



**Presencia y propagación del gen *mcr-1* en bacterias Gramnegativas desde el enfoque One Health: una revisión sistemática**

**Autora**

**Lesly Tatiana Avila Zambrano**

**Título por que opta  
Microbiólogo**

**Director (a)**

**Carlos Andrés Aranaga Arias**

**Director (a)**

**Carlos Andrés Martínez Garay**

**Grupo de Investigación  
Quibio**

**Línea de Investigación  
investigación e innovación en patologías tropicales**

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

## IMPACTOS

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

| IMPACTO                | PRODUCTO                       | BENEFICIARIO(S)                          |
|------------------------|--------------------------------|------------------------------------------|
| Económico              |                                |                                          |
| Responsabilidad social |                                |                                          |
| Científico             | Desarrollo de trabajo de grado | Estudiante del programa de microbiología |
| Indicadores de Gestión |                                |                                          |
| Tecnológico            |                                |                                          |
| Técnico                |                                |                                          |
| Ambiental              |                                |                                          |
| Social                 |                                |                                          |
| Cultural               |                                |                                          |

\*Incluir los productos obtenidos derivados de la investigación como: apropiación social del conocimiento, generación de nuevo conocimiento entre otros.

# PRESENCIA Y PROPAGACIÓN DEL GEN *MCR-1* EN BACTERIAS GRAMNEGATIVAS DESDE EL ENFOQUE ONE HEALTH: UNA REVISIÓN SISTEMÁTICA

Lesly Tatiana Avila Zambrano <sup>1</sup> ([lesly.avila00@usc.edu.co](mailto:lesly.avila00@usc.edu.co))

<sup>1</sup>Grupo de Investigación QUIBIO, Programa de microbiología, Facultad de Ciencias Básicas. Universidad Santiago de Cali. Campus Pampalinda Calle 5 # 62-00. Santiago de Cali. Colombia

## RESUMEN

La resistencia a los antimicrobianos constituye una amenaza creciente para la salud pública global, especialmente por la emergencia de mecanismos de resistencia a antibióticos de última línea como la colistina. El gen *mcr-1*, mediado por plásmidos, ha sido identificado como un determinante clave en la diseminación de resistencia en bacterias Gram negativas, con implicaciones en el ámbito clínico, veterinario y ambiental.

El presente estudio tuvo como objetivo analizar la evidencia disponible sobre la presencia y diseminación del gen *mcr-1* en América Latina, mediante una revisión sistemática de la literatura científica. Se realizó una búsqueda en las bases de datos PubMed, Scopus, SciELO y LILACS, incluyendo estudios publicados entre 2015 y 2025 que reportaran la detección del gen en bacterias Gram negativas.

Se seleccionaron 7 estudios para el análisis cualitativo. Los resultados evidenciaron una distribución heterogénea del gen en la región, con predominio en *Escherichia coli* y asociación frecuente con plásmidos de tipo IncI2 e IncX4. Se identificó su presencia en muestras humanas y animales, mientras que los estudios en matrices ambientales fueron limitados.

Estos hallazgos resaltan la importancia de los elementos genéticos móviles en la diseminación de la resistencia a colistina y evidencian la necesidad de fortalecer la vigilancia bajo un enfoque One Health. No obstante, la limitada cantidad de estudios y la heterogeneidad metodológica restringen la generalización de los resultados.

En conclusión, se requiere ampliar la investigación en la región, especialmente en el componente ambiental, así como estandarizar los métodos de detección para mejorar la comprensión de la dinámica de diseminación del gen *mcr-1*.

**Palabras clave:** América Latina; One Health; plásmidos; resistencia antimicrobiana; transferencia horizontal de genes

## PRESENCE AND PROPAGATION OF THE MCR-1 GENE IN GRAM-NEGATIVE BACTERIA FROM THE ONE HEALTH APPROACH: A SYSTEMATIC REVIEW

### ABSTRACT

Antimicrobial resistance is a growing threat to global public health, especially due to the emergence of resistance mechanisms to last-line antibiotics such as colistin. The plasmid-mediated *mcr-1* gene has been identified as a key determinant in the spread of resistance in Gram-negative bacteria, with clinical, veterinary and environmental implications.

The objective of this study was to analyze the available evidence on the presence and dissemination of the *mcr-1* gene in Latin America, through a systematic review of the scientific literature. A search was conducted in the PubMed,

Scopus, SciELO and LILACS databases, including studies published between 2015 and 2025 that reported the detection of the gene in Gram-negative bacteria.

Seven studies were selected for qualitative analysis. The results showed a heterogeneous distribution of the gene in the region, with a predominance in *Escherichia coli* and frequent association with IncI2 and IncX4 plasmids. Its presence was identified in human and animal samples, while studies in environmental matrices were limited.

These findings highlight the importance of mobile genetic elements in the spread of colistin resistance and show the need to strengthen surveillance under a One Health approach. However, the limited number of studies and methodological heterogeneity restrict the generalizability of the results.

In conclusion, it is necessary to expand research in the region, especially in the environmental component, as well as to standardize detection methods to improve the understanding of the dynamics of *mcr-1* gene dissemination.

