



REVISTA MULTIDISCIPLINAR EPISTEMOLOGÍA DE LAS CIENCIAS

Volumen 3, Número 2
Abril-Junio 2026

Edición Trimestral

CROSSREF PREFIX DOI: 10.71112

ISSN: 3061-7812, www.omniscens.com

Revista Multidisciplinar Epistemología de las Ciencias

Volumen 3, Número 2
abril-junio 2026

Publicación trimestral
Hecho en México

La Revista Multidisciplinar Epistemología de las Ciencias acepta publicaciones de cualquier área del conocimiento, promoviendo una plataforma inclusiva para la discusión y análisis de los fundamentos epistemológicos en diversas disciplinas. La revista invita a investigadores y profesionales de campos como las ciencias naturales, sociales, humanísticas, tecnológicas y de la salud, entre otros, a contribuir con artículos originales, revisiones, estudios de caso y ensayos teóricos. Con su enfoque multidisciplinario, busca fomentar el diálogo y la reflexión sobre las metodologías, teorías y prácticas que sustentan el avance del conocimiento científico en todas las áreas.

Contacto principal: admin@omniscens.com

Las opiniones expresadas por los autores no necesariamente reflejan la postura del editor de la publicación

Se autoriza la reproducción total o parcial del contenido de la publicación sin previa autorización de la Revista Multidisciplinar Epistemología de las Ciencias siempre y cuando se cite la fuente completa y su dirección electrónica.

Esta obra está bajo una licencia internacional Creative Commons Atribución 4.0.



Copyright © 2026: Los autores



9773061781003

Cintillo legal

Revista Multidisciplinar Epistemología de las Ciencias Vol. 3, Núm. 2, abril-junio 2026, es una publicación trimestral editada por el Dr. Moises Ake Uc, C. 51 #221 x 16B , Las Brisas, Mérida, Yucatán, México, C.P. 97144 , Tel. 9993556027, Web: <https://www.omniscens.com>, admin@omniscens.com, Editor responsable: Dr. Moises Ake Uc. Reserva de Derechos al Uso Exclusivo No. 04-2024-121717181700-102, ISSN: 3061-7812, ambos otorgados por el Instituto Nacional del Derecho de Autor (INDAUTOR). Responsable de la última actualización de este número, Dr. Moises Ake Uc, fecha de última modificación, 1 abril 2026.



Revista Multidisciplinar Epistemología de las Ciencias

Volumen 3, Número 2, 2026, abril-junio

DOI: <https://doi.org/10.71112/zs762503>

**FACTORES DE VIRULENCIA Y PATOGENICIDAD DE ESCHERICHIA COLI EN
AMBIENTES DE PRODUCCIÓN ANIMAL: IMPLICACIONES PARA LA SALUD Y LA
PRODUCTIVIDAD**

**VIRULENCE AND PATHOGENICITY FACTORS OF ESCHERICHIA COLI IN ANIMAL
PRODUCTION ENVIRONMENTS: IMPLICATIONS FOR HEALTH AND
PRODUCTIVITY**

Amanda Elizaneth Bonilla Bonilla

Junior Stalin Vargas Hidalgo

Ecuador

Factores de virulencia y patogenicidad de Escherichia coli en ambientes de producción animal: implicaciones para la salud y la productividad

Virulence and pathogenicity factors of Escherichia coli in animal production environments: implications for health and productivity

Amanda Elizaneth Bonilla Bonilla^{a,*}

ae.bonillab@uea.edu.ec

<https://orcid.org/0000-0002-9429-1245>

Junior Stalin Vargas Hidalgo^a

js.vargash@uea.edu.ec

<https://orcid.org/0000-0003-1245-7609>

*Autor de correspondencia: ae.bonillab@uea.edu.ec, ^aUniversidad Estatal Amazónica, Ecuador

RESUMEN

Los sistemas de producción animal están expuestos a múltiples factores ambientales que influyen directamente en la salud, nutrición, reproducción y crecimiento de las especies pecuarias. Estas condiciones, además, favorecen la proliferación de microorganismos patógenos de relevancia en salud pública, como Escherichia coli, bacteria que presenta diversos mecanismos de virulencia y resistencia antimicrobiana, lo que dificulta su control y tratamiento. Asimismo, existe un riesgo significativo de transmisión de cepas entre animales y humanos, especialmente dentro de la cadena productiva.

