



Presencia de *Escherichia coli* productora de betalactamasa de espectro extendido en el contenido fecal de ganado vacuno de dos mataderos de Lima, Perú, 2023-2024

Presence of extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli* in fecal content of cattle from two slaughterhouses in Lima, Peru, 2023–2024

Presença de *Escherichia coli* produtora de beta-lactamase de espectro estendido no conteúdo fecal de gado bovino de dois matadouros de Lima, Peru, 2023-2024

Lorena Villafana¹,
Daphne D. Ramos-Delgado¹,
Karla Arévalo-Rodríguez²,
José Alfredo Guevara Franco³,
Andrea Carhuallanqui¹

¹ Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Medicina Veterinaria, Laboratorio de Salud Pública y Salud Ambiental. Lima, Perú.

² Independiente.

³ Universidad Autónoma de Baja California Sur, Departamento de Ciencia Animal y Conservación del Hábitat. Baja California Sur, México.

| RESUMEN

El objetivo fue determinar la presencia de *Escherichia coli* productora de betalactamasa de espectro extendido (EC-BLEE) en el contenido fecal de ganado vacuno procedente de dos mataderos de Lima, Perú, durante el período 2023-2024. Se obtuvieron 260 muestras de contenido fecal de ganado vacuno: 134 del matadero M1 y 126 del matadero M2. Como prueba de tamizaje, se emplearon los discos de los antimicrobianos cefotaxima 30 µg, aztreonam 30 µg, ceftazidima 30 µg, cefpodoxima 10 µg y ceftriaxona 30 µg. Para confirmar la presencia fenotípica de EC-BLEE se utilizaron los discos de cefotaxima-ácido clavulánico (30/10 µg) y ceftazidima-ácido clavulánico (30/10 µg). La interpretación de los resultados se realizó siguiendo las directrices del Instituto de Estándares Clínicos y de Laboratorio. Se determinó que el 23,5 % (n = 61) de las muestras fecales presentaban EC-BLEE. El estudio demuestra que el ganado vacuno destinado al consumo humano es portador de EC-BLEE, lo que representa un riesgo potencial para la salud pública.

Palabras clave: *Escherichia coli* productora de betalactamasa de espectro extendido; resistencia antimicrobiana; ganado vacuno.

Correspondencia:

Lorena Villafana

✉ lorena.villafana@unmsm.edu.pe

Recibido: 04-08-2025

Aceptado: 16-10-2025

En línea: 10-12-2025



Artículo de acceso abierto

© Los autores

© *Salud y Tecnología Veterinaria*

Citar como:

Villafana, L., Ramos-Delgado, D. D., Arévalo-Rodríguez, K., Guevara Franco, J. A., & Carhuallanqui, A. Presencia de *Escherichia coli* productora de betalactamasa de espectro extendido en el contenido fecal de ganado vacuno de dos mataderos de Lima, Perú, 2023-2024. *Salud y Tecnología Veterinaria*, 13(2). <https://doi.org/10.20453/stv.v13i2.6867>

| ABSTRACT

The objective of this study was to determine the presence of extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli* (ESBL-EC) in the fecal content of cattle from two slaughterhouses in Lima, Peru, during the 2023–2024 period. A total of 260 fecal samples were collected: 134 from slaughterhouse M1 and 126 from slaughterhouse M2. Screening was performed using antimicrobial discs containing cefotaxime 30 µg, aztreonam 30 µg, ceftazidime 30 µg, cefpodoxime 10 µg, and ceftriaxone 30 µg. Phenotypic confirmation of ESBL-EC was carried out with cefotaxime–clavulanic acid (30/10 µg) and ceftazidime–clavulanic acid (30/10 µg) discs. Results were interpreted according to the Clinical and Laboratory Standards Institute guidelines. ESBL-EC was detected in 23.5% (n = 61) of the fecal samples. The study demonstrates that cattle intended for human consumption carry ESBL-EC, representing a potential public health risk.

Keywords: Extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli*; antimicrobial resistance; cattle.

| RESUMO

O objetivo foi determinar a presença de *Escherichia coli* produtora de beta-lactamase de espectro estendido (EC-BLEE) no conteúdo fecal de gado bovino proveniente de dois matadouros de Lima, Peru, durante o período de 2023-2024. Foram obtidas 260 amostras de conteúdo fecal de gado bovino: 134 do matadouro M1 e 126 do matadouro M2. Como teste de triagem, empregaram-se discos dos antimicrobianos cefotaxima 30 µg, aztreonam 30 µg, ceftazidima 30 µg, cefpodoxima 10 µg e ceftriaxona 30 µg. Para confirmar a presença fenotípica de EC-BLEE, utilizaram-se os discos de cefotaxima-ácido clavulânico (30/10 µg) e ceftazidima-ácido clavulânico (30/10 µg). A interpretação dos resultados foi realizada seguindo as diretrizes do Instituto de Padrões Clínicos e Laboratoriais. Determinou-se que 23.5% (n = 61) das amostras fecais apresentaram EC-BLEE. O estudo demonstra que o gado bovino destinado ao consumo humano é portador de EC-BLEE, o que representa um risco potencial para a saúde pública.

Palavras-chave: *Escherichia coli* produtora de beta-lactamase de espectro estendido; resistência antimicrobiana; gado bovino.

| Introducción

El descubrimiento de los antimicrobianos en el siglo XX y su incorporación en la medicina veterinaria representó un avance importante para el control de enfermedades infecciosas de alta morbilidad y mortalidad (Alós, 2015; Gajdács et al., 2021). No obstante, su uso indiscriminado en animales destinados al consumo humano ha generado una presión selectiva que favorece la aparición y diseminación de bacterias resistentes, lo que constituye una amenaza para la salud animal y humana (Quiñones, 2017; Ma et al., 2021; Pires et al., 2024).