**Keywords:** *Latin America; One Health; plasmids; antimicrobial resistance; Horizontal gene transfer*

## HIGHLIGHTS

Se evidenció una distribución heterogénea del gen *mcr-1* en América Latina, con concentración de estudios en pocos países.

*Escherichia coli* fue la principal especie bacteriana asociada a la presencia del gen *mcr-1* en los estudios analizados.

La diseminación del gen *mcr-1* se relacionó principalmente con plásmidos de tipo IncI2 e IncX4 y el elemento ISApI1.

Se identificó una ausencia de estudios en matrices ambientales, evidenciando un vacío de conocimiento en el enfoque One Health.

## 1. INTRODUCCIÓN

La resistencia a los antimicrobianos constituye uno de los principales desafíos para la salud pública a nivel mundial, debido a su impacto en la eficacia de los tratamientos y al incremento de infecciones causadas por bacterias multirresistentes. En este contexto, la colistina ha sido considerada un antibiótico de última línea para el tratamiento de infecciones ocasionadas por bacterias Gram negativas. Sin embargo, la emergencia de mecanismos de resistencia mediada por plásmidos, como el gen *mcr-1*, ha generado una creciente preocupación debido a su capacidad de transferencia horizontal entre diferentes especies bacterianas (Liu et al., 2016).

Desde su primera identificación, el gen *mcr-1* ha sido reportado en múltiples regiones del mundo y en diversos nichos ecológicos, incluyendo muestras humanas, animales y ambientales. Su presencia en bacterias pertenecientes a la familia *Enterobacteriaceae*, especialmente *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae*, resalta su relevancia tanto en el ámbito clínico como en la salud pública (Ortega-Paredes et al., 2016). La diseminación de este gen se encuentra estrechamente asociada a elementos genéticos móviles, como plásmidos, que facilitan su propagación en diferentes entornos.

En América Latina, la detección del gen *mcr-1* ha sido reportada en distintos contextos epidemiológicos, lo que sugiere una dinámica compleja de transmisión entre humanos, animales y el ambiente. Esta interacción se enmarca en el enfoque One Health, el cual reconoce la interconexión entre la salud humana, animal y ambiental como un elemento clave para comprender la diseminación de la resistencia antimicrobiana (Arcilla et al., 2018). No obstante, la información disponible en la región se encuentra fragmentada y presenta variabilidad en los métodos de detección, los tipos de muestra analizados y los contextos de estudio, lo que dificulta una comprensión integral del problema.

A pesar de los avances en la detección del gen *mcr-1*, persisten vacíos de conocimiento relacionados con su distribución en América Latina, los principales reservorios involucrados y los mecanismos de diseminación asociados en diferentes contextos epidemiológicos. Esta falta de integración de la evidencia limita el desarrollo de estrategias efectivas de vigilancia y control desde una perspectiva One Health.

En este contexto, el presente estudio tiene como objetivo analizar los estudios publicados en América Latina que reportan la detección del gen *mcr-1* en bacterias Gram negativas, con el fin de sintetizar la evidencia disponible sobre su distribución, fuentes de aislamiento y mecanismos de diseminación, aportando una visión actualizada y estructurada del problema en la región.

## 2. METODOLOGÍA

La presente investigación se desarrolló mediante una revisión sistemática de la literatura científica, orientada a recopilar, organizar y sintetizar la evidencia disponible sobre la presencia del gen *mcr-1* en bacterias Gram negativas aisladas de humanos, animales y ambientes en América Latina. El enfoque metodológico permitió identificar patrones de distribución, fuentes de aislamiento y mecanismos de diseminación del gen desde una perspectiva One Health.

### 2.1. Búsqueda bibliográfica.

Se realizó una búsqueda estructurada en las bases de datos PubMed, Scopus, SciELO y LILACS, seleccionadas por su relevancia en ciencias biomédicas y su cobertura en el contexto latinoamericano.

Se incluyeron publicaciones comprendidas entre enero de 2015 y diciembre de 2025, periodo que abarca desde el primer reporte del gen *mcr-1* hasta la actualidad.

La estrategia de búsqueda se basó en la combinación de términos relacionados con el gen *mcr-1*, bacterias Gram negativas y el contexto geográfico de América Latina, utilizando operadores booleanos (AND, OR). Se emplearon descriptores controlados (MeSH/DeCS) y términos libres, incluyendo: “*mcr-1*”, “mobilized colistin resistance”, “colistin resistance gene”, “Gram-negative bacteria”, “*Enterobacteriaceae*” y “Latin America”.

Se incluyeron artículos publicados en inglés, español y portugués.

## **2.2. Criterios de inclusión y exclusión**

### **Criterios de inclusión:**

- Estudios originales (observacionales, descriptivos, transversales, cohortes, o reportes de vigilancia) que documenten la detección del gen *mcr-1*.
- Aislamientos bacterianos provenientes de humanos, animales, alimentos o muestras ambientales.
- Publicaciones entre 2015 y 2025 en revistas indexadas.
- Estudios con descripción clara de la metodología empleada para la detección del gen (PCR, qPCR, secuenciación, etc.).

### **Criterios de exclusión:**

- Revisiones narrativas, cartas al editor o documentos sin datos primarios.
- Estudios duplicados.
- Artículos con información insuficiente sobre el contexto de estudio o los métodos de detección.
- Estudios realizados fuera del contexto geográfico de América Latina o que no incluyeran bacterias Gram negativas.

