Caracterización de los genes de resistencia antimicrobiana reportados en leche cruda de cabra: Revisión sistemática.

Deissy Maribel Anacona Palechor
Vanessa Cardona Castañeda

Título por el que opta:
Microbióloga

Director
Juan Diego Duque

Grupo de Investigación:
GIMIA

Línea de Investigación:
Clínica

Facultad de Ciencias Básicas
Microbiología
Universidad Santiago de Cali
Santiago de Cali - Colombia
2026

Caracterización de los genes de resistencia antimicrobiana reportados en leche cruda de cabra: Revisión sistemática

Deissy Maribel Anacona Palechor
Vanessa Cardona Castañeda

Trabajo de grado presentado como requisito parcial para optar al título de:
Microbióloga

Juan Diego Duque

Grupo de Investigación:
GIMIA

Línea de Investigación:
CLÍNICA

Nombrar ODS en el que se enmarca el trabajo de grado:
ODS 3: Salud y bienestar, ODS 2: Hambre cero, ODS 15: Vida de ecosistemas terrestres.

Universidad Santiago de Cali
Facultad de Ciencias Básicas
Programa de Microbiología
Cali, Colombia
2026

IMPACTOS

Relacione el (los) impacto(s) que presentó el Trabajo de Grado según los siguientes criterios:

IMPACTO	PRODUCTO	BENEFICIARIO(S)
Económico	Reporte técnico con sugerencias de control y seguimiento sanitario enfocado a disminuir las tasas de descarte de leche cruda ocasionadas por infecciones silenciosas de mastitis subclínica (MSC).	Pequeños productores caprinos ganaderos de la región.
Responsabilidad social	Brindar información y retroalimentar en capacitaciones sobre las buenas prácticas de higiene y los riesgos asociados a la transmisión de patógenos multirresistentes.	Consumidores locales de productos lácteos, familias campesinas y comunidades rurales expuestas.
Científico	Monografía, en formato de artículo, revisión sistemática orientada al análisis crítico de la evidencia científica sobre la diversidad, frecuencia y distribución de los genes de resistencia antimicrobiana presentes en leche cruda de cabra.	Comunidad académica, investigadores en ciencias biológicas, veterinaria**.**
Indicadores de Gestión	Elaborar sistemas de información científica, criterios PRISMA y una matriz de análisis para fortalecer y enriquecer los procesos de investigación académica.	Grupos de investigación e instituciones educativas, disponiendo de herramientas metodológicas para futuras investigaciones y revisiones sistemáticas.
Tecnológico	Usar bases de datos científicas y técnicas moleculares reportados en artículos analizados y herramientas bioinformáticas.	Centros de investigación y laboratorios microbiológicos para la implementación de técnicas de vigilancia molecular en resistencia antimicrobiana.
Técnico	Identificar genes de resistencia antimicrobiana como *blaTEM, mecA, tetA* y *blaCTX-M,* además de bacterias asociadas a la leche cruda de cabra y productos lácteos.	Microbiólogos, veterinarios, control de calidad para facilitar la toma de decisiones técnicas y sanitarias.

Ambiental	Estudio epidemiológico del entorno ganadero caprino para identificar su papel en la propagación de genes de resistencia a los antibióticos y su impacto sobre el ecosistema.	Entidades de salud pública y autoridades ambientales, investigadores y profesionales interesados en la protección ambiental y el control de la resistencia a los antibióticos.
Social	Aportar conocimientos sobre los riesgos asociados al consumo de leche cruda de cabra contaminada con bacterias resistentes, fortaleciendo la salud pública y la seguridad alimentaria.	Consumidores y comunidad en general para concientizar sobre la inocuidad alimentaria y la prevención de enfermedades zoonóticas.
Cultural	Promover el uso racional de antibióticos y la vigilancia microbiológica en la producción de los alimentos de origen animal.	Productores, consumidores y toda la comunidad en general fomentando prácticas responsables y educación sanitaria.

*Incluir los productos obtenidos derivados de la investigación como:

Apropiación social del conocimiento:
Fortalecer el conocimiento sobre la inocuidad alimentaria y la salud pública.
Sensibilizar sobre los riesgos sanitarios del consumo de leche no pasteurizada.
Divulgar información científica sobre la resistencia antimicrobiana en la leche cruda de cabra.

Generación de nuevo conocimiento:
Reconocer las familias de los antibióticos afectados por la resistencia bacteriana.
Identificar los genes y bacterias habitualmente reportados en la literatura científica.
Integrar y analizar la evidencia científica de los genes de resistencia antimicrobiana en leche cruda de cabra.

Métodos académicos:
Uso de bases de datos bibliográficas y síntesis de investigación científica.
Elaboración de matriz de revisión sistemática.
Aplicación de la metodología PRISMA para la selección y análisis de los artículos científicos a utilizar.

Impacto investigativo:
Apoyo para programas de vigilancia epidemiológica y control sanitario en producción animal.
Bases científicas para futuras investigaciones relacionadas con la resistencia de antimicrobianos, microbiología alimentaria y salud pública.

CARACTERIZACIÓN DE LOS GENES DE RESISTENCIA ANTIMICROBIANA REPORTADOS EN LECHE CRUDA DE CABRA: REVISIÓN SISTEMÁTICA

Deissy Maribel Anacona Palechor (deissy.anacona00@usc.edu.co),
Vanessa Cardona Castañeda (vanessa.cardona01@usc.edu.co)

Grupo de Investigación GIMIA, Programa de Microbiología. Facultad de Ciencias Básicas. Universidad Santiago de Cali. Campus Pampalinda Calle 5 # 62-00. Santiago de Cali. Colombia

RESUMEN

La resistencia antimicrobiana se ha consolidado como una de las principales amenazas para la salud pública y la seguridad alimentaria a nivel mundial. En este contexto, la leche cruda de cabra y sus derivados fueron analizados como posibles reservorios de bacterias multirresistentes y genes asociados a mecanismos de resistencia. El objetivo del estudio fue identificar y sistematizar la evidencia científica publicada entre 2020 y 2026 sobre la presencia de genes de resistencia antimicrobiana en productos lácteos caprinos, así como su relación con la salud humana y animal.

La metodología adoptada estuvo fundamentada en una revisión sistemática de la literatura y un protocolo basado en las recomendaciones de PRISMA. Para la búsqueda de los estudios se hicieron búsquedas en bases de datos científicas de acceso internacional, aplicando para ello los criterios de inclusión y exclusión predefinidos para la investigación, que garantizaron su buena calidad y pertinencia. Finalmente, se analizaron catorce artículos que cumplían los criterios establecidos.

Los resultados mostraron la presencia recurrente de genes como blaTEM, blaCTX-M, blaSHV y mecA (asociados a la resistencia frente a β-lactámicos y meticilina), así como la identificación de otros genes vinculados a tetraciclinas, macrólidos, sulfonamidas y quinolonas, además de carbapenemasas como blaNDM y blaKPC, lo que demuestra un panorama complejo y preocupante. Los microorganismos más frecuentes fueron Escherichia coli y Staphylococcus aureus, lo que permite confirmar su rol como agentes zoonóticos.

