción de patógenos en el medio ambiente y la disminución de su persistencia (Watson et al., 2024).

Aves migratorias

Las aves migratorias juegan un papel fundamental en la diseminación global de bacterias resistentes a los antimicrobianos, ya que recorren grandes distancias y conectan diferentes ecosistemas. Según Viso et al. (2017), las aves silvestres que migran entre continentes pueden transportar bacterias resistentes en su microbiota, actuando como vectores que facilitan la transmisión de resistencia entre regiones remotas. Durante sus migraciones, estas aves se exponen a diferentes fuentes de contaminación, como aguas residuales y suelos contaminados con residuos de antibióticos, lo que incrementa la probabilidad de adquirir y diseminar genes de resistencia a lo largo de sus rutas migratorias (Baquero, 2023).

Un estudio realizado por Freile et al. (Freile et al., 2019) encontró que las aves acuáticas, en particular, suelen portar *Escherichia coli* productores de betalactamasas de espectro extendido (ESBL), destacando su importancia en la propagación de genes de resistencia como *blaCTX-M* y *blaSHV* (Liu et al., 2024). Las áreas húmedas y cuerpos de agua que frecuentan durante sus migraciones a menudo están contaminados con residuos de antibióticos provenientes de actividades humanas, lo que amplifica la interacción entre aves silvestres y bacterias resistentes (Guerrero, 2021). Esto genera una preocupación global, ya que las aves migratorias pueden introducir bacterias resistentes a nuevos hábitats y contribuir



a su diseminación en ecosistemas previamente no afectados, como zonas agrícolas y urbanas (Barroso, 2021).

En las rutas migratorias, las aves actúan como vehículos de diseminación de estas bacterias resistentes. Esto representa un riesgo significativo, ya que pueden introducir bacterias resistentes a nuevos hábitats, donde estas cepas podrían colonizar tanto a otras especies de animales como a los humanos (Gijon, 2023). Además, el contacto con el agua, suelo y alimentos durante la migración aumenta las probabilidades de propagación de genes de resistencia en áreas previamente no afectadas (Gijon, 2023). Este fenómeno refuerza la conexión entre la contaminación ambiental causada por actividades humanas y la dispersión global de la resistencia antimicrobiana. La acumulación de antibióticos y bacterias resistentes en los hábitats frecuentados por aves migratorias subraya la necesidad de controlar la contaminación ambiental y establecer programas de monitoreo para mitigar la transferencia de bacterias resistentes, reduciendo así su impacto en la salud pública y en la biodiversidad (Barrantes, El impacto de la resistencia a los antibióticos en el desarrollo sostenible, 2022).

La vigilancia de estas especies migratorias es clave para entender mejor la dispersión de la resistencia antimicrobiana a nivel mundial. Implementar programas de monitoreo en sus rutas migratorias y áreas de descanso permitiría identificar puntos críticos de contaminación y desarrollar estrategias más efectivas para frenar la propagación de genes de resistencia, protegiendo así la salud pública y los ecosistemas naturales (Giono et al., 2021).

Mamíferos marinos migratorios

Los mamíferos marinos migratorios, como delfines, ballenas y focas, pueden actuar como reservorios y transmisores de genes de resistencia antimicrobiana debido a su exposición a contaminantes como aguas residuales y desechos industriales en los océanos (Giono et al., 2021). Genes de resistencia como betalactámicos, tetraciclinas, y meticilina han sido detectados en estos animales, especialmente en áreas con alta actividad humana, y pueden ser transportados a lo largo de sus rutas migratorias (Aguayo & Fernadez, 2019).

Estudios muestran que delfines en EE. UU. y ballenas en el Pacífico Sur albergan genes de resistencia que suelen encontrarse en bacterias humanas (Aguayo & Fernadez, 2019). En leones marinos de California, se ha identificado *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (MRSA) y *Enterococcus*,



probablemente por su exposición a aguas contaminadas (Facoone y Leon, 2022). Estos hallazgos sugieren que los mamíferos marinos reflejan la propagación de resistencia debido a la actividad humana (Alos, 2019).

Este fenómeno representa una amenaza tanto para la salud pública como para los ecosistemas marinos, ya que estos genes de resistencia pueden difundirse en el océano y afectar a diversas especies (Aguayo & Fernandez, 2019). Los mamíferos marinos, en su rol de bioindicadores, subrayan la importancia de mitigar la contaminación en sus hábitats para contener la crisis de resistencia antimicrobiana (Starrantiron, 2018).