## **2.3 Proceso de selección de estudios**

El proceso de selección se realizó en tres etapas:

1. Revisión de títulos y resúmenes para excluir estudios irrelevantes.
2. Lectura a texto completo de los artículos potencialmente elegibles.
3. Aplicación de los criterios de inclusión y exclusión.

La selección fue realizada por dos revisores independientes, y las discrepancias se resolvieron mediante consenso o con la participación de un tercer evaluador.

## **2.4 Extracción de la información**

La información de los estudios seleccionados se organizó en una matriz de datos en formato Excel. Las variables extraídas incluyeron:

- Autor y año de publicación.
- País de estudio
- Especie bacteriana y fuente de aislamiento.
- Contexto (clínico, veterinario o ambiental).
- Método de detección del gen *mcr-1*.

- Mecanismos de diseminación reportados.
- Principales hallazgos.

## 2.5 Análisis de la información

Los datos fueron analizados de manera descriptiva, con el fin de identificar tendencias en la distribución del gen *mcr-1* en la región.

Se compararon los estudios en función del país, tipo de muestra, especie bacteriana y métodos de detección utilizados. Asimismo, se describieron los mecanismos de diseminación reportados y su frecuencia relativa en los estudios incluidos.

Debido a la heterogeneidad en los diseños de estudio y en los métodos de reporte, no se realizó un metaanálisis cuantitativo, por lo que los resultados se presentan como una síntesis cualitativa de la evidencia disponible.

## 2.6 Consideraciones metodológicas

Se reconoce que la presente revisión presenta limitaciones inherentes al número de estudios incluidos y a la variabilidad en los métodos de detección y reporte de resultados entre los artículos analizados. Asimismo, no se realizó una evaluación formal del riesgo de sesgo de los estudios incluidos, lo cual puede influir en la interpretación de los hallazgos.

No obstante, la estrategia empleada permitió obtener una visión general de la evidencia disponible sobre la presencia y diseminación del gen *mcr-1* en América Latina.

# 3. RESULTADOS

## 3.1 Selección de estudios

Durante la fase inicial de búsqueda bibliográfica se identificaron 117 registros en las bases de datos seleccionadas (Scopus: 22, PubMed: 34, LILACS: 32 y SciELO: 29).

Posteriormente, se eliminaron 45 registros duplicados, obteniéndose un total de 72 estudios para la fase de evaluación inicial.

Tras la revisión de títulos y resúmenes, se excluyeron 37 artículos por no cumplir con los criterios de inclusión establecidos. Los 23 estudios restantes fueron evaluados a texto completo, de los cuales se excluyeron 11 debido a la ausencia de información relevante sobre la detección del gen *mcr-1*, mecanismos de diseminación o métodos de diagnóstico.

Finalmente, 7 estudios cumplieron con todos los criterios de inclusión (Tabla 1) y fueron seleccionados para el análisis cualitativo. El proceso de selección se resume en la Figura 1.