En conclusión, la leche cruda de cabra puede ser considerada un potencial vehículo de transmisión de genes de resistencia antimicrobiana. Estos hallazgos resaltan la necesidad de potenciar la vigilancia epidemiológica, fomentar investigaciones multicéntricas y de poner en práctica estrategias integrales bajo el enfoque One Health, con la finalidad de atenuar el impacto de la resistencia antimicrobiana en la salud pública y en la sostenibilidad de los sistemas de producción.

Palabras clave: *Antimicrobiana, Betalactámicos, Caprina, Macrólidos, Resistoma, Tetraciclinas.*

CHARACTERIZATION OF ANTIMICROBIAL RESISTANCE GENES REPORTED IN RAW GOAT MILK: A SYSTEMATIC REVIEW

ABSTRACT

Antimicrobial resistance has become one of the main threats to public health and food safety worldwide. In this context, raw goat milk and its derivatives were analyzed as possible reservoirs of multidrug-resistant bacteria and genes associated with resistance mechanisms. The aim of this study was to identify and systematize the scientific evidence published between 2020 and 2026 regarding the presence of antimicrobial resistance genes in goat dairy products, as well as their relationship with human and animal health.

The methodology adopted was based on a systematic literature review and a protocol developed according to the PRISMA recommendations. Studies were searched in internationally recognized scientific databases, applying predefined inclusion and exclusion criteria that ensured their quality and relevance. Finally, fourteen articles that met the established criteria were analyzed.

The results showed the recurrent presence of genes such as *blaTEM*, *blaCTX-M*, *blaSHV*, and *mecA* (associated with resistance to β-lactams and methicillin), as well as the identification of other genes related to tetracyclines, macrolides, sulfonamides, and quinolones, in addition to carbapenemases such as *blaNDM* and *blaKPC*, demonstrating a complex and concerning scenario. The most frequently reported microorganisms were *Escherichia coli* and *Staphylococcus aureus*, which confirms their role as zoonotic agents.

In conclusion, raw goat milk can be considered a potential vehicle for the transmission of antimicrobial resistance genes. These findings highlight the need to strengthen epidemiological surveillance, promote multicenter research, and implement comprehensive strategies under the One Health approach, with the aim of mitigating the impact of antimicrobial resistance on public health and the sustainability of production systems.

Keywords: *Antimicrobial, Beta-lactams, Caprine, Macrolides, Resistome, Tetracyclines.*

HIGHLIGHTS

- Los genes de resistencia antimicrobiana *blaTEM, blaCTX-M, blaSHV* y *mecA* fueron los más frecuentemente reportados en leche cruda de cabra, principalmente asociados a *Escherichia coli* y *Staphylococcus aureus*, incluyendo cepas resistentes a meticilina (MRSA).

- La resistencia a la familia de los β-lactámicos predominó en la mayoría de los estudios analizados, seguida de tetraciclinas y macrólidos, representando un riesgo importante para el tratamiento de infecciones zoonóticas y la salud pública

- La leche cruda de cabra actúa como reservorio y vehículo de bacterias multirresistentes y genes de resistencia antimicrobiana, lo que evidencia la necesidad de fortalecer las buenas prácticas de higiene, la pasteurización y la vigilancia molecular en la producción caprina bajo el enfoque One Health.

1. INTRODUCCIÓN

La leche de cabra se ha convertido en una de las mejores fuentes de nutrientes y también ha despertado un interés creciente en la industria alimentaria dadas sus características nutricionales o digestivas que han permitido incrementando tanto la producción como el consumo de leche caprina en las diversas partes del planeta, y ello ha hecho posible el ingreso a alimentos derivados de la leche de cabra que se destinan para el uso humano. Sin embargo, la leche de cabra puede ser un riesgo también para la salud pública si se vende cruda, es decir, la leche no pasteurizada, pues puede estar contaminada por microorganismos patógenos y por bacterias resistentes a antimicrobianos (Pereira et al., 2025; Adebowale, 2024).

La leche cruda puede actuar como vehículo de la transmisión de microorganismos patógenos o bien de enfermedades zoonóticas, y también por la diseminación de bacterias con resistencia antimicrobiana (Pandey et al. 2025). Este riesgo está aumentando en sistemas de producción que albergan enfermedades como la mastitis subclínica, una de las afecciones más frecuentes en los animales productores de leche, dado que en la mayoría de los casos no presenta signos clínicos evidentes y favorece la contaminación microbiológica de la leche que se distribuye para el consumo humano (Abdel-Hameed et al. 2025; Rasheed et al. 2025).

En varias investigaciones microbiológicas practicadas en leche y productos lácteos se han encontrado bacterias como Escherichia coli, Klebsiella pneumoniae y Staphylococcus aureus con resistencia a distintos grupos de antibióticos (Beegum et al., 2025; Zhang et al., 2023; Gao et al., 2020). Los mismos estudios también han detectado genes de resistencia antimicrobiana como blaTEM, blaCTX-M, mecA y tet(K) que se relacionan con mecanismos que contrarrestan la acción de los tratamientos antimicrobianos convencionales (Hati et al., 2025; Tóth et al., 2020); algunas de estas bacterias son capaces de generar biopelículas y de importar y transferir genes de resistencia entre distintos microorganismos, favoreciendo su persistencia y diseminación en la cadena alimentaria.

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) constituye uno de los principales retos que enfrenta la salud pública y la seguridad alimentaria actualmente a nivel global. Esta problemática surge cuando los microorganismos desarrollan mecanismos capaces de reducir o eliminar la efectividad de los antibióticos utilizados para tratar las infecciones en humanos y animales (Adebowale, 2024). Además, la resistencia puede ser transmitida entre los animales, las personas y el medioambiente, razón por la cual, en la actualidad, se considera en torno a la Una Salud (One Health) (Pandey et al., 2025). En la producción animal, la administración inadecuada y/o excesiva de antibióticos favorece la selección de las bacterias resistentes que pueden alcanzar los alimentos de origen animal y el potencial riesgo para la salud de los consumidores (Sánchez et al., 2024).

El riesgo incrementa cuando se utiliza leche cruda para la obtención de productos artesanales sin procesos adecuados de pasteurización, permitiendo la persistencia de microorganismos resistentes durante el procesamiento y consumo de los derivados lácteos (De Sant'Anna et al., 2025; Delannoy et al., 2023). Aunque diversos estudios han evaluado la presencia de genes de resistencia antimicrobiana en leche bovina y productos lácteos, la información relacionada específicamente con leche cruda de cabra continúa siendo limitada y dispersa, lo que dificulta una comprensión integral de los microorganismos involucrados y de los mecanismos de resistencia presentes en este tipo de alimento (Tóth et al., 2020; De Sant'Anna et al., 2025).