La *Escherichia coli* pertenece al grupo de las enterobacterias y puede formar parte de la microbiota normal o actuar como patógeno, siendo responsable de diversas infecciones bacterianas en humanos y animales (Allocati et al., 2013). Además, tiene la capacidad de sobrevivir y adaptarse a distintos entornos, así como de propagarse entre humanos y animales mediante contacto directo o a través del consumo de alimentos contaminados de origen animal (Ewers et al., 2012).

Los betalactámicos constituyen uno de los grupos de antimicrobianos más utilizados en medicina humana y veterinaria a nivel mundial, debido a su eficacia y capacidad para actuar frente a una amplia variedad de bacterias gramnegativas (Estrada-Calles et al., 2022; Ma et al., 2021). Sin embargo, enterobacterias como la *E. coli* son capaces de desarrollar diversos mecanismos de resistencia para evadir su acción, entre ellos las bombas de eflujo, la alteración del sitio de acción, la disminución de la permeabilidad de la membrana externa y la inactivación enzimática (Dever y Dermody, 1991). Esta última es el mecanismo de resistencia más importante frente a los betalactámicos, ya que implica la producción de enzimas denominadas betalactamasas, capaces de hidrolizar el anillo betalactámico y neutralizar la actividad antimicrobiana (Bradford, 2001).

Dentro de estas enzimas, las betalactamasas de espectro extendido (BLEE) representan un grupo de gran importancia clínica, al ser enzimas que neutralizan la eficacia de los antimicrobianos betalactámicos considerados de último recurso, lo que limita las opciones terapéuticas y se asocia con una mayor mortalidad (Bradford, 2001).

Ambler (1980) propuso un esquema en el que las BLEE se ubicaron en la clase A por la presencia de una serina en su sitio activo; posteriormente, en la clasificación de Bush y Jacoby (2010), se situaron en el subgrupo 2be, caracterizado por la capacidad de hidrolizar cefalosporinas de tercera generación y aztreonam, además de ser inhibidas por compuestos como el ácido clavulánico, tazobactam y sulfabactam (Bush y Jacoby, 2010; Ghafourian et al., 2015).

Se ha demostrado que el ganado vacuno clínicamente sano puede actuar como portador de bacterias resistentes a los antimicrobianos y contribuir a su diseminación a lo largo de la cadena alimentaria durante el faenamiento, almacenamiento, transporte y expendio de la carne (Wang et al., 2021; Khalifeh y Obaidat, 2022). Las bacterias resistentes provenientes del ganado vacuno pueden contaminar directa e indirectamente al ser humano, siendo los trabajadores de mataderos y los vendedores minoristas de carne de vacuno los grupos con mayor riesgo de exposición debido al contacto continuo con estos microorganismos (Briñas et al., 2005; Newell et al., 2010; Sudarwanto et al., 2016).

Por esto, el objetivo del presente estudio fue determinar la presencia de *E. coli* productora de BLEE en el contenido fecal de ganado vacuno procedentes de dos mataderos de Lima, Perú, durante el período 2023-2024.

MATERIALES Y MÉTODOS

Lugar y tipo de estudio

El estudio, de tipo transversal, evaluó vacunos clínicamente sanos proveniente de dos mataderos ubicados en Lima Este (M1) y Lima Centro (M2), durante el período comprendido entre mayo de 2023 y abril de 2024. Los mataderos fueron seleccionados por el alto volumen de animales beneficiados, con un promedio de 350 vacunos por día de faena.

Tamaño de muestra

El tamaño de muestra se determinó empleando la fórmula para estimar proporciones en poblaciones infinitas. Se consideró un nivel de confianza del 90 %, un margen de error permisible del 7 % y una proporción esperada del 35,1 % (Sanou et al., 2022). Como resultado, se estableció un total de 126 muestras de contenido fecal por cada matadero.

Recolección de muestras

Se recolectaron 260 muestras de contenido fecal en el área de lavado de vísceras abdominales de ambos

mataderos (M1 = 134; M2 = 126). Cada muestra estuvo compuesta por 100 g de contenido fecal, obtenida a nivel del ciego distal, a 30 cm del esfínter anal. Para esto, se realizó un corte aséptico transversal de aproximadamente 6 cm utilizando un cuchillo estéril, y el material fue colectado en una bolsa estéril (Barlow et al., 2022).

Semanalmente, se recolectaron 10 muestras hasta alcanzar el mínimo requerido de 126 por cada matadero. Los animales muestreados fueron aquellos clasificados como “aptos para el beneficio” en la inspección *antemortem* y “aptos para el consumo humano” en la inspección *postmortem*. Las muestras fueron transportadas posteriormente en una caja de tecnopor con geles refrigerantes, manteniendo una temperatura de 4 °C, y trasladadas al Laboratorio de Salud Pública y Salud Ambiental de la Facultad de Medicina Veterinaria de la Universidad Nacional Mayor de San Marcos (FMV-UNMSM) para su análisis microbiológico.

Aislamiento e identificación de *Escherichia coli*

Se suspendieron 10 g de contenido ecal en 90 mL de caldo de enriquecimiento (agua de peptona tamponada; Merck, Alemania). La mezcla se homogenizó en un Stomacher 400 Circulator® (Seward, UK) a 230 rpm durante 2 min y se incubó a 37 °C por 24 h en condiciones de aerobiosis. Luego, un bucle de 10 µL del caldo preenriquecido se sembró por agotamiento en agar MacConkey® (Merck, Alemania) y se incubó a 37 °C durante 24 h.