El objetivo de esta revisión fue analizar los principales genes de virulencia y los mecanismos de patogenicidad de Escherichia coli que predominan en ambientes de producción animal. Para ello, se realizó una revisión sistemática de la literatura científica en bases de datos como Medline, LILACS, ScienceDirect, PubMed, SciELO y Dialnet, empleando palabras clave en español e inglés relacionadas con genética, virulencia, producción animal y resistencia microbiana.

Los resultados evidencian que las distintas variantes o serotipos de *Escherichia coli* poseen factores de virulencia asociados a la generación de enfermedades, especialmente en animales jóvenes, destacándose la colibacilosis. Estos patógenos producen toxinas, adhesinas y citotoxinas que ocasionan daño celular, mortalidad y pérdidas económicas en los sistemas productivos. En este contexto, la implementación de medidas preventivas y estrategias de manejo sanitario resulta fundamental para reducir la incidencia de estas infecciones y garantizar la calidad e inocuidad de los productos de origen animal.

Palabras clave: genes; *Escherichia coli*; producción animal; virulencia; patogenicidad.

ABSTRACT

Animal production systems are exposed to multiple environmental factors that directly influence the health, nutrition, reproduction, and growth of livestock species. These conditions also favor the proliferation of pathogenic microorganisms of public health relevance, such as *Escherichia coli*, a bacterium that exhibits diverse virulence and antimicrobial resistance mechanisms, making its control and treatment difficult. Furthermore, there is a significant risk of transmission of strains between animals and humans, especially within the production chain.

The objective of this review was to analyze the main virulence genes and pathogenicity mechanisms of *Escherichia coli* that predominate in animal production environments. To this end, a systematic review of the scientific literature was conducted in databases such as Medline, LILACS, ScienceDirect, PubMed, SciELO, and Dialnet, using keywords in Spanish and English related to genetics, virulence, animal production, and antimicrobial resistance.

The results show that different variants or serotypes of *Escherichia coli* possess virulence factors associated with disease generation, especially in young animals, with colibacillosis being a prominent example. These pathogens produce toxins, adhesins, and cytotoxins that cause cell damage, mortality, and economic losses in production systems. In this context, the

implementation of preventive measures and sanitary management strategies is essential to reduce the incidence of these infections and ensure the quality and safety of animal products.

Keywords: genes; *Escherichia coli*; animal production; virulence; pathogenicity.

Recibido: 1 abril 2026 | Aceptado: 17 mayo 2026 | Publicado: 18 mayo 2026

INTRODUCCIÓN

Los sistemas de producción animal están influenciados por una compleja interacción de factores ambientales, de manejo y sanitarios que determinan la presencia, dinámica y comportamiento de las comunidades microbianas. Estas condiciones, que incluyen tanto variables naturales como modificaciones antrópicas del entorno, pueden favorecer la proliferación de bacterias con potencial patogénico, capaces de afectar la salud y productividad de los animales. Entre estos factores destacan las prácticas de manejo, la nutrición, el bienestar animal, el uso de medicamentos y las estrategias de control sanitario, los cuales, al interactuar, pueden alterar el equilibrio microbiano y facilitar la emergencia de patógenos de importancia como *Escherichia coli*.

El rendimiento productivo en los sistemas ganaderos también está estrechamente relacionado con condiciones ambientales como la temperatura, la humedad, la radiación solar y la precipitación, las cuales influyen directamente en la disponibilidad y calidad de los recursos alimenticios, especialmente los pastos. Estas variaciones pueden afectar el estado nutricional de los animales, incrementando su susceptibilidad a infecciones bacterianas y comprometiendo su desempeño productivo.

Escherichia coli, perteneciente a la familia Enterobacteriaceae, es una bacteria Gram negativa, no formadora de esporas y móvil por flagelos peritricos, que forma parte del microbiota normal del tracto gastrointestinal de animales y humanos. No obstante, ciertas

