Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar, Ciudad de México, México.
ISSN 2707-2207 / ISSN 2707-2215 (en línea), septiembre-octubre 2026,
Volumen 10, Número 5.

https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v10i5

# RESISTENCIA ANTIMICROBIANA EN *Escherichia Coli* AISLADAS DE AVES MIGRATORIAS: REVISIÓN SISTEMÁTICA

ANTIMICROBIAL RESISTANCE IN *Escherichia Coli* ISOLATED FROM MIGRATORY BIRDS: A SYSTEMATIC REVIEW

**Samantha Allison Rodriguez Molina**
Universidad Técnica de Ambato, Ecuador

**Jaine Labrada Ching**
Universidad Técnica de Ambato, Ecuador

DOI: https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v10i5.26280

# Resistencia Antimicrobiana en *Escherichia Coli* aisladas de Aves Migratorias: Revisión Sistemática

**Samantha Allison Rodriguez Molina**[1]
srodriguez5529@uta.edu.ec
https://orcid.org/0009-0002-2038-4956
Universidad Técnica de Ambato
Ambato - Ecuador

**Jaine Labrada Ching**
j.labrada@uta.edu.ec
https://orcid.org/0009-0006-0577-9860
Universidad Técnica de Ambato
Ambato - Ecuador

**RESUMEN**

La resistencia antimicrobiana (RAM) en *Escherichia coli* es un problema mundial importante, afecta a los seres humanos, animales y el medio ambiente. Las aves migratorias han sido estudiadas para este problema, sin embargo todavía existen lagunas de información. La presente revisión recopiló los hallazgos de 29 artículos publicados entre los años 2016 y 2026, sobre este problema, centrándose en reportar la resistencia fenotípica y genotípica estudiada en estas aves. El análisis reveló alta herogeneidad en los paises de estudio, siendo Asia el continente con más artículos reportados. Además, existe una notable variedad en las especies y familias estudiadas, siendo *Anatidae, Accipitridae* y *Laridae* las más reportadas. Los hallazgos antimicrobianos demostraron mayor prevalencia de resistencia en betalactámicos y tetraciclinas, además se encontraron una fuerte presencia de *E.coli* multirresistente (MDR) en los estudios. Los mecanismos de resistencia más reportados fue la producción de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) y tipo AmpC, se analizaron de acuerdo a la prioridad dentro de la lista de antimicriobanos de importancia crítica para la medicina humana (CIA) de la Organización Mundila de la Salud (OMS). Se enfatiza la necesidad de mejorar las estrategias de control ambiental para mitigar la RAM en aves migratorias.

***Palabras clave:*** aves migratorias, resistencia antimicrobiana, *Escherichia coli*, una sola salud

[1] Autor principal.
Correspondencia: srodriguez5529@uta.edu.ec

# Antimicrobial resistance in *Escherichia coli* isolated from migratory birds: A systematic review


## ABSTRACT

Antimicrobial resistance (AMR) in Escherichia coli is a major global problem that affects humans, animals, and the environment. Migratory birds have been studied in relation to this problem; however, there are still gaps in the information. This review compiled the findings from 29 articles published between 2016 and 2026 on this issue, focusing on reporting the phenotypic and genotypic resistance studied in these birds. The analysis revealed high heterogeneity among the countries studied, with Asia being the continent with the most reported articles. Furthermore, there is a notable variety in the species and families studied, with Anatidae, Accipitridae, and Laridae being the most frequently reported. The antimicrobial findings demonstrated a higher prevalence of resistance to beta-lactams and tetracyclines; in addition, a strong presence of multidrug-resistant (MDR) E. coli was found in the studies. The most commonly reported resistance mechanisms were the production of extended-spectrum beta-lactamases (ESBLs) and AmpC-type beta-lactamases; these were analyzed according to their priority on the World Health Organization's (WHO) list of critically important antimicrobials for human medicine (CIA). The need to improve environmental control strategies to mitigate AMR in migratory birds is emphasized.



***Keywords*:** migratory birds, antimicrobial resistance, *Escherichia coli*, one health

*Artículo recibido 06 septiembre 2026*

*Aceptado para publicación: 10 octubre 2026*

## INTRODUCCIÓN

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) representa una amenaza de escala mundial en ámbitos de salud humana, animal y ambiental (Rizwan *et al*., 2025; Wellington *et al*., 2013). *Escherichia coli* es uno de los patógenos oportunistas de mayor relevancia clínica global debido a su distribución cosmopolita (Mbuthia *et al*., 2025). Gracias a esa característica, funciona como un biomarcador para monitorear la evolución y alcance de la resistencia bacteriana en diferentes regiones geográficas (Ong *et al*., 2020). La vigilancia de la RAM ha sido centrada principalmente en entornos hospitalarios y el sector agropecuario debido al uso indiscriminado e injustificado de antimicrobianos (Allen *et al*., 2010). Sin embargo, en los últimos años el enfoque de "Una sola salud" ha cubierto una interfaz de estudio entre fauna silvestre y humanos que se está desarrollando con mayor rigurosidad (Ishag *et al*., 2024).

Dentro de este esquema están las aves migratorias, especies a las que se les ha atribuido el rol de actores epidemiológicos para diversas patologías cuya diseminación y ecología se desconocía hasta hace poco (Ali *et al*., 2026). Su función como reservorios y vectores biológicos de bacterias multirresistentes ha conducido al estudio de sus rutas migratorias e interacciones con actividades antrópicas y su posible relación con los caracteres de resistencia ante los antimicrobianos de uso común (Olowu, 2026). La adquisición de cepas resistentes de *E. coli* por parte de aves migratorias facilita su diseminación en amplias áreas geográficas debido al comportamiento natural de estas especies (Halac, Kekec, Ozsemir *et al*., 2026), y, a su vez, exponen este agente a nuevas poblaciones humanas y animales (Cocoș *et al*., 2025; Dolejska & Literak, 2019).

La caracterización de RAM puede dividirse en fenotípica y genotípica (Magiorakos *et al*., 2012). A nivel fenotípico se observa la capacidad de las cepas de *E. coli* para multiplicarse en un entorno controlado, en el cual se disponen concentraciones clínicas de distintos antibióticos (Jorgensen & Ferraro, 2009). Su grado de supervivencia es medido a través de la distancia que abarca el halo de inhibición, desde la periferia del disco imbuido en antibiótico hasta el final visible del halo (Kahlmeter *et al*., 2006). La caracterización genotípica es más compleja e implica el uso de herramientas moleculares, que acuden a un repertorio de genes responsables de la RAM que albergan distintas bacterias, entre ellas *E. coli* (Cagnoli *et al*., 2024). Estos genes son generalmente transferidos de forma horizontal, proceso mediado por elementos genéticos móviles como plásmidos, integrones y transposones (Partridge *et al*., 2018); a

su vez, estos catalizadores son detectados en el análisis genético (Wang *et al*., 2017). No existe una correlación lineal entre perfiles genotípicos y fenotípicos de RAM en *E. coli* (Lanz *et al*., 2003), dado que pueden existir cepas de esta bacteria cuyos genes de resistencia pueden permanecer silentes y no expresarse fenotípicamente (Enne *et al*., 2008). Estos genes pueden activarse posteriormente o ser transferidos a futuras generaciones (Stasiak *et al*., 2021).

La información científica reciente sobre la RAM de *E. coli* aislada de aves migratorias se encuentra dispersa geográficamente (Mbuthia *et al*., 2025). Esta investigación se propone determinar las principales familias de antibióticos a las que *E.coli* ha mostrado resistencia bajo el enfoque de Una sola salud, así como identificar la presencia de resistencia fenotípicos y genotípicos de esta bacteria aislada de aves migratorias en distintas regiones geográficas.

## METODOLOGÍA

Se realizó una revisión sistemática siguiendo la metodología PRISMA (Page *et al*., 2021). El objetivo de la búsqueda sistemática es resumir los datos disponibles sobre aves migratorias como posibles reservorios de resistencia a *Escherichia coli* a nivel mundial. La búsqueda se limitó a publicaciones entre los años 2016 y 2026, se incluyeron bases de datos como PubMed y Scopus; además de una búsqueda gris del motor de búsqueda Google Scholar. Se utilizó la combinación de palabras clave y operadores booleanos: "Antimicrobial Resistance" OR "Drug Resistance, Multiple, Bacterial" AND "*Escherichia coli*" AND "Migratory Birds" OR "Waterfowl" OR "Avian".

### Criterios de inclusión

Se incluyeron estudios originales publicados en revistas científicas, que reportaron el aislamiento de E. coli en muestras biológicas de aves migratorias silvestres. Estudios que presentaron datos fenotípicos y/o genotípicos de resistencia en E. coli. Se incluyeron estudios sin considerar los límites geográficos. Estudios con texto completo en inglés o español.

### Criterios de exclusión

Quedaron excluidos: estudios realizados exclusivamente en aves de corral, aves domésticas o aves en cautiverio sin historial migratorio confirmado; cartas al editor, editoriales o trabajos presentados en conferencias; investigaciones que no especifiquen los métodos de identificación bacteriana o las pruebas de susceptibilidad antimicrobiana; y, aquellos trabajos duplicados o con datos insuficientemente

reportados que impidieron su correcta interpretación. Además de estudios que no aislaron la resistencia a *E. coli* y aves migratorias.