Se seleccionaron tres colonias sospechosas de *E. coli*, caracterizadas por su coloración rosada brillante, y se sembraron en agar eosina azul de metileno (EMB) (Merck, Alemania). Estas placas se incubaron nuevamente a 37 °C durante 24 h. De estas, se escogió la mejor colonia compatible con *E. coli*, de coloración negruzca con brillo verde metálico, para su resiembra en agar tripticasa de soya (TSA) (Merck, Alemania) y posterior incubación a 37 °C por 24 h.

La confirmación fenotípica de los aislados se realizó mediante pruebas bioquímicas convencionales: agar hierro tres azúcares (TSI), agar hierro lisina (LIA), citrato de Simmons, indol, rojo de metilo, urea y Voges Proskauer (VP), siguiendo los lineamientos del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (USDA, 2023).

Prueba de sensibilidad bacteriana y detección de EC-BLEE

Para el tamizaje se emplearon discos de antibióticos de cefotaxima (CTX) 30 µg, aztreonam (ATM) 30 µg,

ceftazidima (CAZ) 30 µg, cefpodoxima (CPD) 10 µg y ceftriaxona (CRO) 30 µg. Se consideraron sospechosas de BLEE aquellas cepas que presentaron halos de inhibición con los siguientes diámetros en al menos uno de los antimicrobianos evaluados: PX \leq 17 mm, CTX \leq 27 mm, CAZ \leq 22 mm, CRO \leq 25 mm y ATM \leq 27 mm. Solo las cepas que cumplieron con dichos criterios fueron sometidas a las pruebas confirmatorias (Lezameta et al., 2010; Clinical and Laboratory Standards Institute [CLSI], 2024).

Confirmación fenotípica de EC-BLEE

Para la confirmación fenotípica de EC-BLEE, se realizó el método de disco combinado, utilizando discos de antibióticos de cefotaxima-ácido clavulánico (CTX-CLA) (30/10µg) y ceftazidima-ácido clavulánico (CAZ-CLA) (30/10 µg). Se consideraron positivas para EC-BLEE aquellas cepas que presentaron una diferencia \geq 5 mm en el diámetro del halo de inhibición entre los discos que contenían cefalosporinas con el inhibidor, con respecto a los discos que contenían únicamente cefalosporina (Seral et al., 2010; CLSI, 2024).

Como controladores positivos, se emplearon cepas caracterizadas genéticamente portadoras de los genes *bla*_{CTX-M1} (EC-145M1), *bla*_{CTX-M2} (EC- 42M2), *bla*_{CTX-M9} (EC- 542M9), *bla*_{TEM} (EC-145TEM) y *bla*_{SHV} (EC-851SHV), proporcionadas por el Laboratorio de Salud Pública y Salud Ambiental de la FMV-UNMSM. Respecto al control negativo, se utilizó *E. coli* ATCC 25922.

Análisis de datos

El análisis de datos se efectuó mediante estadística descriptiva utilizando Microsoft Excel.

RESULTADOS

Aislamiento e identificación de *Escherichia coli*

Se identificó una frecuencia del 68,1 % (n = 177) de *E. coli* en las muestras de heces bovinas recolectadas en ambos mataderos. Del total, el 73,1 % (n = 98) correspondió al matadero M1 y el 62,7 % (n = 79) al matadero M2.

Prueba de sensibilidad bacteriana y detección de EC-BLEE

Mediante el método de tamizaje se determinó una frecuencia del 42,7 % de cepas sospechosas de EC-BLEE en las muestras fecales. De ellas, el 38 % (n = 51) correspondió al M1 y el 47,6 % (n = 60) al M2.

Confirmación fenotípica de EC-BLEE

La prueba de confirmación fenotípica reveló una frecuencia del 23,5 % (n = 61) de EC-BLEE en las muestras fecales analizadas. De estas, el 26,1 % (n = 35) correspondió a M1 y el 20,6 % (n = 26) a M2 (figura 1).