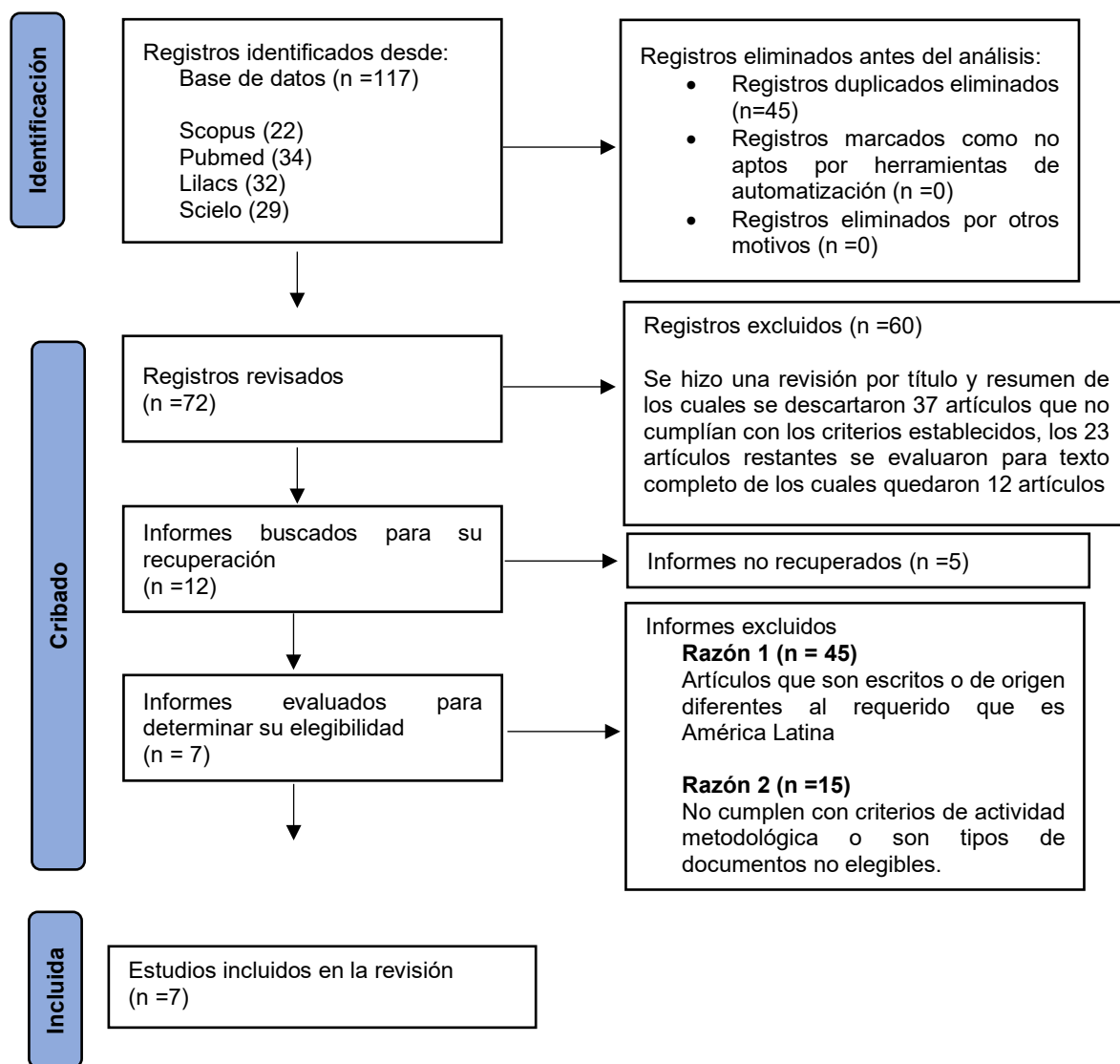
| TÍTULO                                                                                                                             | PAÍS<br>AÑO              | AUTOR                                                                                                              | FUENTE                     | PREVALENCIA                                  | MICROORGANISMO                           | METODOLOGÍA                                              |
|------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|--------------------------|--------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|----------------------------|----------------------------------------------|------------------------------------------|----------------------------------------------------------|
| Resistencia a la colistina en <i>Escherichia coli</i> y <i>Klebsiella pneumoniae</i> en humanos y animales de traspatio en Ecuador | Ecuador / 2022           | Bastidas-Caldes C, Guerrero-Freire S, Ortuño-Gutiérrez N, Sunyoto T, et al                                         | Mixto (humanos y animales) | Presencia del gen en ambos reservorios       | <i>E. coli</i> ,<br><i>K. pneumoniae</i> | Cultivo microbiológico, PCR y pruebas de susceptibilidad |
| Aislado clínico de <i>Escherichia coli</i> resistente a la colistina que alberga el gen <i>mcr-1</i> en Ecuador                    | Ecuador / 2016           | D. ORTEGA-PAREDES, P. BARBA1 Y J. ZURITA1,                                                                         | Personas                   | Caso clínico documentado                     | <i>E. coli</i>                           | Identificación bacteriana y microdilución                |
| Diversos linajes de <i>Escherichia coli</i> de animales domésticos portadores del gen <i>mcr-1</i> en un hogar ecuatoriano         | Ecuador / 2016           | Fernanda Loayza-Villa, Liseth Salinas, Nathalie Tijet, Fernando Villavicencio, Rafael Tamayo, Stephanie Salas, etc | Animales domésticos        | Múltiples linajes positivos dentro del hogar | <i>E. coli</i>                           | Secuenciación y antibiograma                             |
| Alta prevalencia de portación de bacterias entéricas <i>mcr-1</i> positivas entre niños sanos del Chaco, Bolivia                   | Bolivia / 2016           | Tommaso Giani, Samanta Sennati, Alberto Antonelli, Vincenzo Di Pilato, Tiziana di Maggio, etc.                     | Personas (niños sanos)     | Alta tasa de portadores intestinales         | Enterobacterias                          | Estudio transversal con muestras fecales                 |
| Prevalencia de genes tipo <i>mcr-1</i> entre enterobacterias resistentes recolectadas 2014-2016 (INFORM)                           | Vigilancia global / 2018 | Mark G. Wise, Mark A. Estabrook, Daniel F. Sahm, Gregory G. Stone, Krystyna M. Kazmierczak                         | Personas                   | Genes detectados en aislamientos resistentes | Enterobacterias                          | Programa internacional de vigilancia y microdilución     |
| Los perros de los refugios como reservorios de clones internacionales de <i>E. coli</i> portadores del gen <i>mcr-1</i> .          | Perú / 2025              | Brenda Ayzanoa, Guillermo Salvatierra, Diego Cuicapuzaa, João Pedro Rueda Furlan                                   | Animales (perros)          | 16,3%                                        | <i>E. coli</i>                           | Hisopados rectales y microdilución                       |
| Descifrando los orígenes, la propagación y los riesgos globales del gen <i>mcr-9</i> .                                             | Global / 2020            | Kelly L. Carroll, Andrew J. Mathers, Melanie R. Tamma, Patricia J. Simner                                          | Mixto                      | Reportado en múltiples países                | Enterobacteriaceae                       | Revisión científica y análisis epidemiológico            |

**Tabla 1.** Características generales de los estudios incluidos en la revisión sistemática

### 3.2 Características generales de los estudios

Los estudios incluidos abarcan diferentes contextos epidemiológicos dentro de América Latina, así como programas de vigilancia internacional.

