

***Staphylococcus aureus* y *Escherichia coli*: dos Bacterias Multidrogorresistentes que Podemos Compartir con Nuestras Mascotas**

***Staphylococcus aureus* and *Escherichia coli*: two Multidrug-resistant Bacteria That we can Share With our Pets**

Flores-Morales Cristian¹, Rocha-Gracia Rosa del Carmen², Barrios-Villa Edwin³, Lozano-Zarain Patricia², Cortés-Cortés Gerardo^{2,4*}

¹Facultad de Ciencias Biológicas, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, Ciudad Universitaria, Col. Jardines de San Manuel, C.P. 72570 H. Puebla de Zaragoza, Puebla, México.

²Posgrado en Microbiología, Centro de Investigaciones en Ciencias Microbiológicas, Instituto de Ciencias de la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla. Ciudad Universitaria, Col. Jardines de San Manuel, C.P. 72570 H. Puebla de Zaragoza, Puebla, México.

³Departamento de Ciencias Químico-Biológicas y Agropecuarias, Unidad Regional Norte, campus Caborca, Universidad de Sonora, Col. Eleazar Ortiz C.P. 83621 H. Caborca, Sonora, México.

⁴Department of Microbiology and Environmental Toxicology, University of California at Santa Cruz, Santa Cruz, CA, 95064, USA.

Autor para la correspondencia: Gerardo Cortés Cortés; gccortes@csc.edu

Resumen

Existen bacterias que se adaptan a diferentes ambientes y hospederos, incluyendo humanos y animales, con los que pueden establecer una relación simbiótica; sin embargo, en condiciones especiales, pueden comportarse como patógenos oportunistas, provocando infecciones que se consideran zoonóticas. Objetivo: Revisar reportes actuales que ponen en evidencia la presencia de las bacterias *Staphylococcus aureus* y *Escherichia coli* resistentes a antibióticos en animales de compañía y humanos. Materiales y métodos: Se realizó una búsqueda de literatura en bases de datos de libre acceso y repositorios electrónicos con un periodo de publicación de 2015 a 2022. Resultados: Se describen las características de *S. aureus* y *E. coli* que han sido aisladas de mascotas y humanos alrededor del mundo, así como la prevalencia y tasas de resistencia a diferentes grupos de antibióticos. Conclusiones: Los reportes analizados en esta revisión sugieren que el contacto estrecho entre humanos y animales puede favorecer la transmisión bidireccional de bacterias resistentes a los antimicrobianos; por lo que es necesario evaluar medidas desde el punto de vista "Una Salud" para propiciar una sana convivencia basada en la responsabilidad de los dueños, a fin de procurar el bienestar común de los humanos y sus mascotas.

Palabras clave: *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*, Antibacterianos, Mascotas.

Abstract

There are bacteria adapted to different environments and hosts, including humans and animals, establishing a symbiotic relationship; however, under special conditions, they can behave as opportunistic pathogens, causing infections that are considered zoonotic. Objective: To review current reports that describe the presence of antibiotic-resistant bacteria *Staphylococcus aureus* and *Escherichia coli* isolated from companion animals and humans. Materials and methods: We conducted a literature search in free access databases and electronic repositories with a publication period from 2015 to 2022. Results: We described the characteristics of *S. aureus* and *E. coli* that have been isolated from pets and humans around the world, as well as the prevalence and rates of resistance to different groups of antibiotics. Conclusions: The reports analyzed in this review suggest that close contact between humans and animals can favor bidirectional transmission of antimicrobial-resistant bacteria; Therefore, it is necessary to evaluate measures from the "One Health" point of view to promote a healthy coexistence with animals based on the responsibility of the owners, to ensure the common welfare of humans and their pets.

Key words: *Staphylococcus aureus*, *Escherichia coli*, Anti-bacterial agents, Pets.

DOI 10.46588/invurnus.v17i1.98

Recibido 25/02/2022

Aceptado 22/04/2022

Publicado 31/12/2022

Introducción

Los antibióticos son medicamentos utilizados para prevenir y tratar las infecciones bacterianas en la clínica humana y animal. La resistencia a los antimicrobianos ocurre naturalmente con el tiempo, generalmente a través de cambios genéticos. Sin embargo, el mal uso y el uso excesivo de antimicrobianos está acelerando este proceso. En muchos lugares, los antibióticos se usan en exceso y mal en personas y animales y a menudo se administran sin supervisión profesional. Los ejemplos de mal uso incluyen cuando son tomados por personas con infecciones virales como resfriados y gripe, y cuando se administran como promotores del crecimiento en animales o se usan para prevenir enfermedades en animales sanos.

Son las bacterias, y no los seres humanos ni los animales, las que se vuelven resistentes a los antibióticos. Estas bacterias resistentes pueden causar infecciones en el ser humano y en los animales y esas infecciones son más difíciles de tratar que las causadas por bacterias no resistentes, haciendo que se incrementen los costos médicos, que se prolonguen las estancias hospitalarias y que aumente la mortalidad. Hasta hoy siguen surgiendo y extendiéndose nuevos mecanismos de resistencia en todo el mundo, haciendo que algunas bacterias muestren resistencia a diversos antibióticos volviéndose multidrogorresistentes, amenazando nuestra capacidad para tratar enfermedades infecciosas comunes, lo que resulta en enfermedades prolongadas, discapacidad y muerte.

Sin antimicrobianos efectivos para la prevención y el tratamiento de infecciones, los procedimientos médicos como el transplante de órganos, la quimioterapia contra el cáncer, el control de la diabetes y las cirugías mayores (por ejemplo, cesáreas o reemplazos de cadera) se convierten en un riesgo muy alto. La resistencia impacta en el tratamiento de las infecciones adquiridas en la comunidad; como ejemplo, las infecciones provocadas por *Escherichia coli* o *Staphylococcus aureus* pueden no responder a los antibióticos empleados de rutina y requieren la utilización de tratamientos más complejos y de mayor costo. Los patógenos multirresistentes son responsables de un aumento en el número de personas que se infectan (morbilidad) así como el número de personas que mueren por dicha infección (mortalidad), y ocasionan gran aumento en los costos de salud por la prescripción de medicamentos más caros y la prolongada estancia hospitalaria. Estas infecciones hospitalarias afectan a los pacientes más frágiles, en las unidades de cuidados intensivos, oncología y neonatología, donde suelen ocasionar una alta mortalidad.

Los microbios resistentes a los antimicrobianos se encuentran en personas, animales, alimentos y el medio ambiente (en el agua, el suelo y el aire). Se pueden propagar entre personas y animales, incluso a partir de alimentos de origen animal, de persona a persona y de persona a animal y viceversa. El control deficiente de la infección, las condiciones sanitarias inadecuadas y la manipulación inadecuada de los alimentos, fomentan la propagación de la resistencia a los antimicrobianos.