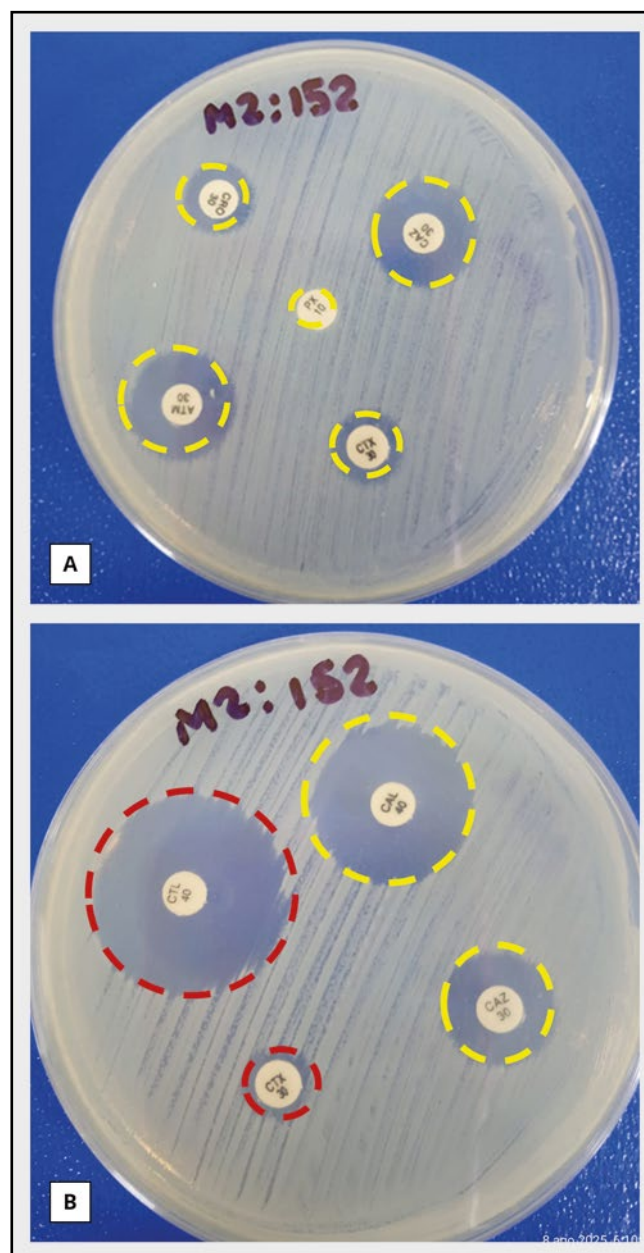


Figura 1. Método de difusión en agar Mueller-Hinton en la muestra M2: 152. A) Método de tamizaje BLEE presentó los siguientes diámetros de halo: ATM = 19 mm, PX = 7 mm, CRO = 13 mm, CTX = 12 mm, CAZ = 20 mm. B) Prueba confirmatoria de BLEE presentó los siguientes diámetros de halo: CTL = 30 mm, CTX = 12 mm, CAL = 25 mm, CAZ = 20 mm. CTL-CTX y CAL-CAZ mayor o igual a 5 mm en el diámetro del halo.

Entre las cepas confirmadas, se observó una mayor frecuencia de resistencia a cefotaxima (91,8 %; n = 56/61). Las resistencias a ceftazidima y cefpodoxima fueron menores, con valores de 18 % (n = 11/61) y 11,5 % (n = 7/61), respectivamente (tabla 1).

Tabla 1. Susceptibilidad antimicrobiana de EC-BLEE frente a fármacos de clase cefalosporinas de tercera generación.

Antimicrobiano	Punto de corte	M1 (n = 35; %)	M2 (n = 26; %)	Total (n = 61; %)
Cefpodoxima (10 µg)	≤17 mm	3 (8,6 %)	4 (15,4 %)	7 (11,5 %)
Cefotaxima (30 µg)	≤27 mm	30 (85,7 %)	26 (100,0 %)	56 (91,8 %)
Ceftazidima (30 µg)	≤22 mm	6 (17,1 %)	5 (19,2 %)	11 (18,0 %)
Ceftriaxona (30 µg)	≤25 mm	11 (31,4 %)	4 (15,4 %)	15 (24,6 %)

DISCUSIÓN

En el Perú, se ha identificado la frecuencia de EC-BLEE en heces de aves destinados al consumo humano (Ceino et al., 2019; Huamán-Chacón y Gonzales-Escalante, 2019; Cortez-Sandoval et al., 2022), así como en carne expendida en mercados y supermercados (Ruiz-Roldán et al., 2018; Cortez y Shiva, 2019), agua de bebida (Larson et al., 2019), agua de riego (Huamán et al., 2024), vectores como moscas (Carhuallanqui et al., 2025) y animales silvestres (Benavides et al., 2022; Bazalar-Gonzales et al., 2024). Estos hallazgos evidencian un riesgo de contaminación ambiental que podría facilitar la transmisión de estas bacterias hacia el ganado bovino. En consecuencia, los alimentos de origen animal pueden representar una fuente de transmisión de EC-BLEE hacia el ser humano (Aworh et al., 2025). El presente estudio se ubica entre los primeros en reportar la frecuencia de EC-BLEE en heces de ganado vacuno clínicamente sano y procedente de mataderos.

La frecuencia de EC-BLEE encontrada en este estudio (23,5 %) fue superior a lo reportado por Aworh et al. (2022) en Nigeria, quienes determinaron una frecuencia del 16,2 % (n = 44/272) y atribuyeron dichos resultados a la comercialización no regulada de antimicrobianos tanto en medicina veterinaria como en humana. Los resultados del presente estudio también sugieren que se usan y se venden sin restricción betalactámicos para el ganado destinado a la producción de carne, lo cual coincide con lo reportado por Redding et al. (2014).

Geser et al. (2012) reportaron una frecuencia del 13,7 % (n = 17/124) y 25,3 % (n = 16/63) de EC-BLEE en heces de bovinos y terneros, respectivamente, en un matadero de Suiza. Un año antes, Geser et al. (2011) habían informado una frecuencia de 17,2 % (n = 11/64) en hisopados fecales de ganado vacuno procedente de mataderos. De forma similar a lo observado en nuestro estudio, estos resultados sugieren que la administración indiscriminada de betalactámicos en el ganado continúa vigente. La

presencia de *E. coli* productora de BLEE en la microflora fecal de los animales representa un riesgo de contaminación de productos alimenticios crudos de origen animal, tal como evidencian estudios realizados en el Perú que reportan la presencia de EC-BLEE en carne expendida en mercados (Ruiz-Roldán et al., 2018; Cortez y Shiva, 2019; Cortez-Sandoval et al., 2022).