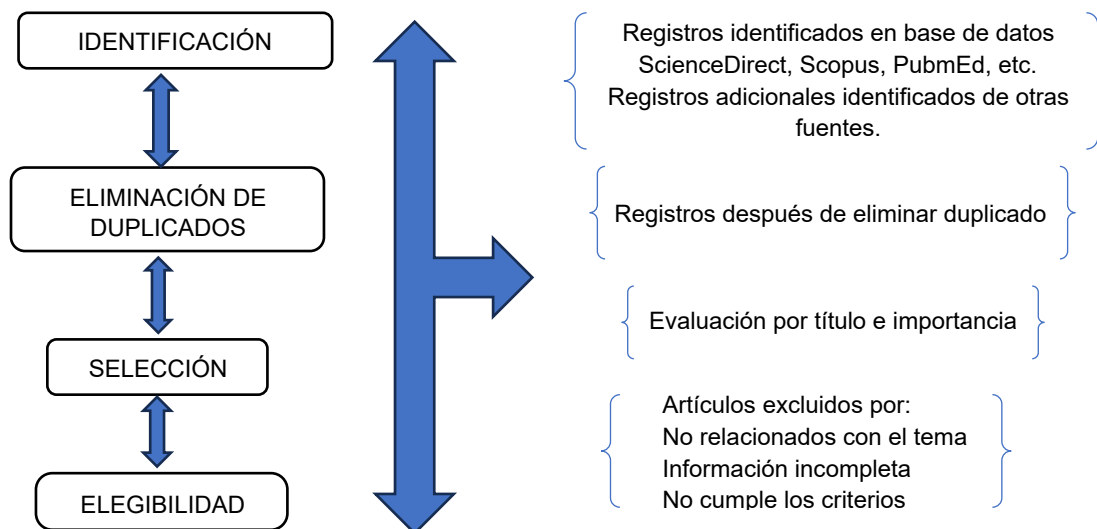
cepas poseen genes de virulencia que les confieren la capacidad de causar enfermedades, especialmente cuando las condiciones de manejo son inadecuadas. Su diseminación ocurre principalmente a través de las heces y de alimentos contaminados, representando un riesgo significativo para la salud animal y la inocuidad de los productos de origen pecuario.

En la actualidad, el uso indiscriminado de antibióticos en la producción animal, ya sea como promotores de crecimiento o en tratamientos terapéuticos, ha favorecido la aparición y propagación de cepas resistentes, incrementando la complejidad del control de infecciones. Este fenómeno, asociado a mecanismos como la transferencia horizontal de genes, contribuye a la emergencia de bacterias con mayor capacidad de virulencia y menor respuesta a los tratamientos convencionales.

En este contexto, el objetivo de la presente revisión es describir los principales genes de virulencia y los mecanismos de patogenicidad de *Escherichia coli* que circulan en los ambientes de producción animal en diferentes especies, con el fin de aportar información relevante para el diseño de estrategias de control y prevención que garanticen la sostenibilidad y bioseguridad de los sistemas productivos. (Figura 1).

Figura 1

Diagrama flujo PRISMA



METODOLOGÍA

Se realizó una revisión sistemática de la literatura científica en bases de datos reconocidas, incluyendo ScienceDirect, LILACS, Scopus, PubMed, ProQuest, Redalyc, Cochrane y SciELO. La estrategia de búsqueda se basó en la combinación de palabras clave en español e inglés, empleando operadores booleanos (AND, OR y NOT) para optimizar la recuperación de información relevante.

Se incluyeron publicaciones correspondientes al periodo 2016–2021, considerando artículos originales y de revisión disponibles en idioma inglés y español. Como criterios de inclusión se priorizaron estudios relacionados con genes de virulencia, patogenicidad y presencia de *Escherichia coli* en sistemas de producción animal. Se excluyeron aquellos documentos que no guardaban relación directa con el objetivo del estudio o que presentaban información incompleta.

El proceso de selección de los artículos se realizó en varias etapas. Inicialmente, se identificó el número total de registros (n inicial) a partir de las estrategias de búsqueda. Posteriormente, se llevó a cabo un proceso de tamizaje mediante la revisión de títulos y resúmenes, seguido de una evaluación del texto completo, lo que permitió obtener el número final de estudios incluidos (n final), de acuerdo con los criterios establecidos.

Se elaboró una matriz de extracción de datos en la que se sistematizó la información relevante de cada artículo, incluyendo autores, año de publicación, tipo de estudio, variables analizadas y principales hallazgos. Asimismo, se realizó un análisis cualitativo de la calidad de los estudios, considerando su soporte bibliográfico, pertinencia y contribución al objetivo de la investigación.

