

Resistencia antimicrobiana en la cadena cárnica urbana de Loja: *Escherichia coli* y *Staphylococcus aureus* como amenazas para la salud pública

Antimicrobial resistance in the urban meat supply chain of Loja: Escherichia coli and Staphylococcus aureus as threats to public health

Jessica Valdivieso¹, Roberto Bustillos², Jonnathan Ortiz¹

¹Universidad Católica de Cuenca. Cuenca, Ecuador.

jessica.valdivieso.75@est.ucacue.edu.ec

<https://orcid.org/0009-0007-9422-6404>

jonnathan.ortiz@ucacue.edu.ec

<https://orcid.org/0000-0001-6770-2144>

²Universidad Nacional de Loja. Loja, Ecuador.

roberto.bustillos@unl.edu.ec

<https://orcid.org/0000-0001-9090-4246>

Correspondencia: jessica.valdivieso.75@est.ucacue.edu.ec

Recibido: 11/12/2025

|| Aceptado: 12/02/2026

|| Publicado: 16/03/2026

Resumen

Objetivo: estudiar cuán comunes son *Escherichia coli* y *Staphylococcus aureus*, así como su resistencia a antibióticos, en las carnes que se venden en los mercados urbanos de Loja, Ecuador. Esto es importante para la seguridad alimentaria y la salud pública.

Metodología: Se llevó a cabo un estudio observacional, descriptivo y transversal con 56 muestras de carne de pollo, res y cerdo recolectadas entre enero y marzo de 2025; los aislamientos se obtuvieron mediante microbiología convencional, se confirmaron por MALDI-TOF y la susceptibilidad antimicrobiana se determinó mediante el método de difusión en disco. **Resultados:** *E. coli* predominó en pollo (11,29 %), seguida de res (5,48 %) y cerdo (1,08 %), mientras que *S. aureus* se concentró en res (12,33 %) y cerdo (10,71 %), con mínima presencia en pollo (1,61 %). En *E. coli* se encontró resistencia total a gentamicina, tetraciclina, ciprofloxacina, enrofloxacina y amoxicilina/ácido clavulánico,

y sensibilidad completa a imipenem. En *S. aureus* destacaron altas resistencias a amoxicilina/ácido clavulánico (75 %), tetraciclina (70 %) y trimetoprim/sulfametoxazol (60 %). **Conclusiones:** Los hallazgos evidenciaron una presión selectiva asociada al uso inadecuado de antimicrobianos y deficiencias higiénico-sanitarias en la cadena cárnica local; por ello, se requirió fortalecer la vigilancia microbiológica y molecular, mejorar las buenas prácticas de manipulación y articular intervenciones bajo el enfoque de una sola salud.

Palabras clave: Política de la salud; epidemiología; seguridad alimentaria; bacterias (*Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*); procesamiento de alimentos.

Abstract

Objective: to study how common *Escherichia coli* and *Staphylococcus aureus* are, as well as their antibiotic resistance, in the meats sold in urban markets of Loja, Ecuador. This is important for food safety and public health. **Methodology:** An observational, descriptive, and cross-sectional study was conducted with 56 samples of chicken, beef, and pork collected between January and March 2025; the isolates were obtained through conventional microbiology, confirmed by MALDI-TOF, and antimicrobial susceptibility was determined using the disk diffusion method. **Results:** *E. coli* predominated in chicken (11.29%), followed by beef (5.48%) and pork (1.08%), while *S. aureus* was concentrated in beef (12.33%) and pork (10.71%), with minimal presence in chicken (1.61%). In *E. coli*, total resistance was found to gentamicin, tetracycline, ciprofloxacin, enrofloxacin, and amoxicillin/clavulanic acid, and complete sensitivity to imipenem. In *S. aureus*, high resistances to amoxicillin/clavulanic acid (75%), tetracycline (70%), and trimethoprim/sulfamethoxazole (60%) were notable. **Conclusions:** The findings revealed selective pressure associated with the inappropriate use of antimicrobials and hygienic-sanitary deficiencies in the local meat chain; therefore, it was necessary to strengthen microbiological and molecular surveillance, improve good handling practices, and coordinate interventions under the One Health approach.

Keywords: Health policy; epidemiology; food safety; bacteria (*Escherichia coli*, *Staphylococcus aureus*); food processing.

Introducción

El uso excesivo e inadecuado de antimicrobianos en la producción animal constituye una de las principales amenazas para la salud pública a nivel global (Van Boeckel et al., 2019). En particular, el empleo de antimicrobianos críticos en sistemas avícolas y ganaderos ha acelerado la emergencia y diseminación de bacterias multirresistentes, con implicaciones directas para la salud humana, animal y ambiental (Tang et al., 2023).

Las carnes de origen animal representan una vía importante de transmisión de patógenos zoonóticos como *Staphylococcus aureus*, frecuentemente asociados a enfermedades transmitidas por alimentos (ETAs) (Argudín et al., 2010; Song et al., 2024). Estos microorganismos, al adquirir mecanismos de resistencia como las β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) o genes codificantes de resistencia a meticilina, limitan drásticamente las opciones terapéuticas en infecciones humanas (Plaza-Rodríguez et al., 2021).