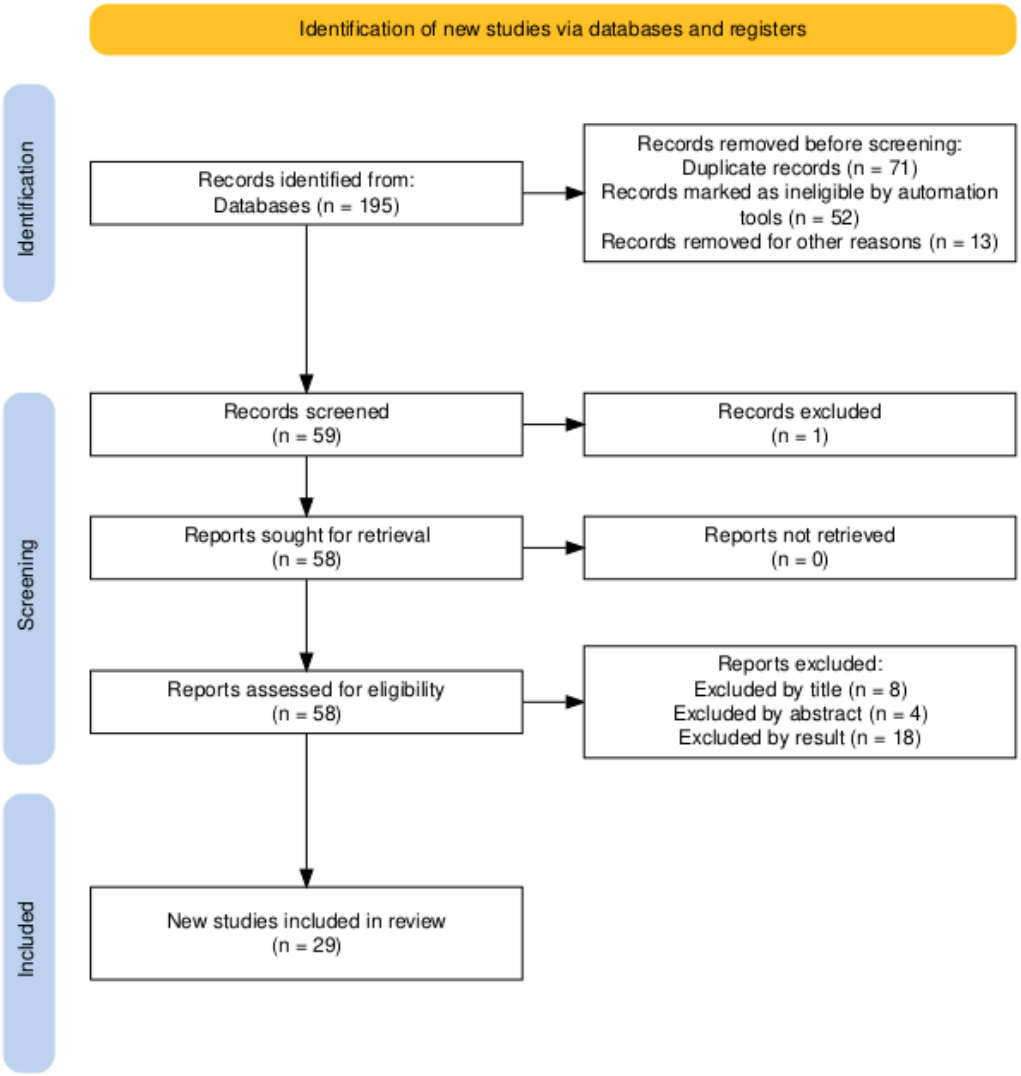
**Identificación y selección de artículos**

Se identificaron un total de 195 artículos recolectados en las bases de datos, fueron eliminados un total de 136 antes del cribado, incluyendo duplicados y aquellos que no entraban en el rango de años. Quedaron 59 artículos para cribar, se excluyó un artículo por idioma (ruso). Posteriormente se evaluó la elegibilidad de los 58 artículos restantes, revisando títulos, resúmenes y resultados. Se excluyeron 30 artículos que no se centraban en la resistencia a E. coli y en aves migratorias. Finalmente, 29 artículos cumplieron con los criterios de inclusión y se incluyeron dentro de la revisión sistemática (Figura 1).

**Extracción de datos**

Se realizó una tabla de extracción de datos estandarizada en Excel que contempló cuatro categorías principales. La primera categoría incluyó las características del estudio: autor(es), año de publicación, país y continente. La segunda categoría abarcó las características de las aves: especie, familia taxonómica y ruta migratoria. La tercera categoría comprendió las características microbiológicas: número de aislados de *E. coli*, método de identificación y sitio de aislamiento. La cuarta categoría registró la resistencia fenotípica, especificando los antimicrobianos evaluados, el método de susceptibilidad empleado y el porcentaje de resistencia por familia y/o antimicrobianos. Adicionalmente, se registró información de resistencia genotípica. Por último, se demostró los aislados multirresistentes (MDR), definiendo el criterio utilizado.

**Figura 1**. Diagrama PRISMA de revisión sistemática




Nota: Elaboración propia utilizando el programa PRISMA2020: An R package and Shiny app for producing PRISMA 2020-compliant flow diagrams, with interactivity for optimised digital transparency and Open Synthesis Campbell Systematic Reviews (Haddaway et al., 2021).

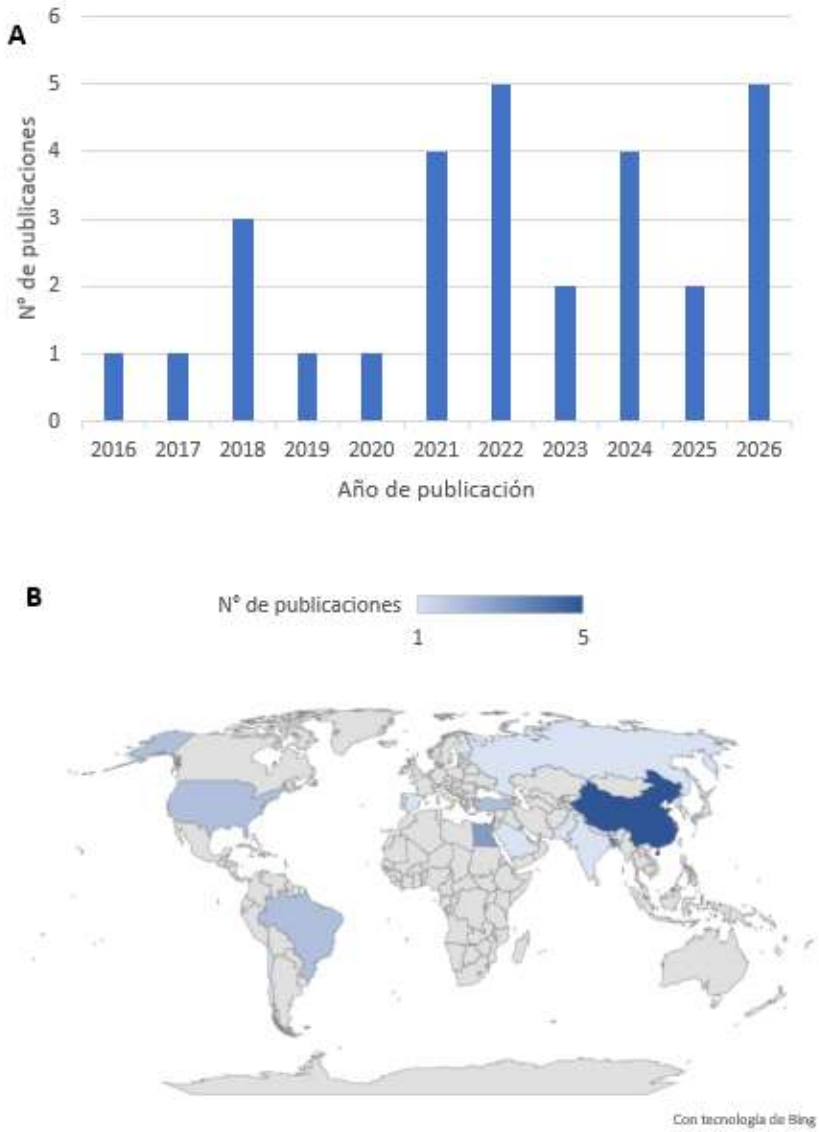
## RESULTADOS

### Distribución de los estudios por ciudad y año de publicación

Dentro de la revisión sistemática de los 29 artículos seleccionados sobre *E. coli* aislada en aves migratorias, se muestra una tendencia fluctuante durante el periodo de estudio (Fig. 2A). Los picos de mayor producción científica se reportan en los años 2022 (23.8%, 5/21) y 2026 (23.8%, 5/21). Se sugiere un creciente interés en la vigilacia de este tema en los últimos años. Los estudios se reportaron en cinco continentes, con la mayor procedencia en Asia (58.6%, 17/29), seguido de América (17.2%, 5/29), África (13.7%, 4/29), Europa (10.3%, 3/29) (Fig. 2B). Estos estudios se reportaron en 17 países, siendo los países con mayor número de publicaciones China (17.2%, 5/29), Bangladesh (13.7%, 4/29) y Egipto

(10.3, 3/29).

**Figura 2**. Distribución de datos bibliográficos por año y país de publicación.




Nota**:** (A) Número de publicaciones sobre Resistencia Antimicrobiana (RAM) de E. coli en aves migratorias por año. (B) Número de publicación sobre RAM de E. coli por país. Elaboración propia con la tecnología de Bing.

**Familias y especies de aves migratorias con reportes de RAM a E. coli**

Se registraron un total de 82 especies de aves migratorias, distribuidas en 29 familias de aves (Tabla 1). Las familias con más especimenes reportadas fueron *Anatidae* con un 15.8%, seguido de *Accipitridae* con un 10.9%, *Laridae* con 9.7% y *Scolopacidae* con 9.7%. Dentro de los tipos de migraciones se reportaron de distancia larga (40.2% 33/82), de distancia media (2.4% 2/82), de corta distancia (6.0% 5/82). Por otro lado, se identificaron aves parcialmente migratorias (51.2% 42/82), siendo los especimenes más estudiados en relación a los artículos seleccionados.