Por lo tanto, resulta necesario desarrollar una revisión sistemática que permita recopilar y analizar la evidencia científica disponible sobre los genes de resistencia antimicrobiana reportados en leche cruda de cabra. Esta investigación busca aportar información relevante sobre los microorganismos asociados, los mecanismos de resistencia y las principales familias de antibióticos involucradas, contribuyendo al fortalecimiento de la vigilancia microbiológica y la protección de la salud pública.

Con base en la problemática expuesta, se plantea la siguiente pregunta de investigación: ¿Cuáles son los genes de resistencia antimicrobiana reportados en leche cruda de cabra y cuáles son sus principales características en términos de frecuencia, microorganismos asociados y mecanismos de resistencia?

El objetivo general de esta investigación fue determinar los genes de resistencia antimicrobiana reportados en leche cruda de cabra y analizar su diversidad, frecuencia y mecanismos de resistencia asociados. Asimismo, se propuso identificar los genes reportados en la literatura científica, describir los microorganismos relacionados y analizar la frecuencia y distribución de los mecanismos de resistencia encontrados.

2. METODOLOGÍA

La presente revisión sistemática se diseñó con el propósito de identificar y analizar los genes de resistencia antimicrobiana reportados en leche cruda de cabra y sus derivados, asimismo, evaluar las bacterias asociadas, los mecanismos de resistencia y la familia de antibióticos involucrados. Este estudio se desarrolló siguiendo los lineamientos y estándares de calidad de la metodología PRISMA (*Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses*), con el fin de garantizar un proceso metodológico organizado durante las etapas de identificación, selección, elegibilidad e inclusión de los artículos científicos analizados.

Para la organización del proceso de búsqueda y selección bibliográfica se elaboró un diagrama de flujo PRISMA (figura 1), en el cual se describen las fases correspondientes a la identificación de registros, eliminación de duplicados, evaluación de elegibilidad y selección final de los estudios incluidos en la investigación.

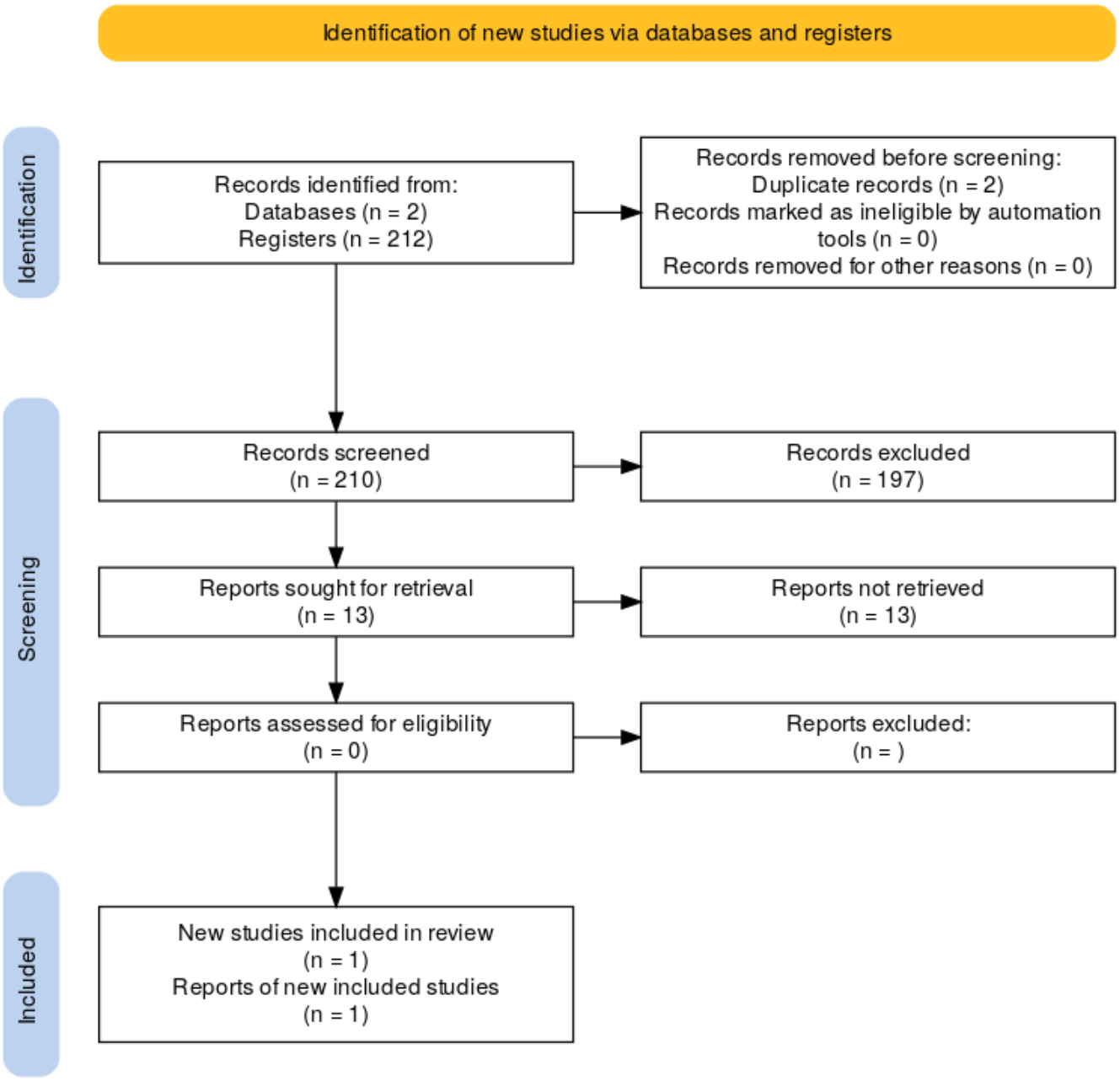


Figura 1. Diagrama de flujo PRISMA del proceso de selección de artículos para la revisión sistemática sobre genes de resistencia antimicrobiana en leche cruda de cabra y sus derivados.

2.1. Búsqueda bibliográfica y criterios de inclusión y exclusión.

La revisión sistemática se elaboró bajo los lineamientos de los Principales Elementos de Informe para Revisiones Sistemáticas y Meta-Análisis (PRISMA). Para ello, se realizaron búsquedas bibliográficas en las bases de datos **Web of Science (WoS) y ScienceDirect**,, seleccionadas debido a su reconocimiento académico y por contener literatura científica actualizada en áreas relacionadas con microbiología, inocuidad alimentaria, medicina veterinaria y resistencia antimicrobiana.

Con el fin de asegurar la actualidad y relevancia de la información recopilada, se incluyeron publicaciones publicadas entre enero de 2020 y junio de 2026. Se consideraron artículos originales, revisiones científicas y estudios que trataran de los genes de resistencia antimicrobiana,

microorganismos resistentes y mecanismos de resistencia asociados a leche cruda y productos lácteos.