En Ecuador, y particularmente en ciudades como Loja, persisten prácticas ganaderas con uso empírico de antimicrobianos y deficiencias en los controles higiénico-sanitarios durante el procesamiento y comercialización de carnes. Aunque *Salmonella* es un patógeno relevante en ETAs, estudios recientes en el país muestran circulación de bacterias resistentes en la cadena avícola y cárnica, especialmente *E. coli* y otros enteropatógenos de interés sanitario (Amancha et al., 2023; Ortega-Paredes et al., 2020; Vinueza-Burgos et al., 2019). Por ello, este estudio se enfoca en evaluar la presencia y el perfil de resistencia antimicrobiana de *E. coli* y *S. aureus* en carnes comercializadas en mercados de Loja.

Revisión de la literatura

El empleo prolongado de antimicrobianos como promotores de crecimiento en sistemas intensivos de producción animal ha consolidado reservorios zoonóticos persistentes de genes de resistencia antimicrobiana en patógenos transmitidos por alimentos, particularmente *Escherichia coli* y *Staphylococcus aureus*. Este fenómeno representa una amenaza tridimensional bajo el enfoque de Una sola salud, comprometiendo simultáneamente la sanidad animal, la inocuidad alimentaria y la eficacia terapéutica en

medicina humana (Van Boeckel et al., 2019; Antimicrobial Resistance Collaborators, 2022).

La presente revisión sintetiza evidencia científica sobre los mecanismos moleculares que vinculan el uso de antimicrobianos en producción animal con la diseminación de resistencia a través de la cadena cárnica. En el caso de *E. coli*, su presencia en carne de pollo suele asociarse con la elevada carga fecal de las aves, la contaminación durante la evisceración y las condiciones higiénicas del procesamiento (Food and Agriculture Organization of the United Nations [FAO], 2024; Islam et al., 2025). En contraste, *S. aureus* se relaciona con mayor frecuencia con contaminación por contacto durante la manipulación, el despique y el expendio, así como con su persistencia en superficies y equipos, favorecida por la formación de biofilms (Thapaliya et al., 2017; Léguillier et al., 2024; Vergara et al., 2017).

Los aislamientos de *E. coli* con perfiles multirresistentes se han vinculado con la circulación de plásmidos conjugativos y otros elementos genéticos móviles capaces de portar genes asociados a resistencia a tetraciclinas, β -lactámicos y quinolonas. Estos elementos favorecen la co-selección y la transferencia horizontal de determinantes de resistencia entre bacterias de origen animal, ambiental y humano (Partridge et al., 2018; Ramírez-Bayard et al., 2023). En Ecuador, además, se ha documentado la circulación de variantes del gen bla_{CTX-M} en *E. coli* de diferentes orígenes, lo que confirma la importancia de los reservorios locales en la ecología de la resistencia antimicrobiana (Valenzuela et al., 2023; Vinueza-Burgos et al., 2019).

Por su parte, *S. aureus* presenta una notable plasticidad genómica y una elevada capacidad de adaptación a matrices alimentarias y ambientes de procesamiento. La distribución global de genes de resistencia y de producción de biofilms en secuencias genómicas de este microorganismo ha sido ampliamente descrita, lo que refuerza su importancia como patógeno alimentario y su potencial persistencia en la cadena cárnica (Silva-de-Jesus et al., 2025). A ello se suma la relevancia de los biofilms como estructuras protectoras que facilitan la supervivencia bacteriana en superficies de contacto alimentario (Vergara et al., 2017; Song et al., 2024).

La transferencia génica horizontal constituye el eje mecanístico central de esta diseminación. En modelos experimentales, cepas comensales de *E. coli* han transferido genes de resistencia a microbiota intestinal humana simulada, demostrando que el tracto gastrointestinal puede funcionar como un espacio activo de intercambio genético después de la exposición alimentaria (Lambrecht et al., 2019). Estudios más recientes en modelos murinos con microbiota humana trasplantada han reforzado esta hipótesis, mostrando la propagación dinámica de determinantes de resistencia por conjugación (Sher et al., 2025).

Desde el punto de vista de la inocuidad alimentaria, la cocción convencional puede eliminar bacterias viables, pero no necesariamente neutraliza por completo el riesgo toxigénico asociado a *S. aureus*, particularmente por la producción de enterotoxinas termoestables implicadas en intoxicaciones alimentarias (Argudín et al., 2010). En consecuencia, además del riesgo microbiológico directo, puede persistir un riesgo indirecto asociado a la exposición a productos bacterianos resistentes o termoestables.

La secuenciación de genoma completo también ha permitido establecer vínculos epidemiológicos entre reservorios animales y humanos. Un ejemplo importante es la identificación de *E. coli* ST131-H22 como uropatógeno de origen alimentario, lo que respalda la hipótesis de la ruta cárnica como vía de colonización y transmisión (Liu et al., 2018). En el contexto ecuatoriano, la presencia de bacterias multirresistentes en granjas avícolas y carcasas de pollo refuerza la necesidad de fortalecer la vigilancia microbiológica y molecular a lo largo de toda la cadena productiva (Ortega-Paredes et al., 2020).

Las prevalencias de resistencia reportadas en países de América Latina suelen superar las observadas en regiones con marcos regulatorios más consolidados, como la Unión Europea. Esta disparidad pone en evidencia brechas regulatorias, limitaciones en la vigilancia integrada y debilidades en la aplicación de buenas prácticas de producción y manipulación (European Food Safety Authority [EFSA] & European Centre for Disease Prevention and Control [ECDC], 2024; World Health Organization, 2022). En Ecuador, además, se ha señalado la necesidad de fortalecer los mecanismos de control sanitario en las cadenas láctea y cárnica, así como la vigilancia de peligros microbiológicos y de resistencia antimicrobiana (AGROCALIDAD, 2020).