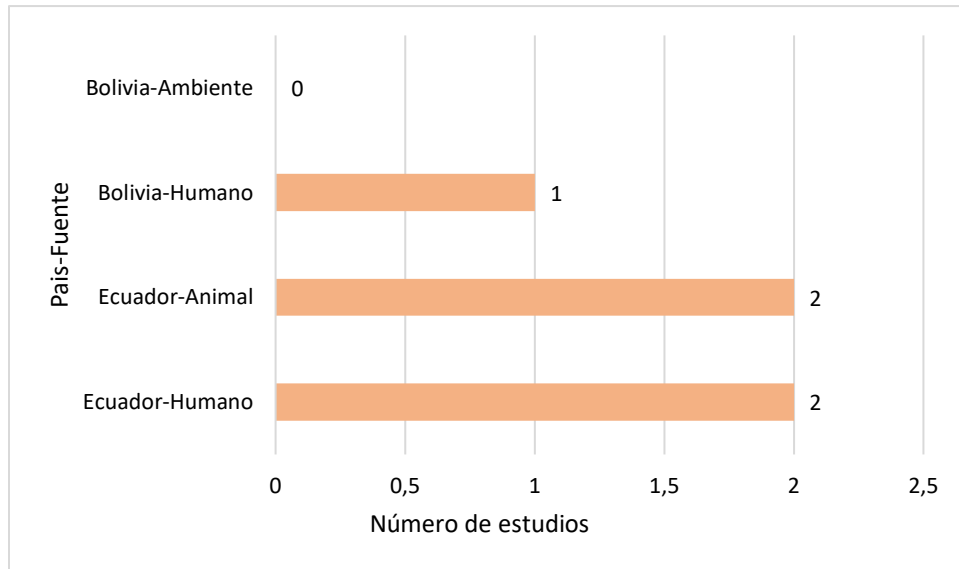
En relación con la fuente de aislamiento, se identificaron 3 estudios con muestras humanas, 2 con muestras de origen animal y 2 estudios con fuentes mixtas (humanos y animales). No se identificaron estudios que evaluaran la presencia del gen en muestras ambientales dentro de los artículos analizados.



**Figura 1.** Diagrama de flujo PRISMA

### 3.3 Distribución geográfica

La distribución de los estudios por país evidenció una mayor concentración de investigaciones en Ecuador, con un total de 4 estudios, incluyendo muestras humanas y de origen animal. En contraste, otros países presentaron un menor número de investigaciones, evidenciando una distribución heterogénea de la evidencia disponible en la región (Figura 2).



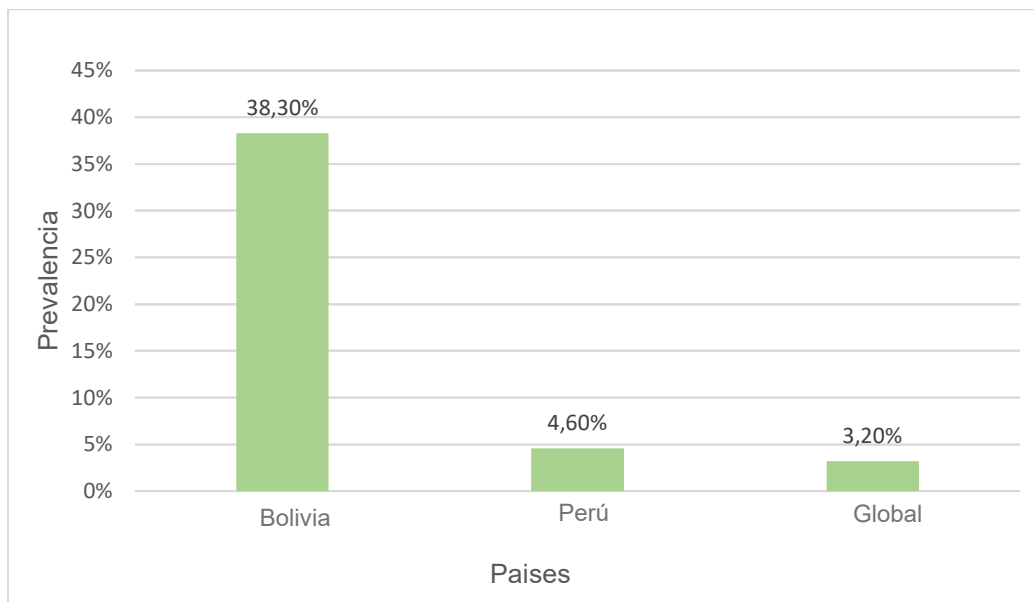
**Figura 2.** Estudios del gen *mcr-1* en Latinoamérica  
Numero de estudios clasificados por país y tipo de fuente (humana, animal o mixta)

### 3.4 Especies bacterianas reportadas

La especie bacteriana más frecuentemente asociada con la presencia del gen *mcr-1* fue *Escherichia coli*. Asimismo, se reportó la presencia del gen en otras bacterias pertenecientes a la familia Enterobacteriaceae, incluyendo *Klebsiella pneumoniae*.