Dahms et al. (2015) reportaron una frecuencia del 54,5 % de EC-BLEE en heces de bovinos procedentes de granjas de Alemania, atribuyendo estos resultados al uso continuo de antibióticos en animales de abasto. Nuestros resultados también sugieren el empleo de antimicrobianos sin restricción, así como la comercialización no regulada de estos productos para animales destinados al consumo humano, debido a que el Perú carece de una legislación clara que prohíba el uso de antibióticos como promotores de crecimiento en la producción pecuaria. Asimismo, los animales evaluados en este estudio provenían de granjas de engorde de Lima, donde las heces pueden ser una fuente de transmisión de EC-BLEE entre la ganadería y los trabajadores agrícolas. En este contexto, la contaminación ambiental podría desempeñar un rol relevante, tal como lo reportaron Huamán et al. (2024), quienes detectaron la presencia de EC-BLEE multirresistente (MDR) en muestras de agua de riego del río Rímac en la zona este, asociada con descargas de aguas residuales de origen doméstico o industrial. Estos antecedentes sugieren que la diseminación ambiental de bacterias resistentes podría contribuir tanto a la contaminación de los sistemas agrícolas como a la colonización de animales destinados al consumo humano. En consecuencia, es posible que la contaminación ambiental haya influido en los resultados del presente estudio, lo que podría explicar la mayor frecuencia observada en los vacunos procedentes del M1.

Egbule y Yusuf (2019) registraron EC-BLEE en el 4 % de muestras fecales del ganado vacuno lechero de crianza semiintensiva en Nigeria; atribuyeron sus resultados al

uso inadecuado de antimicrobianos, a prácticas inadecuadas de higiene por parte de los manipuladores de alimentos y a la ausencia de un control sanitario efectivo. Factores similares podrían explicar los hallazgos del presente estudio, sumado a la falta de un seguimiento epidemiológico constante que permita determinar la situación actual del EC-BLEE en nuestro país.

Reist et al. (2013) reportaron 8,1 % (n = 46/571) de EC-BLEE en hisopados fecales de ganado vacuno en un matadero de Suiza y determinaron que los animales procedentes de granjas lecheras constituían un factor de riesgo significativo para la resistencia antimicrobiana, atribuido a la transmisión vertical entre vaca y ternero durante el período de lactancia. De acuerdo con Chávez et al. (2025) y García-Alarcón et al. (2025), la alta frecuencia de EC-BLEE en granjas lecheras se relaciona con la elevada incidencia de enfermedades como mastitis y cuadros entéricos, lo que genera un uso intensivo de antimicrobianos durante la vida productiva de los animales. Esta práctica incrementa el riesgo de que estos se conviertan en portadores de bacterias resistentes, las cuales pueden transmitirse al ternero a través de la leche durante la etapa de lactancia. Estos hallazgos coinciden con los resultados del presente estudio, donde se observó una mayor frecuencia de EC-BLEE en M1 (26,1 %; n = 35/134), que benefició tanto a toros de engorde (11,9 %) como a vacas de descarte (14,2 %), en comparación con M2 (20,6 %; n = 26/126), donde se beneficiaron solo los toros de engorde.

Van Boeckel et al. (2017) mencionan que más del 50 % de los antimicrobianos utilizados a nivel mundial son destinados de forma exclusiva a animales. En el Perú, existen normativas como la Resolución Directoral n.º 0072-2013-Minagri-Senasa-DIAIA, que prohíben el uso de antimicrobianos como cloranfenicol, furazolidona, nitrofurazona, olaquinox y nitroimidazoles con fines no terapéuticos en el ámbito veterinario. Asimismo, en 2019 se prohibió la importación, comercialización y fabricación de productos veterinarios que contuvieran colistina como principio activo (Resolución Directoral n.º 0091-2019-Minagri-Senasa-DIAIA). Sin embargo, aún persiste un insuficiente control y limitado nivel de conscientización sobre el uso de antibióticos en animales destinados al consumo humano.

El estudio determinó una alta resistencia a cefotaxima, con una frecuencia del 91,8 % (n = 56/61), lo cual concuerda con lo reportado por Sudarwanto et al. (2016), Aworh et al. (2025) y Aworh et al. (2022), quienes describieron una frecuencia del 100 % para este antimicrobiano en las EC-BLEE evaluadas. Esta elevada tasa de resistencia se ha atribuido a la diseminación de genes de resistencia entre enterobacterias a través de elementos genéticos móviles, como los plásmidos, que facilitan la propagación de la resistencia entre bacterias de la misma o de distintas especies.

Una de las limitaciones del presente estudio fue la selección de una sola colonia compatible de *E. coli* para su identificación fenotípica como EC-BLEE, lo que podría haber generado una subestimación de su frecuencia. Igualmente, los agaros selectivos empleados para el aislamiento de *E. coli* no incluyeron antibióticos que permitieran un tamizaje más eficiente para la identificación de EC-BLEE. Otra limitación fue la ausencia de análisis genético para identificar los genes codificantes de las EC-BLEE, información que sería de utilidad para futuros estudios epidemiológicos.

A nivel mundial, diversos estudios han demostrado que el ganado vacuno que llega al matadero puede actuar como fuente de transmisión de EC-BLEE y representar un riesgo para los trabajadores expuestos al contacto directo con los animales. Además, las deficiencias en las prácticas de saneamiento dentro de los mataderos pueden facilitar la diseminación de esta bacteria (Sudarwanto et al., 2016; Egbule y Yusuf, 2019; Aworh et al., 2022). Cabe resalta que, a través de la cadena alimentaria, la carne bovina puede constituir un vehículo para la diseminación de bacterias entre los consumidores (Geser et al., 2012; Tadesse et al., 2018; Ramos et al., 2020).

CONCLUSIÓN

El estudio identificó una frecuencia de EC-BLEE del 23,5 % (n = 61) en muestras de heces procedentes de dos mataderos de Lima Metropolitana, evidenciando que el ganado vacuno destinado al consumo humano es portador de EC-BLEE, lo cual constituye un potencial riesgo para la salud pública.