En conjunto, la evidencia disponible respalda que la reducción del uso inadecuado de antimicrobianos, el fortalecimiento de la vigilancia molecular de genes de resistencia y la implementación estricta de buenas prácticas de manipulación en puntos críticos de control constituyen intervenciones preventivas prioritarias. Bajo el enfoque de Una sola salud, estas medidas son esenciales para mitigar la transmisión zoonótica de patógenos multirresistentes y preservar la eficacia futura de los antimicrobianos como bienes públicos globales.

Metodología

Diseño y muestreo. Estudio observacional, descriptivo y transversal. Se recolectaron 56 muestras de carne (20 de pollo, 18 de res y 18 de cerdo) en mercados de la ciudad de Loja, entre enero y marzo de 2025, siguiendo la Norma Técnica Ecuatoriana INEN 1529-2.

Aislamiento e identificación bacteriana. Se realizaron homogenizados (10 g en 90 mL de peptona al 0,1 %) y se sembraron en medios selectivos: MacConkey y EMB (eosina azul de metileno) para *E. coli*, y Baird-Parker y manitol salado para *S. aureus*, según INEN 1338, ISO 16649-2 e ISO 6888-1, respectivamente. Los aislamientos se confirmaron mediante espectrometría de masas MALDI-TOF.

Prueba de susceptibilidad antimicrobiana. Se aplicó el método de Kirby-Bauer, interpretado según los criterios vigentes del *Clinical and Laboratory Standards Institute*. Se evaluaron 10 antimicrobianos por bacteria, empleando cepas de control: *E. coli* ATCC 25922 y *S. aureus* ATCC 25923.

Análisis estadístico. Se realizó estadística descriptiva (frecuencias y porcentajes). Se calculó la prevalencia por tipo de carne y el perfil de resistencia (% resistente, intermedio, susceptible).

Resultados

De las 56 muestras de carne analizadas, se aislaron *Escherichia coli* y *Staphylococcus aureus* en proporciones variables según el tipo de carne. *E. coli* se detectó en el 1,08 % de las muestras de cerdo, 5,48 % de res y 11,29 % de pollo, lo que evidencia una mayor contaminación en la carne avícola. Por su parte, *S. aureus* predominó en las carnes rojas,

con una prevalencia del 12,33 % en res y 10,71 % en cerdo, frente a solo el 1,61 % en pollo. Estos hallazgos reflejan diferencias significativas en los perfiles microbiológicos entre tipos cárnicos, lo que subraya la necesidad de reforzar las medidas higiénico-sanitarias y las buenas prácticas de manipulación a lo largo de toda la cadena de comercialización en la ciudad de Loja.

La Tabla 1 presenta la prevalencia de *E. coli* y *S. aureus* en muestras de carne de mercados de la ciudad de Loja.

Tabla 1

Distribución porcentual de Escherichia coli y Staphylococcus aureus en muestras de carne de res, cerdo y pollo obtenidas en mercados de la ciudad de Loja, Ecuador (2025)

Bacteria	Resultado	Cerdo (N)	Cerdo (%)	Res (N)	Res (%)	Pollo (N)	Pollo (%)
Escherichia coli	Negativo	54	96,42	69	94,52	55	88,70
	Positivo	2	1,08	4	5,48	7	11,29
	Total	56	100,00	73	100,00	62	100,00
Staphylococcus aureus	Negativo	50	89,28	64	87,67	61	98,39
	Positivo	6	10,71	9	12,33	1	1,61
	Total	56	100,00	73	100,00	62	100,00

Los aislamientos de *Escherichia coli* procedentes de muestras cárnicas fueron analizados mediante el método de difusión en disco e interpretados según los criterios del *Clinical and Laboratory Standards Institute*. El perfil de susceptibilidad se resume en la Tabla 2.

Tabla 2

Perfil de susceptibilidad de E.coli aislada en muestras de mercados de la ciudad de Loja

Antibiótico	S (mm)	I (mm)	R (mm)	S (%)	I (%)	R (%)
Gentamicina	≥ 18	15–17	≤ 14	0 (0)	0 (0)	13 (100)
Tetraciclina	≥ 15	12–14	≤ 11	0 (0)	0 (0)	13 (100)
Ciprofloxacina	≥ 26	22–25	≤ 21	0 (0)	0 (0)	13 (100)
Amoxicilina + ácido clavulánico	≥ 18	14–17	≤ 13	0 (0)	0 (0)	13 (100)
Trimetoprim-sulfametoxazol	≥ 16	11–15	≤ 10	0 (0)	13 (100)	0 (0)
Enrofloxacina	≥ 23	17–22	≤ 16	0 (0)	0 (0)	13 (100)
Norfloxacina	≥ 17	13–16	≤ 12	0 (0)	2 (15,38)	11 (84,61)
Amikacina	≥ 17	15–16	≤ 14	2 (15,38)	9 (69,23)	2 (15,38)
Imipenem	≥ 23	20–22	≤ 19	13 (100)	0 (0)	0 (0)

Todos los aislamientos (100 %; 13/13) fueron resistentes a gentamicina, tetraciclina, ciprofloxacina, enrofloxacina y amoxicilina/ácido clavulánico. La norfloxacina mostró resistencia en el 84,6 % (11/13) de los aislamientos y categoría intermedia en el 15,4 % restante (2/13). La combinación trimetoprim-sulfametoxazol presentó el 100 % de los