**Tabla 1.** Especie y familia taxonómica de aves que reportan resistencia a E. coli

| Familia taxonómica | Especie | Estatus | Referencia |
|---|---|---|---|
| ***Accipitridae*** | *Neophron percnopterus* | ML | (Sharma *et al*., 2018) |
| | *Haliaeetus leucocephalus* | PM | (Ahlstrom *et al*., 2018) |
| | *Accipiter gentilis* | PM | (Song *et al*., 2022) |
| | *Milvus migrans* | ML | (Tarabai *et al*., 2023) |
| | *Accipiter brevipes* | ML | (Halac, Kekec, Ozsemir *et al*., 2026) |
| | *Buteo buteo* | PM | (Halaç, Kekec, Çelik *et al*., 2026) |
| | *Accipiter nisus* | PM | (Halaç, Kekec, Çelik *et al*., 2026) |
| | *Pernis apivorus* | ML | (Halac, Kekec, Ozsemir *et al*., 2026) |
| | Varias especies de águilas* | PM | (Halac, Kekec, Ozsemir *et al*., 2026) |
| ***Alcedinidae*** | *Alcedo atthis* | PM | (Rahman *et al*., 2024) |
| ***Anatidae*** | *Anas platyrhynchos* | PM | (Mohsin *et al*., 2017)(Nabil *et al*., 2020)(Yoshimoto *et al*., 2026) |
| | *Aythya ferina* | PM | (Mohsin *et al*., 2017)(Nabil *et al*., 2020) (Elsohaby *et al*., 2021)(Tawakol *et al*., 2024)(Huang *et al*., 2025) |
| | *Netta rufina* | PM | (Mohsin *et al*., 2017)(Rahman *et al*., 2024) |
| | *Spatula clypeata* | ML | (Mohsin *et al*., 2017)(Ahmed *et al*., 2019)(Nabil *et al*., 2020)(Tawakol *et al*., 2024)(Huang *et al*., 2025) |
| | *Anas penelope* | ML | (Mohsin *et al*., 2017)(Tawakol *et al*., 2024) |
| | *Spatula querquedula* | ML | (Ahmed *et al*., 2019)(Nabil *et al*., 2020)(Tawakol *et al*., 2024) |
| | *Anas crecca* | PM | (Ahmed *et al*., 2019)(Nabil *et al*., 2020)(Tawakol *et al*., 2024) |
| | *Anas acuta* | ML | (Nabil *et al*., 2020)(Tawakol *et al*., 2024) |
| | *Branta leucopsis* | ML | (Kurittu *et al*., 2021) |
| | *Tadorna ferruginea* | PM | (Elsohaby *et al*., 2021) |
| | *Tadorna tadorna* | PM | (Tawakol *et al*., 2024)(Huang *et al*., 2025) |
| | Varias especies de cisnes* | PM | (Merkeviciene *et al*., 2018)(Huang *et al*., 2025) |
| | Varias especies de patos* | PM | (Merkeviciene *et al*., 2018)(Huang *et al*., 2025) |
| ***Apodidae*** | *Tachymarptis melba* | ML | (Halac, Kekec, Ozsemir *et al*., 2026) |
| | *Chaetura pelagica* | ML | (Halac, Kekec, Ozsemir *et al*., 2026) |
| ***Ardeidae*** | *Egretta thula* | PM | (Huang *et al*., 2025) |
| | *Bubulcus ibis* | PM | (Huang *et al*., 2025) |
| | *Butorides striata* | PM | (Huang *et al*., 2025) |
| | *Ixobrychus eurhythmus* | ML | (Huang *et al*., 2025) |
| | *Ixobrychus flavicollis* | MC | (Huang *et al*., 2025) |
| | *Ardeola ralloides* | ML | (Halac, Kekec, Ozsemir *et al*., 2026) |
| | *Nycticorax nycticorax* | PM | (Huang *et al*., 2025) |
| | Varias especies de garzas* | PM | (Huang *et al*., 2025) |

| ***Caprimulgidae*** | ***Caprimulgus europaeus*** | **ML** | **(Halaç, Kekec, Çelik *et al*., 2026)** |
|---|---|---|---|
| ***Ciconiidae*** | *Ciconia ciconia* | ML | (Martín-Maldonado *et al*., 2022)(Huang *et al*., 2025) |
| | Varias especies de cigüeña* | PM | (Halac, Kekec, Ozsemir *et al*., 2026) |
| ***Corvidae*** | Grajos spp. | PM | (Merkeviciene *et al*., 2018) |
| ***Falconidae*** | *Falco tinnunculus* | PM | (Song *et al*., 2022) |
| | *Falco subbuteo* | ML | (Song *et al*., 2022)(Halac *et al*., 2026) |
| | Varias especies de halcones* | PM | (Halac, Kekec, Ozsemir *et al*., 2026) |
| ***Fringillidae*** | Varias especies de pinzones* | PM | (Halac, Kekec, Ozsemir *et al*., 2026) |
| ***Gruidae*** | *Grus japonensis* | ML | (Huang *et al*., 2025) |
| ***Haematopodidae*** | *Haematopus ostralegus* | MC | (Zhang *et al*., 2022) |
| ***Laridae*** | *Larus glaucescens* | PM | (Atterby *et al*., 2016)(Ahlstrom *et al*., 2018) |
| | *Larus argentatus* | PM | (Atterby *et al*., 2016)(Ahlstrom *et al*., 2018) |
| | *Larus relictus* | MM | (Huang *et al*., 2025) |
| | *Larus ridibundus* | PM | (Zhang *et al*., 2022)(Martín-Maldonado *et al*., 2022) |
| | *Larus fuscus* | ML | (Martín-Maldonado *et al*., 2022) |
| | *Larus dominicanus* | MC | (Wink *et al*., 2022) |
| | *Larus pipixcan* | ML | (Suarez-Yana *et al*., 2024) |
| | *Larus spp.* | PM | (Merkeviciene *et al*., 2018) |
| ***Muscicapidae*** | *Erithacus rubecula* | PM | (Halaç, Kekec, Çelik *et al*., 2026) |
| ***Pelecanidae*** | *Pelecanus crispus* | ML | (Halac, Kekec, Ozsemir *et al*., 2026) |
| ***Phalacrocoracidae*** | *Microcarbo pygmaeus* | PM | (Halac, Kekec, Ozsemir *et al*., 2026) |
| ***Phasianidae*** | *Coturnix coturnix* | ML | (Nabil *et al*., 2020) |
| ***Phylloscopidae*** | *Phylloscopus trochilus* | ML | (Halaç, Kekec, Çelik *et al*., 2026) |
| ***Podicipedidae*** | *Tachybaptus ruficollis* | PM | (Elsohaby *et al*., 2021) |
| ***Rallidae*** | *Fulica atra* | PM | (Mohsin *et al*., 2017) |
| | *Gallinula chloropus* | PM | (Nabil *et al*., 2020)(Tawakol *et al*., 2024) |
| | *Porphyrio porphyrio* | MC | (Nabil *et al*., 2020) |
| ***Recurvirostridae*** | *Recurvirostra avosetta* | MM | (Elsohaby *et al*., 2021) |
| ***Rynchopidae*** | *Rynchops niger* | MC | (Moura *et al*., 2024) |
| ***Scolopacidae*** | *Tringa totanus* | PM | (Nabil *et al*., 2020) |
| | *Philomachus pugnax* | ML | (Nabil *et al*., 2020) |
| | *Calidris alpina* | ML | (Zhang *et al*., 2022) |
| | *Numenius arquata* | ML | (Zhang *et al*., 2022) |
| | *Calidris tenuirostris* | ML | (Cheng *et al*., 2025) |
| | *Xenus cinereus* | ML | (Cheng *et al*., 2025) |
| | *Calidris subminuta* | ML | (Cheng *et al*., 2025) |
| | *Calidris acuminata* | ML | (Cheng *et al*., 2025) |
| ***Spheniscidae*** | *Spheniscus magellanicus* | ML | (Wink *et al*., 2022) |

| | | | |
|---|---|---|---|
| ***Strigidae*** | ***Otus bakkamoena*** | **PM** | **(Song *et al*., 2022)** |
| | *Otus scops* | ML | (Song *et al*., 2022) (Halaç, Kekec, Çelik *et al*., 2026) |
| | Varias especies de búhos* | PM | (Halac, Kekec, Ozsemir *et al*., 2026) |
| ***Sturnidae*** | *Pastor roseus* | ML | (Mohsin *et al*., 2017) |
| | *Sturnus vulgaris* | PM | (Souguir *et al*., 2023) |
| | Estorninos spp. | PM | (Halac, Kekec, Ozsemir *et al*., 2026) |
| ***Sylviidae*** | *Sylvia atricapilla* | PM | (Halaç, Kekec, Çelik *et al*., 2026) |
| ***Threskiornithidae*** | *Plegadis falcinellus* | PM | (Nabil *et al*., 2020)(Rahman *et al*., 2024)(Halac *et al*., 2026) |
| | *Platalea minor* | ML | (Liang *et al*., 2026) |
| ***Turdidae*** | *Turdus merula* | PM | (Halaç, Kekec, Çelik *et al*., 2026) |
| | *Turdus philomelos* | PM | (Halaç, Kekec, Çelik *et al*., 2026) |
| **No especificado** | | NA | (Islam *et al*., 2021)(Yuan *et al*., 2021)(Islam *et al*., 2022)(Khatun *et al*., 2026) |

Nota: ML: migratorias de larga distancia; MM: migratorias de media distancia; MC: migratorias de corta distancia; PM: parcialmente migratoria; NA: no aplica; *no específica nombres científicos de las especies reportadas.

**Resistencia fenotipica reportada de E.coli en aves migratorias**

Los sitios de aislamiento más reportado fueron las muestras fecales (62%, 18/29), seguido de hisopados cloacales (27.5%, 8/29), muestras extraintestinales (10.3%, 3/29) y contenido intestinal (3.4%, 1/29). La detección fenotípica de resistencia antimicrobiana de *E.coli* se realizó en el 65% (19/29) de los artículos mediante diferentes métodos de identificación (Tabla 2). El método de suceptibilidad fue la difusión en disco (n=19), seguido de microdilución en caldo (n=7), prueba del epsilómetro (E-test) (n=5), paneles para identificación y antibiograma de Gram Negativos Phoenix™ (n=3), sinergia de doble disco (n=3), Vitek-2 Compact y ARIS 2X (n=1).

Se registraron un total de 47 antimicrobianos utilizados en los estudios. La familia de betalactámicos reportó el mayor número de antibioticos utilizados (51%, 24/47). Mientras que, dentro del grupo de polimixinas, se estudio solamente la colistina. Dentro del grupo “Otros” se reportaron las familias de nitrofuranos, rifamicinas, lincosamidas, glicilciclinas y fosfomicina (Tabla 2).

Debido a la alta heterogeneidad en los antimicrobianos analizados, las especies de aves y el número de aislados de *E.coli*, no se pudo realizar una identifiación de la prevalencia fenotípica de RAM de *E.coli* en los artículos incluidos en la revisión sistemática. Sin embargo, se reportó la presencia de MDR en un 72.4% (21/29) de los estudios. La evaluación metodológica de MDR mostró una notable heterogeneidad, alineándose con la definición estandarizada de Magiorakos *et al*. (2012), resistencia 3 o más

antimicrobianos.

**Mecanismos de resistencia antimicrobiana de E.coli descritas en aves migratorias**

Se identificaron genes de resistencia reportados en el 79.3% (23/29) de los estudios (tabla 3). Las técnicas moleculares utilizadas se centraron en Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) (34.5%, 10/29), combinación de PCR y Secuenciación de Genoma Completo (WGS) (27.6%, 8/29), y solamente WGS (24.1%, 7/29). La categoría de betalactámicos presenta mayor diversidad y frecuencia de reporte, específicamente genes que codifican beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE), Betalactamasas tipo AmpC y Carbapenemasas. Además se encontraron genes no betalactámicos, asociados a aminoglucósidos, polimixinas, macrólidos y quinolonas; que se encuentran el Lista de Antimicrobianos de Importancia Crítica (CIA) de la OMS (World Health Organization, 2018).