REFERENCIAS

- Allocati, N., Masulli, M., Alexeyev, M. y Di Ilio, C. (2013). *Escherichia coli* in Europe: an overview. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 10(12), 6235-6254. <https://doi.org/10.3390/ijerph10126235>
- Alós, J. (2015). Resistencia bacteriana a los antibióticos: una crisis global. *Enfermedades infecciosas y Microbiología Clínica*, 33(10), 692-699. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2014.10.004>
- Ambler R. P. (1980). The structure of beta-lactamases. *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences*, 289(1036), 321-331. <https://doi.org/10.1098/rstb.1980.0049>
- Aworh, M., Ekeng, E., Nilsson, P., Egyir, B., Owusu-Nyantakyi, C. y Hendriksen, R. (2022). Extended-spectrum β -lactamase-producing *Escherichia coli* among humans, beef cattle, and abattoir environments in Nigeria. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 12, 869314. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2022.869314>

- Aworh, M., Lawal, O., Egyir, B. y Hendriksen, R. (2025). In silico genomic insights into bacteriophages infecting ESBL-producing *Escherichia coli* from human, animal, and environmental sources. *BMC Microbiology*, 25, 200. <https://doi.org/10.1186/s12866-025-03913-9>
- Barlow, R., McMillan, K., Mellor, G., Duffy, L., Jordan, D., Abraham, R., O'dea, M., Sahibzada, S. y Abraham S. (2022). Phenotypic and genotypic assessment of antimicrobial resistance in *Escherichia coli* from australian cattle populations at slaughter. *Journal of Food Protection*, 85(4), 563-570. <https://doi.org/10.4315/JFP-21-430>
- Bazalar-Gonzales, J., Silvestre-Espejo, T., Rodríguez, C., Carhuaricra, D., Ignacion, Y., Luna, L., Rosadio, R. y Maturrano, L. (2024). Genomic insights into ESBL-producing *Escherichia coli* isolated from non-human primates in the peruvian Amazon. *Frontiers in Veterinary Science*, 10, 1340428. <https://doi.org/10.3389/fvets.2023.1340428>
- Benavides, J., Godreuil, S., Opazo-Capurro, A., Mahamat, O., Falcon, N., Oravcova, K. y Streicker, D. (2022). Long-term maintenance of multidrug-resistant *Escherichia coli* carried by vampire bats and shared with livestock in Peru. *Science of the Total Environment*, 810, 152045. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.152045>
- Bradford, P. (2001). Extended-spectrum β -lactamases in the 21st century: characterization, epidemiology, and detection of this important resistance threat. *Clinical Microbiology Reviews*, 14(4), 933-951. <https://doi.org/10.1128/CMR.14.4.933-951.2001>
- Briñas, L., Moreno, M., Teshager, T., Sáenz, Y., Porrero, M., Domínguez, L. y Torres, C. (2005). Monitoring and characterization of extended-spectrum β -lactamases in *Escherichia coli* strains from healthy and sick animals in Spain in 2003. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 49(3), 1262-1264. <https://doi.org/10.1128/AAC.49.3.1262-1264.2005>
- Bush, K. y Jacoby, G. (2010). Updated functional classification of β -lactamases. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 54(3), 969-976. <https://doi.org/10.1128/AAC.01009-09>
- Carhuallanqui, A., Villafana, L., Gonzalez-Veliz, R., Cobo-Díaz, J., Álvarez-Ordoñez, A. y Ramos-Delgado, D. (2025). Colistin-resistant *Escherichia coli* isolated from houseflies and feces of cattle and pigs at a slaughterhouse in Lima, Peru. *Antibiotics*, 14(8), 818. <https://doi.org/10.3390/antibiotics14080818>
- Ceino, F., Koga, I. y Peña, N. (2019). Detección fenotípica y genotípica de *Escherichia coli* productoras de β -lactamasas espectro extendido aisladas de aves de abasto en Perú. *Biotempo*, 16(2), 181-186. <https://doi.org/10.31381/biotempo.v16i2.2528>
- Chávez, K., Condolo, L., Vinueza, P. y Tiama, N. (2025). Patrones de resistencia a los antibióticos en bacterias aisladas de mastitis subclínicas. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 36(1), e30199. <https://doi.org/10.15381/rivep.v36i1.30199>
- Clinical and Laboratory Standards Institute [CLSI] (2024). *M100 Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing* (34.^a ed.).
- Cortez, V. y Shiva, C. (2019). Detección de enterobacterias productoras de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) aisladas en carne molida de supermercados de un distrito de Lima, Perú. *Salud y Tecnología Veterinaria*, 7(1), 1-7. <https://doi.org/10.20453/stv.v7i1.3561>
- Cortez-Sandoval, V., González, R. y Ramos, D. (2022). Detección de enterobacterias productoras de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) aisladas en carne de pollo de mercados de abasto de un distrito de Lima, Perú. *Revista de Investigaciones Veterinarias del Perú*, 33(3), e22899. <https://doi.org/10.15381/rivep.v33i3.22899>
- Dahms, C., Hübner, N., Kossow, A., Mellmann, A., Dittmann, K. y Kramer, A. (2015). Occurrence of ESBL-producing *Escherichia coli* in livestock and farm workers in Mecklenburg-Western Pomerania, Germany. *PloS ONE*, 10(11), e0143326. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0143326>
- Dever, L. y Dermody, T. (1991). Mechanisms of bacterial resistance to antibiotics. *Archives of Internal Medicine*, 151(5), 886-895. <https://doi.org/10.1001/archinte.1991.00400050040010>
- Egbule, O. y Yusuf, I. (2019). Multiple antibiotic resistances in *Escherichia coli* isolated from cattle and poultry faeces in Abraka, South-South Nigeria. *Pertanika Journal of Tropical Agricultural Science*, 42(2), 585-594. [http://pertanika2.upm.edu.my/resources/files/Pertanika%20PAPERS/JTAS%20Vol.%2042%20\(2\)%20May.%202019/13%20JTAS-1598-2018.pdf](http://pertanika2.upm.edu.my/resources/files/Pertanika%20PAPERS/JTAS%20Vol.%2042%20(2)%20May.%202019/13%20JTAS-1598-2018.pdf)
- Estrada-Calles, D. M., Rodríguez-Gamboa, M. F., y Velázquez-Álvarez, E. A. (2022). Resistencia a antibióticos betalactámicos: situación actual y nuevas estrategias. *RD-ICUAP*, 8(22), 13-27. <https://doi.org/10.32399/icuap.rdic.2448-5829.2022.22.682>
- Ewers, C., Bethe, A., Semmler, T., Guenther, S. y Wieler, L. (2012). Extended-spectrum β -lactamase-producing and AmpC-producing *Escherichia coli* from livestock and companion animals, and their putative impact on public health: a global perspective. *Clinical Microbiology and Infection*, 18(7), 646-655. <https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2012.03850.x>
- Gajdács, M., Urbán, E., Stájer, A. y Baráth, Z. (2021). Antimicrobial resistance in the context of the sustainable development goals: a brief review. *European Journal of Investigation in Health, Psychology and Education*, 11(1), 71-82. <https://doi.org/10.3390/ejihpe11010006>
- García-Alarcón, Z., Alderete-Gutiérrez, J., Ramírez-Trejo, C., Leal-Rodríguez, J., Olave-Leyva, J. y Martínez-Juárez, V. (2025). Resistencia a antimicrobianos en bovinos leche y bovinos carne y su posible impacto en la salud pública a nivel mundial. *Boletín de Ciencias Agropecuarias del ICAP*, 11(21), 21-29. <https://doi.org/10.29057/icap.v11i21.13111>