Finalmente, los resultados fueron integrados de forma descriptiva, analizando el aporte de cada estudio en la identificación de genes de virulencia y mecanismos de patogenicidad de *Escherichia coli* presentes en ambientes de producción animal en diferentes especies. El

proceso de selección y depuración de la literatura se representó mediante un diagrama de flujo basado en la metodología PRISMA, el cual ilustra las etapas de identificación, selección, elegibilidad e inclusión de los estudios analizados.

DISCUSIÓN

Factores de virulencia de *Escherichia coli* y su influencia en los ambientes de producción animal

Escherichia coli puede clasificarse en función de sus serotipos, manifestaciones clínicas, mecanismos de virulencia e interacción con la mucosa intestinal, así como por factores intrínsecos y extrínsecos del hospedador que determinan su capacidad patogénica. Estos mecanismos actúan de manera individual y sinérgica, permitiendo la colonización del organismo, el daño celular y la posterior expresión de la enfermedad. (Cárdenas et al., 2017; Farfán et al., 2017).

Dentro de los principales serotipos se destacan *E. coli* entero patógena (EPEC), asociada a diarreas en lechones, infecciones respiratorias en aves y mastitis en bovinos; *E. coli* entero invasiva (EIEC), relacionada con cuadros diarreicos con presencia de moco y sangre; *E. coli* enterotoxigénica (ETEC), frecuente en colibacilosis aviar y en diarrea acuosa en humanos; *E. coli* entero agregativa (EAEC), vinculada a diarreas persistentes; y *E. coli* enterohemorrágica (EHEC), responsable de cuadros severos caracterizados por diarrea sanguinolenta y dolor abdominal.

De especial relevancia es la *E. coli* productora de toxina Shiga (STEC), principal agente etiológico del síndrome hemolítico urémico (SHU), caracterizado por daño renal, anemia hemolítica y trombocitopenia, con alta mortalidad. Además, este serotipo está implicado en enfermedades productivas como mastitis bovina y colibacilosis aviar.

En los sistemas de producción animal, diversos factores influyen en la presencia y expresión de la virulencia bacteriana, entre ellos las condiciones ambientales, prácticas de manejo, nutrición, bienestar animal, uso de medicamentos, genética del hospedador y control sanitario. La interacción de estos factores puede alterar el equilibrio microbiano y favorecer la emergencia de cepas altamente virulentas de *E. coli*, con impacto directo en la producción.

Los principales factores de virulencia asociados a esta bacteria incluyen mecanismos de adhesión, supervivencia en suero, sistemas de captación de hierro, producción de fimbrias, hemaglutininas, hemolisinas, citotoxinas, invasión celular y producción de sideróforos. Estos elementos permiten la colonización, evasión del sistema inmune y daño tisular.

Adicionalmente, la contaminación microbiológica del ambiente por patógenos como bacterias, virus, hongos y parásitos puede afectar la fertilidad, prolificidad y productividad animal, generando enfermedades como endometritis, infecciones intestinales y patologías sistémicas. Factores como la temperatura, humedad, radiación solar y ventilación también influyen en la proliferación bacteriana y en la susceptibilidad del hospedador. (Ávila et al., 2021; Bolukaoto et al., 2019).

Entorno genético de los factores de virulencia en *E. coli*

El desarrollo de técnicas moleculares ha permitido la identificación y caracterización de genes de virulencia en *E. coli*, facilitando la comprensión de sus mecanismos de patogenicidad y adaptación. Estos genes codifican proteínas asociadas a la producción de toxinas (termolábiles, termoestables, tipo Shiga), adhesinas y otros factores que favorecen la infección.

Diversos estudios han reportado la presencia de estos genes en cepas aisladas de animales de producción y productos derivados, evidenciando su papel en enfermedades como colibacilosis, mastitis, infecciones respiratorias e intestinales, especialmente en animales jóvenes.

Patogenicidad de E. coli en animales de producción

Escherichia coli forma parte del microbiota normal del tracto gastrointestinal; sin embargo, bajo condiciones de inmunosupresión, estrés o manejo inadecuado, puede convertirse en un patógeno oportunista.