Trabajo conjunto: “Una Salud”

El uso inadecuado y excesivo de antimicrobianos no se da sólo en la salud humana, sino también en animales y vegetales. Por eso, se recomienda implementar el enfoque de “Una salud”, que considera la interrelación entre las personas, los animales, las plantas y el medio ambiente.

La Organización Panamericana de la Salud (OPS) ofrece apoyo técnico y liderazgo a los Estados Miembros para combatir la resistencia antimicrobiana e implementar planes de acción nacionales contra la resistencia a los antimicrobianos de acuerdo con el enfoque “Una salud”. Además, promueve el intercambio



de experiencias y aboga por la adopción de las mejores prácticas y la realización de acciones colaborativas entre países.

Los máximos responsables como la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO), la Organización Mundial de Sanidad Animal (OIE) y la Organización Mundial de la Salud (OMS) han integrado un nuevo Grupo “Una Salud” de Dirigentes Mundiales sobre la Resistencia a los Antimicrobianos. La OMS ha declarado que la resistencia a los antimicrobianos es una de las 10 principales amenazas de salud pública a las que se enfrenta la humanidad. Las acciones principales para contribuir a la contención de la resistencia a los antimicrobianos son la prescripción adecuada, la educación comunitaria, la vigilancia de la resistencia y de las infecciones asociadas a la atención en salud, y el cumplimiento de la legislación sobre uso y dispensación de antimicrobianos (OMS, 2020).

Las mascotas como reservorios

Existen bacterias que se adaptan muy bien a los diferentes nichos dentro de hospederos humanos y animales, estableciendo una relación simbiótica con su hospedero; sin embargo, en condiciones especiales, pueden comportarse como patógenos oportunistas, provocando infecciones que se consideran zoonóticas. Estas bacterias pueden poseer genes determinantes de la resistencia antimicrobiana, los cuales pueden transferirse entre la población bacteriana por medio de elementos genéticos móviles, como los plásmidos, los cuales pueden acarrear información genética para resistencia hacia múltiples familias de antibióticos, lo cual tiene mucha importancia en la transferencia de esta información entre el ambiente humano y veterinario. Existen evidencias que describen el papel de los animales que conviven cercanamente con el humano, especialmente las mascotas, como reservorios de estas bacterias multidrogorresistentes; esto representa un problema de salud pública debido al potencial riesgo de adquirir infecciones por bacterias multidrogorresistentes (Cortés y col. 2016). Esta revisión de la literatura analiza reportes recientes sobre la prevalencia de las bacterias *Staphylococcus aureus* y *Escherichia coli* resistentes a antibióticos aisladas de mascotas y humanos, sugiriendo la transmisión de estas bacterias multidrogorresistentes entre estos dos hospederos.

Materiales y métodos

Se llevó a cabo una búsqueda de literatura para identificar reportes científicos recientes que reporten la presencia de *S. aureus* y *E. coli* en humanos y animales de compañía. La búsqueda se realizó en la base de datos PubMed y Google Académico. Se recuperaron un total de 39 fuentes bibliográficas. La selección de los mismos se realizó con base a los siguientes criterios: 1) que abordaran datos sobre las tasas de resistencia a antibióticos en *S. aureus* y *E. coli* de humanos y animales, 2) que describieran los determinantes genéticos de resistencia y 3) que describieran la transferencia de *S. aureus* y *E. coli* en humanos y mascotas.

Resultados y Discusión

Bacteria *S. aureus*

Este microorganismo es nombrado por la etimología griega de las palabras Staphyle, que significa “racimo de uvas” y de la palabra en latín aurum que caracteriza la pigmentación de color oro que puede producir (Gómez, 2019).

La taxonomía de esta bacteria es la siguiente: se encuentra en el de Dominio Bacteria, dentro del Filo Firmicutes, Clase Bacilli, Orden Bacillales, en la Familia *Staphylococcaceae*, en el género *Staphylococcus*.



Dentro de este último se encuentran 77 especies y 30 subespecies (<https://lpsn.dsmz.de/search?word=Staphylococcus>).

Este género bacteriano está conformado por cocos con un diámetro de 0.5-1.5 micrómetros, además poseen la característica de ser Gram positivos (sus paredes se tiñen de color azul después de aplicar el método de la tinción de Gram). Pueden tener una conformación de células variada que van desde una sola hasta una forma de racimo de uvas. Además, son bacterias sésiles, es decir, que pueden producir biopelícula, y adicionalmente no producen esporas con las que se puedan diseminar. Algunas no tienen cápsula y otras pueden formar una cápsula de limo, su respiración es anaerobia facultativa (pueden desarrollarse en presencia de oxígeno, pero también en su ausencia mediante otros mecanismos) (Cervantes y col. 2014). Algunas de sus características bioquímicas son la de ser catalasa y coagulasa positivas, además de ser β -hemolítico (Pasachova y col. 2019). De todas las especies de este género, *S. aureus* es la de mayor importancia clínica en humanos junto con *S. lugdunensi*. En animales también se puede localizar a *S. pseudintermedius* (Lee y col. 2018 & Cervantes y col. 2014).

Al sembrarse en placas con agar, las colonias pueden presentar características morfológicas como una forma circular, superficie elevada, textura lisa, bordes enteros y una pigmentación que puede variar en color ya que puede ser de un color amarillo hasta un dorado, esto es por la producción de carotenoides. También tenemos que cuando se siembran en placas con agar sangre, sus colonias generan β -hemólisis o incluso hemólisis completa (Cervantes y col. 2014).

Algunos de los métodos para su detección son pruebas de laboratorio que van desde la microscopia, observando muestras teñidas, hasta pruebas más específicas como las de catalasa y coagulasa ya que *S. aureus*, como se menciona anteriormente, manifiestan un resultado positivo en ambas pruebas. En la prueba de catalasa, que es la que más se usa, *S. aureus* produce oxígeno cuando interactúa con el peróxido de hidrógeno (Gómez, 2019). Los medios de cultivo donde puede crecer *S. aureus* pueden ser el agar sangre, agar chocolate, agar de infusión cerebro corazón (BHI) y uno de los más usados es el agar Baird Parker, ya que, en este último, *S. aureus* forma colonias con color negro. Otro más puede ser el agar manitol salado que es un medio en donde sólo crecen bacterias de dicho género presentando una pigmentación amarilla debido a que pueden fermentar el manitol (Cervantes y col. 2014 & Pasachova y col. 2019).

Las pruebas moleculares también son empleadas para la identificación de este microorganismo, algunas son las PCR (reacción en cadena de la polimerasa) y PCR en tiempo real, aunque la desventaja que poseen es que son tanto caras y requieren equipo especializado.