- Geser, N., Stephan, R. y Hächler, H. (2012). Occurrence and characteristics of extended-spectrum β -lactamase (ESBL) producing Enterobacteriaceae in food producing animals, minced meat and raw milk. *BMC Veterinary Research*, 8(1), 21. <https://doi.org/10.1186/1746-6148-8-21>
- Geser, N., Stephan, R., Kuhnert, P., Zbinden, R., Kaeppli, U., Cernela, N. y Haechler, H. (2011). Fecal carriage of extended-spectrum β -lactamase-producing Enterobacteriaceae in swine and cattle at slaughter in Switzerland. *Journal of Food Protection*, 74(3), 446-449. <https://doi.org/10.4315/0362-028X.JFP-10-372>
- Ghafourian, S., Sadeghifard, N., Soheili, S. y Sekawi, Z. (2015). Extended spectrum beta-lactamases: definition, classification and epidemiology. *Current Issues in Molecular Biology*, 17, 11-22. <https://doi.org/10.21775/cimb.017.011>
- Huamán, M., Salvador-Luján, G., Morales, L., Alba, J., Velasquez, L., Pacheco, J. y Pons, M. (2024). Resistance to cephalosporins and quinolones in *Escherichia coli* isolated from irrigation water from the Rímac river in east Lima, Peru. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 41(2), 114-120. <https://doi.org/10.17843/rpmesp.2024.412.13246>
- Huamán-Chacón, L. y Gonzales-Escalante, E. (2019). *Escherichia coli* productor de betalactamasas de espectro extendido en pollos para consumo humano. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 36(2), 361-362. http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1726-46342019000200029
- Khalifeh, O. M. y Obaidat, M. (2022). Urinary tract virulence genes in extended-spectrum beta-lactamase *E. coli* from dairy cows, beef cattle, and small ruminants. *Acta Tropica*, 234, 106611. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2022.106611>
- Larson, A., Hartinger, S., Riveros, M., Salmon-Mulanovich, G., Hattendorf, J., Verastegui, H. y Mäusezahl, D. (2019). Antibiotic-Resistant *Escherichia coli* in drinking water samples from rural andean households in Cajamarca, Peru. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 100(6), 1363-1368. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.18-0776>
- Lezameta, L., Gonzales-Escalante, E., Tamariz, J. (2010). Comparación de cuatro métodos fenotípicos para la detección de beta-lactamasas de espectro extendido. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 27(3), 345-351. http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1726-46342010000300006
- Ma, F., Xu, S., Tang, Z., Li, Z. y Zhang, L. (2021). Use of antimicrobials in food animals and impact of transmission of antimicrobial resistance on humans. *Biosafety and Health*, 3(1), 32-38. <https://doi.org/10.1016/j.bsheal.2020.09.004>
- Newell, D., Koopmans, M., Verhoef, L., Duizer, E., Aidara-Kane, A., Sprong, H., Opsteegh, M., Langelaar, M., Threlfall, J., Scheutz, F., Van der Giessen, J. y Kruse, H. (2010). Food-borne diseases - the challenges of 20 years ago still persist while new ones continue to emerge. *International Journal of Food Microbiology*, 139(supl. 1), S3-S15. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2010.01.021>
- Pires, A., Pereira, G., Fanguero, D., Bexiga, R. y Oliveira, M. (2024). When the solution becomes the problem: a review on antimicrobial resistance in dairy cattle. *Future Microbiology*, 19(10), 903-929. <https://doi.org/10.2217/fmb-2023-0232>
- Quiñones, D. (2017). Resistencia antimicrobiana: evolución y perspectivas actuales ante el enfoque «Una salud». *Revista Cubana de Medicina Tropical*, 69(3), 1-17. http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0375-07602017000300009
- Ramos, S., Silva, V., Dapkevicius, M., Caniça, M., Tejedor-Junco, M., Igrejas, G. y Poeta, P. (2020). *Escherichia coli* as commensal and pathogenic bacteria among food-producing animals: health implications of extended spectrum β -lactamase (ESBL) production. *Animals*, 10(12), 2239. <https://doi.org/10.3390/ani10122239>
- Redding, L., Cubas-Delgado, F., Sammel, M., Smith, G., Galligan, D., Levy, M. y Hennessy, S. (2014). The use of antibiotics on small dairy farms in rural Peru. *Preventive Veterinary Medicine*, 113(1), 88-95. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2013.10.012>
- Reist, M., Geser, N., Hächler, H., Schärer, S. y Stephan, R. (2013). ESBL-producing Enterobacteriaceae: occurrence, risk factors for fecal carriage and strain traits in the Swiss slaughter cattle population younger than 2 years sampled at abattoir level. *PloS One*, 8(8), e71725. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0071725>
- Resolución Directoral n.º 0072-2013-MINAGRI-SENASA-DIAIA, que prohíben importación y comercialización de diversos principios activos, así como el uso de los mismos en la fabricación de productos veterinarios o alimentos para animales destinados al consumo humano y establecen otras disposiciones. *Diario Oficial El Peruano* (23 de septiembre de 2013). <https://www.midagri.gob.pe/portal/download/pdf/marcolegal/normaslegales/resolucionesdirectorales/2013/setiembre/rd72-2013-minagri-senasa-diaia.pdf>
- Resolución Directoral N.º 0091-2019-MINAGRI-SENASA-DIAIA, que disponen prohibir la importación, comercialización, fabricación o elaboración de productos veterinarios que contengan el principio activo colistina (Polimixina E) o cualquiera de sus sales y dictan diversas disposiciones. *Diario Oficial El Peruano* (2 de diciembre de 2019). <https://cdn.www.gob.pe/uploads/document/file/5478518/4886940-rd-0091-2019-minagri-senasa-diaia.pdf?v=1700857823>
- Ruiz-Roldán, L., Martínez-Puchol, S., Gomes, C., Palma, N., Riveros, M., Ocampo, K., Durand, D., Ochoa, T., Ruiz, J. y Pons, M. (2018). Presencia de Entero-