En bovinos

Las principales patologías son la mastitis y la colibacilosis, asociadas principalmente a los patotipos ETEC y EPEC. La colibacilosis puede manifestarse como colisepticemia, enterotoxemia o infección entérica, caracterizada por fiebre, diarrea, debilidad y muerte en terneros. (Akomoneh et al., 2020; Aslam et al., 2021; Bag et al., 2021; Cruz et al., 2020; Guerra et al., 2020; Hernandez et al., 2018)

En aves de corral

La E. coli patógena aviar (APEC) es responsable de infecciones respiratorias, septicemias, meningitis y colibacilosis, generando altas pérdidas económicas en sistemas avícolas. (Azam et al., 2019; Carranza et al., 2017; Chalmers et al., 2017; Chen et al., 2021; Ferreira et al., 2018; Gazal et al., 2017; Ibrahim et al., 2019; Kaushik et al., 2018; Koga et al., 2016). Además, factores como la dieta influyen en la selección de estos linajes en el intestino (García Cando, 2020).

En porcinos, ovinos y caprinos

La colibacilosis es una enfermedad frecuente, especialmente en animales jóvenes. (Alfaro et al., 2019). En porcinos se presenta en diferentes etapas productivas, mientras que en ovinos y caprinos se asocia principalmente a cuadros septicémicos con alta mortalidad. (Li et al., 2020).

La educación ambiental sostenible juega un papel fundamental no solo en los estudiantes en formación de la carrera de agronomía de la ESPOCH, por cuanto constituye un factor esencial en la concepción de una sociedad basada en la generación de prácticas y

hábitos permeados por la consecución de lograr una visión ecologista del mundo, lo cual constituye un factor esencial para la conformación de escenarios propicios para la vida (Kamel, et al., 2018), tanto para el humano como otras especies vivas, posibilitando su concepción curricular en la educación formal desde un entramado transversal en donde se proyecte la promoción de una conducta social favorable al paradigma del buen vivir desde lo agroforestal (Glover, et al., 2019).

Las políticas ambientales del Ecuador (Nasim et al., 2016), son otro eje fundamental para la conformación de un pensamiento crítico reflexivo en función de establecer una conciencia colectiva en favor de establecer las normativas jurídicas pertinentes en función de proteger el medio ambiente (Nasim, et al., 2016), así como respaldar la práctica de nuevos enfoques sostenibles posibilitadores de integrar disciplinas en favor de armonizar lo agroforestal como un hábito cultural desde el entramado social que representa trabajar en las comunidades en función de organizarse mediante organizaciones no gubernamentales en favor de optimizar el uso de los recursos naturales de una determinada zona geográfica (Peter, et al., 2018), concatenada al turismo y producción agro ecológica como generadores de posibles emprendimientos para coadyuvar en el sostenimiento económico de la región amazónica del Ecuador, posibilitándose además la integración de la educación universitaria con el desarrollo de proyectos sustentables en cooperación del crecimiento integral local (Matsushita, et al., 2018).

El desarrollo sostenible debe ser concebido como un factor multidisciplinar y complejo (Scott, et al., 2018), diseñado a partir de una visión ecológica de la realidad, siendo la práctica agroforestal no solo en entornos selváticos, rurales, sino, urbanos, como una cosmovisión cultural enfocado hacia la consolidación de entorno social para la convivencia de los seres que cohabitan en la misma (Telles, et al., 2013), comprendiéndose no como una mera práctica habitual, siendo fundamental establecer un principio de convivencia desde el buen vivir

como opción de integración de visiones en favor de constituir un engranaje en razón de lo sostenible como razón fundamental para la elaboración de políticas favorables al crecimiento integral de la población (Ma, et al., 2018).

El cambio climático es un tema controversial, ligado a la emisión de gases de invernadero (GEI), proyectándose efectos biológicos en el rendimiento de los cultivos (factores directos: aumento de las temperaturas y variación de las precipitaciones, e indirectos: disponibilidad de agua de riego y proliferación de plagas, los cuales indican directamente en la emanación de gases (Kaya and Zarrouk, 2017), por lo tanto, es necesario y urgente generar espacios agroforestales desarrollados desde una visión sostenible del medio ambiente (Macholdt and Honermeier, 2016), no puede dejarse como un tema retórico por cuanto esto obvia la responsabilidad del ser humano sobre el clima (López-Blanco, et al., 2018), más aun cuando se trata de profesionales ligados a la agronomía (Marshall, et al., 2015), por cuanto desde espacio del conocimiento se debe promover una sociedad basada en prácticas para la sana convivencia de las próximas generaciones (González, 2015).