**Tabla 2.** Porcentaje de RAM por antimicrobiano de E. coli reportada en aves migratorias

| Referencia | *E. coli* (n) | Porcentaje de resistencia por familia (%) | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | βL | TC | QN/FQ | AMG | SUL | FEN | POL | MCL | Otros |
| **(Atterby *et al.*, 2016)** | 115 | AMP*: 27 y 15 | TET*: 44 y 5 | NAL*: 15 y 13 | STR*: 15 y 2 | TRS*: 9 y 0 | CHL*: 7 y 0 | COL*: 0 | ND | NIT*: 2 y 0 |
| | | CDR*: 16 y 0 | | | | | | | | |
| **(Mohsin *et al.*, 2017)** | 26 | AMP: 100 | TET: 84.6 | 73 | 88.4 | TRS: 92.3 | ND | COL: 3.8 | ND | ND |
| | | CTA*: 100 | DOX*: 80.7 | | | | | | | |
| | | CTZ*: 100 | | | | | | | | |
| **(Merkeviciene *et al.*, 2018)** | 60 | AZT*: 100 | ND | CIP*: 47 | AMI*: 0 | TRS: 44 | ND | NA | NA | NIT: 11 |
| | | CPO*: 100 | | | GEN*: 17 | | | | | |
| | | AMP: 82 | | | | | | | | |
| | | AMS*: 68 | | | | | | | | |
| | | CZO*: 66 | | | | | | | | |
| | | CTR*: 55 | | | | | | | | |
| **(Sharma *et al.*, 2018)** | 56 | AMP: 91.07 | TET: 57.14 | OFL*: 23.21 | GEN: 0 | TRS: 33.93 | CHL: 8.93 | NA | ERY*: 60.71 | RIF*: 30.36 |
| | | CTA: 35.71 | | CIP: 23.21 | | | | | | |
| | | CEP*: 23.21 | | | | | | | | |
| | | AMS*: 7.14 | | | | | | | | |
| | | IMI*: 0 | | | | | | | | |
| **(Nabil *et al.*, 2020)** | 55 | AMP: 82 | TET: 96 | CIP: 75 | STR: 85 | NA | NA | NA | ERY: 66 | NA |
| | | AMO*: 96 | DOX: 82 | | | | | | | |
| **(Islam *et al.*, 2021)** | 55 | AMP: 100 | TET: 63.64 | CIP: 50.91 | STR: 74.55 | NA | CHL: 43.64 | COL: 10.91 | ERY: 100 | NA |
| | | MER*: 7.27 | | | GEN: 10.91 | | | | | |
| | | CTR*: 0 | | | | | | | | |
| **(Yuan *et al.*, 2021)** | 478 | 43,70 | 22,60 | <5 | <5 | TRS: 13.8 | CHL: 11.1 | COL: 10.7 | NA | NA |
| **(Elsohaby *et al.*, 2021)** | 90 | AMP: 41.1 | DOX: 14.4 | CIP: 5.6 | KAN*: 21.1 | TRS: 25.6 | CHL: 12.2 | NA | NA | NA |
| | | AMC*: 8.9 | | | GEN: 12.2 | | | | | |
| | | CTA: 7.8 | | | | | | | | |
| | | IMI: 0 | | | | | | | | |
| **(Martín-Maldonado *et al.*, 2022)** | 38 | AMP: 34.2 | TET: 21.1 | NAL: 21.1 | GEN: 10.5 | TRS: 13.2 | CHL: 7.9 | NA | NA | NA |
| | | TIC*: 34.2 | | CIP: 18.4 | AMI: 0 | | | | | |
| | | AMC: 10.5 | | ENR*: 18.4 | | | | | | |
| | | CTZ: 2.6 | | | | | | | | |

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | | AZT: 2.6 | | | | | | | | |
| | | CXI*: 100 | | | | | | | | |
| | | CTF*: 100 | | | | | | | | |
| | | CTA*: 100 | | | | | | | | |
| | | IMI: 100 | | | | | | | | |
| **(Islam *et al.*, 2022)** | 55 | AMP: 100 | TET: 63.6 | CIP: 50.9 | STR: 74.5 | ND | CHL: 43.6 | NA | ERY: 100 | ND |
| **(Song *et al.*, 2022)** | 30 | AMP: 46.67 y 66.66 | TET: 33.33 y 66.66 | CIP: 6.67 y 60 | ND | ND | ND | COL: 0 | NA | NA |
| | | AMO: 13.33 y 26.67 | | | | | | | | |
| | | CTA: 0 y 6.67 | | | | | | | | |
| | | CXI*: 0 | | | | | | | | |
| | | IMI: 0 | | | | | | | | |
| **(Souguir *et al.*, 2023)** | 27 | AMO: 100 | TET: 37 | NAL: 25.9 | STR: 44.4 | SME*: 33.3 | CHL: 14.8 | COL: 0 | NA | NA |
| | | CTF: 100 | | ENR: 3.7 | GEN: 7.4 | TRI*: 18.5 | FLO*: 7.4 | | | |
| | | CTZ: 88.9 | | | TOB*: 7.4 | | | | | |
| | | AMC: 77.8 | | | KAN: 0 | | | | | |
| | | CXI: 63 | | | AMI: 0 | | | | | |
| | | CFQ**: 44.4 | | | APR*: 0 | | | | | |
| | | ERT*: 0 | | | NET*: 0 | | | | | |
| **(Tarabai *et al.*, 2023)** | 51 | CTA: 43 | ND | CIP: 13% | ND | ND | ND | COL: 5 | ND | ND |
| | | MER: 0 | | | | | | | | |
| **(Rahman *et al.*, 2024)** | 92 | AMP: 100 | TET: 100 | CIP: 14.29 | GEN: 14.29 | TRS: 42.46 | ND | ND | AZI*: 114.29 | AZT*: 0 |
| | | CTZ: 100 | | | | | | | | |
| | | CUR*: 100 | | | | | | | | |
| | | CXI: 100 | | | | | | | | |
| | | AMC: 0 | | | | | | | | |
| | | CTR*: 0 | | | | | | | | |
| **(Tawakol *et al.*, 2024)** | 224 | AMP: 0 - 51.7 | TET: 55.7 - 79.3 | NAL: 73.5 - 100 | GEN: 13.7 - 65.5 | SME*: 48.3 - 90.2 | ND | ND | ERY: 98.3 - 100 | CLI*: 70.7 - 94.1 |
| | | CTA: 20 - 51.7 | | CIP: 14.7 - 63.8 | AMI: 0 - 26.5 | | | | | |
| | | | | LEV*: 13.7 - 31.1 | KAN: 0 - 51.7 | | | | | |

| | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **(Cheng *et al.*, 2025)** | 4 | CTA: 100 | TET: 75 | ENR: 75 | GEN: 25 | TRS: 50 | FLO: 50 | COL: 0 | ND | MER*: 0 |
| | | AMP:100 | | LEV: 50 | AMI: 100 | | | | | TIG*: 0 |
| | | CTF: 100 | | | | | | | | |
| **(Khatun *et al.*, 2026)** | 100 | AMO: 100 | OXY*: 51.42 y 96.66 | NAL: 18.57 y 70 | STR: 72.85 y 96.66 | ND | CHL: 2.85 y 13.33 | ND | AZI: 34.28 y 80 | FOS*: 32.85 y 62.5 |
| | | AMC: 54.28 y 86.66 | DOX: 12.85 y 56.66 | CIP: 17.14 y 50 | GEN: 20 y 96.66 | | | | | |
| | | CXI: 57.14 y 93.33 | | LEV: 8.57 y 13.33 | AMI: 44.28 y 90 | | | | | |
| | | CTR: 12.85 y 56.66 | | | | | | | | |
| | | CUR: 21.42 y 66.66 | | | | | | | | |
| | | CLE: 65.71 y 93.33 | | | | | | | | |
| | | IMI: 11.42 y 46.66 | | | | | | | | |
| | | MER: 85.71 y 76.66 | | | | | | | | |
| **(Yoshimoto *et al.*, 2026)** | 51 | AMP: 10 | TET: 12 | LEV: 0 | GEN: 12 | TRS: 0 | CHL: 0 | ND | ND | ND |
| | | CTA: 12 | | | | | | | | |
| | | MER: 2.0 | | | | | | | | |
| | | AZT: 2.0 | | | | | | | | |
| | | TAZ*: 0 | | | | | | | | |
| | | PIP: 0 | | | | | | | | |
| **(Liang *et al.*, 2026)** | 74 | AMP: 20.27 | TET: 41.89 | CIP: 2.70 | GEN: 13.51 | TRS: 17.57 | CHL: 18.92 | COL: 4.05 | ND | ND |
| | | PIP: 6.76 | | LEV: 2.70 | | | | | | |
| | | CZO: 1.35 | | | | | | | | |
| | | CTA: 1.35 | | | | | | | | |
| | | AMS: 1.35 | | | | | | | | |

Nota: *Abreviaturas basadas en el sistema EUCAST (European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing). Recuperado de https://www.eucast.org/news-detail/eucast-system-for-abbreviating-antimicrobial-agents-update/; **Cefquinona; βL: Betalactámicos; TC: Tetraciclinas; QN/FQ: Quinolonas y Fluoroquinolonas; AMG: Aminoglucósidos; SUL: Sulfonamidas; FEN: Fenicoles; POL: Polimixinas; MCL: Macrólidos; ND: no detallado; NA: no aplica.