- bacteriaceae y *Escherichia coli* multirresistente a antimicrobianos en carne adquirida en mercados tradicionales en Lima. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 35(3), 425-432. <http://dx.doi.org/10.17843/rpmesp.2018.353.3737>
- Sanou, S., Ouedraogo, A. S., Lounnas, M., Zougmore, A., Pooda, A., Zoungrana, J. y Godreuil, S. (2022). Epidemiology and molecular characterization of Enterobacteriaceae producing extended-spectrum β -lactamase in intensive and extensive breeding animals in Burkina Faso. *PAMJ-One Health*, 8(4). <https://www.one-health.panafrican-med-journal.com/content/article/8/4/full/>
- Seral, C., Pardos, M. y Castillo, F. (2010). Betalactamasas de espectro extendido en enterobacterias distintas de *Escherichia coli* y *Klebsiella*. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 28(supl. 1), 12-18. [https://doi.org/10.1016/S0213-005X\(10\)70003-3](https://doi.org/10.1016/S0213-005X(10)70003-3)
- Sudarwanto, M., Lukman, D., Latif, H., Pisestyani, H., Sukmawinata, E., Akineden, Ö. y Usleber, E. (2016). CTX-M producing *Escherichia coli* isolated from cattle feces in Bogor slaughterhouse, Indonesia. *Asian Pacific Journal of Tropical Biomedicine*, 6(7), 605-608. <https://doi.org/10.1016/j.apjtb.2016.05.001>
- Tadesse, D., Li, C., Mukherjee, S., Hsu, C., Bodeis, S., Gaines, S., Kabera, C., Loneragan, G., Torrence, M., Harhay, D. McDermott, P. y Zhao, S. (2018). Whole-Genome sequence analysis of CTX-M containing *Escherichia coli* isolates from retail meats and cattle in the United States. *Microbial Drug Resistance*, 24(7), 939-948. <https://doi.org/10.1089/mdr.2018.0206>
- United States Department of Agriculture [USDA]; Food Safety and Inspection Service (2023). MLG 31.01: Isolating bacteria from food animals for antimicrobial resistance surveillance. En *Microbiology Laboratory Guidebook* (pp. 1-17). https://www.fsis.usda.gov/sites/default/files/media_file/documents/MLG_31.01.pdf
- Van Boeckel, T., Glennon, E., Chen, D., Gilbert, M., Robinson, T., Grenfell, B., Levin, S., Bonhoeffer, S. y Laxminarayan, R. (2017). Reducing antimicrobial use in food animals. *Science*, 357(6358), 1350-1352. <https://doi.org/10.1126/science.aao1495>
- Wang, W., Wei, X., Wu, L., Shang, X., Cheng, F., Li, B., Zhou, X. y Zhang, J. (2021). The occurrence of antibiotic resistance genes in the microbiota of yak, beef and dairy cattle characterized by a metagenomic approach. *The Journal of Antibiotics*, 74(8), 508-518. <https://doi.org/10.1038/s41429-021-00425-2>