Salud pública

Las bacterias resistentes se transmiten a los humanos a través del contacto directo con animales, alimentos contaminados o el ambiente, lo que provoca que enfermedades comunes como neumonía, infecciones urinarias y septicemia sean más difíciles de tratar, lo que lleva a mayores tasas de mortalidad y morbilidad. (Fernández & Anillo, 2019). Según la Organización Mundial de la Salud (OMS), al menos 700,000 personas mueren cada año debido a infecciones causadas por bacterias resistentes a los antibióticos (Camachos, 2020).

Un caso clínico que ilustra la infección humana con bacterias resistentes de origen animal fue reportado en un estudio realizado en Burkina Faso (Ramey, 2021). En este caso, se detectó la transmisión de bacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido (ESBL) como *Escherichia coli* y *Klebsiella spp.* en un entorno agrícola (Djifahamaï, 2024). Estas bacterias fueron aisladas de heces de ganado, trabajadores de las granjas y muestras ambientales, lo que demuestra la interacción entre animales, humanos y el medio ambiente, los aislados mostraron resistencia a múltiples fármacos, aunque mantuvieron susceptibilidad a algunos antibióticos críticos, como los carbapenémicos (Djifahamaï, 2024).

Datos recientes muestran que el 30% de las infecciones bacterianas en hospitales están causadas por bacterias resistentes, lo que se traduce en prolongaciones de los tratamientos, complicaciones graves y un incremento en el costo de atención médica (Villalobos et al., 2024). En la Unión Europea, se estima que 33,000 muertes anuales son atribuibles a infecciones por bacterias multirresistentes (Cheng & Zhang, 2022). Este fenómeno plantea una amenaza crítica no solo para los pacientes hospitalizados, sino



también para la población general, al reducir la eficacia de los antibióticos disponibles y limitar las opciones terapéuticas (Carraro et al., 2022).

Medidas de prevención

Asimismo, para mitigar la propagación de la resistencia a los antibióticos, deben aplicarse varias medidas, como lo menciona (Ramey, 2021), quienes destacan que se debe mejorar la higiene de las explotaciones y las prácticas de gestión de los animales, reducir el uso de antibióticos en la alimentación animal y evitar el uso no terapéutico de fármacos, desarrollar y aplicar sistemas eficaces de vigilancia y control, educar a los agricultores y al público en general sobre el uso adecuado de los antibióticos y mejorar los sistemas de trazabilidad de la fauna silvestre y el ganado. Adoptando estas medidas es posible frenar el desarrollo de la resistencia a los antibióticos y proteger su eficacia para la salud humana y animal (Anca & Carpa, 2021).

También es necesario destacar que, para limitar la propagación de la resistencia a los antibióticos, una de las estrategias más básicas es mejorar el saneamiento de las granjas y las prácticas de manejo de animales (Rincon et al., 2024). Esto incluye la desinfección periódica de las instalaciones, la adecuada gestión de residuos y la adopción de estrictos protocolos de bioseguridad (Jorquera et al., 2021). Estos cambios no sólo reducen la necesidad de antibióticos al reducir la incidencia de enfermedades, sino que también limitan la propagación de bacterias resistentes entre los animales (IUCN, 2022). Tal es el caso de Castañeda y Fernández et al., (2021) quienes destacan que la adopción de prácticas de higiene más estrictas en las granjas de cerdos redujo hasta en un 35% la propagación de bacterias resistentes como *Escherichia coli* resistente a las cefalosporinas, mejorando la salud general de los animales y reduciendo el riesgo de infección asociado con el tratamiento médico (Bengtsson et al., 2018).

Otro enfoque importante es restringir el uso de antibióticos en la alimentación animal, especialmente en prácticas no médicas como la promoción del crecimiento. Muchos países han implementado regulaciones que prohíben o limitan el uso de antibióticos para fines no médicos y los resultados son prometedores (Fernandez et al., 2021). Por ejemplo, varios países de la Unión Europea, tienen prohibido el uso de antibióticos como promotores del crecimiento desde 2006, lo que redujo de forma significativa la resistencia a muchos antibióticos en patógenos zoonóticos como *Campylobacter* spp y *Salmonella* spp (Beleza et al., 2021). Además, esta medida incentivó el desarrollo de alternativas como los

probióticos y prebióticos, que promueven la salud intestinal de los animales sin contribuir a la resistencia a los antimicrobianos, demostrando así que se puede mejorar la agricultura sin comprometer la eficacia de los antibióticos y es posible mantener la productividad (Ramey & Ahlstrom, 2023).