Debido a la escasez de estudios específicos en leche caprina, se incluyeron investigaciones realizadas en otras especies lecheras y productos lácteos relacionados, siempre que aportaran información relevante sobre genes de resistencia antimicrobiana, microorganismos asociados y mecanismos de resistencia aplicables al contexto de la producción láctea.

Para poder llevar a cabo la estrategia de la búsqueda, se procedió a utilizar palabras clave, en inglés y en español, vinculadas con la pregunta de investigación y los objetivos que se perseguían en el estudio. Se incluyeron como principales palabras clave:

Para criterios de inclusión se utilizaron:

Goat milk / Leche de cabra

Raw goat milk / Leche cruda de cabra

Caprine milk / Leche caprina

Goat dairy / Productos lácteos de cabra

Antimicrobial resistance genes / Genes de resistencia antimicrobiana

Antibiotic resistance genes / Genes de resistencia a antibióticos

ARGs / genes de resistencia a antibióticos

Resistance genes / Genes de resistencia

Los estudios seleccionados debían cumplir con los siguientes criterios de inclusión:

Publicaciones de los artículos entre los años 2020 y 2026.

Artículos científicos originales relacionados con resistencia antimicrobiana.

Estudios desarrollados en leche cruda de cabra, leche caprina o productos lácteos asociados.

Investigaciones que reportan genes de resistencia antimicrobiana, bacterias resistentes o mecanismos de resistencia.

Estudios publicados en idioma inglés o español.

Artículos disponibles en texto completo y metodología clara.

Por otro lado, se aplicaron como criterios de exclusión:

Review / Revisión

Systematic review / Revisión sistemática

Literature review / Revisión bibliográfica

Meta-analysis / Meta análisis

Scoping review / Revisión exploratoria

Book chapter / Capítulo de libro

Chapter / Capítulo

Editorial / Editorial

Se excluyeron estudios que presentaran las siguientes características:

Artículos duplicados.

Revisiones sistemáticas, revisiones bibliográficas y meta-análisis.

Capítulos de libro, editoriales y literatura no científica.

Estudios sin relación directa con genes de resistencia antimicrobiana.

Investigaciones enfocadas exclusivamente en propiedades nutricionales o bioquímicas de la leche.

Artículos con información metodológica insuficiente o sin acceso al texto completo.

Asimismo, se emplearon operadores booleanos AND y OR para ampliar y optimizar la recuperación de información científica. Entre las ecuaciones de búsqueda utilizadas se incluyeron combinaciones como: ("antimicrobial resistance genes" OR ARGs OR resistome), ("antibiotic resistance" AND goat milk AND bacteria),

("raw milk" OR "unpasteurized milk") AND (goat OR caprine) AND ("resistance genes").

Durante el proceso de búsqueda se identificaron inicialmente 212 artículos científicos, distribuidos de la siguiente manera: 126 artículos recuperados de la plataforma ScienceDirect y 86 artículos identificados en Web of Science. Posteriormente, se eliminaron 2 registros duplicados encontrados en ambas bases de datos, obteniéndose un total de 210 documentos para evaluación mediante revisión de títulos y resúmenes. Después del proceso de cribado, elegibilidad y aplicación de los criterios de inclusión y exclusión, se seleccionaron finalmente 13 artículos científicos para el análisis de la revisión sistemática, por otro lado se incorporó 1 artículo mediante una busqueda complementaria en google scholar para aportar informacion importante para la investigacion, finalmente la revision sistematica tuvo un total de 14 articulos cientificos para el analisis final.

La información obtenida de los estudios seleccionados fue organizada mediante una matriz de revisión sistemática diseñada específicamente para esta investigación. Esta información fue analizada de manera descriptiva y comparativa, permitiendo identificar tendencias, frecuencia de genes de resistencia, bacterias predominantes y principales mecanismos de resistencia antimicrobiana reportados en leche cruda de cabra y productos lácteos relacionados.

3. DESARROLLO Y DISCUSIÓN

Esta revisión sistemática analiza la evidencia científica reportada entre 2020 y 2026 sobre los genes de resistencia antimicrobiana en la leche cruda de cabra y sus derivados. El objetivo fue identificar los microorganismos más comunes, las familias de antibióticos afectadas y los mecanismos de resistencia descritos en la literatura (Adebowale, 2024; Tóth et al., 2020). Tras un proceso de selección guiado por la metodología PRISMA, se incluyeron 14 artículos científicos que abordan la resistencia en lácteos y bacterias vinculadas tanto a la mastitis como a la contaminación de los alimentos. Los hallazgos confirman que la leche cruda y sus derivados actúan como reservorios importantes de genes de resistencia antimicrobiana, favoreciendo la diseminación de bacterias resistentes en la cadena alimentaria y representando un riesgo potencial para la salud pública (Pandey et al., 2025; Tóth et al., 2020).

Los genes más reportados fueron *blaTEM, blaCTX-M, blaSHV* y *mecA*, relacionados con resistencia a β-lactámicos y meticilinas. Investigaciones recientes confirman que las β-lactamasas de espectro extendido (ESBL) y las carbapenemasas se encuentran ampliamente distribuidas en patógenos de mastitis subclínica, lo que incrementa el riesgo de transmisión hacia la cadena alimentaria (Abdel-Hameed et al., 2025). De manera similar, (Rasheed et al. 2025) documentaron la presencia de *mecA* en *Staphylococcus aureus* aislado de mastitis en camélidos, reforzando su importancia zoonótica.

La detección de genes como *tetA, tetB* y *tetM* confirma la resistencia frente a tetraciclinas, mientras que *ermB* y *ermC* reflejan resistencia a macrólidos, antibióticos esenciales en terapias humanas (Adebowale, 2024). Más preocupante aún es la identificación de *blaNDM* y *blaKPC*, que confieren resistencia a carbapenémicos. (Beegum et al. 2025) demostraron mediante secuenciación genómica que *Klebsiella pneumoniae* aislada de alimentos de origen animal porta estos genes, lo que sugiere un riesgo de transferencia hacia bacterias patógenas humanas.