**Tabla 3.** Mecanismos de resistencia antimicrobiana reportados en *E. coli* de aves migratorias

| Referencia | BLEE | AmpC | CP | TC | AMG | SUL/ TMP | QN/FQ | FEN | MLS | POL | FOS | Otros |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **(Atterby *et al.*, 2016)** | *blaCTX-M-15, blaTEM-1* | blaCMY-2 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA |
| **(Mohsin *et al.*, 2017)** | blaCTX-M-15, blaCTX-M-1, blaTEM-1B, blaTEM-1C | NA | NA | tet(A), tet(B) | strA, strB, aadA1, aadA2, aadA5, aac(3)-IId, aac(3)-IVa, aph(4)-Ia | sul1, sul2, sul3, dfrA1, dfrA12, dfrA14, dfrA17 | qnrS1 | catA2, cmlA1 | NA | mcr-1 | fosA | NA |
| **(Merkeviciene *et al.*, 2018)** | blaTEM, blaSHV, blaOXA1, blaOXA3, blaCTX-M | blaCMY | NA | tetA, tetB | aadA, aphA1, aacA4, aac(3)II, strA, strB | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA |
| **(Ahlstrom *et al.*, 2018)** | blaCTX-M-55, blaCTX-M-14 | blaCMY-2, ampH, ampC2, mrdA, ampC1 | NA | NA | NA | sul1 | NA | NA | NA | NA | NA | NA |
| **(Ahmed *et al.*, 2019)** | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | mcr-1, mcr-2 | NA | NA |
| **(Kurittu *et al.*, 2021)** | blaCTX-M-1, blaCTX-M-15, blaTEM-1B, blaTEM-32 | blaCMY-2 | NA | tet(A) | aadA2b, aph(6)-Id, aph(3")-Ib, aadA1 | *sul2, dfrA14, dfrA5, dfrA1* | qnrS1 | floR | lnu(F) | NA | NA | mdf(A) |
| **(Yuan *et al.*, 2021)** | blaCTX-M, blaTEM-1 | NA | NA | tet(A), tet(B), tet(M) | NA | sul1, sul2, sul3 | NA | cmlA, floR | NA | NA | NA | NA |
| **(Elsohaby *et al.*, 2021)** | blaCTX-M, blaTEM, blaSHV | NA | NA | tet(A) | aac(3)-IV | NA | qnrA | NA | NA | NA | NA | NA |
| **(Zhang *et al.*, 2022)** | *blaCTX, blaTEM* | NA | blaNDM-5, blaNDM-4 | tet(X4), tet(A), tet(M) | aadA, aph | sul | qnr | floR | lnu | mcr-1 | NA | NA |

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **(Islam *et al.*, 2022)** | blaTEM, blaCTX-M, blaSHV | blaCMY | NA | tetA, tetB | aadA1 | NA | qnrA, qnrB | NA | NA | NA | NA | NA |
| **(Wink *et al.*, 2022)** | blaTEM-1, blaOXA-1 | NA | blaNDM-1 | tet(A) | aph(3')-Ib, aph(6)-Id, aph(3')-VI, aac(6')-Ib-cr | sul1, sul2 | qnrB2, aac(6')-Ib-cr | floR, catB3 | mph(A), erm(B) | NA | NA | ARR-3 |
| **(Souguir *et al.*, 2023)** | blaCTX-M-15, blaCTX-M-27, blaCTX-M-14, blaCTX-M-1 | blaCMY-2, blaCMY-62 | NA | tet(A) | aph(6)-Id, aph(3")-Ib | sul1, sul2, sul3, dfrA1, dfrA17 | qnrS1 | NA | NA | mcr-1 | fosA3 | NA |
| **(Tarabai *et al.*, 2023)** | blaTEM-1B, blaCTX-M (variantes 1, 3, 14, 15, 27, 55, 65, 169) | blaCMY-2, blaDHA-1 | NA | tet(A) | aph(3")-Ib, aph(6)-Id | sul1, sul2, sul3 | qnrS1, qnrB19, qnrE1, qnrB4 | NA | NA | mcr-1 | NA | NA |
| **(Moura *et al.*, 2024)** | blaCTX-M-2, blaTEM-1C | NA | NA | tetA | aac(3)-VIa, aadA1, aph(3')-Ia | sul1, dfrA27 | NA | NA | NA | NA | NA | NA |
| **(Rahman *et al.*, 2024)** | blaTEM, blaSHV | NA | NA | tetA | StrA | sul1 | qnrS | NA | mefA | NA | NA | NA |
| **(Tawakol *et al.*, 2024)** | blaTEM | NA | NA | tetA | NA | sul1 | qnrA | NA | ereA | NA | NA | NA |
| **(Suarez-Yana *et al.*, 2024)** | blaCTX-M-1, blaCTX-M-14, blaCTX-M-15, blaCTX-M-27, blaCTX-M-216, blaTEM-1, blaTEM-141, blaTEM-206, blaTEM-214 | *blaCMY-2* | NA | *tet(A)* | NA | NA | qnrS1 | NA | NA | NA | NA | NA |
| **(Huang *et al.*, 2025)** | blaCTX-M, blaTEM, blaTEM-1 | NA | NA | tetA, tetR | aadA1, aph(3')-Ib, aph(6)-Id, aadA2, aph(3")-Ib | sul2, sul3, dfrA12 | NA | cmlA | NA | mcr-10.1 | NA | NA |
| **(Cheng *et al.*, 2025)** | blaCTX-M-55, blaCTX-M-65, blaTEM-1B, blaSHV-61 | blaCMY-2 | NA | tet(A) | aac(3)-IId, aph(6)-Id, aph(3")-Ib, aadA5 | sul1, sul2, dfrA17 | oqxB, oqxA | floR | mph(A) | NA | fosA6 | NA |

| | | | | | | | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| **(Khatun *et al*., 2026)** | blaTEM, blaCTX, blaSHV | NA | | tetA, tetB, tetC, tetD, tetE, tetK, tetM, tetO | aacC2 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA |
| **(Liang *et al*., 2026)** | blaTEM-1, blaCTX-M-9 | NA | NA | tet(A) | NA | sul1, sul2 | NA | floR, cmlA | NA | mcr-1 | NA | NA |
| **(Halaç, Kekec, Çelik *et al*., 2026)** | blaOXA-10 | NA | NA | tetA | aacC2, aacC4 | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA |
| **(Halac, Kekec, Ozsemir *et al*., 2026)** | blaCTX-M, blaOXA-10, blaCIT | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA | NA |

Nota: BLEE: betalactamasas de espectro extendido; AmpC: Betalactamasas tipo AmpC; CP: Carbapenemasas; TET: tetraciclinas; AMG: aminoglucósidos; SFA/TMP: sulfonamidas y trimetoprima; QN/FQ: quinolonas y fluoroquinolonas; FEN: fenicoles; MLS: macrólidos, lincosamidas y estreptograminas; POL: polimixinas; FOS: fosfomicina; NA: no aplica

## DISCUSIÓN

El primer estudio reportado de RAM en *E.coli* de aves migratorias fue realizada en 1995 (Tsubokura *et al*., 1995), desde entonces y hasta la actualidad se ha mantenido una búsqueda para identificar esta problemática. Dentro de la revisión de los 29 artículos, 2026 es un año que sugiere un reconocimiento creciente del papel epidemiológico de aves migratorias sobre RAM. Este incremento coincide con la consolidadación de políticas epidemiológicas basadas en Una sola salud, que expande la vigilancia a reservorios silvestres (Jarocki *et al*., 2024).

Por otro lado, la distribución de los estudios muestra una marcada vigilancia a nivel global. La predominancia de investigaciones se da en Asia, especificamente China y Bangladesh. Esto coincide estratégicamente con dos de las principales rutas migratorias: la Ruta Asia Oriental y Australasia (EAAF), que abarca despalazamientos desde Siberia y norte de Asia (Tarabai *et al*., 2023) hacia áreas de invernación en China, Taiwán, Japón (Yoshimoto *et al*., 2026), Corea del Sur (Song *et al*., 2022) y Australia. La ruta del Indo y Asia Central, conecta los ecosistemas de Europa y Asia templada, con destino a India (Sharma *et al*., 2018). Estas regiones poseen una estrecha interfaz entre población, sistemas productivos y ecosistemas; que genera una fácil adquisición de cepas resistentes (Dolejska & Literak, 2019; United Nations Environment Programme, 2023).

Asímismo, se destaca el Corredor Paleártico-Africano, entre Europa, Medio Oriente y África (Hoffman *et al*., 2023); esta ruta actúa como una parada crítica de alimentación y descanso entre tres continentes. Donde las aves interactúan con entornos antropogénicos, como el lago Al-Asfar (Elsohaby *et al*., 2021), el río Nilo (Nabil *et al*., 2020) y los humedales de Túnez (Souguir *et al*., 2023). En contraste a estas investigaciones, hay una profunda escasez de reportes en las Rutas Neártica y Neotropica, a pesar de comprender gran número de desplazamientos longitudinales en occidente. Como las gaviotas de Franklin, que migran desde América del Norte a la costa Chilena (Suarez-Yana *et al*., 2024). Bajo el dilema de Una Sola Salud, este sesgo geográfico subraya una grave vulnerabilidad en las estrategias de contención de RAM, puesto que las aves migratorias diseminan esta problemática tanto a corta como gran escala.

Dentro de la investigación fenotípica de RAM en *E.coli*, el método de indentificación más empleado fue la difusión en discos (n=19) imbuidos con antibióticos de uso común y de generaciones más fuertes.

Mwangi *et al*. (2024) evidenciaron bajo un metanálisis que 80% de los ensayos de resistencia fenotípica de bacterias en animales silvestres fueron realizados con la difusión en discos. Esto se debe a la alta viabilidad y rigurosidad estadística que logra un ambientes controlados, además de ser estandarizable para un ensayo de campo. Bajo esta técnica, el 72,4% de los estudios analizados muestran cepas multiresistentes (MDR) de muestras fecales o cloacales. Islam *et al*. (2021), señala que, hay estrecha relación entre la diseminación de enterobacterias patógenas multirresistentes y la función de las aves migratorias como reservorios y diseminadores activos de estos agentes etiológicos.

El mayor número de reportes de resistencia fue a betalactámicos, representando 51% de todos los antibioticos analizados, seguido del grupo de tetraciclinas. Fármacos como la ampicilina y tetracilina, presentaron hasta 100% de resistencia en aislamientos de *E. coli* extraídos de múltiples especies de avifauna. Ibrahim *et al*. (2023) mostraron niveles de resistencia a las tetraciclinas en aves silvestres, similares a las de este estudio. Además, atribuyen esto al uso indiscriminado de este grupo farmacológico en sectores agropecuarios pertenecientes a rutas migratorias o aledañas a sitios de asentamiento de estas aves. Actividad que ejerce una presión selectiva y convierte a estos especímenes en vectores indirectos consolidantes de los perfiles de resistencia fenotípica en estos ecosistemas.

La prevalencia de resistencia fenotípica estratificada por familia taxonómica predomina en las familias *Anatidae* (15,8%) y *Laridae* (9.7%), cuya representatividad de individuos con resistencia se concentraron en betalactámicos y tetraciclinas. Wang *et al*. (2024), justifica una mayor prevalencia de resistencia antimicrobiana en Anátidos y propone como posible explicación la interacción constante de estos especímenes con sedimentos fluviales y aguas residuales provenientes de urbes aledañas a sus zonas de asentamiento. Asimismo, Yuan *et al*. (2021) reporta altos índices de resistencia fenotípica en familias *Laridae* y *Anatidae*, conferiéndoles el título de “transmisores transcontinentales” de bacterias patógenas multiresistentes.