En los entornos silvestres, es fundamental implementar sistemas de monitoreo para detectar la presencia de bacterias resistentes. Esto incluye la recolección y análisis de muestras de ambientes acuáticos, suelos y animales para identificar patrones de resistencia y posibles fuentes de contaminación (Beleza et al., 2021). Además, se debe reducir la contaminación por aguas residuales y estiércol en el medio ambiente, lo cual puede disminuir la exposición de la fauna silvestre a bacterias resistentes (Mills, 2021). Implementar prácticas de tratamiento adecuado de residuos y mejorar la gestión de desechos en áreas cercanas a hábitats naturales (Ramey, 2021). La promoción de la conciencia sobre la resistencia antimicrobiana y su impacto en la salud ambiental entre las comunidades locales y los responsables de la gestión de la vida silvestre también es crucial (Van den Honert & Gouws, 2018). La educación puede contribuir a la implementación de prácticas que reduzcan la liberación de antibióticos y otros contaminantes en el entorno natural (Fernández et al., 2021). Además, es necesario fomentar estudios que integren ecología de enfermedades infecciosas, ecología del paisaje y microbiología para entender mejor cómo los genes de resistencia se propagan entre especies y ambientes (Holmes et al., 2016). La investigación en esta área puede ayudar a identificar las rutas de transmisión y desarrollar estrategias específicas para mitigar la diseminación en la fauna silvestre (Millanao & Barrientos, 2019).

En cautiverio, es importante implementar prácticas de manejo más rigurosas para reducir la necesidad de antibióticos. Esto incluye la desinfección regular, la gestión adecuada de residuos y el control de las condiciones de vida de los animales para prevenir enfermedades (Grilo et al., 2020). Restringir el uso de antibióticos a situaciones terapéuticas y evitar su uso para fines preventivos o de promoción del crecimiento es otro enfoque clave (Fernández et al., 2021). Esto puede lograrse mediante la implementación de políticas y regulaciones que promuevan el uso prudente de antimicrobianos en instalaciones de manejo (Puig et al., 2019). Investigar y utilizar alternativas a los antibióticos, como probióticos y prebióticos, también es importante para promover la salud animal sin contribuir a la resistencia (Gijon, 2023). Estas alternativas pueden apoyar el bienestar de los animales y reducir la dependencia de tratamientos antimicrobianos (Binkley et al., 2024).



La capacitación del personal es crucial para prevenir la aparición y diseminación de bacterias resistentes en entornos de cautiverio (Andrew , 2021). Educar a los cuidadores y personal de manejo sobre las mejores prácticas en el uso de antibióticos, la importancia de la higiene y las medidas de bioseguridad puede marcar una diferencia significativa (Plaza & Alt, 2021). Finalmente, implementar sistemas de vigilancia en instalaciones de cautiverio para detectar brotes de resistencia y evaluar la efectividad de las medidas de control es esencial (Alos, 2019). Estos sistemas pueden incluir la monitorización de la prevalencia de bacterias resistentes y la implementación de protocolos de respuesta rápida (Swift et al., 2019).

Estas estrategias, aplicadas tanto en entornos silvestres como en cautiverio, pueden ayudar a reducir la propagación de la resistencia a los antibióticos y proteger la salud pública y animal (Baros et al., 2022). La colaboración entre científicos, gestores de vida silvestre y responsables de instalaciones de manejo es crucial para enfrentar este desafío global (Bennet & Waller, 2019).

CONCLUSIONES

En conclusión, abordar a la resistencia antimicrobiana como una amenaza emergente que afecta tanto a la fauna silvestre como a los ecosistemas, destacando su conexión con las actividades humanas es necesario para su control. El uso excesivo de antibióticos en agricultura y ganadería, junto con la dispersión de estos compuestos en suelos, aguas residuales y cuerpos de agua, contribuyen a la propagación de la resistencia bacteriana en el medio ambiente. Este proceso altera la microbiota local y afecta a la vida silvestre, incrementando el riesgo de una diseminación global de la resistencia.