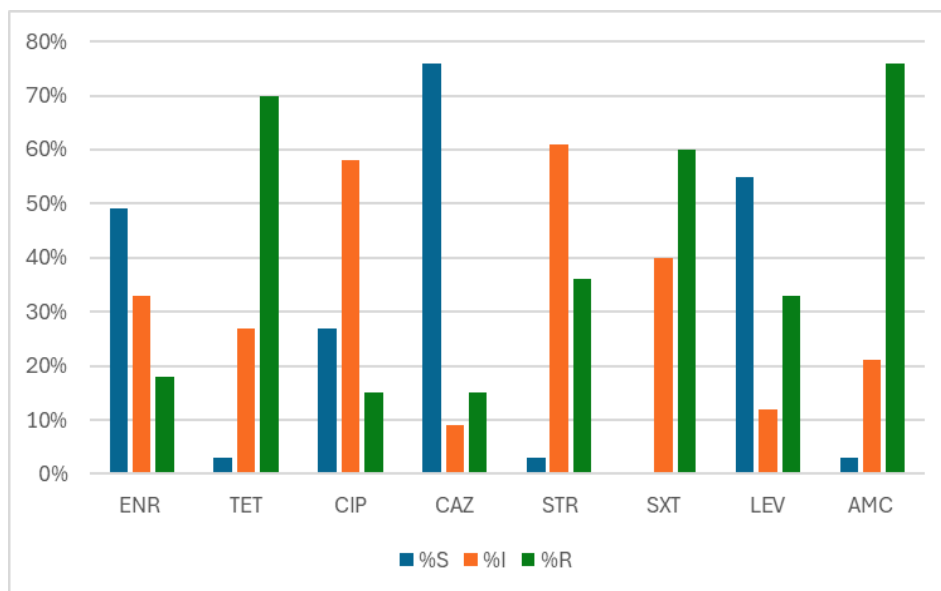
aislamientos (13/13) en categoría intermedia, sin aislamientos sensibles o resistentes. La amikacina exhibió un perfil heterogéneo: 15,4 % sensible (2/13), 69,2 % intermedio (9/13) y 15,4 % resistente (2/13).

En contraste, todos los aislamientos (100 %) fueron sensibles a imipenem, constituyendo la única molécula frente a la cual se observó susceptibilidad universal en este conjunto de cepas.

La Figura 1 muestra el perfil de susceptibilidad de *S. aureus* aislada en muestras de mercados de la ciudad de Loja.

Figura 1

Perfil de susceptibilidad de S.aureus aislada en muestras de mercados de la ciudad de Loja



Nota. Enrofloxacina (ENR), tetraciclina (TET), ciprofloxacina (CIP), ceftazidima (CAZ), estreptomicina (STR), trimetoprim/sulfametoxazol (SXT), levofloxacina (LEV) y amoxicilina/ácido clavulánico (AMC).

La evaluación de susceptibilidad antimicrobiana de *Staphylococcus aureus* evidenció que los mayores niveles de resistencia (%R) se observaron frente a amoxicilina/ácido clavulánico (AMC; 75 %) y tetraciclina (TET; 70 %), constituyendo los fármacos con menor actividad *in vitro*. De forma similar, trimetoprim/sulfametoxazol (SXT) presentó una resistencia elevada (60 %), lo que limita su potencial utilidad terapéutica. En contraste, ceftazidima (CAZ) mostró la mayor proporción de cepas susceptibles (%S; 75 %), seguida de levofloxacina (LEV; 55 %) y enrofloxacina (ENR; 50 %), evidenciando mejor desempeño frente a los aislamientos evaluados. Ciprofloxacina (CIP) y

estreptomicina (STR) presentaron altas tasas de respuesta intermedia (%I; 55 % y 60 %, respectivamente), lo que podría reflejar una disminución progresiva de la sensibilidad y un posible escenario de transición hacia la resistencia.

Discusión

Los hallazgos microbiológicos de este estudio evidencian una distribución diferencial de *Escherichia coli* y *Staphylococcus aureus* según el tipo de carne, lo que refleja dinámicas distintas de contaminación a lo largo de la cadena productiva. La mayor prevalencia de *E. coli* en carne de pollo (11,29 %) en comparación con res (5,48 %) y cerdo (1,08 %) es consistente con reportes previos que atribuyen esta tendencia a la alta carga fecal en aves de corral, derivada de las condiciones de cría intensiva, así como a la contaminación durante el faenado y el procesamiento (Islam et al., 2025; FAO, 2024). Además, la manipulación durante el procesamiento posmortem incrementa significativamente el riesgo de contaminación cruzada, especialmente en entornos con prácticas higiénicas deficientes (Plaza-Rodríguez et al., 2021).

Por otro lado, *S. aureus* predominó en carnes rojas (12,33 % en res y 10,71 % en cerdo), mientras que su presencia en pollo fue mínima (1,61 %). Este patrón sugiere una fuente de contaminación distinta, estrechamente asociada a la manipulación humana durante el sacrificio, despiece y comercialización, además de su capacidad para persistir en ambientes alimentarios y superficies de procesamiento (Thapaliya et al., 2017; Léguillier et al., 2024). Durante el procesamiento, *S. aureus* presente en la piel de los animales y en los trabajadores del matadero puede contaminar de forma cruzada las carcasas de carne. Dado que esta bacteria es capaz de producir enterotoxinas termoestables que constituyen una causa importante de intoxicación alimentaria, su detección en carnes rojas representa un marcador crítico de fallas en los controles sanitarios y un riesgo directo para la salud pública (Argudín et al., 2010; Song et al., 2024).