***S. aureus* resistentes a la meticilina (MRSA)**

Existen cepas de *S. aureus* que presentan resistencia a antibióticos, algunas son *S. aureus* resistentes a meticilina (MRSA, por sus siglas en inglés), que poseen mecanismos para evitar ser dañadas por este antibiótico, con prevalencia en centros de salud, entornos comunitarios y granjas ganaderas de todo el mundo. Se informó de su presencia en la década de los 60's, no mucho tiempo después de que se empezara a usar a la meticilina. Sin embargo, la utilización de este antibiótico no duró mucho ya que podía generar toxicidad, pero conservó el nombre (Lee y col. 2018).

Además de los humanos, el MRSA puede colonizar otras especies animales y, por lo tanto, puede aparecer resistencia a nuevos antimicrobianos y propagarse entre especies. El ganado y los animales de



compañía son particularmente importantes en este sentido, considerando el uso relativamente alto de antimicrobianos en estas especies. Existe el riesgo de que los humanos que entran en contacto directo con animales adquieran MRSA, pero también existe el riesgo de que los animales adquieran MRSA de humanos colonizados (Crespo & Lawlor, 2021).

Las cepas de *S. aureus* MRSA adaptadas a los humanos se han reconocido tradicionalmente como MRSA asociado al hospital (HA) y MRSA asociado a la comunidad (CA). Además de las infecciones por HA y CA-MRSA, la incidencia de infecciones por MRSA asociadas al ganado (LA) también ha aumentado en varias especies animales, especialmente en cerdos en países Europeos y América del Norte. Se han identificado distintos linajes clonales de MRSA según las regiones geográficas. Aunque el secuenciotipo (ST) 398 LA-MRSA se ha detectado en bovinos, equinos, ovinos, caprinos, aves de corral e incluso en animales de compañía (perros y gatos principalmente), los cerdos parecen ser el principal reservorio de ST398 MRSA. Más importante aún, ST398 LA-MRSA también se ha encontrado en personas que están en contacto directo/indirecto con cerdos colonizados por MRSA o alimentos de origen animal. Aunque todavía hay información limitada sobre la prevalencia de las infecciones por LA-MRSA, estudios recientes han indicado que los clones de MRSA más frecuentes aislados de cerdos son ST398 (CC398). Se ha indicado que el aumento de LA-MRSA (ST398) en cerdos parece estar asociado con el uso de antibióticos, especialmente con compuestos de tetraciclina (TET). Además de la resistencia a TET, se cree que la resistencia al zinc entre los aislamientos de LA-MRSA está asociada con la prevalencia de ST398 MRSA. Estas cepas MRSA son agrupadas de la siguiente manera:

- a) MRSA adquirido en el hospital (HA-MRSA) que fue aislado por primera vez en 1961 en el Reino Unido y dentro de los siguientes 10 años se esparció por los demás países Europeos. Y en 1968 se registró el primer brote en el continente Americano (Aires, 2017).
- b) MRSA adquirido en la comunidad (CA-MRSA). El primer caso ocurrió a principios de los 90's en Australia, pero fue en E.U. donde comenzó a reconocerse como una nueva entidad de infección por *S. aureus*, ya que algunas características de su fenotipo y genotipo diferían de los HA-MRSA (Aires, 2017).
- c) MRSA asociado a ganado (LA-MRSA). En 2009 se utilizó para referirse a este tercer grupo de cepas de MRSA, para las cuales se consideran reservorios los animales de ganado (principalmente cerdos).

A pesar de que *S. aureus* es una bacteria comensal, con frecuencia causa infecciones nosocomiales o adquiridas en la comunidad clínicamente importantes. Durante la infección por MRSA, las opciones de tratamiento son limitadas. Aunque el número de infecciones por MRSA es todavía relativamente bajo en muchos países de Europa occidental y del norte, cada año se producen aproximadamente 150,000 infecciones por MRSA en la Unión Europea, lo que representa unas 7000 muertes al año (Cassini y col. 2019).

Hospedero

Como se mencionó anteriormente, esta especie es de importancia clínica y veterinaria, pues los organismos que pueden ser colonizados por esta bacteria son el humano, animales de compañía como perros y gatos, incluso animales de granja como aves de corral, cerdos, ovejas, bovinos como vacas y novillas, pero no en



todas las especies el porcentaje de prevalencia es el mismo pues en pollo puede ser de hasta un 90% mientras que en las ovejas varía de 14-35 %. *S. aureus* también ha logrado aislarse en varios animales salvajes como aves (pinzones, ánades reales, buitres), ciervos, mamíferos acuáticos (delfines, foca común), primates (macacos, grandes simios) ardillas, mapaches, osos, entre otros más (Haag y col. 2019).

En un resumen hecho por European Food Safety Authority and European Centre for Disease Prevention and Control (2019), mencionan que algunos países miembros de la Unión Europea reportaron MRSA en carne de ganado, cerdo y conejo para consumo humano, así como en animales de compañía (EFSA & ECDC, 2019).

Sitios de colonización

Este microorganismo coloniza diversas áreas del cuerpo humano como la piel, las fosas nasales (en donde alrededor del 30% de la población lo tiene presente), en las ingles y las axilas. También puede encontrarse en el tracto gastrointestinal (Pasachova y col. 2019). En cuanto a perros y gatos, *S. aureus* se encuentra en las fosas nasales. En vacas sanas que son portadoras, este patógeno se encuentra en zonas como la cavidad nasal, el recto y la piel del pezón (Haag y col. 2019).

Enfermedades causadas

Debido a que *S. aureus* coloniza diversas áreas que son tejidos blandos, también puede hacerlo en fómites, dispositivos médicos, así como también puede transmitir enfermedades por medio del consumo de alimentos contaminados (Silva y col. 2020 & Haag y col. 2019). En los humanos puede producir enfermedades como bacteriemia nosocomial (bacterias en la sangre) del cual *S. aureus* es el principal causante en América y el segundo en Europa. Además, pueden causar enfermedades menores e infecciones serias como del sistema nervioso central, osteomielitis, infecciones respiratorias, del tracto urinario, gastrointestinales, así como el síndrome de choque tóxico (Haag y col. 2019).

Cualquier persona puede enfermarse por esta bacteria; sin embargo, las personas con comorbilidades o inmunocomprometidas, están más predisuestas. Por ejemplo, personas diabéticas, personas con afecciones de la piel, con cirugías recientes y niños menores de 2 años son más susceptibles a infecciones por *S. aureus* (Pasachova y col. 2019).