Los animales silvestres, además de ser afectados, actúan como reservorios y vectores de bacterias resistentes, facilitando la transferencia de genes de resistencia entre especies, incluidas las domésticas y humana. Este fenómeno evidencia la necesidad de enfoques interdisciplinarios que combinen ecología de enfermedades infecciosas y del paisaje para abordar de manera integral la propagación de la resistencia antimicrobiana.

La mitigación de este problema requiere medidas específicas como la mejora en las prácticas de higiene y manejo animal, la restricción del uso de antibióticos no terapéuticos, y el desarrollo de alternativas a los antibióticos. Asimismo, la educación y capacitación del personal involucrado en granjas y en la gestión de fauna silvestre resultan cruciales para prevenir la expansión de bacterias resistentes.



REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aguayo , & Fernadez, A. (2019). Exposición de cetáceos a contaminantes ambientales con actividad hormonal en el Atlántico. *Ecosistemas*, I(1).
- Alos, J. (Marzo de 2019). Quinolonas. *Enfermedades infecciosas y microbiología clínica*, I(1).
- Anca, B., & Carpa, R. (2021, Marzo). Antibiotic Resistance in *Pseudomonas* spp. Through the Urban Water Cycle. *Current Microbiology*.
- Andrew , R. (2021). Antimicrobial resistance: Wildlife as indicators of anthropogenic environmental contamination across space and through time. *CellPress*, IV(1).
- Ayaka, M., & Yamaguchi, F. (Julio de 2021). PCR amplification of the *erm*(41) gene can be used to predict the sensitivity of *Mycobacterium abscessus* complex strains to clarithromycin. *Experimental*.
- Badi, S., & Salah, M. (2022, Julio). Hiding in plain sight—wildlife as a neglected reservoir and pathway for the spread of antimicrobial resistance: a narrative review. *FEMS*, III(3).
- Bamunusinghage, N., & Neelawala, R. (2022, Junio). Antimicrobial Resistance Patterns of Fecal *Escherichia coli* in Wildlife, Urban Wildlife, and Livestock in the Eastern Region of Sri Lanka, and Differences Between Carnivores, Omnivores, and Herbivores. II(1).
- Baquero, M. (2023). Determinación de Perfiles de Resistencia a los Antimicrobianos de Importancia Crítica en Cepas de *Escherichia coli* y *Enterococcus* spp. aislados de Pinzones Terrestres (*Geospiza* spp.) de la Isla Santa Cruz en Galápagos. Universidad Nacional de la Plata, La Plata.
- Barletta , R. (Junio de 2018). Multidrug-resistant *Acinetobacter baumannii*: a challenge for current therapeutic therapeutic. *MediSur*, I(1).
- Baros, C., Moreno, C., & Sallaberry, N. (Agosto de 2022). Antimicrobial resistance in wildlife and in the built environment in a wildlife rehabilitation center. *One Health*, I(1).
- Barrantes, K. (Junio de 2022). El impacto de la resistencia a los antibióticos en el desarrollo sostenible. *Población y Salud en Mesoamérica*, I(12).
- Barrantes, K., Chacón, L., & Arias, M. (2022). El impacto de la resistencia a los antibióticos en el desarrollo sostenible. *Población y Salud en Mesoamérica* vol.19 n.2:
https://www.scielo.sa.cr/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1659-02012022000100305