Resistencia antimicrobiana. Los trece aislamientos de *Escherichia coli* analizados exhibieron un perfil multiresistente, con resistencia del 100 % a cuatro clases farmacológicas: aminoglucósidos (gentamicina), tetraciclinas, fluoroquinolonas (ciprofloxacina y enrofloxacin) y β -lactámicos combinados con inhibidor de β -lactamasas (amoxicilina/ácido clavulánico). Este hallazgo es similar al reportado en

diversos escenarios internacionales, donde la resistencia a fluoroquinolonas en *E. coli* de origen animal y alimentario muestra prevalencias elevadas y una amplia variabilidad regional (Belotindos et al., 2021; World Health Organization, 2022). El perfil de resistencia identificado sugiere la co-presencia de múltiples mecanismos de resistencia, incluyendo β -lactamasas de espectro extendido tipo CTX-M, mutaciones cromosómicas en la región determinante de resistencia a quinolonas de los genes *gyrA* y *parC*, genes plasmídicos protectores *qnr* y bombas de eflujo codificadas por *tet*, probablemente integrados en plásmidos conjugativos que facilitan su diseminación horizontal en el microbioma intestinal animal y humano (Partridge et al., 2018; Valenzuela et al., 2023; Vinueza-Burgos et al., 2019).

El perfil de resistencia antimicrobiana observado en los aislamientos de *E. coli*, con resistencia del 100 % a cinco familias de antibióticos, supera considerablemente los promedios reportados en algunos estudios de vigilancia global en aislamientos de origen alimentario. Investigaciones recientes han documentado que la resistencia a fluoroquinolonas en *E. coli* de animales productores de alimentos y productos derivados puede variar ampliamente entre regiones, alcanzando prevalencias elevadas en determinados contextos geográficos (Belotindos et al., 2021). El uso rutinario de estos antimicrobianos en medicina veterinaria, particularmente fluoroquinolonas y tetraciclinas, ha sido identificado como un factor clave en la selección y diseminación de mecanismos de resistencia a lo largo de la cadena productiva (Van Boeckel et al., 2019; Tang et al., 2023).

Los mecanismos moleculares implicados en la resistencia a fluoroquinolonas y tetraciclinas en *Escherichia coli* de origen alimentario incluyen tanto alteraciones cromosómicas como elementos genéticos móviles. La resistencia a fluoroquinolonas se asocia principalmente con mutaciones en la región determinante de resistencia a quinolonas de los genes *gyrA* y *parC*, que codifican las subunidades de las enzimas diana, reduciendo la fijación de las fluoroquinolonas a sus dianas moleculares. Además, la resistencia se ve reforzada por la sobreexpresión de bombas de eflujo, que disminuyen la concentración intracelular de antibióticos, y por determinantes plasmídicos de resistencia quinolónica como los genes *qnr*, que protegen las dianas o modifican la molécula del fármaco (Ruiz-Lievano et al., 2024). En cuanto a las tetraciclinas, la resistencia está

mediada principalmente por genes *tet* codificados en plásmidos, los cuales confieren resistencia mediante bombas de eflujo que expulsan el antibiótico fuera de la célula bacteriana (Ramírez-Bayard et al., 2023). La co-presencia de estos mecanismos cromosómicos y plasmídicos favorece la emergencia de perfiles multirresistentes en cepas de *E. coli* circulantes en la cadena alimentaria.

Un hallazgo relevante fue la discrepancia observada en la susceptibilidad a aminoglucósidos: mientras la gentamicina mostró resistencia universal (100 %), la amikacina conservó actividad parcial (15,4 % sensible; 69,2 % intermedia). Este patrón es coherente con la base molecular diferencial de resistencia, ya que la gentamicina es más susceptible a la acción de enzimas modificadoras de aminoglucósidos, mientras que la amikacina presenta mayor estabilidad estructural frente a varias de estas enzimas debido a modificaciones laterales que reducen su inactivación (Krause et al., 2016; Ramírez & Tolmasky, 2010).

La susceptibilidad del 100 % a imipenem constituye el hallazgo más favorable, especialmente considerando el incremento sostenido de Enterobacterales productores de carbapenemasas reportado globalmente tanto en entornos clínicos como en reservorios animales y alimentarios (World Health Organization, 2022; EFSA & ECDC, 2024). En este contexto epidemiológico, los carbapenémicos como imipenem se mantienen como antimicrobianos de última línea para infecciones graves por *Escherichia coli*, cuyo uso debe restringirse a situaciones clínicamente justificadas, bajo principios de optimización del uso de antimicrobianos, para preservar su eficacia terapéutica (Tamma et al., 2022; Zhou et al., 2021).

La presencia de cepas con perfiles de multirresistencia en productos cárnicos representa un riesgo directo de transmisión de genes de resistencia a humanos a través de la cadena alimentaria, fenómeno respaldado por estudios que han demostrado la relevancia clínica y epidemiológica de la resistencia antimicrobiana a escala global (Antimicrobial Resistance Collaborators, 2022). Esta situación limita severamente las opciones terapéuticas disponibles para el tratamiento de infecciones derivadas del consumo de productos contaminados, incrementando el riesgo de resultados clínicos adversos, particularmente en poblaciones vulnerables (World Health Organization, 2022).