La visión agroforestal sostenible es un conjunto de prácticas en sinergia de generar un estilo de vida saludable, para lo cual se requiere aprovechar los recursos disponibles en un determinado espacio geográfico, por lo que es pertinente enfocarlo desde la complejidad de la realidad por cuanto cada especie biótica y abiótica son complementarias para el buen vivir de las múltiples que habitan un sector, siendo uno de ellos el ser humano, así por causa y efecto, cada individuo aporta en el bienestar del otro, es así que el profesional de la agronomía debe concebir su formación como multidisciplinar (Williams, et al., 2018).

La identificación y desinfección de plagas forma parte esencial de la visión agroforestal sostenible, por cuanto esto implica desinfectar en base a prácticas y procedimientos biológicos no contaminantes o de mínimo impacto al suelo, aguas, seres vivos del ecosistema, posibilitándose el empleo de una concepción multidisciplinar y compleja para la proyección de

un espacio ecológico favorable para la convivencia, trascendiéndose la perspectiva de explotación de los recursos, es así que surge la necesidad de interactuar entre los ejes formativos planteados para consolidar una educación universitaria concatenada con la sostenibilidad del medio ambiente (Van Bommel, et al., 2016).

CONCLUSIONES

La presencia y expresión de factores de virulencia de *Escherichia coli* en ambientes de producción animal varía en función de la especie hospedadora, las condiciones de manejo y las características del entorno. Entre los genes de mayor circulación se destacan *stx1* y *stx2*, asociados a la producción de toxinas tipo Shiga; *saa* y *eaeA*, relacionados con mecanismos de adhesión; *ehxA*, vinculado a la producción de enterohemolisina; y *lpfA*, implicado en la formación de fimbrias. Estos determinantes genéticos han sido identificados en cepas aisladas de aves de corral, bovinos, porcinos, ovinos y caprinos, evidenciando su amplia distribución en sistemas productivos.

Las patologías asociadas a *E. coli*, como mastitis bovina, colibacilosis e infecciones entéricas, están estrechamente relacionadas con la interacción de factores ambientales, nutricionales y de manejo, los cuales favorecen la expresión de la virulencia bacteriana. Estas enfermedades representan un riesgo significativo para la salud y el bienestar animal, además de generar importantes pérdidas económicas en los sistemas de producción.

En este contexto, la implementación de estrategias de prevención, manejo sanitario adecuado y control microbiológico resulta fundamental para reducir la incidencia de infecciones y limitar la diseminación de cepas patógenas. Asimismo, la vigilancia epidemiológica de los factores de virulencia y su relación con la resistencia antimicrobiana adquiere especial relevancia, debido a su impacto en la inocuidad de los productos de origen animal y en la salud pública.

En conjunto, los hallazgos resaltan la necesidad de fortalecer prácticas sostenibles en la producción animal, orientadas al uso racional de antimicrobianos, la mejora de las condiciones de manejo y la implementación de programas de bioseguridad, con el fin de minimizar el riesgo de transmisión de cepas virulentas entre animales y humanos

Declaración de conflicto de interés

Los autores declaran no tener ningún conflicto de interés relacionado con esta investigación.

Declaración de contribución a la autoría

Amanda Elizabeth Bonilla Bonilla: Elaboración en estructura y escritura del artículo.

Stalin Juniro Vargas Hidalgo: Descarga de información, tabulación y orden de importancia.

Declaración de uso de inteligencia artificial

Los autores declaran que utilizaron la inteligencia artificial como apoyo para este artículo, y también que esta herramienta no sustituye de ninguna manera la tarea o proceso intelectual. Después de rigurosas revisiones con diferentes herramientas en las que se comprobó que no existe plagio como constante en las evidencias, los autores manifiestan y reconocen que este trabajo fue producto de un trabajo intelectual propio, que no ha sido escrito ni publicado en ninguna plataforma electrónica o de IA.

