

Tendencias epidemiológicas de *Escherichia coli* productora de BLEE en infecciones urinarias en América Latina: revisión sistemática de la evidencia reciente (2019–2026).

Epidemiological Trends of ESBL-Producing Escherichia coli in Urinary Tract Infections in Latin America: A Systematic Review of Recent Evidence (2019–2026).

Llangari-Tzaqui, Luis Alberto¹; Chamorro-Hernández, Liliana².

¹ UPEC (Universidad Politécnica Estatal del Carchi); Ecuador, Tulcán;
<https://orcid.org/0009-0001-7534-6116>; luis_beto2009@hotmail.es

² UPEC (Universidad Politécnica Estatal del Carchi); Ecuador, Tulcán;
<https://orcid.org/0000-0003-0870-8970>; lilianam.chamorro@upec.edu.ec

¹ Autor Correspondencia

 <https://doi.org/10.63618/omd/isj/v4/n4/448>

Cita: Llangari-Tzaqui, L. A., & Chamorro-Hernández, L. (2026). Tendencias epidemiológicas de *Escherichia coli* productora de BLEE en infecciones urinarias en América Latina: revisión sistemática de la evidencia reciente (2019–2026). *Innova Science Journal*, 4(4), 671-695. <https://doi.org/10.63618/omd/isj/v4/n4/448>

Recibido: 16/04/2026

Aceptado: 31/08/2026

Publicado: 31/10/2026



Copyright: © 2026 por los autores. Este artículo es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos y condiciones de la **Licencia Creative Commons, Atribución-NoComercial 4.0 Internacional. (CC BY-NC)**.

(<https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>)

Resumen: Las infecciones urinarias por *Escherichia coli* productora de betalactamasas de espectro extendido constituyen un desafío creciente para la vigilancia y el tratamiento antimicrobiano en América Latina. Esta revisión sistemática analizó las tendencias epidemiológicas regionales mediante 29 estudios publicados entre 2019 y 2026, procedentes de diez países, con evaluación crítica mediante herramientas del Joanna Briggs Institute. Las frecuencias con denominador interpretable variaron entre 6,0 % y 73,6 %, sin permitir una estimación regional combinada debido a diferencias poblacionales, clínicas y metodológicas. La circulación se documentó en ámbitos hospitalarios y comunitarios, con predominio de genes blaCTX-M, presencia de linajes de alto riesgo como ST131 y coexistencia de resistencia a fluoroquinolonas y trimetoprim-sulfametoxazol. Diez estudios presentaron riesgo de sesgo bajo y 19 moderado. La evidencia confirma una expansión heterogénea y exige vigilancia multicéntrica armonizada, vinculada con datos clínicos, consumo antimicrobiano y caracterización molecular.

Palabras clave: *Escherichia coli*; betalactamasas de espectro extendido; infecciones urinarias; resistencia antimicrobiana; América Latina.

Abstract: Urinary tract infections caused by extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli* represent a growing challenge for antimicrobial treatment and surveillance in Latin America. This systematic review analyzed regional epidemiological trends through 29 studies published between 2019 and 2026 from ten countries, with critical appraisal using Joanna Briggs Institute tools. Frequencies with interpretable denominators ranged from 6.0% to 73.6%, precluding a pooled regional estimate because of population, clinical, and methodological differences. Circulation was documented in hospital and community settings, with predominance of blaCTX-M genes, presence of high-risk lineages such as ST131, and co-resistance to fluoroquinolones and trimethoprim-sulfamethoxazole. Ten studies had low risk of bias and 19 had moderate risk. The evidence confirms heterogeneous expansion and supports harmonized multicenter surveillance linking clinical data, antimicrobial consumption, and molecular characterization to improve comparability and guide context-specific responses across the region in countries with limited current evidence.

Keywords: *Escherichia coli*; extended-spectrum beta-lactamases; urinary tract infections; antimicrobial resistance; Latin America.

1. Introducción

Las infecciones del tracto urinario (ITU) mantienen una elevada relevancia clínica por su frecuencia en la atención ambulatoria y hospitalaria, su recurrencia y la necesidad habitual de iniciar tratamiento antes de disponer del resultado microbiológico; esta situación adquiere mayor complejidad cuando el agente causal presenta mecanismos de resistencia que reducen las opciones terapéuticas disponibles. Medina y Castillo-Pino (2019) sitúan a las ITU entre las infecciones bacterianas más frecuentes, con una carga particularmente alta en mujeres, mientras la expansión comunitaria de microorganismos resistentes modifica un escenario que durante años se asoció principalmente con el ámbito hospitalario.

La revisión de Beaumont et al. (2026) muestra que la colonización por *E. coli* productora de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) presenta marcadas diferencias geográficas y adquiere especial importancia en países de ingresos bajos y medios, donde confluyen factores sanitarios, sociales, ambientales y relacionados con el consumo de antimicrobianos; en América Latina, esta convergencia convierte a las ITU por *E. coli* resistente en un problema epidemiológico que excede el fracaso de un antibiótico concreto y obliga a examinar cómo varían su frecuencia, distribución y perfil de resistencia a través del tiempo.