- Barroso, P. (2021). Factores determinantes de la transmisión y persistencia de enfermedades compartidas en ungulados silvestres: análisis de series temporales. Instituto de investigación en Recursos cinegéticos: <https://digital.csic.es/bitstream/10261/264996/1/factorserieT.pdf>
- Beleza, A., Cardoso, W., Carreira, A., & Marques, A. (2021, Agosto). Antimicrobial susceptibility profile of enterobacteria isolated from wild grey-breasted parakeets (*Pyrrhura griseipectus*). *Wildlife Medicine*, 41(5).
<https://www.scielo.br/j/pvb/a/hnx6ySWJkmFCv4LfRYc7Cfd/?lang=en#>
- Bengtsson, J., Kristiansson, E., & Larsson, J. (2018). Environmental factors influencing the development and spread of antibiotic resistance. *Microbiology Reviews*, 42(1). Environmental factors influencing the development and spread of antibiotic resistance:
<https://academic.oup.com/femsre/article/42/1/fux053/4563583?login=false>
- Bennet, M., & Waller, K. (2019, Enero). Anthropogenic environmental drivers of antimicrobial resistance in wildlife. *Science of the Total Environment*, 1(1).
- Binkley, L., LeJeune, J., & Perla, D. L. (2024). Posibles fuentes ambientales y de vida silvestre de microorganismos en la carne:
<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/B978032385125100034X>
- Blanco, K., Quesada, F., Salas, D., & Estrada, S. (Febrero de 2024). A multidisciplinary approach to analyze the antimicrobial resistance in natural ecosystems. *Environmental Research*, 251(15).
<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0013935124004535>
- Calvaho, J., Cunha, M., & Health, O. (2020). Temporal and geographical research trends of antimicrobial resistance in wildlife - A bibliometric analysis. *One Health*, 11(1).
- Camachos, L. (Agosto de 2020). Multidrug, extended and pan-resistance to antimicrobials at the North of México.
- Carraro, P., De Oliveira, F., Pereira, V., Ribeiro, M., Berchieri, A., & Paes, K. (Mayo de 2022). Prevalence and antimicrobial resistance of *Salmonella* spp. isolated from free-ranging. *Ciência Rural*, 25(8).
<https://www.scielo.br/j/cr/a/yXFKqScXSCsRTCz6GxcTFbj/?lang=en&format=pdf>



- Castañeda, C., Martínez, R., & López, A. (2021). Grandes pandemias y sus desafíos. Dilemas contemp. educ. política valores vol.8 no.3:
https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2007-78902021000200047
- Cheng, Y., & Zhang, W. (2022). Point Deletion or Insertion in CmeR-Box, A2075G Substitution in 23S rRNA, and Presence of erm(B) Are Key Factors of Erythromycin Resistance in *Campylobacter jejuni* and *Campylobacter coli* Isolated From Central China. *Microbiol.*
- Coral, D., & Yauri, M. (Mayo de 2021). Molecular characterization of β -lactam resistance genes in clinical bacterial isolates of the Enterobacteriaceae family. *MCB*, XXII(1).
- Djifahamaï , S. (Octubre de 2024). Extended-Spectrum Beta-Lactamase-Producing and Multidrug-Resistant *Escherichia coli* and *Klebsiella* spp. from the Human–Animal–Environment Interface on Cattle Farms in Burkina Faso. *Microbiology Research*, I(12).
- Facoone, D., & Leon, R. (Enero de 2022). Caracterización y distribución de cepas de *Escherichia Coli* potencialmente patógenas aisladas de pollos broiler de explotaciones avícolas en el Perú. *Scielo.*
- Fernández, D. R., Quirós, M., & Cuevas, O. L. (2021). Los antibióticos y su impacto en la sociedad. *MediSur*, vol. 19, núm. 3, pp. 477-491:
<https://www.redalyc.org/journal/1800/180068641015/html/>
- Fernandez, R. E., Bolivar, H., Hoyos, C., Carrillo, L., Serrano, M., & Abdellah, E. (2021). Resistencia a los antibióticos: el papel del hombre, los animales y el medio ambiente. *Salud, Barranquilla* vol.36 no.1:
http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-55522020000100298
- Fernández, R., & Anillo, B. (2019, I). Antibiotic resistance: the role of man, animals and the environment. *X*(1).
- Freile, J., Guevara, E., & Cisneros , D. (Enero de 2019). Memorias de la VI Reunión Ecuatoriana de Ornitología. *Ornitología*, II(1).
- García , M., Lapeña, A., Gonzalez, E., Langarita, E., & Monterde, J. (2022). La resistencia a los fármacos antimicrobianos desde la perspectiva One Health (Ecodes ed.). (DKV, Ed.) Ecodes.