En cuanto a los animales, las enfermedades que pueden presentar dependen de cada especie. En los rumiantes *S. aureus* y otras especies de este género, así como la bacteria *E. coli*, son los causantes principales de la mastitis en vacas lecheras, por lo que genera grandes pérdidas económicas. En los pequeños rumiantes puede ocasionar mastitis y septicemia, que pueden ser infecciones secundarias producto de alguna infección por parásitos que permiten a *S. aureus* ingresar a la circulación sanguínea. En corderos puede causar toxemia fatal, en cabras genera una infección secundaria como sarna crióptica y dermatitis pustulosa contagiosa (Haag y col. 2019).

En conejos las infecciones por este microorganismo se han asociado a abscesos, dermatitis supurativa, mastitis, pododermatitis y lesiones purulenta subcutáneas (Silva y col. 2020). En aves de corral, *S. aureus* es la principal causante de infecciones esqueléticas, dermatitis gangrenosa, septicemia (Aires, 2017). Cuando las barreras mecánicas son atravesadas por *S. aureus*, esta llega a tejidos profundos y produce las infecciones mencionadas y lo más grave es que *S. aureus* puede entrar al torrente sanguíneo (Cervantes



y col. 2014). En caballos sanos, *S. aureus* se ha localizado en fosas nasales y muestras fecales (Mama y col, 2019).

Bacteria *E. coli*

E. coli es la bacteria más estudiada en el campo de la microbiología y la medicina por su fácil manejo genético. Pertenece al orden de los Enterobacterales. Además, es un comensal del tracto intestinal de los mamíferos homeotermos. Sin embargo, también puede llegar a ser patógeno en humanos y animales. Es un bacilo con un tamaño de 1 x 2 micrómetros y produce alrededor de 5,000 genes diferentes. El periodo de replicación es de 15 a 30 minutos si está en un medio de cultivo que contenga glucosa y sales inorgánicas (Paniagua y col. 2017).

Debido a que es una bacteria Gram negativa, su pared celular está constituida por un espacio periplásmico, la membrana externa y la membrana interna. Puede usar su flagelo para moverse o ser inmóvil. Es anaerobia facultativa y puede crecer con un metabolismo fermentativo y respiratorio. Es una bacteria que, como comensal, nos ayuda porque inhibe el crecimiento de otras bacterias que pueden ser patógenas para su hospedero y promueve la absorción de nutrientes (Ryan & Ray, 2017).

Todas las cepas de *E. coli* pueden clasificarse en patotipos o también en subtipos. Estos últimos usan criterios como el secuenciotipo, el serotipo, pulsotipo, tipo de fago, así como el biotipo (Robins y col., 2016). Las cepas de *E. coli* patógenas y no patógenas comparten gran parte de sus genes (alrededor de 3,000). Se diferencian por la pérdida o adquisición de rasgos que están asociados con la virulencia (Poirel y col. 2018). *E. coli* posee un gran número de genes que le pueden ayudar a generar resistencia a antibióticos como los β -lactámicos, que son de los más utilizados en la clínica humana y veterinaria.

Clasificación de los patotipos de *E. coli* y enfermedades causadas

Podemos clasificar a los patotipos con base en su ubicuidad. Estos pueden ser *E. coli* comensales, *E. coli* diarreogénicas (DEC, por sus siglas en inglés) y *E. coli* patógenas extraintestinales (ExPEC). Las cepas de *E. coli* que causan enfermedades intestinales se conocen como *E. coli* patógenas intestinales (IPEC) en donde están clasificados los patotipos DEC:

- *E. coli* enteropatógena (EPEC). Fue la primera en ser descubierta y puede generar diarreas y muerte en niños pequeños mayormente en países en desarrollo. Estas cepas pueden dividirse en típicas y atípicas debido a la presencia o ausencia respectivamente, de un plásmido que contribuye al factor de virulencia llamado factor de adherencia de EPEC (EAF: EPEC adherence factor) (Farfán y col. 2016).
- *E. coli* enteroinvasiva (EIEC) Este patotipo está muy relacionado con la bacteria *Shigella* debido a la enfermedad que provocan: la disentería bacilar; así como su factor de virulencia principal que es un plásmido llamado pINV que ayuda a estas a entrar a las células epiteliales y que puedan invadir a células vecinas.
- *E. coli* enterotoxigénica (ETEC). Es una de las principales causas de diarrea en viajeros que visitan países en desarrollo, así como en niños de esos países, además de diarreas en animales domésticos como terneros y lechones en donde las pérdidas económicas son muy considerables. Este patotipo puede sintetizar más de una enterotoxina.



- *E. coli* enterohemorrágica (EHEC). Fue la primera en causar brotes de colitis hemorrágica en Estados Unidos a principios de los 80's. Su determinante de virulencia es la toxina Shiga que es codificada por fagos o la verotoxina que posee distintas variedades. También puede causar el síndrome urémico hemolítico.
- *E. coli* enteroagregativa (EAEC). Es un patotipo reciente que está asociado con la diarrea pediátrica en países en desarrollo, así como en adultos y viajeros. Algunos tipos pueden ser más virulentos que otros.
- *E. coli* difusamente adherente (DAEC). Se identificó por su patrón de adherencia en células de cultivo de tejidos.

E. coli invasora adherente (AIEC). Es el más reciente e inusual de los patotipos intestinales descritos pero que no provoca diarrea, pero se cree que puede causar inflamación intestinal crónica (enfermedad de Crohn). Sus factores de virulencia son muy similares a los de otros patotipos (Vila y col. 2016 & Robins y col. 2016).

En cuanto a las cepas ExPEC también pueden causar graves infecciones en sitios diferentes al tejido intestinal como: en heridas expuestas, el tracto urinario (ITU), peritonitis, neumonía, meningitis e incluso septicemia. Los patotipos ExPEC son *E. coli* uropatógena (UPEC), *E. coli* asociada a meningitis neonatal (NMEC) y *E. coli* asociada a sepsis (SEPEC). Las infecciones que pueden generar estos subpatotipos generalmente son oportunistas y se presentan en los hospederos que pueden estar inmunocomprometidos por algunas comorbilidades, una edad muy temprana o muy avanzada (Robins y col. 2016; García & Fox, 2021). Las ExPEC causan enfermedades urinarias en animales de compañía. En aves puede causar colibacilosis que puede iniciar en las vías respiratorias debido a la inhalación de polvo con materia fecal, llegando a causar pericarditis, septicemia e incluso la muerte (Poirel y col. 2018).

En cuanto se refiere a cepas comensales, estas muy rara vez pueden comportarse como patógenas. Sólo lo hacen cuando su hospedero está inmunodeprimido o cuando las barreras del tracto gastrointestinal se rompen como en el caso de una peritonitis (Kaper y col. 2004).

Como se mencionó anteriormente, *E. coli* es un agente patógeno muy común para los humanos ya que puede causar infecciones urinarias, gastrointestinales, así como meningitis, infecciones en la piel, osteomielitis, entre otras (Poirel y col. 2018).