Dentro de este problema, las BLEE constituyen un mecanismo particularmente relevante porque confieren resistencia frente a buena parte de los betalactámicos empleados históricamente contra las Enterobacterales, en especial penicilinas, cefalosporinas de espectro extendido y aztreonam; sus genes responsables pueden circular mediante elementos genéticos móviles (Bastidas-Caldes et al., 2022; De La Cadena et al., 2020). La revisión sistemática sudamericana realizada por Bastidas-Caldes et al. (2022) documenta la amplia distribución de *E. coli* productora de BLEE en fuentes humanas, animales, alimentarias y ambientales, con predominio de enzimas de la familia CTX-M y presencia de clones capaces de desplazarse entre distintos nichos.

Esta capacidad de diseminación también se observa en el contexto clínico: al caracterizar aislamientos colombianos asociados con ITU hospitalarias y comunitarias, De La Cadena et al. (2020) identificaron CTX-M-15 como la variante predominante y detectaron linajes epidémicos como ST131, junto con otros determinantes de resistencia; la producción de BLEE no funciona, por tanto, como un rasgo microbiológico aislado, sino como parte de configuraciones genéticas que pueden combinar resistencia, virulencia y capacidad de propagación.

La importancia de *E. coli* en este escenario se relaciona con su condición de principal uropatógeno y con la diversidad de cepas uropatógenas capaces de adaptarse tanto a infecciones bajas como a cuadros del tracto urinario superior (Ballesteros-Monrreal et al., 2020; Fonseca-Martínez et al., 2023); en aislamientos procedentes de mujeres de dos estados mexicanos, Ballesteros-Monrreal et al. (2020) encontraron una elevada proporción de cepas uropatógenas multirresistentes y detectaron producción de BLEE en el 44,5 % de las cepas estudiadas, además de combinaciones variables de genes de virulencia y grupos filogenéticos.

Una revisión sistemática posterior amplió el panorama mexicano: Ballesteros-Monrreal et al. (2023) analizaron 42 investigaciones y mostraron que más del 78 % de los

aislamientos incluidos presentaban multirresistencia, mientras CTX-M-1 figuró como la BLEE comunicada con mayor frecuencia dentro del conjunto evaluado; estas características explican por qué la epidemiología de las ITU no puede describirse únicamente mediante la proporción de urocultivos positivos: también deben considerarse el fenotipo de resistencia, los mecanismos moleculares y las poblaciones en las que circulan las cepas.

En esta revisión, UPEC designa las cepas uropatógenas de *E. coli* capaces de colonizar y persistir en el tracto urinario mediante combinaciones de adhesinas, sistemas de captación de hierro, toxinas y formación de biopelícula; entre los genes de virulencia evaluados en poblaciones latinoamericanas se encuentran *fimH*, *papG*, *sfa/focDE*, *hlyA*, *cnf1*, *iutA* y *fyuA*; su presencia y asociación con la resistencia varían según el linaje y la población estudiada (Ballesteros-Monreal et al., 2020, 2024; Fonseca-Martínez et al., 2023).

La transición de las BLEE desde un problema predominantemente nosocomial hacia escenarios comunitarios se aprecia de manera desigual en América Latina, donde la frontera entre infección hospitalaria y comunitaria es cada vez menos nítida (de Souza et al., 2019; Solís et al., 2022); en Brasil, de Souza et al. (2019) encontraron determinantes de resistencia y virulencia en *E. coli* procedente tanto del hospital como de la comunidad, mientras Tano et al. (2019) detectaron producción de BLEE en aislamientos urinarios de pacientes comunitarios del sur del país y señalaron a CTX-M-15 entre las variantes moleculares identificadas.

Una situación semejante se observa en Ecuador, donde Solís et al. (2022) analizaron más de cuatro mil aislamientos relacionados con ITU comunitarias, identificaron a *E. coli* como el microorganismo predominante y registraron 612 aislamientos productores de BLEE, equivalentes al 18,4 % de las *E. coli* estudiadas; considerados en conjunto, estos trabajos muestran que la circulación comunitaria ya forma parte del panorama regional y que los datos hospitalarios, por sí solos, no representan adecuadamente la epidemiología de estas infecciones.

Los estudios publicados durante el periodo reciente evidencian, además, una heterogeneidad que impide asumir una prevalencia única para América Latina (Rojas-Barco et al., 2024; Galvão et al., 2025); en la Amazonía peruana, Tamayo-Contreras et al. (2021) identificaron fenotipo BLEE en el 32,1 % de 162 cepas de *E. coli* obtenidas de urocultivos, acompañado de resistencia elevada a ampicilina y trimetoprim-sulfametoxazol, mientras que en México, Rojas-Barco et al. (2024) comunicaron una proporción de 73,6 % de fenotipo BLEE entre 372 urocultivos positivos para *E. coli* procesados en un laboratorio hospitalario, con predominio de pacientes ambulatorios.