- Gijon, C. (Octubre de 2023). Aves y dispersión de resistencias a los antibióticos: distribución de genes de virulencia y resistencia en excrementos de cigüeñas blancas y humedales. Instituto de Investigación en Recursos Cinegéticos , I(1).
- Giono, S., Santos, J. I., Morfin, M. d., Torres, F. J., & Alcántar, M. D. (2021). Resistencia antimicrobiana. Importancia y esfuerzos por contenerla. Gaceta médica de México vol.156 no.2: https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0016-38132020000200172
- Giono, S., Santos, J., & Rayo, M. (2021). Resistencia antimicrobiana. Importancia y esfuerzos por contenerla. Gaceta médica de México, 153(2).
- Grilo, M., Sousa, C., Robalo, J., & Oliveira, M. (2020, Agosto). The potential of *Aeromonas* spp. from wildlife as antimicrobial resistance indicators in aquatic environments. Ecological Indicators, 115(1). <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1470160X20303332>
- Guerrero, V. (Agosto de 2021). Resistance to antimicrobials in poultry production chain isolated bacteria. UBA.
- Holmes, A., Moore , L., Sundsfjord, A., & Steinbakk, M. (2016, Noviembre). Understanding the mechanisms and drivers of antimicrobial resistance. Lancet, 176(81). <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/26603922/>
- Hwengwere, K., Paramel, H., Hughes, K., & Peck, L. (2022, Mayo). Antimicrobial resistance in Antarctica: is it still a pristine environment? Microbiome, 6(10). <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35524279/>
- IUCN. (2022). Conflictos humano-vida silvestre. <https://www.iucn.org/es/resources/resumen-informativo/conflictos-humano-vida-silvestre>
- Jorquera, C. B., Sallaberry, N., & Moreno, A. I. (2021). Antimicrobial resistance in wildlife and in the built environment in a wildlife rehabilitation center. <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2352771421000884>
- Laborda, P., García, F. S., Ochoa, L. E., Gil, T., Hernando, S., & Martínez, J. L. (2022). La vida silvestre y la resistencia a los antibióticos. Microbiol de infección de células frontales: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35646736/>



Liu, T., Lee, S., Kim, M., & Fan, P. (2024, Julio). A study at the wildlife-livestock interface unveils the potential of feral swine as a reservoir for extended-spectrum β -lactamase-producing *Escherichia coli*. *Journal of Hazardous Materials*, 473(15).

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0304389424012731>

Lopucki, R., Stępień, D., Christensen, H., Kubiński, K., Lenarczyk, E., Tejada, G. M., . . . Maslyk, M. (2024). Transmisión interespecies de bacterias resistentes a los antimicrobianos entre aves silvestres y mamíferos en entornos urbanos. *Microbiología veterinaria* Vol. 249 :

<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0378113524001524>

Lorenti, E., Moredo, F., Origlia, J., & Díaz, J. (2021, Enero). Gulls as carriers of antimicrobial resistance genes in different biogeographical areas of South America. *MICROBIOLOGY*, 93(3).

<https://www.scielo.br/j/aabc/a/Lx9VR4Xq6DXpjWpNp9yHYFk/?lang=en#ModalTutors>

Lorenti, E., Moredo, F., Origlia, J., Díaz, J., & Giacoboni, G. (2021, Agosto). Gulls as carriers of antimicrobial resistance genes in different biogeographical areas of South America. *MICROBIOLOGY: Anais da Academia Brasileira de Ciências*, 12(1).

<https://www.scielo.br/j/aabc/a/Lx9VR4Xq6DXpjWpNp9yHYFk/?format=pdf&lang=en>

Migura, L., LeJeune, J., & Cerdà, M. (2024, Octubre). Microorganisms and resistance to antimicrobials. Ubiquity of | potential environmental and wildlife sources of microorganisms in meat. *Encyclopedia of Meat Sciences (Third Edition)*, 2(1).

<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/B9780323851251001447>

Millanao, A., & Barrientos, C. (2019). Resistencia a los antimicrobianos en Chile y el paradigma de Una Salud: manejando los riesgos para la salud pública humana y animal resultante del uso de antimicrobianos en la acuicultura del salmón y en medicina. *XX*(3).

Mills, G. (Septiembre de 2021). Tracking antimicrobial resistance in wildlife. *Vet Rec*, 189(5).

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34505645/>

Mohamed, A., Badi, S., Lengliz, S., Mansouri, R., Salah, H., & Hynds, P. (2022, Mayo). Hiding in plain sight-wildlife as a neglected reservoir and pathway for the spread of antimicrobial resistance: a narrative review. *FEMS Microbiol Ecol*, 20(98).