Tabla 1. ***Genes de resistencia antimicrobiana reportados en leche cruda de cabra y derivados.***

Gen de Resistencia	Función Principal	Familia de Antibióticos Asociados	Microorganismo Asociado	Referencias
blaTEM	Producción de β-lactamasas	β-lactámicos	*Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae,* Enterobacterales	Abdel-Hameed et al. (2025); Tóth et al., (2020); Gao et al. (2020)
blaCTX-M	β-lactamasa de espectro extendido (ESBL)	Cefalosporinas	*Escherichia coli, Klebsiella pneumoniae*	Abdel-Hameed et al. (2025); Tóth et al., (2020); Gao et al. (2020)
blaSHV	Resistencia β-lactamica	Penicilinas	*Klebsiella pneumoniae,* Enterobacterales	Abdel-Hameed et al. (2025); Beegum et al. (2025)
mecA	Alteración de proteínas fijadoras de penicilina	Meticilina	*Staphylococcus aureus* (MRSA)	Zhang et al. (2023)
ztetA / tetB / tetM	Bombas de eflujo y protección ribosomal	Tetraciclinas	*Escherichia coli, Staphylococcus spp.*	Hati et al. (2025); Tóth et al. (2020)
sul1 / sul2	Alteración metabólica	Sulfonamidas	*Escherichia coli,* bacterias Gram negativas	Tóth et al. (2020); De Sant'Anna et al. (2025)
ermB / ermC	Metilación ribosomal	Macrólidos	*Staphylococcus spp,* bacterias Gram positivas	Hati et al. (2025); Tóth et al. (2020)
qnrS	Protección de ADN girasa	Quinolonas	*Escherichia coli, Klebsiella pneumoniae*	Gao et al. (2020)
blaNDM / blaKPC	Carbapenemasas	Carbapenémicos	*Klebsiella pneumoniae,* Enterobacterales	Abdel-Hameed et al. (2025); Beegum et al. (2025)

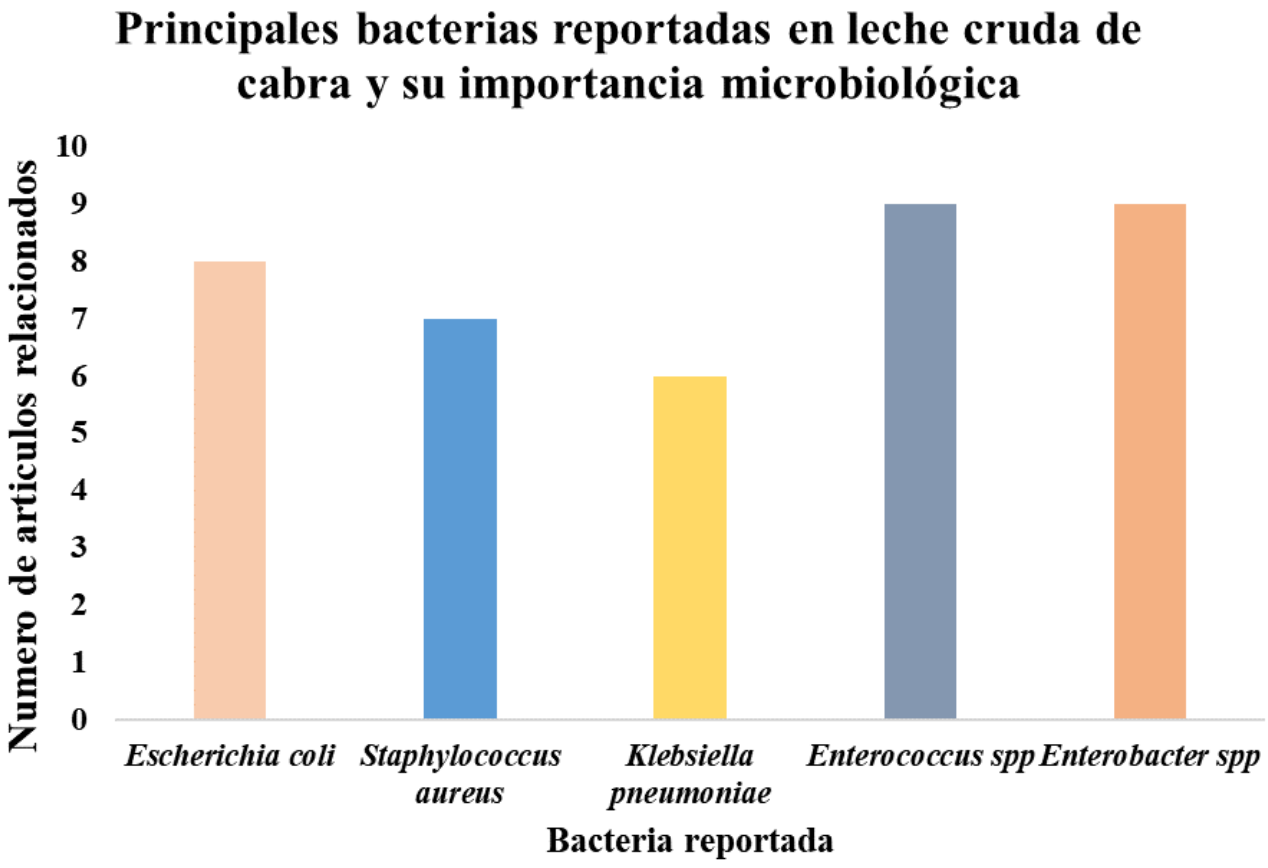
Nota. Elaboración propia a partir de los estudios incluidos en la revisión sistemática. Los microorganismos asociados corresponden a los principales reservorios o portadores reportados para cada gen de resistencia en leche cruda y productos lácteos.

La primacía de los genes determinantes de resistencia a los β-lactámicos (*blaTEM, blaCTX-M*) y a las tetraciclinas (*tetA, tetB, tetM*) guarda una correlación directa con la historia clínica de la terapéutica veterinaria. Históricamente, las penicilinas y las tetraciclinas han sido los fármacos de primera elección para el tratamiento de la mastitis subclínica caprina debido a su bajo costo y amplio espectro de acción (Abdel-Hameed et al., 2025; Gao et al., 2020). Esta presión selectiva sostenida en el tiempo ha estabilizado estas secuencias en los plásmidos y cromosomas bacterianos de la microbiota del hato (Sanchez et al., 2024).

En cuanto a los microorganismos, *Escherichia coli* y *Staphylococcus aureus* fueron los más frecuentes, asociados tanto a mastitis como a contaminación de leche cruda (Hati et al., 2025; Zhang et al., 2023). La elevada frecuencia de *E. coli* puede vincularse a deficiencias higiénico-sanitarias en el ordeño y almacenamiento, mientras que la presencia de MRSA en leche cruda confirma la necesidad de fortalecer la vigilancia epidemiológica en sistemas caprinos (Zhang et al., 2023).

***Gráfica 1. Gráfica de barras de las principales bacterias reportadas en leche cruda de cabra y su importancia microbiológica*.**

.



Como se observa en la Gráfica 1, *Escherichia coli, Enterobacter spp.* y *Enterococcus spp.* fueron los microorganismos reportados con mayor frecuencia en los estudios analizados. La elevada presencia de estas bacterias indica que los productos lácteos pueden constituir reservorios importantes de genes de resistencia antimicrobiana y actuar como vehículos potenciales para su transmisión a los consumidores.