REFERENCIAS

Akomoneh EA, Esemu SN, Kfusi AJ, Ndip RN, Ndip LM. Prevalence and virulence gene profiles of *Escherichia coli* O157 from cattle slaughtered in Buea, Cameroon. *PLoS One* [Internet]. 2020 [citado marzo 4]; 15 (12): e0235583. Disponible en: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0235583>

- Alfaro M, Rivas M, Silva R, Gómez E. Presencia de *Escherichia coli* en el contenido prepucial de verracos en una unidad de producción y su influencia a problemas de fertilidad y prolificidad. *Cienc UNEMI [Internet]*. 2019 [citado 10 Feb 2022]; 12 (31): 95–101. Disponible en: <https://www.redalyc.org/journal/5826/582661248010/582661248010.pdf>
- Aslam N, Khan SUH, Usman T, Ali T. Phylogenetic genotyping, virulence genes and antimicrobial susceptibility of *Escherichia coli* isolates from cases of bovine mastitis. *J Dairy Res*. 2021; 88 (1): 78–9. Doi: <https://doi.org/10.1017/s002202992100011x>
- Ávila Torres YY, Cáceres Rojas MF, Aguilera Becerra AM. Infecciones asociadas a dispositivos, perfil microbiológico y resistencia bacteriana en unidades de cuidados intensivos de Casanare - Colombia. *Rev Investig en Salud Univ Boyacá [Internet]*. 2021 [citado 10 Ene 2022]; 8 (2): 56-77. Disponible en: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=8367368> Sáenz Rojas AS, Torres Caycedo MI, López Velandia DP. Septiembre - diciembre de 2022 74
- Azam M, Mohsin M, Sajjad-ur-Rahman, Saleemi MK. Virulence-associated genes and antimicrobial resistance among avian pathogenic *Escherichia coli* from colibacillosis affected broilers in Pakistan. *Trop Anim Health Prod*. 2019; 51 (5): 1259–65. Doi: <https://doi.org/10.1007/s11250-019-01823-3>
- Bag M, Khan R, Sami H, Begum F, Islam MS, Rahman MM. Virulence determinants and antimicrobial resistance of *E. coli* isolated from bovine clinical mastitis in some selected dairy farms of Bangladesh. *Saudi J Biol Sci*. 2021 Jul 6; 28 (11): 6317–23. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2021.06.099>
- Bolukaoto JY, Kock MM, Strydom KA, Mbelle NM, Ehlers MM. Molecular characteristics and genotypic diversity of enterohaemorrhagic *Escherichia coli* O157:H7 isolates in Gauteng region, South Africa. *Sci Total Environ*. 2019; 20 (692): 297–304. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.07.119>

- Carranza C, León R, Falcón N, Neumann A, Kromm C. Characterization and distribution of potentially avian pathogenic *Escherichia coli* isolates from broilers in Peru. *Rev Investig Vet del Peru* [Internet]. 2017 [citado 24 Abr 2022]; 23 (2): 209-19. Disponible en: <http://dev.scielo.org.pe/pdf/rivep/v23n2/a11v23n2.pdf>
- Cárdenas M, Gándara J, Pérez M. Factores de virulencia bacteriana: la “inteligencia” de las bacterias. *Elementos* [Internet]. 2017 [citado 20 Feb 2022]; 94 (17): 35-43. Disponible en: <https://elementos.buap.mx/directus/storage/uploads/00000001145.pdf>
- Chalmers G, Cormier AC, Nadeau M, Côté G, Reid-Smith RJ, Boerlin P. Determinants of virulence and of resistance to ceftiofur, gentamicin, and spectinomycin in clinical *Escherichia coli* from broiler chickens in Québec, Canada. *Vet Microbiol*. 2017 May 1; 203 (1): 149–57. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2017.02.005>
- Chen X, Liu W, Li H, Yan S, Jiang F, Cai W, et al. Whole genome sequencing analysis of avian pathogenic *Escherichia coli* from China. *Vet Microbiol*. 2021 1; 259 (1): 109158. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2021.109158>
- Cruz AS, Toro V, Munguía CO, Torres JE, Flores LE, Loeza PD. Relación genética, formación de biopelículas, movilidad y virulencia de *Escherichia coli* aislada de mastitis bovina. *Rev Mex Ciencias Pecu*. 2020; 11 (1): 167–82. Doi: <http://dx.doi.org/10.22319/rmcp.v11i1.4998> Virulencia de *Escherichia coli* en sistemas de producción animal. Septiembre - diciembre de 2022 75
- Farfán AE, Ariza SC, Vargas FA, Vargas LV. Virulence mechanisms of enteropathogenic *Escherichia coli*. *Rev Chil Infectol* [Internet] 2017 [citado 26 Feb 2022]; 33 (4): 438–50. Disponible en: https://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0716-10182016000400009&lng=en&nrm=iso&tlng=en
- Fayemi OE, Akanni GB, Elegbeleye JA, Aboaba OO, Njage PM. Prevalence, characterization and antibiotic resistance of Shiga toxigenic *Escherichia coli* serogroups isolated from