<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35425978/>



- Mohammed, A. (Junio de 2021). Detection of a Novel aph(2") Allele (aph[2"]-Ie) Conferring High-Level Gentamicin Resistance and a Spectinomycin Resistance Gene ant(9)-Ia (aad9) in Clinical Isolates of Enterococci. *Microbial Drug*, XI(12).
- Narváez, I. E., & Menjivar, J. C. (2019). Efecto del compost en la diversidad de bacterias rizosféricas del cultivo de morera (*Morus alba*). *Revista Colombia Biotecnología* Vol. XXI N. 1: <http://www.scielo.org.co/pdf/biote/v21n1/0123-3475-biote-21-01-47.pdf>
- Plaza, C., & Alt, K. (2021, Julio). Wildlife as Sentinels of Antimicrobial Resistance in Germany? *Frontiers*, II(1).
- Puig, Y., Leyva, V., Aportela, N., & Camejo, A. (2019, Mayo). Resistencia antimicrobiana en bacterias aisladas de pescados y mariscos / Antimicrobial resistance in bacteria isolated in fish and shellfish. *Biblioteca responsável*, 18(3). <https://pesquisa.bvsalud.org/portal/resource/pt/biblio-1093880>
- Ramey, A. (Octubre de 2021). Antimicrobial resistance: Wildlife as indicators of anthropogenic environmental contamination across space and through time. *Current Biology*, 31(20). <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0960982221011416>
- Ramey, A., & Ahlstrom, C. (2023, Marzo). Antibiotic Resistance in Free-ranging Wildlife. *Fowler's Zoo and wild Animal Medicine*. <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/B9780323828529000198>
- Rincon, S., Panesso, D., & Diaz, L. (Octubre de 2024). Resistencia a antibióticos de última línea en cocos Gram positivos: la era posterior a la vancomicina. *PubMed*, X(1).
- Rodriguez, E., & Betancourth, I. (2023, Octubre). Bacterias resistentes a los antibióticos en alimentos de origen animal. *ALAN*, I(2).
- Salah, M., Badi, S., Mansouri, R., & Salah, H. (2022, Mayo). Hiding in plain sight-wildlife as a neglected reservoir and pathway for the spread of antimicrobial resistance: a narrative review. *FEMS Microbiol Ecol*, 98(6). <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/35425978/>
- Sato, T., Uemura, K., & Yasuda, M. (Junio de 2024). Traces of pandemic fluoroquinolone-resistant *Escherichia coli* clone ST131 transmitted from human society to aquatic environments and wildlife in Japan. *One Health*, 256(15).



- Sheykhsaran, H. (2019). The rate of resistance to tetracyclines and distribution of tetA, tetB, tetC, tetD, tetE, tetG, tetJ and tetY genes in Enterobacteriaceae isolated from Azerbaijan, Iran during 2017.
- Starrantiron, C. (Junio de 2018). Efectos de contaminación sobre el sistema inmune de cetáceos. I(2).
- Swift, B., Bennett, M., Waller, K., & Dodd, C. (2019, Febrero). Anthropogenic environmental drivers of antimicrobial resistance in wildlife. *Science of The Total Environment*, 649(1).
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0048969718331449>
- Tinoco, R., Carvalho, J., Cunha, M., Serrano, E., & Dantas, J. (2020, Diciembre). Temporal and geographical research trends of antimicrobial resistance in wildlife - A bibliometric analysis. *One Health*, 11(20). <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2352771420302998>
- Torres, M. (Diciembre de 2019). Estudio sobre roedores sinántropicos como reservorios de patógenos zoonóticos en Yucatán. *Revista biomédica*.
- Van den Honert, M., & Gouws, P. (2018, Junio). Importance and implications of antibiotic resistance development in livestock and wildlife farming in South Africa: A Review. *South African Journal of Animal Science*, 48(3). https://www.scielo.org.za/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0375-15892018000300001&lang=es
- Villalobos, S., Hernández, F., Fabregat, D., & Salas, D. (2024, Febrero). A case study on pharmaceutical residues and antimicrobial resistance genes in Costa Rican rivers: A possible route of contamination for feline and other specie. *Environmental Research*, 242(1).
<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0013935123024696>
- Viso, S. (2017). Estudio de la fauna silvestre como reservorio de cepas de escherichia coli productoras de betalactamasas de espectro extendido. Santiago de Chile .
- Wang, J., Bao, Z., Ling, Z., Wen, X., Huang, Y., & Hua, J. (2017, Marzo). The role of wildlife (wild birds) in the global transmission of antimicrobial resistance genes. *Zool Res*, 18(38).
<https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28409502/>
- Watson, E., Hamilton, S., Moss, S., & Baily, J. (2024, Mayo). Variations in antimicrobial resistance genes present in the rectal faeces of seals in Scottish and Liverpool Bay coastal waters. *Environmental Pollution*, 349(15).
<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S026974912400650X>