Los resultados evidencian la necesidad de consolidar la vigilancia integrada de la resistencia antimicrobiana en la cadena cárnica, fortalecer la optimización del uso de antimicrobianos en producción animal y reforzar las medidas higiénico-sanitarias durante el faenado y procesamiento, en concordancia con los sistemas de monitoreo promovidos por la World Health Organization (2022) y el informe conjunto de la EFSA y el ECDC (2024). La articulación intersectorial bajo el enfoque One Health es esencial para contener la diseminación de Enterobacteriales resistentes y preservar la eficacia de los antibióticos críticos.

En conjunto, los hallazgos obtenidos sugieren la existencia de fallas estructurales en diversos eslabones de la cadena cárnica local, que incluyen el uso empírico y no siempre supervisado de antimicrobianos en la producción animal, así como deficiencias en los protocolos de higiene y control sanitario durante el faenado, procesamiento y comercialización, especialmente en mercados informales. Este escenario coincide con lo descrito por Van Boeckel et al. (2019) y Tang et al. (2023), quienes señalan que la presión selectiva derivada del uso inadecuado de antimicrobianos en sistemas pecuarios favorece la emergencia y diseminación de bacterias resistentes a lo largo de la cadena alimentaria.

Frente a este contexto epidemiológico, se vuelve imprescindible la adopción de un enfoque integral bajo el concepto de Una sola salud (*One Health*), que permita articular intervenciones coordinadas entre los sectores de salud humana, sanidad animal y ambiente. Tang et al. (2023) destacan que la integración de sistemas de vigilancia, la optimización del uso de antimicrobianos y el fortalecimiento de las medidas de bioseguridad constituyen pilares estratégicos para contener la expansión de la resistencia antimicrobiana y mitigar su impacto en salud pública.

Conclusiones

La distribución de *Escherichia coli* y *Staphylococcus aureus* en carnes de Loja refleja dinámicas específicas de contaminación a lo largo de la cadena productiva: la predominancia de *E. coli* en pollo (11,29 %) se asocia con la alta carga fecal avícola y con la mayor probabilidad de contaminación durante el faenado y procesamiento, mientras que la concentración de *S. aureus* en carnes rojas (res 12,33 %; cerdo 10,71 %) evidencia una fuente de contaminación antropozoonótica vinculada a la manipulación

humana y a la presencia de este patógeno en piel y mucosas durante el faenado. Estos hallazgos subrayan la necesidad de implementar medidas higiénico-sanitarias diferenciadas y adaptadas a cada tipo de carne, con énfasis en la descontaminación superficial en avicultura y en el control de portadores humanos durante el despiece de carnes rojas, particularmente en mercados informales donde los protocolos de bioseguridad son deficientes.

El perfil de resistencia de *Escherichia coli* y *Staphylococcus aureus* evidencia la intensa presión selectiva generada por el uso empírico de antimicrobianos en producción animal intensiva. Si bien la susceptibilidad universal a imipenem representa un hallazgo favorable, este estado es extremadamente frágil ante el riesgo emergente de carbapenemasas en reservorios zoonóticos. Por ello, se debe implementar vigilancia molecular de genes de alto riesgo, como bla_{CTX-M}, mecA y tet, en mataderos y otros puntos críticos de la cadena cárnica. Estas medidas deben articularse bajo un enfoque intersectorial de Una sola salud para mitigar la transmisión zoonótica de patógenos multirresistentes y preservar la eficacia terapéutica de los antimicrobianos.

Referencias

- Agencia de Regulación y Control Fito y Zoosanitario (AGROCALIDAD). (2020, August 7). *Agrocalidad vigila y controla la inocuidad de cadenas láctea y cárnica*. <https://www.agrocalidad.gob.ec/agrocalidad-vigila-y-controla-la-inocuidad-de-cadenas-lactea-y-carnica/>
- Argudín, M. Á., Mendoza, M. C., & Rodicio, M. R. (2010). Food poisoning and *Staphylococcus aureus* enterotoxins. *Toxins*, 2(7), 1751–1773. <https://doi.org/10.3390/toxins2071751>
- Belotindos, L., Villanueva, M., Miguel, J., Jr., Bwalya, P., Harada, T., Kawahara, R., Nakajima, C., Mingala, C., & Suzuki, Y. (2021). Prevalence and characterization of quinolone-resistance determinants in *Escherichia coli* isolated from food-producing animals and animal-derived food in the Philippines. *Antibiotics*, 10(4), 413. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10040413>