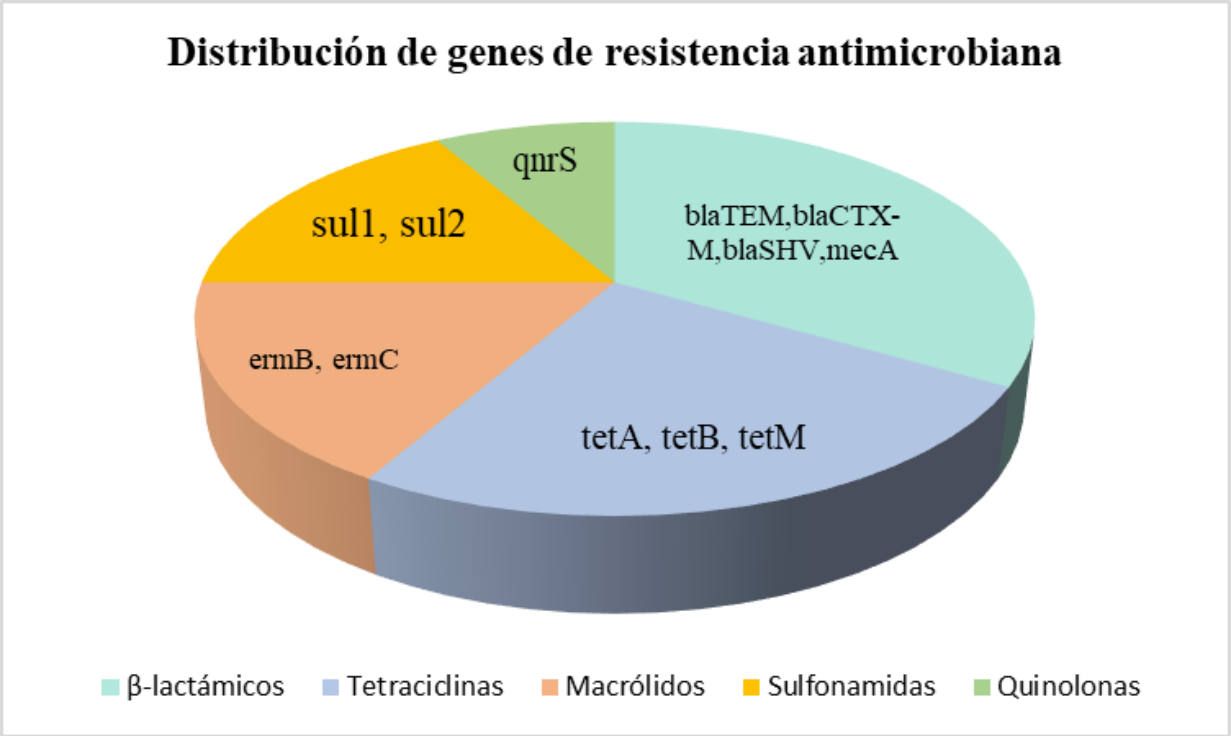
La tasa elevada de reporte de bacterias Gram negativas de la familia Enterobacterales (*E. coli, K. pneumoniae, Enterobacter spp.*) establece un marcador crítico de deficiencias estructurales en las buenas prácticas de ordeño (BPO) (Beegum et al., 2025; Delannoy et al., 2023). Debido a que estos microorganismos son de origen coliforme y ambiental, su presencia masiva en la leche cruda significa la contaminación de los pezones con materia fecal, la falta de potabilización del agua o la colonización de los sistemas mecánicos de ordeño mediante biopelículas (Gao et al., 2020; Hati et al., 2025). Lo alarmante de este hallazgo radica en que estas enterobacterias actúan como "donantes universales" de plásmidos portadores de genes de espectro extendido (ESBL) como *blaCTX-M*, facilitando el traspaso horizontal de la resistencia hacia cepas bacterianas originalmente sensibles dentro del tracto gastrointestinal del consumidor humano (Abdel-Hameed et al., 2025; Pandey et al., 2025).

Los estudios analizados demostraron que las familias de antibióticos con mayores niveles de resistencia fueron β-lactámicos, tetraciclinas, macrólidos, sulfonamidas y quinolonas. La resistencia a β-lactámicos fue la más predominante en los artículos incluidos, situación que representa una preocupación importante debido a que muchos de estos antibióticos son considerados de interés crítico para la medicina veterinaria y humana (Abdel-Hameed et al., 2025; Tóth et al., 2020; Beegum et al., 2025).

Por otra parte, la detección sistemática del gen *mecA* en aislamientos de *Staphylococcus aureus* ratifica el estatus de la leche caprina cruda como un reservorio clave de cepas MRSA (Estafilococos Resistentes a la Meticilina) (Rasheed et al., 2025; Zhang et al., 2023). El gen *mecA* codifica para la proteína de unión a penicilina modificada PBP2a, la cual posee una afinidad casi nula por los antibióticos β-lactámicos convencionales. La presencia de *S. aureus* MRSA en la leche cruda de cabra es un reflejo de infecciones crónicas de mastitis subclínica en las ubres de los animales o de una contaminación cruzada de origen nasofaríngeo por parte de los operarios humanos encargados del ordeño manual (Rasheed et al., 2025).

La detección de genes de resistencia avanzada como las carbapenemases (*blaNDM y blaKPC*) en bacterias Gram negativas aisladas de lácteos caprinos enciende las alarmas epidemiológicas (Abdel-Hameed et al., 2025; Beegum et al., 2025). Los carbapenémicos son antibióticos de uso estrictamente hospitalario humano y representan la última línea de defensa frente a infecciones nosocomiales graves. La introducción de determinantes como *blaNDM* o *blaKPC* en las cadenas de producción alimentaria primaria sugiere un flujo de contaminación inverso (del humano infectado o aguas residuales hacia el entorno de la granja caprina), cerrando un ciclo de transmisión ambiental que encaja perfectamente en las advertencias del enfoque Una Salud (Pandey et al., 2025).

Gráfica 2. ***Familias de antibióticos y genes de resistencia reportados en los estudios analizados.***



La gráfica 2 muestra la distribución de los genes de resistencia antimicrobiana identificados en los estudios analizados, evidenciando un predominio de los genes asociados a los β-lactámicos (*blaTEM, blaCTX-M, blaSHV* y *mecA*), seguidos por los relacionados con las tetraciclinas (*tetA, tetB* y *tetM*). En menor proporción se identificaron genes asociados a macrólidos (*ermB* y *ermC*), sulfonamidas (*sul1* y *sul2*) y quinolonas (*qnrS*). Esta distribución refleja la diversidad de mecanismos de resistencia presentes en bacterias aisladas de leche cruda de cabra y sus derivados, destacando la importancia de los β-lactámicos como una de las familias de antibióticos con mayor representación genética en los estudios evaluados.

De igual manera, la presencia de genes como *blaNDM* y *blaKPC* reportados en algunos estudios evidencia la aparición de mecanismos de resistencia avanzada frente a carbapenémicos, antibióticos considerados de importancia crítica para el tratamiento de infecciones graves. Esta situación podría dificultar las opciones terapéuticas disponibles y aumentar el riesgo de fracaso terapéutico tanto en humanos como en animales (Abdel-Hameed et al., 2025; Liu et al., 2020).