En cuanto a los animales *E. coli* es uno de los principales causantes de diarrea, así como otros patógenos o una combinación de ellos. Las ETEC pueden afectar principalmente a animales jóvenes de granja como lechones, terneros recién nacidos y pollos, así como también perros.

Además, *E. coli* es un microorganismo comensal que se encuentra tanto dentro como fuera del intestino grueso de los mamíferos y se usa comúnmente como indicador de contaminación fecal. El tratamiento puede complicarse por la resistencia a los antimicrobianos, en particular frente a las cefalosporinas de espectro extendido. Cada vez es más frecuente la presencia de enzimas, como las betalactamasas AmpC y las betalactamasas de espectro extendido (BLEE) en *E. coli*, las cuales proporcionan resistencia a los betalactámicos y más importante aún, frecuentemente también se transmiten junto con genes que dan resistencia a otros antibióticos como quinolonas y aminoglucósidos.



Aislamiento de *S. aureus* y *E. coli* provenientes de mascotas y sus dueños

El género *Staphylococcus* es parte de la microbiota de animales, incluido el humano, y es considerado como un microorganismo oportunista. En animales como gatos y perros *S. epidermis*, *S. felis* y *S. pseudointemedius* son los más aislados pues son parte de la microbiota de estos animales, mientras que *S. aureus* está presente en ellos como un patógeno oportunista (Bierowiec y col. 2016). Animales como mamíferos, aves e incluso reptiles son capaces de albergar nuevas cepas de *S. aureus* y esto puede conllevar a que estas cepas logren infectar al humano, así como también que los humanos logren transmitir estas cepas a los animales.

Una clara zoonosis de *S. aureus* es la causada por el complejo clonal ST398, adaptado al humano, que ha sido transmitido a animales como cerdos, vacas y aves de corral (Heaton y col. 2020). Epidemiológicamente, en animales, el que las fosas nasales sean colonizadas por *S. aureus* es un indicio para analizar una exposición a humanos, ganado o mascotas. Bierowiec y col. (2016) mencionan que el contacto estrecho entre humanos y sus mascotas aumenta la posibilidad de que las mascotas sean colonizadas por *S. aureus*. Por ejemplo, los gatos ferales que dieron positivo a *S. aureus* en su estudio realizado en Polonia, pudieron haberse colonizado por contacto con desechos médicos, domésticos o incluso contacto humano. En un estudio hecho por Ma y col. (2020) en Australia se reportó la presencia de *Staphylococcus* coagulasa positivo (CPS, por sus siglas en inglés), en el 4.3% de perros y 3.8% de gatos, siendo el segundo más prevalente por debajo de *S. pseudointermedius* con un 43.9%. Además, que detectaron más de una especie de CPS al mismo tiempo e incluso en el mismo sitio de toma de muestra. Suepaul y col. (2021) en un estudio realizado en la isla de Trinidad encontraron que el 89.3% de los dueños y el 87.5 % de las mascotas dieron positivo a más de una especie de *Staphylococcus*. De esos aislados, el 15.1 % fueron de *S. aureus* y en perros fue del 2.1%. En un estudio hecho en Jordania sobre MRSA aislados de perros y el personal asociado a ellos, obtuvieron 46 aislamientos de *Staphylococcus*, de los cuales 29 (19 en perros y 10 en humanos) fueron *S. aureus* en donde la prevalencia fue de 12.7% en perros y 10% en humanos. Además, encontraron que 13 eran MRSA de los cuales 6 fueron de perros domésticos, 2 de perros de granja y los otros 5 fueron de humanos. Además, se demostró una relación genética entre los aislados de MRSA de perros y humanos por lo que sugieren una enorme posibilidad de transmisión entre ellos (Tarazi y col. 2015).

También debemos mencionar a la fauna silvestre la cual no se toma en cuenta en los estudios epidemiológicos. Estos pueden fungir como reservorios de algunas especies de *Staphylococcus*, así como también pueden exponerse a estos organismos debido a la actividad humana en sus hábitats, contaminación de cuerpos de agua por excremento humano o lodos y/o desechos de humano o ganado que son dispersados a los cultivos (Heaton y col. 2020). *S. aureus* se ha encontrado en una gran variedad de animales en vida silvestre en diversas partes del mundo, por lo que esto podría generar un intercambio bidireccional de genes de virulencia o resistencia a antibióticos de *S. aureus* entre humanos y animales y contribuir a formarse nuevas cepas, sin olvidar la invasión del humano a los hábitats de los animales (Heaton y col. 2020). Hemeg (2021) encontró una incidencia alta de *S. aureus* en perros, seguida de humanos y finalmente de gatos. Además, agrupó a las cepas y observó que el grupo 3 y 4 estaban estrechamente relacionadas entre sí, lo que indica una alta similitud entre las cepas que se aislaron de humanos y mascotas. Entonces concluyen que animales de compañía (perros y gatos) actúan como reservorios de *S. aureus* los cuales ponen en riesgo a la salud pública.

También podemos encontrar estudios hechos en animales de granja como los cerdos, en los que se han encontrado aislados de *S. aureus*, como el de Reynaga y col. (2016) los cuales analizaron a trabajadores y cerdos de granjas porcinas en Cataluña, España. Encontraron que el 57.9 % (81/140) de los trabajadores dieron positivo a MRSA y de los cerdos analizados, el 46% (92/200) también dieron positivo a MRSA. En



Portugal se encontraron cepas de *S. aureus* en muestras de lesiones purulentas de conejos. Del total de las muestras, el 76% fueron positivos para esta bacteria. Así como también se identificaron 16 muestras (24%) de cepas de MRSA (Silva y col. 2020). Mama y col. (2019), realizaron un estudio en España sobre la diversidad de especies de *Staphylococcus* en caballos destinados para consumo humano. Se obtuvieron 80 muestras (nasales y fecales), de los cuales se recuperaron 90 aislados de diversas especies de *Staphylococcus*, donde el 37.7% fueron de *S. aureus*.

La transferencia entre mascotas y humanos también ha sido documentada con *E. coli*, ya que al ser un comensal del tracto intestinal es fácilmente diseminada en diferentes hospederos, ambientes y alimentos, siendo más relevante cuando se detectan cepas patogénicas y resistentes a diferentes grupos de antibióticos. Ortega y col. (2019) en un estudio hecho en Ecuador sobre *E. coli* en heces de perros encontraron que, del total de las muestras, en el 40% se aislaron colonias de *E. coli*. Otro estudio hecho en Corea del sur recolectó muestras en mascotas y sus dueños en donde el 60.6% de las muestras eran aislados de *E. coli* (Chung y col. 2017).