- Mejia, L., Vela, G., & Zapata, S. (2021). High occurrence of multiresistant *Salmonella Infantis* in retail meat in Ecuador. *Foodborne Pathogens and Disease*, 18(1), 41–48. <https://doi.org/10.1089/fpd.2020.2808>
- Silva-de-Jesus, A. C., Ferrari, R. G., Panzenhagen, P., dos Santos, A. M. P., Portes, A. B., & Conte-Junior, C. A. (2025). Distribution of antimicrobial resistance and biofilm production genes in the genomic sequences of *Staphylococcus aureus*: A global *in silico* analysis. *Antibiotics*, 14(4), 364. <https://doi.org/10.3390/antibiotics14040364>
- European Food Safety Authority (EFSA), & European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). (2024). The European Union One Health 2023 zoonoses report. *EFSA Journal*, 22(12), e9106. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2024.9106>
- Food and Agriculture Organization of the United Nations. (2024, February 12). *Cross-contamination from the viscera and faeces of infected birds during poultry processing* (Codex Committee on Food Hygiene, 54th Session, agenda item 11 working document). https://www.fao.org/fao-who-codexalimentarius/sh-proxy/es/?lnk=1&url=https%253A%252F%252Fworkspace.fao.org%252Fsites%252Fcodex%252FMeetings%252FCX-712-54%252FWorking%2BDocuments%252Ffh54_12e.pdf
- Lambrecht, E., Van Coillie, E., Van Meervenne, E., Boon, N., Heyndrickx, M., & Van de Wiele, T. (2019). Commensal *E. coli* rapidly transfer antibiotic resistance genes to human intestinal microbiota in the Mucosal Simulator of the Human Intestinal Microbial Ecosystem (M-SHIME). *International Journal of Food Microbiology*, 311, 108357. <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2019.108357>
- Liu, C. M., Stegger, M., Aziz, M., Johnson, T. J., Waits, K., Nordstrom, L., Gauld, L., Weaver, B., Rolland, D., Statham, S., Horwinski, J., Sariya, S., Davis, G. S., Sokurenko, E., Keim, P., Johnson, J. R., & Price, L. B. (2018). *Escherichia coli* ST131-H22 as a foodborne uropathogen. *mBio*, 9(4), e00470-18. <https://doi.org/10.1128/mBio.00470-18>

- Thapaliya, D., Forshey, B. M., Kadariya, J., Quick, M. K., Farina, S., O'Brien, A., Nair, R., Nworie, A., Hanson, B., & Kates, A. (2017). Prevalence and molecular characterization of *Staphylococcus aureus* in commercially available meat over a one-year period in Iowa, USA. *Food Microbiology*, *65*, 122–129. <https://doi.org/10.1016/j.fm.2017.01.015>
- Zhou, R., Fang, X., Zhang, J., Zheng, X., Shangguan, S., Chen, S., Shen, Y., Liu, Z., Li, J., Shen, J., Walsh, T. R., & Wang, Y. (2021). Impact of carbapenem resistance on mortality in patients infected with *Enterobacteriaceae*: A systematic review and meta-analysis. *BMJ Open*, *11*(12), e054971. <https://doi.org/10.1136/bmjopen-2021-054971>
- Krause, K. M., Serio, A. W., Kane, T. R., & Connolly, L. E. (2016). Aminoglycosides: An overview. *Cold Spring Harbor Perspectives in Medicine*, *6*(6), a027029. <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a027029>
- Islam, M. A., Karim, M. R., Siddiki, S. H. M. F., Islam, M. S., Rahman, S. A., Alam, M. S., & Saha, M. (2025). Poultry fecal *Escherichia coli* contaminate soil, water, and vegetables in Gazipur, Bangladesh: Potential implications for the environment and public health. *Poultry Science*, *104*(12), 105998. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2025.105998>
- Léguillier, V., Pinamonti, D., Chang, C.-M., Gunjan, Mukherjee, R., Himanshu, Cossetini, A., Manzano, M., Anba-Mondoloni, J., Malet-Villemagne, J., & Vidic, J. (2024). A review and meta-analysis of *Staphylococcus aureus* prevalence in foods. *The Microbe*, *4*, 100131. <https://doi.org/10.1016/j.microb.2024.100131>
- Antimicrobial Resistance Collaborators. (2022). Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: A systematic analysis. *The Lancet*, *399*(10325), 629–655. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(21\)02724-0](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(21)02724-0)
- Ortega-Paredes, D., de Janon, S., Villavicencio, F., Ruales, K. J., De La Torre, K., Villacís, J. E., Wagenaar, J. A., Matheu, J., Bravo-Vallejo, C., Fernández-Moreira, E., & Vinuesa-Burgos, C. (2020). Broiler farms and carcasses are an

- important reservoir of multi-drug resistant *Escherichia coli* in Ecuador. *Frontiers in Veterinary Science*, 7, 547843. <https://doi.org/10.3389/fvets.2020.547843>
- Partridge, S. R., Kwong, S. M., Firth, N., & Jensen, S. O. (2018). Mobile genetic elements associated with antimicrobial resistance. *Clinical Microbiology Reviews*, 31(4), e00088-17. <https://doi.org/10.1128/CMR.00088-17>
- Plaza-Rodríguez, C., Mesa-Varona, O., Alt, K., Grobbel, M., Tenhagen, B.-A., & Kaesbohrer, A. (2021). Comparative analysis of consumer exposure to resistant bacteria through chicken meat consumption in Germany. *Microorganisms*, 9(5), 1045. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9051045>
- Ramirez, M. S., & Tolmasky, M. E. (2010). Aminoglycoside modifying enzymes. *Drug Resistance Updates*, 13(6), 151–171. <https://doi.org/10.1016/j.drup.2010.08.003>
- Amancha, G., Celis, Y., Irazabal, J., Falconi, M., Villacís, K., Thekkur, P., Nair, D., Perez, F., & Verdonck, K. (2023). High levels of antimicrobial resistance in *Escherichia coli* and *Salmonella* from poultry in Ecuador. *Revista Panamericana de Salud Pública*, 47, e15. <https://doi.org/10.26633/RPSP.2023.15>
- Ramírez-Bayard, I. E., Mejía, F., Medina-Sánchez, J. R., Cornejo-Reyes, H., Castillo, M., Querol-Audi, J., & Martínez-Torres, A. O. (2023). Prevalence of plasmid-associated tetracycline resistance genes in multidrug-resistant *Escherichia coli* strains isolated from environmental, animal, and human samples in Panama. *Antibiotics*, 12(2), 280. <https://doi.org/10.3390/antibiotics12020280>
- Ruiz-Lievano, A. P., Cervantes-Flores, F., Nava-Torres, A., Carbajal-Morales, P. J., Villaseñor-García, L. F., Zavala-Cerna, M. G., & Silva, N. (2024). Fluoroquinolone resistance in *Escherichia coli* causing community-acquired urinary tract infections: A systematic review. *Microorganisms*, 12(11), 2320. <https://doi.org/10.3390/microorganisms12112320>
- Vinueza-Burgos, C., Cevallos, M., Ron-Garrido, L., Bertrand, S., & De Zutter, L. (2016). Prevalence and diversity of *Salmonella* serotypes in Ecuadorian broilers at slaughter age. *PLOS ONE*, 11(7), e0159567. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0159567>