### 3.5 Prevalencia del gen *mcr-1*

Algunos de los estudios incluidos reportaron datos cuantitativos de prevalencia del gen *mcr-1*. Se observaron diferencias entre los países evaluados, destacándose valores más altos en ciertos contextos específicos. La distribución de estos valores se presenta en la Figura 3, donde se resumen los porcentajes reportados en los diferentes estudios incluidos.



**Figura 3.** Prevalencia del gen *mcr-1* según el país

### 3.6 Mecanismos de diseminación genética

En relación con los mecanismos de diseminación, se identificó la participación de diferentes elementos genéticos móviles asociados al gen *mcr-1*.

Los plásmidos de tipo IncI2 fueron los más frecuentemente reportados, seguidos por plásmidos IncX4 y el elemento de inserción ISApI1. Asimismo, se evidenció la coexistencia del gen *mcr-1* con otros determinantes de resistencia, incluyendo  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido, particularmente el gen *blaCTX-M* (Tabla 2).

| MECANISMO GENÉTICO                        | N° DE ARTÍCULOS |
|-------------------------------------------|-----------------|
| Plásmido IncI2                            | 2               |
| Plásmido IncX4                            | 1               |
| ISApI1                                    | 1               |
| Coexistencia con ESBL ( <i>blaCTX-M</i> ) | 2               |
| Otros genes $\beta$ -lactamasas           | 2               |

**Tabla 2.** Mecanismos de diseminación

### 3.6 Mecanismos de diseminación genética

En relación con los mecanismos de diseminación, se identificó la participación de diferentes elementos genéticos móviles asociados al gen *mcr-1*.

Los plásmidos de tipo IncI2 fueron los más frecuentemente reportados, seguidos por plásmidos IncX4 y el elemento de inserción ISApI1. Asimismo, se evidenció la coexistencia del gen *mcr-1* con otros determinantes de resistencia, incluyendo  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido, particularmente el gen *blaCTX-M* (Tabla 2).

| MÉTODO                  | FRECUENCIA | SENSIBILIDAD | COSTO | TIEMPO |
|-------------------------|------------|--------------|-------|--------|
| MIC colistina           | 3          | 2            | 1     | 2      |
| Pruebas susceptibilidad | 2          | 2            | 1     | 1      |
| PCR convencional        | 4          | 3            | 2     | 1      |
| qPCR                    | 2          | 4            | 3     | 1      |
| Secuenciación           | 1          | 4            | 4     | 4      |
| Bioinformática          | 1          | 4            | 4     | 4      |

**Tabla 3.** Métodos de detección fenotípicos y moleculares

1=Bajo

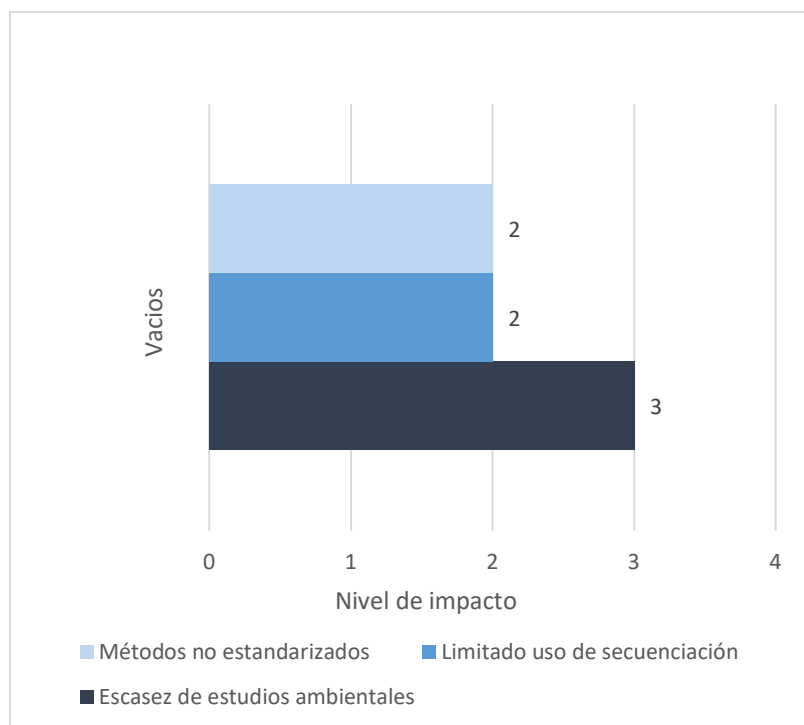
2=Medio

3= Alto

4=Muy alto

### 3.8 Vacíos de conocimiento identificados

A partir de los estudios analizados, se identificaron vacíos de conocimiento relevantes en la región. Entre ellos, se destaca la ausencia de estudios en muestras ambientales, la variabilidad en los métodos de detección utilizados y la limitada aplicación de técnicas moleculares avanzadas. Estos aspectos se resumen en la Figura 4.



**Figura 4.** Principales vacíos de investigación en la vigilancia del gen *mcr-1* en América Latina

#### 4. DISCUSIÓN

Los resultados de la presente revisión evidencian una distribución heterogénea del gen *mcr-1* en América Latina, lo cual coincide con reportes previos que señalan una dispersión geográfica variable de este determinante de resistencia, influenciada más por la intensidad de vigilancia y capacidad diagnóstica que por una verdadera ausencia del gen en determinadas regiones (Liu et al. 2016). En este sentido, la mayor concentración de estudios en países como Ecuador podría reflejar un mayor desarrollo de investigaciones en resistencia antimicrobiana, más que una mayor prevalencia real.