De igual manera, es importante destacar algunos aislados que se han obtenido en varios estudios como el de Abbas y col. (2019) realizado en Pakistán, donde, además de detectar la presencia de *E. coli* también han detectado cepas que son resistentes a algunos fármacos tanto en las mascotas (perros y gatos) como en sus dueños, así como en personal veterinario. El 69.5% fueron aislados de *E. coli* productoras de BLEE, donde el 17.1 % eran de perros, el 12.3% eran del dueño de perro, 16.1% de gatos, el 12.3% de dueños de gatos y el 11.4 % corresponde a profesionales veterinarios. Esto podría generar un problema grave debido a que las mascotas domésticas pueden ser los causantes potenciales de la propagación de la resistencia a antibióticos por el mal uso de estos medicamentos en mascotas, así como el estrecho contacto con las personas (Abbas y col. 2019). Grönthal y col. (2018) realizaron un estudio en Finlandia, sobre una familia y sus dos perros para determinar si hubo transmisión de *E. coli* entre ellos. Los perros eran sabuesos que vivían en la misma casa. Al realizar análisis moleculares encontraron indicios claros de transmisión de algunas cepas de *E. coli* entre los dos perros y los dueños y consideran que la transmisión fue de humano a perro. Salgado y col. (2021) realizaron un metaanálisis sobre la prevalencia y caracterización molecular de *E. coli* productoras de β -lactamasas en perros y gatos a nivel mundial. De las prevalencias más altas que encontraron en la revisión fueron, en perros el 84% en Países Bajos y en gatos del 74% en Pakistán. En Reino Unido, Mounsey y col. (2022), analizaron a 223 perros menores de 5 meses de edad alimentados con carne cruda comercial, encontrando alta prevalencia de *E. coli* resistentes a fluoroquinolonas, con lo que concluyen el que la alimentación cruda se asocia con la diseminación de *E. coli* resistentes a los antibióticos en perros incluso a temprana edad, y que las bacterias albergadas por los cachorros son compartidas con los humanos.

En un estudio transversal hecho en 3 países europeos, se analizaron en total 303 muestras de animales de compañía (perros y gatos). *E. coli* se aisló del 93% de las muestras en los 3 países, Bélgica (perros= 44; gatos= 44; 29%), Italia (perros = 50; gatos= 50; 33%) y los Países Bajos (perros = 51; gatos = 43; 31%). Del total de aislados de *E. coli* el 73% fueron sensibles a al menos un antimicrobiano (Joosten y col. 2020).

En México, a diferencia de las infecciones humanas, se carece de datos de vigilancia de la resistencia a los antimicrobianos para aislamientos clínicos de animales, aunque se ha encontrado resistencia a las cefalosporinas (incluida la producción de BLEE y AmpC) en aislamientos bacterianos de animales de compañía. En el estado de Puebla Rocha y col. (2015) realizaron un estudio sobre aislados fecales de *E. coli* resistente a cefotaxima (CTXR) en perros sanos. Aquí se colectaron muestras de heces de 53 perros sanos de un área urbana en la ciudad de Puebla, México. Del total de los aislados el 17% (9/53) fueron positivos para *E. coli* (CTXR). Dentro de estos 9 aislados, 3 (5.7%) presentaron un fenotipo BLEE. Los otros 6 presentaban resistencia a otros antibióticos, así como la producción de β -lactamasas de tipo CMY-2. Este



hallazgo es relevante para la salud veterinaria y pública, debido a que estos resultados indican la presencia de cepas resistentes a animales de compañía sanos y por ende una potencial transferencia al humano.

También, en el en mismo grupo de trabajo, Cortés-Cortés y col. (2016) realizaron un trabajo sobre la presencia de genes de resistencia a antimicrobianos de *E. coli* CTXR que fueron aisladas de tortugas. Tomaron muestras cloacales de 71 tortugas adultas provenientes de un herpetario de la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla. Fueron 4 especies de tortugas, 37 de *Kinosternon integrum*, 30 de *Trachemys scripta elegans*, 3 de *Chelydra serpentine* y 1 del género *Rhinoclemmys* spp. Del total de tortugas 4 procedían de habitats ambientales y 67 eran mascotas que fueron donadas. El 15.5% (11/71) detectaron aislados de *E. coli* CTXR. De los cuales, 8 (11.3%) presentaron resistencia a amoxicilina-ácido clavulánico y/o cefoxitina, 4 mostraron BLEE y 2 exhibían el gen que codifica la enzima CTX-M-2. Además, se encontró que el 7% de los aislados fueron *E. coli* resistentes a fluoroquinolonas. Incluso algunos presentaron genes de resistencia a sulfonamida, cloranfenicol y trimetoprim en integrones de clase 1 o clase 2. Esto nos mostraría la capacidad de *E. coli* para adaptarse a nuevos hospederos. Además, es un tema de salud pública debido a que las tortugas al ser mascotas, pueden ser un reservorio de *E. coli* resistentes a diversos fármacos que pueden infectar a humanos y otros animales de compañía. La información de las tasas de resistencia en *S. aureus* y *E. coli* aisladas de humanos y animales de comapañía se concentran en la tabla 1.

Tabla 1. Reportes que documentan el aislamiento de *S. aureus* y *E. coli* en mascotas y dueños.

Bacteria	Prevalencia	Hospedero	País	Referencia
<i>S. aureus</i>	4.3%	Perro	Australia	Ma y col. (2020)
	3.8%	Gato		
<i>S. aureus</i>	15.1%	Humano	Isla Trinidad, Trinidad y Tobago	Suepaul y col. (2021)
	2.1%	Perro		
<i>S. aureus</i>	12.7%	Perro	Jordania	Tarazi y col. (2015)
	10%	Humano		
MRSA	57.9%	(Trabajador de granja)	España	Reynaga y col. (2016)
	46%	Cerdo		
<i>S. aureus</i>	76% (del cual 24% eran MRSA)	Conejo	Portugal	Silva y col. (2020)
<i>S. aureus</i>	37.7%	Caballo	España	Mama y col. (2019)
<i>E. coli</i>	40%	Perro	Ecuador	Ortega y col. (2019)
<i>E. coli</i>	60.6%	Perro y Gato	Corea	Chung y col., (2017)
	17.1 %	Perro		
<i>E. coli</i> (BLEE)	12.3%	Humano (dueño de perro)	Pakistán	Abbas y col. (2019)
	16.1%	Gato		



	12.3%	Humano (dueño de gato)		
	11.4%	Humano (personal veterinario)		
<i>E. coli</i> productora de β -lactamasa	84%	Perro	Países Bajos	Salgado y col. (2021)
	74%	Gato	Pakistán	
<i>E. coli</i> FQ-R	41%	Perro	Reino Unido	Mounsey y col. (2022)
<i>E. coli</i>	29%	Perro y gato	Bélgica	Joosten y col. (2020)
	33%	Perro y gato	Italia	
	31%	Perro y gato	Países Bajos	
<i>E. coli</i> CTXR	17%	Perro	México	Rocha y col. (2015)
<i>E. coli</i> CTXR	15.5%	Tortuga	México	Cortés y col. (2016)
<i>E. coli</i>	6.9 % (FQ-R)	Perro y gato	Australia	Kidsley y col. (2020)
	93% (FQ-S)	Perro y gato		

BLEE: betalactamasas de espectro extendido; CTXR: Resistente a cefotaxima; FQ-R: Resistente a fluoroquinolonas; FQ-S: Sensible a fluoroquinolonas; MRSA: *S. aureus* resistente a meticilina.