- Sun, H., Zhai, W., Fu, Y., Li, R., & Bai, L. (2021). Co-occurrence of plasmid-mediated resistance genes tet(X4) and blaNDM-5 in a multidrug-resistant *Escherichia coli* isolate recovered from chicken in China. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, 24, 415–417. <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2021.02.010>
- Song, M., Tang, Q., Ding, Y., Tan, P., Zhang, Y., Wang, T., Zhou, C., Xu, S., Lyu, M., Bai, Y., & Ma, X. (2024). *Staphylococcus aureus* and biofilms: Transmission, threats, and promising strategies in animal husbandry. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, 15(1), 44. <https://doi.org/10.1186/s40104-024-01007-6>
- Tamma, P. D., Aitken, S. L., Bonomo, R. A., Mathers, A. J., van Duin, D., & Clancy, C. J. (2022). Infectious Diseases Society of America 2022 guidance on the treatment of extended-spectrum β -lactamase producing *Enterobacterales* (ESBL-E), carbapenem-resistant *Enterobacterales* (CRE), and *Pseudomonas aeruginosa* with difficult-to-treat resistance (DTR-*P. aeruginosa*). *Clinical Infectious Diseases*, 75(2), 187–212. <https://doi.org/10.1093/cid/ciac268>
- Tang, K. W. K., Millar, B. C., & Moore, J. E. (2023). Antimicrobial resistance (AMR). *British Journal of Biomedical Science*, 80, 11387. <https://doi.org/10.3389/bjbs.2023.11387>
- Rashid, Y. H., Chaula, D. N., & Selemani, I. S. (2024). Assessment of bacterial contamination of the beef at the Tanzania selected abattoirs. *Journal of Applied Animal Research*, 52(1). <https://doi.org/10.1080/09712119.2024.2401544>
- Van Boeckel, T. P., Pires, J., Silvester, R., Zhao, C., Song, J., Criscuolo, N. G., Gilbert, M., Bonhoeffer, S., & Laxminarayan, R. (2019). Global trends in antimicrobial resistance in animals in low- and middle-income countries. *Science*, 365(6459), eaaw1944. <https://doi.org/10.1126/science.aaw1944>
- Valenzuela, X., Hedman, H., Villagomez, A., Cardenas, P., Eisenberg, J. N. S., Levy, K., Zhang, L., & Trueba, G. (2023). Distribution of blaCTX-M-gene variants in *E. coli* from different origins in Ecuador. *Medicine in Microecology*, 18, 100092. <https://doi.org/10.1016/j.medmic.2023.100092>

- Vinueza-Burgos, C., Ortega-Paredes, D., Narváez, C., De Zutter, L., & Zurita, J. (2019). Characterization of cefotaxime resistant *Escherichia coli* isolated from broiler farms in Ecuador. *PLOS ONE*, *14*(4), e0207567. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0207567>
- Vergara, A., Normanno, G., Di Ciccio, P., Pedonese, F., Nuvoloni, R., Parisi, A., Santagada, G., Colagiorgi, A., Zanardi, E., Ghidini, S., & Ianieri, A. (2017). Biofilm formation and its relationship with the molecular characteristics of food-related methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA). *Journal of Food Science*, *82*(10), 2364–2370. <https://doi.org/10.1111/1750-3841.13846>
- World Health Organization. (2022). *Global antimicrobial resistance and use surveillance system (GLASS) report: 2022*. <https://iris.who.int/items/8dd7c86a-89bd-4db8-8e59-feb3a53260a5>
- Sher, A. A., Whitehead-Tillery, C. E., Peer, A. M., Bell, J. A., Vocelle, D. B., Dippel, J. T., Zhang, L., & Mansfield, L. S. (2025). Dynamic spread of antibiotic resistance determinants by conjugation to a human-derived gut microbiota in a transplanted mouse model. *Antibiotics*, *14*(2), 152. <https://doi.org/10.3390/antibiotics14020152>

Los autores no tienen conflicto de interés que declarar. La investigación fue financiada por la Universidad Nacional de Loja y los autores.

Copyright (2026) © Jessica Ilenia Valdivieso Tituana, Roberto Claudio Bustillos Huilca, Jonnathan Gerardo Ortiz Tejedor

Este texto está protegido bajo una licencia
[Creative Commons de Atribución Internacional 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)