La predominancia de *Escherichia coli* como principal portadora del gen *mcr-1* es consistente con múltiples estudios internacionales, donde esta especie ha sido identificada como un reservorio clave de genes de resistencia debido a su amplia distribución en humanos, animales y ambientes (Jaidane et al., 2025; J.-Y. Liu et al., 2020; Protonotariou et al., 2022; Xie et al., 2022), así como a su elevada capacidad de transferencia horizontal de genes (Y.-Y. Liu et al., 2016). La detección del gen en *Klebsiella pneumoniae* refuerza la relevancia clínica de este fenómeno (Arabacı et al., 2019; Phetburom et al., 2021), considerando el papel de esta bacteria en infecciones nosocomiales y su asociación con cepas multirresistentes.

En cuanto a los mecanismos de diseminación, la asociación del gen *mcr-1* con plásmidos de tipo IncI2 e IncX4 ha sido ampliamente documentada como uno de los principales factores que facilitan su propagación entre diferentes especies bacterianas («Genomic Evidence of Mcr-1.26 IncX4 Plasmid Transmission between Poultry and Humans», s. f.; Ghazawi et al., 2024; Lu et al., 2023; Wu et al., 2018). La presencia del elemento ISAp11 sugiere además un alto potencial de movilización genética, lo cual incrementa el riesgo de expansión del gen en distintos nichos ecológicos. La coexistencia del gen *mcr-1* con otros determinantes de resistencia, como las  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido (ESBL), evidencia fenómenos de co-selección que pueden favorecer la persistencia de estos genes en ambientes sometidos a presión antibiótica.

Desde el enfoque One Health, los hallazgos de esta revisión refuerzan la interconexión entre los reservorios humanos, animales y potencialmente ambientales en la diseminación de la resistencia antimicrobiana. La

detección del gen *mcr-1* en muestras humanas y animales ha sido previamente reportada como evidencia de la circulación cruzada de bacterias resistentes entre estos compartimentos One Health (Binsker et al., 2023; Ghazawi et al., 2024)). No obstante, la ausencia de estudios en matrices ambientales identificada en esta revisión representa un vacío importante, ya que el ambiente puede actuar como un reservorio y punto de convergencia de genes de resistencia.

En relación con los métodos de detección, el predominio de técnicas moleculares como la PCR convencional es consistente con su amplia utilización en estudios de vigilancia debido a su sensibilidad y especificidad. Sin embargo, la variabilidad en los métodos empleados entre los estudios incluidos limita la comparabilidad de los resultados, particularmente en términos de prevalencia. El uso de técnicas más avanzadas, como la secuenciación, permite una caracterización más detallada de los contextos genéticos del gen *mcr-1*, lo cual resulta fundamental para comprender su dinámica de diseminación.

La presente revisión presenta limitaciones importantes que deben ser consideradas. El número reducido de estudios incluidos restringe la generalización de los hallazgos a toda la región. Asimismo, la heterogeneidad en los diseños de estudio, tipos de muestra y métodos de detección dificulta la comparación directa entre los resultados reportados.

A pesar de estas limitaciones, los resultados permiten identificar tendencias relevantes en la diseminación del gen *mcr-1* en América Latina y resaltan la necesidad de fortalecer los sistemas de vigilancia bajo un enfoque integrado. En este contexto, se hace necesario promover estudios que incluyan matrices ambientales, estandarizar metodologías de detección y fomentar estrategias de vigilancia que articulen los diferentes componentes del enfoque One Health.

En conjunto, esta revisión aporta una síntesis actualizada de la evidencia disponible y destaca la complejidad de la resistencia a colistina como un problema emergente que requiere abordajes interdisciplinarios.

## **5. CONCLUSIONES**

La presente revisión sistemática permitió evidenciar una distribución heterogénea del gen *mcr-1* en América Latina, con una mayor concentración de estudios en determinados países y una limitada representación en otros contextos geográficos. La predominancia de *Escherichia coli* como principal portadora del gen, así como su asociación con plásmidos de tipo IncI2 e IncX4, resalta el papel de los elementos genéticos móviles en la diseminación de la resistencia a colistina en la región.

Los hallazgos confirman la relevancia del enfoque One Health para comprender la dinámica de transmisión del gen *mcr-1*, evidenciando su presencia en muestras humanas y animales, y destacando la necesidad de fortalecer la investigación en matrices ambientales, actualmente poco representadas en la literatura disponible.

No obstante, la limitada cantidad de estudios incluidos y la heterogeneidad en los métodos de detección y reporte de resultados restringen la generalización de los hallazgos, lo que pone de manifiesto la necesidad de estandarizar las metodologías y ampliar la vigilancia en la región.

En este contexto, se requiere promover investigaciones que integren los diferentes reservorios y utilicen metodologías comparables, con el fin de mejorar la comprensión de la diseminación del gen *mcr-1* y apoyar el diseño de estrategias efectivas de control de la resistencia antimicrobiana en América Latina.