Conclusiones

La transmisión de bacterias resistentes a los antimicrobianos entre animales que cohabitan con humanos implica que las intervenciones antimicrobianas en un individuo pueden afectar indirectamente el microbioma (y su resistencia a los antibióticos) de otros individuos en el mismo hogar. Un estudio de Nueva Zelanda encontró que 36 de 83 (43 %) pacientes con una ITU adquirida en la comunidad asociada con *E. coli* productora de betalactamasas AmpC mediada por plásmidos, no habían recibido ningún tratamiento antimicrobiano en los últimos 6 meses, ni habían sido hospitalizados (Drinkovic y col. 2015). Esto sugiere que existen otros impulsores (además del uso de antimicrobianos) para la selección y propagación de bacterias multidrogasresistentes en la comunidad, como el contacto cercano con los miembros del hogar, incluidas las mascotas, por lo que estas deben considerarse reservorios potenciales de estas bacterias.

En México, un gran número de los hogares tienen un animal de compañía, la mascota de la familia juega un papel central en la vida de muchas personas, con algunos comportamientos que facilitan la transmisión de bacterias entre las personas y sus mascotas. Sin embargo, con esta revisión no queremos establecer la imagen de estar en contra de tener una mascota en nuestros hogares, ni mucho menos de convivir con los animales, al contrario, queremos dejar claro que la convivencia con las mascotas tiene que ser dentro de un ambiente sano, higiénico, con espacios para la mascota, tenerla con esquemas completos de vacunación, así como higiene para la misma, desde el baño frecuente, recoger sus desechos, desinfectar las áreas donde duerme y come y algo muy importante, lavarse las manos con frecuencia después de tener contacto estrecho con el animal. Estas acciones ayudan a que la convivencia con nuestras mascotas sea sana tanto para nosotros como para ellas.



Agradecimientos

Agradecemos a la Vicerrectoría de Investigación y Estudios de Posgrado de la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, y a CONACYT a través del fondo FOSEC SEP-Investigación Básica (A1-S-22136).

Referencias

1. Abbas, G., Khan, I. and Mohsin. M. 2019. High rates of CTX-M group-1 extended-spectrum β -lactamases producing *Escherichia coli* from pets and their owners in Faisalabad, Pakistan. *Infect. Drug Resist.*, 12: 571-578.
2. Aires, M.S. 2017. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* among animals: current overview. *Clin. Microbiol. Infect.* 23: 373-380.
3. Bierowiec, K., Płoneczka, K.J. and Rypuła. K. 2016. Is the colonisation of *Staphylococcus aureus* in pets associated with their close contact with owners? *PLoS One.* 11: e0156052.
4. Cassini, A., Högberg, L.D., Plachouras, D., Quattrocchi, A., Hoxha, A., Simonsen, G.S., Colomb, M.C., Kretzschmar, M.E., Devleeschauwer, B., Cecchini, M., Ouakrim, D.A., Oliveira, T.C., Struelens, M.J., Suetens, C., Monnet, D.L. and Burden of AMR Collaborative Group 2019. Attributable deaths and disability-adjusted life-years caused by infections with antibiotic-resistant bacteria in the EU and the European Economic Area in 2015: a population-level modelling analysis. *Lancet Infect Dis.* 19: 56–66.
5. Cervantes, E.G., García, R.G. and Salazar. P.M.S. 2014. Características generales del *Staphylococcus aureus*. *Rev Latinoam Patol Clin Med Lab.* 61: 28-40.
6. Chung, Y.S., Hu, Y.S., Shin, S., Lim, S.K., Yang, S.J., Park, Y.H. and Park. K.T. 2017. Mechanisms of quinolone resistance in *Escherichia coli* isolated from companion animals, pet-owners, and non-pet-owners. *J. Vet. Sci.* 18: 449-456.
7. Cortés, G.C., Lozano, P.Z., Torres, C., Castañeda, M., Sánchez, G.M., Alonso, C.A., López, L.P., Mayen, M.G., Martínez, Y.L. and Rocha. R.G. 2016. Detection and Molecular Characterization of *Escherichia coli* Strains Producers of Extended-Spectrum and CMY-2 Type Beta-Lactamases, Isolated from Turtles in Mexico. *Vector Borne Zoonotic Dis.* 16: 595–603.
8. Crespo, D.P. and Lawlor. P.G. 2021. Livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (LA-MRSA) prevalence in humans in close contact with animals and measures to reduce on-farm colonisation. *Ir Vet J.* 74: 1-12.
9. Drinkovic, D., Morris, A.J., Dyet, K., Bakker, S. and Heffernan. H. 2015. Plasmid-mediated AmpC beta-lactamase-producing *Escherichia coli* causing urinary tract infection in the Auckland community likely to be resistant to commonly prescribed antimicrobials. *N. Z. Med. J.* 128: 50–59.
10. European Food Safety Authority & European Centre for Disease Prevention and Control. 2019. The European Union summary report on antimicrobial resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2017. *EFSA Journal*, 17: e05598.
11. Farfán, A.E.G., Ariza, S.C.R., Vargas, F.A.C. and Vargas. L.V.R. 2016. Mecanismos de virulencia de *Escherichia coli* enteropatógena. *Rev Chilena Infectol.* 33: 438-450.
12. García, A. and Fox, J.G. 2021. A One Health Perspective for Defining and Deciphering *Escherichia coli* Pathogenic Potential in Multiple Hosts. *Comp. Med.* 71: 3–45.
13. Gómez, P.V. 2019. *Staphylococcus aureus* en animales de vida libre y medioambiente. Resistencia a antimicrobianos, virulencia, líneas genéticas circulantes y genómica comparativa. D. dissertation, Univ. de La Rioja, Logroño
14. Grönthal, T., Österblad, M., Eklund, M., Jalava, J., Nykäsenoja, S., Pekkanen, K. and Rantala. M. 2018. Sharing more than friendship—transmission of NDM-5 ST167 and CTX-M-9 ST69 *Escherichia coli* between dogs and humans in a family, Finland, 2015. *Euro Surveill.* 23: 1700497.