Muchos fármacos pertenecen a grupos de antibióticos de distintas prioridades en la lista CIA de la OMS. Por ejemplo, varias de las cepas reportadas en los artículos analizados presentaron resistencia fenotípica ante fluoroquinolonas como el ciprofloxacino (Merkeviciene *et al*., 2018), macrólidos como la eritromicina (Sharma *et al*., 2018) y polimixinas como la colistina (Atterby *et al*., 2016). Estas familias están categorizadas dentro del grupo de máxima prioridad en la CIA ya que representan las pocas

familias disponibles para tratar infecciones graves de bacterias en seres humanos; o se emplean para combatir bacterias con adaptaciones genómicas de fuentes no humanas (WHO, 2018). Varios aminoglucósicos también se han visto afectados en gran medida por la resistencia antimicrobiana de *E. coli*, familia de antibióticos que se encuentra en la segunda prioridad de la lista.

El perfil de resistencia compromete a los Antimicrobianos de Importancia Crítica (OMS), los hallazgos demuestran la alta frecuencia de genes productores de betalactamasas, como BLEE y cefalosporinasas AmpC, lo que facilita el intercambio de estos elementos genéticos (Halaç, Kekec, Celik *et al*., 2026; Luo *et al*., 2022). La dominancia de la familia blaCTX-M (BLEE), junto con blaCMY-2 (AmpC), neutralizan la actividad de las cefalosporinas de tercera y cuarta generación. El mecanismo de resistencia radica en la hidrólisis enzimática del anillo de betalactámicos, lo que inactiva la molécula antes alcanzar la unión a penicilinas (Castanheira *et al*., 2021; Meini *et al*., 2019). Los carbapenémicos son reservados como fármacos de último recurso, frente a cepas de resistencia BLEE y AmpC; así que el hallazgo de genes de metalo-betalactamasas (MBL) representa un grado alto de alarma epidemiológica. Su mecanismo se basa en el uso de zinc e hidrolizar del núcleo carbapenémico y evade los inhibidores clásicos, lo que provoca resistencia a la totalidad de betalactámicos (Li *et al*., 2021).

Los mecanismos de resistencia identificados se estructuran principalmente en la inactivación enzimática, modificación de sitios diana y la expresión de bombas de eflujo (Yuan *et al*., 2021). El reporte de genes mcr-1, mcr-2 y mcr-10.1 (Huang *et al*., 2025), es una amenaza de primer nivel, ya que la colistina es catalogada como fármaco de máxima prioridad (WOH, 2018). El mecanismo de estos genes es dado por la adición de fosfoetanolamina al lípido A del lipopolisacárido, lo que reduce su afinidad por el fármaco (Gao *et al*., 2016). Por su parte, fluoroquinolonas y macrólidos entra en la categoría de máxima priordad (WHO, 2018). Existe alta prevalencia de genes de resistencia mediados por plásmidos (PMQR), como qnrA y qnrS, ya que confieren protección de las enzimas diana frente a la acción del fármaco (Hooper & Jacoby, 2015). Además, los mecanismos impulsados por bombas de eflujo en fenicoles, como oqxA, oqxB y cmIA; logran expulsar desde su citoplasma a múltiples fármacos (Hansen *et al*., 2007).

A pesar de que, tetraciclinas y sulfonamidas no se encuentren en categoría “crítica”, tambien se considera su papel dentro de la RAM. Sus mecanismos incluyen bombas de eflujo transmembrana, como

tetA y tetB (Chopra & Roberts, 2001); y la síntesis de enzimas dihidropteroato sintasa (DHPS) como sul1, sul2 y sul3 (Sköld, 2000). En los aminoglucósidos hay una alta variedad de genes codificadores de enzimas modificadoras de aminoglucósidos (EMA) como las acetiltransferasa, fosfotransferasa y nucleotidiltransferasa (Ramirez & Tolmasky, 2010).

La integración de perfiles de RAM y su distribución geográfica revela que aves migratorias son vectores y bioindicadores en esta crisis global. Ya que poseen cepas capaces de bloquar la mayoría de Antimicrobianos de Importancia Crítica, estas poblaciones conectan de forma discreta la contaminación entre poblaciones urbanas y ecosistemas remotos. Por lo tanto, es importante tomar medidas en hábitats destino de estas especies, mantenidno viable la sanidad animal y salud pública.

**CONCLUSIONES**

Las aves migratorias presentes en las familias más estudiadas fueron: *Anatidae*, *Accipitridae*, *Laridae* y *Scolopacidae*, demostraron poseer un papel fundamental en la vectorización y reservorio de cepas de *E. coli* multiresistentes. Por ello, se han consolidado como una amenaza de diseminación activa y directa bajo el enfoque de One Health y cuyos mecanismos de resistencia abordan terrenos cada vez más complicados de combatir para los organismos locales e internacionales. Los patógenos MDR, con el 72,4% de prevalencia en los estudios analizados, generan preocupación ante terapias convencionales y de último recurso debido a la facilidad que han mostrado para eludir o contrarrestar los mecanismos de acción de múltiples familias de antibióticos. Los betalactámicos son los más comprometidos por este motivo, seguidos por las tetraciclinas, aminoglucósidos y fluoroquinolonas, demostrando la facilidad de cruce de fronteras de patógenos para permear y establecerse en reservorios continuos en distintos ecosistemas, todo esto impulsado por la presión ejercida por el ser humano.

A nivel molecular, los mecanismos genotípicos de resistencia presentan una alta diversidad, entre los cuales sobresalen los genes codificantes de BLEEs, enzimas AmpC y carbapenemasas. A estos mecanismos se suman algunos que no afectan directamente a betalactámicos, sino a aminoglucósidos, macrólidos y a polimixinas (como el gen mcr). Todos estas características fenotípicas y genotípicas convergen en la integración de vigilancia de rutas migratorias, elementos genéticos y fenotípicos y presión antrópica, con la finalidad de evitar la propagación silente de estos agentes y procurar la eficacia de los fármacos antimicrobianos. Sin embargo, dada la alta variabilidad y escazes de datos,

particularmente en la región occidental, ha dificultado la observación de un panorama integral sobre la situación real de la resistencia antimicrobiana de *E. coli*.

**REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS**


Ahlstrom, C. A., Bonnedahl, J., Woksepp, H., Hernandez, J., Olsen, B., & Ramey, A. M. (2018). Acquisition and dissemination of cephalosporin-resistant E. coli in migratory birds sampled at an Alaska landfill as inferred through genomic analysis. Scientific Reports, 8(1). https://doi.org/10.1038/s41598-018-25474-w

Ahmed, Z. S., Elshafiee, E. A., Khalefa, H. S., Kadry, M., & Hamza, D. A. (2019). Evidence of colistin resistance genes (mcr-1 and mcr-2) in wild birds and its public health implication in Egypt. Antimicrobial Resistance and Infection Control, 8(1). https://doi.org/10.1186/s13756-019-0657-5

Ali, A., Adil, M., Ahmad, B., Ilyas, M., Rani, R., Alam, U., Hongsu, H., Hui, Z., & Zhihua, S. (2026). The role of migratory birds in the dissemination of antimicrobial resistance: A One Health perspective. Veterinary Sciences, 13(8), 782. https://doi.org/10.3390/vetsci13080782

Allen, H. K., Donato, J., Wang, H. H., Cloud-Hansen, K. A., Davies, J., & Handelsman, J. (2010). Call of the wild: antibiotic resistance genes in natural environments. Nature Reviews Microbiology, 8(4), 251–259. https://doi.org/10.1038/nrmicro2312

Atterby, C., Ramey, A. M., Hall, G. G., Järhult, J., Börjesson, S., & Bonnedahl, J. (2016). Increased prevalence of antibiotic-resistant E. coli in gulls sampled in Southcentral Alaska is associated with urban environments. Infection Ecology & Epidemiology, 6(1), 32334. https://doi.org/10.3402/iee.v6.32334

Cagnoli, G., Bertelloni, F., Ceccherelli, R., & Ebani, V. V. (2024). Antimicrobial resistance and pathotypes of Escherichia coli isolates from yellow-legged seagulls (Larus michahellis) in Central Italy. Animals, 14(21), 3048. https://doi.org/10.3390/ani14213048

Castanheira, M., Simner, P. J., & Bradford, P. A. (2021). Extended-spectrum β-lactamases: an update on their characteristics, epidemiology and detection. JAC-Antimicrobial Resistance, 3(3). https://doi.org/10.1093/JACAMR/DLAB092

Cheng, Z., Chen, Y., Li, M., Lv, C., Zhou, N., Chen, W., Huang, J. W., Li, Q. T., Gao, Z., Feng, X., Shi, L., Yao, Y. F., Guo, X., & Zhu, Y. (2025). An Unusual "Gift" from Humans: Third-Generation Cephalosporin-Resistant Enterobacterales in migratory birds along the East Asian-Australasian Flyway. Environment International, 197. https://doi.org/10.1016/j.envint.2025.109320

Chopra, I., & Roberts, M. (2001). Tetracycline Antibiotics: Mode of Action, Applications, Molecular Biology, and Epidemiology of Bacterial Resistance. Microbiology and Molecular Biology Reviews, 65(2), 232–260. https://doi.org/10.1128/MMBR.65.2.232-260.2001;SUBPAGE:STRING:FULL

Cocoș D, Dumitrescu E, Muselin F, Brezovan D, Degi J, Bouldra O, & Cristina R. (2025). Prevalence and antimicrobial resistance of Enterobacteriaceae in wild birds across Europe: A systematic review. Pathogens, 14(3), 45. https://doi.org/10.3390/antibiotics14090905.