## **6. AGRADECIMIENTOS**

Esta sección es opcional. Los reconocimientos de personas, subvenciones, fondos, etc., deben ser breves.

## **7. DECLARACION DEL USO DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL**

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

## 8. CONFLICTO DE INTERESES

No hay conflictos de intereses

**Los autores declaran que no tienen conflicto de intereses**

## 9. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Arabacı, Ç., Dal, T., Başıyigit, T., Genişel, N., & Durmaz, R. (2019). Investigation of carbapenemase and mcr-1 genes in carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* isolates. *Journal of Infection in Developing Countries*, 13(6), 504-509. <https://doi.org/10.3855/jidc.11048>

Binsker, U., Oelgeschläger, K., Neumann, B., Werner, G., Käsbohrer, A., & Hammerl, J. A. (2023). Genomic Evidence of mcr-1.26 IncX4 Plasmid Transmission between Poultry and Humans. *Microbiology Spectrum*, 11(4), e01015-23. <https://doi.org/10.1128/spectrum.01015-23>

Genomic Evidence of mcr-1.26 IncX4 Plasmid Transmission between Poultry and Humans. (s. f.). *Microbiology Spectrum*. Recuperado 9 de abril de 2026, de <https://journals.asm.org/doi/10.1128/spectrum.01015-23>

Ghazawi, A., Strepis, N., Anes, F., Yaaqeib, D., Ahmed, A., AlHosani, A., AlShehhi, M., Manzoor, A., Habib, I., Wani, N. A., Hays, J. P., & Khan, M. (2024). First Report of Colistin-Resistant *Escherichia coli* Carrying mcr-1 IncI2(delta) and IncX4 Plasmids from Camels (*Camelus dromedarius*) in the Gulf Region. *Antibiotics*, 13(3), 227. <https://doi.org/10.3390/antibiotics13030227>

Jaidane, N., Naas, T., Boughattas, S., Fraysseix, L. D., Tilouche, L., Souguir, M., François, P., Chermiti, W., Trabelsi, A., Madec, J.-Y., Mansour, W., & Haenni, M. (2025). Occurrence of mcr-1.1-producing *Escherichia coli* in clinical settings in Tunisia. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, 44, 149-151. <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2025.06.011>

Liu, J.-Y., Liao, T.-L., Huang, W.-C., Liu, Y.-M., Wu, K.-M., Lauderdale, T.-L., Tsai, S.-F., Kuo, S.-C., & Kuo, H.-C. (2020). Increased mcr-1 in pathogenic *Escherichia coli* from diseased swine, Taiwan. *Journal of Microbiology, Immunology, and Infection = Wei Mian Yu Gan Ran Za Zhi*, 53(5), 751-756. <https://doi.org/10.1016/j.jmii.2018.10.011>

Liu, Y.-Y., Wang, Y., Walsh, T. R., Yi, L.-X., Zhang, R., Spencer, J., Doi, Y., Tian, G., Dong, B., Huang, X., Yu, L.-F., Gu, D., Ren, H., Chen, X., Lv, L., He, D., Zhou, H., Liang, Z., Liu, J.-H., & Shen, J. (2016). Emergence of plasmid-mediated colistin resistance mechanism MCR-1 in animals and human beings in China: A microbiological and molecular biological study. *The Lancet. Infectious Diseases*, 16(2), 161-168. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(15\)00424-7](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(15)00424-7)

Lu, X., Zhang, W., Mohsin, M., Wang, M., Li, J., Wang, Z., & Li, R. (2023). The Prevalence of Plasmid-Mediated Colistin Resistance Gene mcr-1 and Different Transferability and Fitness of mcr-1-Bearing IncX4 Plasmids in *Escherichia coli* from Pigeons. *Microbiology Spectrum*, 11(2), e03639-22. <https://doi.org/10.1128/spectrum.03639-22>

Phetburom, N., Boueroy, P., Chopjitt, P., Hatrongjit, R., Akeda, Y., Hamada, S., Nuanualsuwan, S., & Kerdsin, A. (2021). *Klebsiella pneumoniae* Complex Harboring mcr-1, mcr-7, and mcr-8 Isolates from Slaughtered Pigs in Thailand. *Microorganisms*, 9(12), 2436. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9122436>

Protonotariou, E., Meletis, G., Malousi, A., Kotzamanidis, C., Tychala, A., Mantzana, P., Theodoridou, K., Ioannidou, M., Hatzipantelis, E., Tsakris, A., & Skoura, L. (2022). First detection of mcr-1-producing *Escherichia coli* in Greece. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, 31, 252-255. <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2022.10.008>

Wu, R., Yi, L., Yu, L., Wang, J., Liu, Y., Chen, X., Lv, L., Yang, J., & Liu, J.-H. (2018). Fitness Advantage of mcr-1–Bearing IncI2 and IncX4 Plasmids in Vitro. *Frontiers in Microbiology*, 9. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.00331>

Xie, J., Liang, B., Xu, X., Yang, L., Li, H., Li, P., Qiu, S., & Song, H. (2022). Identification of mcr-1-positive multidrug-resistant *Escherichia coli* isolates from clinical samples in Shanghai, China. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, 29, 88-96. <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2022.02.008>