La diversidad de genes de resistencia antimicrobiana hallada en la leche cruda y sus derivados confirma que los que el alimento originado de animales pueden actuar como importantes reservorios y vehículos para la diseminación de bacterias resistentes y de sus determinantes genéticos (Pandey et al., 2025; Tóth et al., 2020a). Sin embargo, al comparar los estudios seleccionados, se identificaron diferencias metodológicas relacionadas con el tipo de muestra analizada, el tamaño poblacional, las técnicas moleculares empleadas y los criterios utilizados para la detección de genes de resistencia. Mientras algunos estudios utilizaron herramientas avanzadas como la secuenciación genómica completa (WGS) y qPCR de alto rendimiento, otros recurrieron a métodos microbiológicos convencionales, lo que influye directamente en la sensibilidad y capacidad de detección de estos genes (Liu et al., 2020; Beegum et al., 2025; Zhang et al., 2023).

A estas diferencias metodológicas se suma la heterogeneidad geográfica de las investigaciones y la variedad de microorganismos evaluados, factores que dificultan realizar comparaciones completamente homogéneas entre los resultados obtenidos. Asimismo, se evidenció una limitada cantidad de estudios enfocados exclusivamente en leche cruda de cabra, debido a que gran parte de la literatura disponible se concentra en leche bovina u otros productos lácteos. Esta situación pone de relieve la necesidad de reforzar las investigaciones dirigidas específicamente a los sistemas de producción caprina.

Aquellas investigaciones fundamentadas en aproximaciones moleculares clásicas (como el aislamiento microbiológico fenotípico seguido de PCR en tiempo final) exhiben limitaciones notorias para mapear el resistoma real, tendiendo a subestimar la presencia de genes debido a la rigidez de los cebadores diseñados o la incapacidad de cultivar bacterias viables pero no cultivables (VBNC) (Gao et al., 2020; Rasheed et al., 2025). Por el contrario, los estudios que incorporaron plataformas de qPCR de alto rendimiento o secuenciación genómica completa (WGS) desvelaron perfiles genéticos de RAM significativamente más densos y complejos, identificando mutaciones puntuales (Beegum et al., 2025; De Sant'Anna et al., 2025; Hati et al., 2025).

En términos generales, los artículos incluidos presentaron una descripción metodológica clara y un rigor científico aceptable en la identificación de genes de resistencia antimicrobiana. No obstante, se detectaron algunas limitaciones recurrentes, entre ellas tamaños de muestra reducidos, ausencia de análisis estadísticos robustos y diferencias en los criterios microbiológicos utilizados para la identificación bacteriana y genética (Beegum et al., 2025; Zhang et al., 2023). Además, no puede descartarse la presencia de sesgo de publicación, dado que los estudios que reportan resultados positivos relacionados con resistencia antimicrobiana suelen tener una mayor probabilidad de publicación que aquellos con hallazgos negativos o de baja detección.

A pesar de estas limitaciones, la presente revisión permitió integrar y organizar la evidencia científica reciente sobre los perfiles genéticos de resistencia antimicrobiana presentes en la leche cruda de cabra y sus derivados. Los hallazgos amplían el conocimiento sobre la diversidad genética de la resistencia bacteriana y permiten identificar microorganismos de importancia zoonótica que representan un riesgo potencial para la salud pública y la inocuidad alimentaria (Pandey et al., 2025; Adebowale, 2024). Además, la información recopilada puede contribuir al fortalecimiento de programas de vigilancia epidemiológica y al diseño de estrategias orientadas al uso racional de antimicrobianos en la producción animal.

Estos resultados se relacionan directamente con los ODS 2 (Hambre cero), ODS 3 (Salud y bienestar) y ODS 15 (Vida de ecosistemas terrestres), ya que la resistencia antimicrobiana compromete la seguridad alimentaria, la salud pública y la sostenibilidad de los sistemas productivos. Pandey et al. (2025) subrayan que la transmisión de resistencia entre humanos, animales y ambiente debe abordarse bajo el enfoque One Health, lo cual resulta esencial para comprender la dinámica de diseminación de genes resistentes.

Finalmente, resulta prioritario promover investigaciones enfocadas específicamente en el sector lácteo caprino y fortalecer los programas de vigilancia molecular dirigidos a la detección temprana de genes de resistencia antimicrobiana (Pandey et al., 2025; Zhang et al., 2023). Asimismo, es necesario implementar estrategias educativas y normativas que favorezcan el uso responsable de antibióticos en las explotaciones pecuarias. Desde una perspectiva científica, futuras investigaciones deberían incorporar estudios epidemiológicos multicéntricos y el uso sistemático de herramientas moleculares avanzadas que permitan identificar nuevas variantes genéticas de resistencia. De igual forma, se recomienda adoptar enfoques integrales bajo el concepto One Health, con el fin de comprender mejor la dinámica de transmisión de genes resistentes entre animales, alimentos y seres humanos, y su impacto sobre la salud pública y la seguridad alimentaria (Pandey et al. 2025; Tóth et al., 2020). Delannoy et al. (2023) y De Sant'Anna et al. (2025) destacan la necesidad de aplicar herramientas avanzadas como qPCR de alto rendimiento y secuenciación genómica para caracterizar con mayor precisión el resistoma en productos lácteos. Estas limitaciones refuerzan la urgencia de promover investigaciones multicéntricas y fortalecer programas de vigilancia molecular dirigidos a la detección temprana de genes de resistencia antimicrobiana.

1. CONCLUSIONES

La revisión sistemática permitió identificar y analizar los principales genes de resistencia antimicrobiana reportados en leche cruda de cabra y productos lácteos, demostrando que estos alimentos actúan como reservorio de bacterias resistentes y genes de resistencia antimicrobiana que denota una gran relevancia respecto la salud pública y la veterinaria.

Así mismo, entre los genes de resistencia reportados frecuentemente, encontramos al gen *blaTEM, blaCTX-M, mecA, tetA, tetB, tetM* y *sul1*, relacionados por su resistencia a los antibióticos β-lactámicos y Tetraciclinas. Así mismo, se determinaron genes como *blaNDM* y *blaKPC*, que son de resistencia antimicrobiana avanzada generando preocupación dado a su importante relación con las carbapenemasas y la resistencia a las bacterias Gram negativas (Beegum et al., 2025).

Los microorganismos más reportados fueron *Escherichia coli* y *Staphylococcus aureus*, asociados a mastitis subclínica y contaminación de leche cruda, lo que evidencia riesgos zoonóticos y la necesidad de fortalecer la vigilancia epidemiológica en sistemas caprinos (Hati et al., 2025; Zhang et al., 2023). Estos hallazgos se relacionan directamente con los ODS 2 (Hambre cero), ODS 3 (Salud y bienestar) y ODS 15 (Vida de ecosistemas terrestres), ya que la resistencia antimicrobiana compromete la seguridad alimentaria, salud pública y sostenibilidad de los ecosistemas productivos (Pandey et al., 2025).