- fresh beef and locally processed ready-to-eat meat products in Lagos, Nigeria. *Int J Food Microbiol.* 2021 Jun 2; 347 (1): 109191. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.ijfoodmicro.2021.109191>
- Ferreira JC, Penha Filho RAC, Kuaye APY, Andrade LN, Chang YF, Darini ALC. Virulence potential of commensal multidrug resistant *Escherichia coli* isolated from poultry in Brazil. *Infect Genet Evol.* 2018; 65 (1): 251–6. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2018.07.037>
- García Cando, S. Influencia de la dieta y el ambiente en la selección de linajes de *Escherichia coli* comensal en el intestino de pollos de engorde [Tesis]. Quito, Universidad San Francisco de Quito; 2020. Disponible en: <https://repositorio.usfq.edu.ec/bitstream/23000/8770/1/146096.PD>
- Gazal LES, Puno-Sarmiento JJ, Medeiros LP, Cyoia PS, Da Silveira WD, Kobayashi RKT, et al. Presence of pathogenicity islands and virulence genes of extraintestinal pathogenic *Escherichia coli* (ExPEC) in isolates from avian organic fertilizer. *Poult Sci.* 2017 Dec 1; 94 (12): 3025–33. Doi: <https://doi.org/10.3382/ps/pev278>
- Guerra ST, Orsi H, Joaquim SF, Guimarães FF, Lopes BC, Dalanezi FM, et al. Short communication: Investigation of extra-intestinal pathogenic *Escherichia coli* virulence genes, bacterial motility, and multidrug resistance pattern of strains isolated from dairy cows with different severity scores of clinical mastitis. *J Dairy Sci.* 2020; 103 (4): 3606–14. Doi: <https://doi.org/10.3168/jds.2019-17477>
- Gwida M, Awad A, El-Ashker M, Hotzel H, Monecke S, Ehricht R, et al. Microarray-based detection of resistance and virulence factors in commensal *Escherichia coli* from livestock and farmers in Egypt. *Vet Microbiol.* 2020 Jan 1; 240 (19): 108539. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2019.108539>

- Herrera Arias F, Santos Buelga J, Villamizar Gallardo R. Primer reporte de *Escherichia coli* productora de toxina shiga no O157 que codifica el gen de la enterohemolisina en carne cruda en Colombia. *Arch Latinoam Nutr.* 2019; 69 (1): 59–67. Doi: <https://doi.org/10.37527/2019.69.1.008> Sáenz Rojas AS, Torres Caycedo MI, López Velandia DP. Septiembre - diciembre de 2022 76
- Hernandez LB, Cadona JS, Christensen M, Fernández D, Padola NL, Bustamante AV, et al. Virulence genes and genetic diversity assessment of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* O91 strains from cattle, beef and poultry products. *Microb Pathog.* 2018 Dec 1; 125 (4): 463–7. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2018.10.009>
- Ibrahim RA, Cryer TL, Lafi SQ, Basha EA, Good L, Tarazi YH. Identification of *Escherichia coli* from broiler chickens in Jordan, their antimicrobial resistance, gene characterization and the associated risk factors. *BMC Vet Res.* 2019; 15 (1): 15-159. Doi: <https://doi.org/10.1186/s12917-019-1901-1>
- Kaushik P, Anjay, Kumari S, Dayal S, Kumar S. Antimicrobial resistance and molecular characterisation of *E. coli* from poultry in eastern India. *Vet Ital.* 2018; 54 (3): 197–204. Doi: <https://doi.org/10.12834/vetit.330.1382.2>
- Koga VL, Rodrigues GR, Scandorieiro S, Vespero EC, Oba A, De Brito BG, et al. Evaluation of the antibiotic resistance and virulence of *Escherichia coli* strains isolated from chicken carcasses in 2007 and 2013 from Paraná, Brazil. *Foodborne Pathog Dis.* 2016; 12 (6): 479– 85. Doi: <https://doi.org/10.1089/fpd.2014.1888>
- Li Y, Ma X, Li C, Dai X, Zhang L. Occurrence and genomic characterization of ESBL-producing *Escherichia coli* ST29 strains from swine with abundant virulence genes. *Microb Pathog.* 2020; 148 (1): 104483. Doi: <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2020.104483>