15. Haag, A.F., Fitzgerald, J.R. and Penadés. J.R. 2019. *Staphylococcus aureus* in Animals. Microbiol. Spectr. 7: 7-3.
16. Heaton, C.J., Gerbig, G.R., Sensus, L.D., Patel, V. and Smith. T.C. 2020. *Staphylococcus aureus* epidemiology in wildlife: A systematic review. J. Antibiot. 9: 89.
17. Hemeg, H.A. 2021. Determination of phylogenetic relationships among methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* recovered from infected humans and Companion Animals. Saudi J Biol Sci, 28: 2098-2101.
18. <https://ipsn.dsmz.de/search?word=Staphylococcus>
19. Joosten, P., Ceccarelli, D., Odent, E., Sarrazin, S., Graveland, H., Van Gompel, L., Battisti, A., Caprioli, A., Franco, A., Wagenaar, J.A., Mevius, D. and Dewulf. J. 2020. Antimicrobial Usage and Resistance in Companion Animals: A Cross-Sectional Study in Three European Countries. J. Antibiot 9: 87.
20. Kaper, J.B., Nataro, J.P. and Mobley. H.L. 2004. Pathogenic *Escherichia coli*. Nat Rev Microbiol. 2: 123-140.
21. Kidsley, A.K., White, R.T., Beatson, S.A., Saputra, S., Schembri, M.A., Gordon, D., Johnson, J.R., O'Dea, M., Mollinger, J.L., Abraham, S. and Trott. D.J. 2020. Companion Animals Are Spillover Hosts of the Multidrug-Resistant Human Extraintestinal *Escherichia coli* Pandemic Clones ST131 and ST1193. Front. Microbiol. 11: 1968.
22. Lee, A.S., de Lencastre, H., Garau, J., Kluytmans, J., Malhotra, S.K., Peschel, A. and Harbarth. S. 2018. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. Nat. Rev. Dis. Primers. 4: 1-23.
23. Ma, G.C., Worthing, K.A., Ward, M.P. and Norris. J.M. 2020. Commensal staphylococci including methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* from dogs and cats in remote New South Wales, Australia. Microb. Ecol., 79: 164-174.
24. Mama, O.M., Gómez, P., Ruiz, L.R., Gómez, E.S., Zarazaga, M. and Torres. C. 2019. Antimicrobial Resistance, Virulence, and Genetic Lineages of Staphylococci from Horses Destined for Human Consumption: High Detection of *S. aureus* Isolates of Lineage ST1640 and Those Carrying the lukPQ Gene. Animals. 9: 900.
25. Mounsey, O., Wareham, K., Hammond, A., Findlay, J., Gould, V.C., Morley, K., Cogan, T.A., Turner, K.M., E., Avison, M.B. and Reyher. K.K. 2022. Evidence that faecal carriage of resistant *Escherichia coli* by 16-week-old dogs in the United Kingdom is associated with raw feeding. One Health. 14: 100370.
26. OMS. 2020. Resistencia a los antimicrobianos. Organización Mundial de la Salud. Ginebra
27. Ortega, D.P., Haro, M., Leoro, P.G., Barba, P., Loaiza, K., Mora, F. and Fernández. E.M. 2019. Multidrug-resistant *Escherichia coli* isolated from canine faeces in a public park in Quito, Ecuador. J. Glob. Antimicrob. Resist. 18: 263-268.
28. Paniagua, R., Nistal, M., Sesma, P., Álvarez, M.U., Fraile, B., Anadón, R. and Saéz. F. 2017. Biología celular y molecular, 4th ed. McGraw Hill.
29. Pasachova, J.G., Ramírez, S.M. and Muñoz. L.M. 2019. *Staphylococcus aureus*: generalidades, mecanismos de patogenicidad y colonización celular. Nova, 17: 25-38.
30. Poirel, L., Madec, J.Y., Lupo, A., Schink, A.K., Kieffer, N., Nordmann, P. and Schwarz. S. 2018. Antimicrobial resistance in *Escherichia coli*. Microbiol. Spectr. 6: 6-4.
31. Reynaga, E., Navarro, M., Vilamala, A., Roure, P., Quintana, M., Garcia, M.N., Figueras, R., Torres, C., Lucchetti, G. and Sabrià. M. 2016. Prevalence of colonization by methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* ST398 in pigs and pig farm workers in an area of Catalonia, Spain. BMC Infect. Dis. 16: 1-8.
32. Robins, R.M.B., Holt, K.E., Ingle, D.J., Hocking, D.M., Yang, J. and Tauschek. M. 2016. Are *Escherichia coli* pathotypes still relevant in the era of whole-genome sequencing?. Front. Cell. Infect. Microbiol. 6: 141.
33. Rocha, R.C.G., Cortés, G.C., Lozano, P.Z., Bello, F., Martínez, Y.L. and Torres. C. 2015. Faecal *Escherichia coli* isolates from healthy dogs harbour CTX-M-15 and CMY-2 β -lactamases. Vet. J. 203: 315-319.
34. Ryan, K.J. and Ray. C. 2017. Sherris. Microbiología médica, 6th ed. McGraw Hill.



35. Salgado, M.C., Benavides, J.A., Adell, A.D., Paes, A.C. and Moreno. A.I.S. 2021. Global prevalence and molecular characterization of extended-spectrum β -lactamase producing-*Escherichia coli* in dogs and cats–A scoping review and meta-analysis. *One Health*. 12: 100236.
36. Silva, V., Sousa, T., Gómez, P., Sabeça, C., Vieira, M.P., Capita, R., Alonso, C.C., Torres, C., Capelo, J.L., Igrejas, G. and Poeta. P. 2020. Livestock-Associated Methicillin-Resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) in Purulent Subcutaneous Lesions of Farm Rabbits. *Foods*. 9: 439.
37. Suepaul, S., Georges, K., Unakal, C., Boyen, F., Sookhoo, J., Ashraph, K., Yusuf, A. and Butaye. P. (2021). Determination of the frequency, species distribution and antimicrobial resistance of staphylococci isolated from dogs and their owners in Trinidad. *PloS one*. 16: e0254048.
38. Tarazi, Y.H., Almajali, A.M., Ababneh, M.M.K., Ahmed, H.S. and Jaran. A.S. 2015. Molecular study on methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains isolated from dogs and associated personnel in Jordan. *Asian Pacific Journal of Tropical Biomedicine*. 5: 902-908.
39. Vila, J., Sáez, E.L., Johnson, J.R., Römling, U., Dobrindt, U., Cantón, R. and Soto. S.M. 2016. *Escherichia coli*: an old friend with new tidings. *FEMS Microbiol. Rev.* 40: 437-463.