La revisión facilitó establecer a la familia de antibióticos con mayor resistencia, el cual corresponde a los β-lactámicos, seguido de las Tetraciclinas y los macrólidos, debido al uso frecuente de estos antimicrobianos en producción animal y medicina veterinaria. Además, se demostró que la producción de β-lactamasas, bombas de eflujo y transferencia de genes están implicados en la diseminación de la resistencia bacteriana.

Finalmente, se reconocen limitaciones metodológicas como tamaños de muestra reducidos, heterogeneidad geográfica y variabilidad en las técnicas moleculares empleadas. Estas limitaciones resaltan la necesidad de promover investigaciones multicéntricas con herramientas avanzadas como secuenciación genómica completa y qPCR de alto rendimiento (Delannoy et al., 2023; De Sant'Anna et al., 2025). Se recomienda fortalecer programas de vigilancia molecular y adoptar estrategias integrales bajo el enfoque One Health, que articulen la salud animal, humana y ambiental, para enfrentar de manera efectiva la propagación de la resistencia antimicrobiana en la producción caprina.

2. AGRADECIMIENTOS

Nuestro más sincero agradecimiento, principalmente a Dios por brindarnos la sabiduría y la perseverancia necesarias para culminar esta etapa tan importante en nuestra formación académica profesional.

A nuestras familias por su amor, apoyo incondicional, su comprensión y motivación a seguir adelante durante todo el proceso.

A nuestro director de trabajo de grado, por su orientación, paciencia y sus conocimientos que fueron fundamentales para el desarrollo de esta investigación.

Finalmente, a todas las personas que de una o otra manera hicieron parte de este proceso.

3. DECLARACIÓN DEL USO DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL

Los autores declaran que no han usado herramientas de inteligencia artificial (IA) en la creación de este artículo.

4. CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran que no tienen conflicto de intereses.

5. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Pandey, D. K., Sharma, R., Kumar, K., & Ranjan, K. (2025). Transmission of antimicrobial resistance between humans, animals, and the environment. En Elsevier eBooks (pp. 247-264). https://doi.org/10.1016/b978-0-443-33702-4.00010-4

2. Abdel-Hameed, R., Abd-Elhafeez, H. H., Abdel-Hakeem, S. S., AlElaimi, M., Abourashed, N. M., Ashmawy, A. M., Ali, E., Huwaimel, B., Alshammary, F., Abou-Elhamd, A. S., & El-Zamkan, M. A. (2025). Environmental bovine subclinical mastitis gram-negative pathogens: Prevalence, antimicrobial resistance with special reference to extended-spectrum β-lactamases and carbapenemase production. Research In Veterinary Science, 192, 105702. https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2025.105702

3. Hati, S., Vahora, S., Patel, S., Panchal, J., Patel, A., Chauhan, H., Sharma, K., Sabara, P., & Shrimali, M. (2025). Comparative genomic analysis of Multi-Drug Resistance and Virulence Determinants of Escherichia coliSKN 649 and Staphylococcus ureilyticusSKN 217 isolated and characterized from milk and milk products in Anand, Gujarat, India. International Dairy Journal, 169, 106316. https://doi.org/10.1016/j.idairyj.2025.106316

4. Rasheed, H., Ijaz, M., Ahmed, A., & Ali, M. M. (2025). Molecular epidemiology and antibiotic resistance profiling of Staphylococcus aureus isolates from camel mastitis. Microbial Pathogenesis, 202, 107435. https://doi.org/10.1016/j.micpath.2025.107435

5. Tóth, A. G., Csabai, I., Krikó, E., Tőzsér, D., Maróti, G., Patai, Á. V., Rákhely, G., & Kovács, K. L. (2020). Antimicrobial resistance genes in raw milk for human consumption. *Scientific Reports, 10*(1), 7464. https://doi.org/10.1038/s41598-020-63675-4

6. Liu, J., Taft, D. H., Maldonado-Gomez, M. X., Johnson, D., Treiber, M. L., Lemay, D. G., DePeters, E. J., Mills, D. A., & German, J. B. (2020). The fecal resistome of dairy cattle is associated with diet during nursing. *Microbiome, 8*(1), 61. https://doi.org/10.1186/s40168-020-00861-6

7. Adebowale, O. (2024). Antimicrobial therapy and the risk for antimicrobial resistance in milk-borne diseases. En Elsevier eBooks (pp. 333-356). https://doi.org/10.1016/b978-0-443-13805-8.00021-1

8. Beegum, M., Mirsab, P. W., Malla, B. A., Premkumar, D., Dubal, Z. B., & VinodhKumar, O. R. (2025). Whole -genome sequencing and comparative genomics analysis of Klebsiella pneumoniae isolates from animal source foods. The Microbe, 6, 100274. https://doi.org/10.1016/j.microb.2025.100274

9. Zhang, Z., Wang, J., Wang, H., Zhang, L., Shang, W., Li, Z., Song, L., Li, T., Cheng, M., Zhang, C., Zhao, Q., Shen, S., & Cui, M. (2023). Molecular Surveillance of MRSA in Raw Milk Provides Insight into MRSA Cross Species Evolution. Microbiology Spectrum, 11(4), e0031123. https://doi.org/10.1128/spectrum.00311-23

10. De Sant'Anna, F. M., Chakrawarti, A., Haley, B. J., & Barlow, J. (2025). The resistome of pasteurized and raw milk cheeses from the state of Vermont. International Journal Of Food Microbiology, 441, 111333. https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2025.111333

11. Delannoy, S., Hoffer, C., Tran, M., Madec, J., Brisabois, A., Fach, P., & Haenni, M. (2023). High throughput qPCR analyses suggest that Enterobacterales of French sheep and cow

cheese rarely carry genes conferring resistances to critically important antibiotics for human medicine. International Journal Of Food Microbiology, 403, 110303. https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2023.110303

12. Sanchez, J., et al. (2024). *Antimicrobial Resistance in Dairy Production Systems: Current Status and Public Health Implications*. *Veterinary Sciences, 11*(6), 265. https://doi.org/10.3390/vetsci11060265

13. Gao, J., Ferreri, M., Liu, X., Chen, L., Su, J., Han, B., & Yang, F. (2020). Prevalence and antimicrobial resistance phenotypes and genotypes of *Escherichia coli* isolated from raw milk samples from mastitis cases in four regions of China. *Journal of Global Antimicrobial Resistance, 22*, 94–101. https://doi.org/10.1016/j.jgar.2019.12.016

14. Pereira, I. A., Finger, R. M., & Freitas, K. B. de. (2025). *Goat Milk: Composition and Quality*. IntechOpen. https://doi.org/10.5772/intechopen.1009946