Dolejska, M., & Literak, I. (2019a). Wildlife Is Overlooked in the Epidemiology of Medically Important Antibiotic-Resistant Bacteria. Antimicrobial Agents and Chemotherapy, 63(8). https://doi.org/10.1128/AAC.01167-19

Dolejska, M., & Literak, I. (2019b). Wildlife is overlooked in the epidemiology of medically important extrachromosomal elements carrying antimicrobial resistance genes. Plasmid, 105, 102430. https://doi.org/10.1016/j.plasmid.2019.102430

Elsohaby, I., Samy, A., Elmoslemany, A., Alorabi, M., Alkafafy, M., Aldoweriej, A., Al-Marri, T., Elbehiry, A., & Fayez, M. (2021). Migratory Wild Birds as a Potential Disseminator of Antimicrobial-Resistant Bacteria around Al-Asfar Lake, Eastern Saudi Arabia. Antibiotics (Basel, Switzerland), 10(3), 1–16. https://doi.org/10.3390/antibiotics10030260

Enne, V. I., Delsol, A. A., Roe, J. M., & Bennett, P. M. (2008). Evidence of antibiotic resistance gene silencing in Escherichia coli. Antimicrobial Agents and Chemotherapy, 50(9), 3003–3010. https://doi.org/10.1128/AAC.00137-06

Gao, R., Hu, Y., Li, Z., Sun, J., Wang, Q., Lin, J., Ye, H., Liu, F., Srinivas, S., Li, D., Zhu, B., Liu, Y. H., Tian, G. B., & Feng, Y. (2016). Dissemination and Mechanism for the MCR-1 Colistin Resistance. PLOS Pathogens, 12(11), e1005957.

https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PPAT.1005957

Haddaway, N. R., Page, M. J., Pritchard, C. C., & McGuinness, L. A. (2021). PRISMA2020: An R package and Shiny app for producing PRISMA 2020-compliant flow diagrams, with interactivity for optimised digital transparency and Open Synthesis Campbell Systematic Reviews. https://doi.org/10.1101/2021.07.14.21260492

Halaç, B., Kekeç, A. I., Çelik, B., Kesen, D., Kahraman, B. B., Sığırcı, B. D., Bağcıgil, A. F., Metiner, K., Çokal, Y., & Ak, S. (2026). Frequency and characterization of β-lactam-resistant Escherichia coli from wild birds from Marmara Region in Turkey. Brazilian Journal of Microbiology, 57(1). https://doi.org/10.1007/s42770-026-01941-9

Halac, B., Kekec, A. I., Ozsemir, A. C., Bacak, E., Celil Ozaslan, B. G., Kesen, D., Sahin, E. M., Gungor, U., Celik, B., Diren Sigirci, B., Ak, S., & Basaran Kahraman, B. (2026). Antibiotic resistance patterns of Escherichia coli isolates in Passeriformes and non-Passeriformes: insights from migratory and resident avifauna. BMC Veterinary Research, 22(1). https://doi.org/10.1186/s12917-026-05423-w

Hansen, L. H., Jensen, L. B., Sørensen, H. I., & Sørensen, S. J. (2007). Substrate specificity of the OqxAB multidrug resistance pump in Escherichia coli and selected enteric bacteria. The Journal of Antimicrobial Chemotherapy, 60(1), 145–147. https://doi.org/10.1093/JAC/DKM167

Hoffman, T., Olsen, B., & Lundkvist, Å. (2023). The Biological and Ecological Features of Northbound Migratory Birds, Ticks, and Tick-Borne Microorganisms in the African–Western Palearctic. Microorganisms, 11(1), 158. https://doi.org/10.3390/MICROORGANISMS11010158

Hooper, D. C., & Jacoby, G. A. (2015). Mechanisms of drug resistance: quinolone resistance. Annals of the New York Academy of Sciences, 1354(1), 12–31. https://doi.org/10.1111/NYAS.12830

Huang, R., Ji, X., Liang, B., Jiang, B., Wang, D., Tang, Y., Zhang, C., Zhou, A., Li, N., Du, C., & Sun, Y. (2025). Integrated Genomic and Phenotypic Characterization of an Mcr-10.1-Harboring Multidrug Resistant Escherichia coli Strain From Migratory Birds in China. Transboundary and Emerging Diseases, 2025(1). https://doi.org/10.1155/tbed/7631217

Ibrahim, G. A., Salah-Eldein, A. M., Al-Zaban, M. L., El-Oksh, A. S. A., Ahmed, E. M., Farid, D. S., & Saad, E. M. (2023). Monitoring the genetic variation of some Escherichia coli strains in wild birds and cattle. Onderstepoort Journal of Veterinary Research, 90(1), 10. https://doi.org/10.4102/OJVR.V90I1.2085

Ishag, H., Abdelwahab, G., Al Hammadi, Z., & Abdi, A. (2024). Current situation of Escherichia coli antibiotic resistance in food-producing animals, wild animals, companion animals, and birds: One Health perspectives. En Sustainable Development. IntechOpen. https://doi.org/10.5772/intechopen.108896

Islam, M. S., Nayeem, M. M. H., Sobur, M. A., Ievy, S., Islam, M. A., Rahman, S., Kafi, M. A., Ashour, H. M., & Rahman, M. T. (2021a). Virulence Determinants and Multidrug Resistance of Escherichia coli Isolated from Migratory Birds. Antibiotics 2021, Vol. 10, Page 190, 10(2), 190. https://doi.org/10.3390/ANTIBIOTICS10020190

Islam, M. S., Nayeem, M. M. H., Sobur, M. A., Ievy, S., Islam, M. A., Rahman, S., Kafi, M. A., Ashour, H. M., & Rahman, M. T. (2021b). Virulence Determinants and Multidrug Resistance of Escherichia coli Isolated from Migratory Birds. Antibiotics (Basel, Switzerland), 10(2), 1–13. https://doi.org/10.3390/antibiotics10020190

Islam, M. S., Sobur, M. A., Rahman, S., Ballah, F. M., Ievy, S., Siddique, M. P., Rahman, M., Kafi, M. A., & Rahman, M. T. (2022). Detection of blaTEM, blaCTX-M, blaCMY, and blaSHV Genes Among Extended-Spectrum Beta-Lactamase-Producing Escherichia coli Isolated from Migratory Birds Travelling to Bangladesh. Microbial Ecology, 83(4), 942–950. https://doi.org/10.1007/s00248-021-01803-x

Jarocki, V. M., Cummins, M. L., Donato, C. M., Howden, B. P., & Djordjevic, S. P. (2024). A One Health approach for the genomic surveillance of AMR. Microbiology Australia, 45(2), 63–67. https://doi.org/10.1071/MA24020

Jorgensen, J. H., & Ferraro, M. J. (2009). Antimicrobial susceptibility testing: A review of general principles and contemporary practices. Clinical Infectious Diseases, 49(11), 1749–1755. https://doi.org/10.1086/647952

Kahlmeter, G., Brown, D. F. J., Goldstein, F. W., MacGowan, A. P., Mouton, J. W., Odenholt, I., & Turnidge, J. (2006). European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing (EUCAST) Technical Notes on antimicrobial susceptibility testing. Clinical Microbiology and Infection, 12(6), 501–503. https://doi.org/10.1111/j.1469-0691.2006.01454.x

Khatun, M. N., Chakraborty, S., Akter, T., Ifte, J. S., Begum, J. A., Islam, M. A., Parvin, R., Hossain, M. T., & Chowdhury, E. H. (2026). Migratory Birds Facilitate the Spread of Multidrug-Resistant Pathogenic Escherichia coli in Tanguar Haor of Bangladesh. Environmental Microbiology Reports, 18(2), Article e70344. https://doi.org/10.1111/1758-2229.70344

Kurittu, P., Khakipoor, B., Brouwer, M. S. M., & Heikinheimo, A. (2021). Plasmids conferring resistance to extended-spectrum beta-lactamases including a rare IncN+IncR multireplicon carrying blaCTX-M-1 in Escherichia coli recovered from migrating barnacle geese (Branta leucopsis). Open Research Europe, 1, Article 46. https://doi.org/10.12688/openreseurope.13529.1

Lanz, R., Kuhnert, P., & Boerlin, P. (2003). Antimicrobial resistance and resistance gene determinants in clinical Escherichia coli from different animal species in Switzerland. Veterinary Microbiology, 91(1), 73–84. https://doi.org/10.1016/S0378-1135(02)00263-8

Li, X., Zhao, D., Li, W., Sun, J., & Zhang, X. (2021). Enzyme Inhibitors: The Best Strategy to Tackle Superbug NDM-1 and Its Variants. International Journal of Molecular Sciences 2022, Vol. 23, Page 197, 23(1), 197. https://doi.org/10.3390/IJMS23010197

Liang, B., Jiang, B. W., Yuan, Y., Wang, T. C., Li, Y. G., Zhu, L. W., Liu, J., Guo, X. J., Ji, X., & Sun, Y. (2026). Antimicrobial resistance and virulence analysis of Escherichia coli carried by black-faced spoonbill (Platalea minor) in Liaoning, China. PLOS ONE, 21(1 January). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0339376

Luo, Y., Tan, L., Zhang, H., Bi, W., Zhao, L., Wang, X., Lu, X., Xu, X., Sun, R., & Alvarez, P. J. J. (2022). Characteristics of Wild Bird Resistomes and Dissemination of Antibiotic Resistance Genes in Interconnected Bird-Habitat Systems Revealed by Similarity of blaTEM Polymorphic Sequences. Environmental Science & Technology, 56(21), 15084–15095. https://doi.org/10.1021/ACS.EST.2C01633

Magiorakos, A. P., Srinivasan, A., Carey, R. B., Carmeli, Y., Falagas, M. E., Giske, C. G., Harbarth, S., Hindler, J. F., Kahlmeter, G., Olsson-Liljequist, B., Paterson, D. L., Rice, L. B., Stelling, J., Struelens, M. J., Vatopoulos, A., Weber, J. T., & Monnet, D. L. (2012). Multidrug-resistant, extensively drug-resistant and pandrug-resistant bacteria: an international expert proposal for interim standard definitions for acquired resistance. Clinical Microbiology and Infection, 18(3), 268–281. https://doi.org/10.1111/J.1469-0691.2011.03570.X

Martín-Maldonado, B., Rodríguez-Alcázar, P., Fernández-Novo, A., González, F., Pastor, N., López, I., Suárez, L., Moraleda, V., & Aranaz, A. (2022). Urban Birds as Antimicrobial Resistance Sentinels: White Storks Showed Higher Multidrug-Resistant Escherichia coli Levels Than Seagulls in Central Spain. Animals, 12(19), Article 2714. https://doi.org/10.3390/ani12192714

Mbuthia, C. W. (2025). Wild birds as potential reservoirs of antimicrobial-resistant Escherichia coli: A systematic review. Frontiers in Microbiology, 16, 1615826. https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1615826

Meini, S., Tascini, C., Cei, M., Sozio, E., & Rossolini, G. M. (2019). AmpC β-lactamase-producing Enterobacterales: what a clinician should know. Infection, 47(3), 363–375. https://doi.org/10.1007/S15010-019-01291-9

Merkeviciene, L., Klimiene, I., Siugzdiniene, R., Virgailis, M., Mockeliunas, R., & Ruzauskas, M. (2018). Prevalence and molecular characteristics of multi-resistant Escherichia coli in wild birds. Acta Veterinaria Brno, 87(1), Article 87(1). https://doi.org/10.2754/avb201887010009

Mohsin, M., Raza, S., Schaufler, K., Roschanski, N., Sarwar, F., Semmler, T., Schierack, P., & Guenther, S. (2017). High Prevalence of CTX-M-15-Type ESBL-Producing E. coli from Migratory Avian Species in Pakistan. Frontiers in Microbiology, 8(DEC), 2476. https://doi.org/10.3389/fmicb.2017.02476

Moura, Q., Fernandes, M. R., Sellera, F. P., Cardoso, B., Nascimento, C. L., Dutra, G. H. P., & Lincopan, N. (2024). Genomic Features of an MDR Escherichia coli ST5506 Harboring an IncHI2/In229/blaCTX-M-2 Array Isolated from a Migratory Black Skimmer. Pathogens, 13(1), Article 63. https://doi.org/10.3390/pathogens13010063

Mwangi, J. W., Kimeu, A., Moodley, A., Koskei, P. K., Schaufler, K., Dishon, &, Muloi, M., & Nairobi, K. (2026). Prevalence and patterns of antimicrobial resistance among wildlife populations in Africa: a systematic review. Npj Antimicrobials and Resistance 2026 4:1, 4(1), 9-. https://doi.org/10.1038/s44259-025-00179-z

Nabil, N. M., Erfan, A. M., Tawakol, M. M., Haggag, N. M., Naguib, M. M., & Samy, A. (2020). Wild birds in live birds markets: Potential reservoirs of enzootic avian influenza viruses and antimicrobial resistant enterobacteriaceae in northern Egypt. Pathogens, 9(3), Article 196. https://doi.org/10.3390/pathogens9030196

Olowu, B. I. (2026). Bridging continents and pathogens: The role of migratory birds in antimicrobial resistance dissemination in tropical ecosystems. Diseases, 14(2), 20. https://doi.org/10.3390/bacteria5020020

Ong, K. H., Khor, W. C., Quek, J. Y., Low, Z. X., Arivalan, S., Humaidi, M., & Aung, K. T. (2020). Occurrence and antimicrobial resistance traits of Escherichia coli from wild birds and rodents in Singapore. International Journal of Environmental Research and Public Health, 17(15), 5606. https://doi.org/10.3390/ijerph17155606

Page, M. J., McKenzie, J. E., Bossuyt, P. M., Boutron, I., Hoffmann, T. C., Mulrow, C. D., Shamseer, L., Tetzlaff, J. M., Akl, E. A., Brennan, S. E., Chou, R., Glanville, J., Grimshaw, J. M., Hróbjartsson, A., Lalu, M. M., Li, T., Loder, E. W., Mayo-Wilson, E., McDonald, S., … Moher, D. (2021). The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. PLoS Medicine, 18(3). https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PMED.1003583

Partridge, S. R., Kwong, S. M., Firth, N., & Jensen, S. O. (2018). Mobile genetic elements associated with antimicrobial resistance. Clinical Microbiology Reviews, 31(4), 17–88. https://doi.org/10.1128/CMR.00088-17

Rahman, A., Chowdhury, M. S. R., Hossain, H., Elsaid, F. G., Almutairi, L. A., Begum, R., Sabrin, M. S., Akanda, M. R., Hossain, M. M., Islam, M. R., Rahman, M. M., & Rahman, M. M. (2024). Identification of Virulence Genes and Multidrug Resistance in Shiga-Toxin Producing Escherichia coli (STEC) from Migratory and Captive Wild Birds. Pakistan Veterinary Journal,

44(4), Article 44(4). https://doi.org/10.29261/pakvetj/2024.264

Ramirez, M. S., & Tolmasky, M. E. (2010). Aminoglycoside Modifying Enzymes. Drug Resistance Updates : Reviews and Commentaries in Antimicrobial and Anticancer Chemotherapy, 13(6), 151. https://doi.org/10.1016/J.DRUP.2010.08.003

Rizwan, M., Ramzan, M., Aslam, H., Javaid, A., & Aslam, K. (2025). Antimicrobial resistance: A global One-Health challenge. Annals of Clinical and Medical Microbiology, 8(1), 1034. https://doi.org/10.47739/2378-9506/1034.

Sharma, P., Maherchandani, S., Shringi, B. N., Kashyap, S. K., & Sundar, K. S. G. (2018). Temporal variations in patterns of Escherichia coli strain diversity and antimicrobial resistance in the migrant Egyptian vulture. Infection Ecology and Epidemiology, 8(1), Article 1450590. https://doi.org/10.1080/20008686.2018.1450590

Sköld, O. (2000). Sulfonamide resistance: Mechanisms and trends. Drug Resistance Updates, 3(3), 155–160. https://doi.org/10.1054/drup.2000.0146

Song, H., Yi, S., Kim, W.-H., Guk, J.-H., Ha, M., Kwak, I., Han, J., Yeon, S.-C., & Cho, S. (2022). Environmental Perturbations during the Rehabilitation of Wild Migratory Birds Induce Gut Microbiome Alteration and Antibiotic Resistance Acquisition. Microbiology Spectrum, 10(4). https://doi.org/10.1128/spectrum.01163-22

Souguir, M., Châtre, P., Drapeau, A., François, P., Azaiez, S., Ncir, S., Madec, J.-Y., Mansour, W., & Haenni, M. (2023). Molecular characterization of highly prevalent Escherichia coli and Escherichia marmotae resistant to extended-spectrum cephalosporins in European starlings (Sturnus vulgaris) in Tunisia. Microbiology Spectrum, 11(5), Article 11(5). https://doi.org/10.1128/spectrum.02220-23

Stasiak, M., Maćkiw, E., Kowalska, J., Kucharek, K., & Postupolski, J. (2021). Silent genes: Antimicrobial resistance and antibiotic production. Polish Journal of Microbiology, 70(4), 421–429. https://doi.org/10.33073/pjm-2021-040

Suarez-Yana, T., Salgado-Caxito, M., Hayer, J., Rojas-Sereno, Z. E., Pino-Hurtado, M. S., Campaña-Burguet, A., Caparrós, C., Torres, C., & Benavides, J. A. (2024). ESBL-producing Escherichia coli prevalence and sharing across seabirds of central Chile. Science of the Total Environment,

951. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.175475

Tarabai, H., Krejci, S., Karyakin, I., Bitar, I., Literak, I., & Dolejska, M. (2023). Clinically relevant antibiotic resistance in Escherichia coli from black kites in southwestern Siberia: a genetic and phenotypic investigation . MSphere, 8(4). https://doi.org/10.1128/msphere.00099-23

Tawakol, M. M., Nabil, N. M., Samir, A., Hassan, H. M., Reda, R. M., Abdelaziz, O., Hagag, S., & Elsayed, M. M. (2024). Role of migratory birds as a risk factor for the transmission of multidrug resistant Salmonella enterica and Escherichia coli to broiler poultry farms and its surrounding environment. BMC Research Notes, 17(1). https://doi.org/10.1186/s13104-024-06958-7

Tsubokura, M., Matsumoto, A., Otsuki, K., Animas, S. B., & Sanekata, T. (1995). Drug resistance and conjugative R plasmids in Escherichia coli strains isolated from migratory waterfowl. Journal of Wildlife Diseases, 31(3), 352–357. https://doi.org/10.7589/0090-3558-31.3.352

United Nations Environment Programme. (2023). Bracing for Superbugs: Strengthening environmental action in the One Health response to antimicrobial resistance | UNEP - UN Environment Programme. https://www.unep.org/resources/superbugs/environmental-action

Wang, D., Ji, X., Jiang, B., Yuan, Y., Liang, B., Sun, S., Zhu, L., Liu, J., Guo, X., Yin, Y., & Sun, Y. (2024). Prevalence of Antibiotic Resistance and Virulence Genes in Escherichia coli Carried by Migratory Birds on the Inner Mongolia Plateau of Northern China from 2018 to 2023. Microorganisms, 12(6), 1076. https://doi.org/10.3390/MICROORGANISMS12061076/S1

Wang, J., Stephan, R., Zurfluh, K., Hächler, H., & Fanning, S. (2017). Characterization of the genetic environment of blaCTX-M-15 and blaCTX-M-14 in Escherichia coli isolates from wild birds. Antimicrobial Agents and Chemotherapy, 61(2), 2111–2116. https://doi.org/10.1128/AAC.02111-16

Wellington, E. M., Boxall, A. B., Cross, P., Feil, E. J., Gaze, W. H., Hawkey, P. M., & Williams, A. P. (2013). The role of the natural environment in the emergence of antibiotic resistance. The Lancet Infectious Diseases, 13(2), 155–165. https://doi.org/10.1016/S1473-3099(12)70317-1

Wink, P. L., Lima-Morales, D., Meurer, R., & Barth, A. L. (2022). Escherichia coli carrying bla NDM-1 obtained from a migratory penguin (Spheniscus magellanicus) in the Brazilian seacoast. Brazilian Journal of Microbiology, 53(1), 499–502. https://doi.org/10.1007/s42770-021-00652-

7

World Health Organization. (2018). Critically Important Antimicrobials for Human Medicine 6th Re.vision 2018. Ranking of medically important antimicrobials for risk management of antimicrobial resistance due to non-human use. Https://Apps.Who.Int/Iris/Bitstream/Handle/10665/312266/9789241515528-Eng.Pdf?Ua=1, ISBN 978-92-4-151552-8. https://apps.who.int/iris/bitstream/handle/10665/312266/9789241515528-eng.pdf?ua=1

Yoshimoto, R., Sorn, S., & Ihara, M. (2026). Occurrence of Antimicrobial-Resistant Escherichia coli in the Pond in Kochi Prefecture, Japan and the Influence of the Feces of Migratory Birds. Journal of Water and Environment Technology, 24(1), Article 24(1). https://doi.org/10.2965/jwet.25-089

Yuan, Y., Liang, B., Jiang, B. W., Zhu, L. W., Wang, T. C., Li, Y. G., Liu, J., Guo, X. J., Ji, X., & Sun, Y. (2021a). Migratory wild birds carrying multidrug-resistant Escherichia coli as potential transmitters of antimicrobial resistance in China. PLoS ONE, 16(12 December). https://doi.org/10.1371/journal.pone.0261444

Yuan, Y., Liang, B., Jiang, B. W., Zhu, L. W., Wang, T. C., Li, Y. G., Liu, J., Guo, X. J., Ji, X., & Sun, Y. (2021b). Migratory wild birds carrying multidrug-resistant Escherichia coli as potential transmitters of antimicrobial resistance in China. PLOS ONE, 16(12), e0261444. https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0261444

Zhang, W., Lu, X., Chen, S., Liu, Y., Peng, D., Wang, Z., & Li, R. (2022). Molecular epidemiology and population genomics of tet(X4), blaNDM or mcr-1 positive Escherichia coli from migratory birds in southeast coast of China. Ecotoxicology and Environmental Safety, 244, Article 114032. https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2022.114032