En contraste, el estudio comunitario brasileño de Galvão et al. (2025) registró productores de BLEE en el 6,1 % de 98 aislamientos de UPEC, todos portadores de genes tipo *blaCTX-M*, mientras Zepeda-Gutiérrez et al. (2026) detectaron el fenotipo en el 57,1 % de 70 aislamientos obtenidos de pacientes hospitalizados con ITU de inicio comunitario en el occidente de México; estas cifras no son directamente intercambiables porque proceden de poblaciones, diseños, criterios microbiológicos y entornos asistenciales diferentes; precisamente esa variabilidad constituye uno de los rasgos epidemiológicos que necesita ser sistematizado.

La distribución de *E. coli* productora de BLEE tampoco depende exclusivamente de las características microbiológicas del patógeno; así lo muestra el análisis de más de 358 000 aislamientos urinarios comunitarios realizado fuera de América Latina, en el que Larramendy et al. (2021) encontraron variaciones asociadas con la edad de la población, el consumo de cefalosporinas de tercera generación, la densidad de camas hospitalarias y determinadas características agropecuarias; aunque su contexto geográfico difiere del abordado en esta revisión, el estudio ayuda a comprender por qué las frecuencias observadas entre territorios no deberían interpretarse como cifras directamente equivalentes.

Las tendencias tampoco se limitan al aumento o disminución de la frecuencia de BLEE, pues el perfil de resistencia acompañante puede modificar de forma sustancial las posibilidades de tratamiento empírico (Loyola et al., 2021; Araújo et al., 2023); al seguir aislamientos urinarios ambulatorios brasileños entre 2019 y 2022, Araújo et al. (2023) observaron que la resistencia a fluoroquinolonas permaneció sistemáticamente más elevada en *E. coli* BLEE positiva y aumentó durante los últimos años analizados, reflejo de la coexistencia de mecanismos que comprometen familias antimicrobianas distintas.

Los hallazgos moleculares aportan otra dimensión a esta evolución: Duran-Bedolla et al. (2023) describieron en aislamientos mexicanos productores de BLEE determinantes plasmídicos vinculados con resistencia a fluoroquinolonas, mientras Ballesteros-Monreal et al. (2024) identificaron fenotipos BLEE, genes *blaCTX-M* y una elevada representación del grupo clonal ST131 en aislamientos urinarios de mujeres mexicanas; la concurrencia de BLEE con otros determinantes exige que la vigilancia epidemiológica trascienda la clasificación positiva o negativa y examine las configuraciones de multirresistencia que se consolidan en cada territorio.

A esta diversidad microbiológica se suman factores clínicos y ecológicos que influyen en la probabilidad de infección y en la persistencia de cepas resistentes (Carcausto-Huamaní & Rodríguez-Hurtado, 2022; Wang et al., 2026); en pacientes hospitalizados de Lima, Carcausto-Huamaní y Rodríguez-Hurtado (2022) encontraron asociaciones entre ITU por *E. coli* BLEE, exposición previa a antibióticos, hospitalización e infección urinaria previa, aunque en el modelo ajustado el antecedente de consumo de antimicrobianos conservó la asociación de mayor magnitud.

La presión antimicrobiana puede modificar la circulación de cepas resistentes incluso dentro de una misma comunidad; en una población semirural de Ecuador, Amato et al. (2023) observaron que la reducción del consumo reciente de antibióticos entre 2019 y 2021 coincidió con una disminución de la colonización infantil por *E. coli* resistente a cefalosporinas de tercera generación y de los perfiles de multirresistencia. Aunque el estudio evaluó colonización y no infecciones urinarias, aporta evidencia regional sobre la relación entre la exposición comunitaria a antimicrobianos y la persistencia de bacterias resistentes.

La epidemiología reciente incorpora, además, rutas de transmisión que no se explican únicamente por la atención sanitaria; mediante el análisis genómico de 137 aislamientos clínicos de ITU por *E. coli* BLEE en Quito, Wang et al. (2026) estimaron que una fracción de los casos presentaba características compatibles con un origen zoonótico y detectaron perfiles genéticos vinculados con reservorios animales, un hallazgo que coincide con la perspectiva regional de Bastidas-Caldes et al. (2022), que documenta

BLEE en humanos, animales, alimentos y ambientes sudamericanos, y refuerza la necesidad de interpretar las infecciones urinarias dentro de redes de circulación que conectan la comunidad, los sistemas sanitarios y reservorios no humanos.

El problema también se extiende a espacios que permanecen fuera de la vigilancia clínica habitual: en las islas Galápagos, Rhea et al. (2024) detectaron *E. coli* productora de BLEE en animales de producción, fauna silvestre y un animal de compañía; en Brasil, Sartori et al. (2023) documentaron una cepa ST90 productora de CTX-M-15 procedente de un animal de compañía y filogenómicamente relacionada con linajes recuperados de diferentes especies y regiones, mientras la diversidad de CTX-M descrita por Marchisio et al. (2021) complementa este panorama molecular; considerados como antecedentes —y no como estudios incluidos en el corpus de ITU latinoamericanas—, estos trabajos respaldan una lectura de Una Salud en la que genes, plásmidos y linajes resistentes pueden circular entre personas, animales, alimentos y ambientes.

Aunque la producción científica continúa distribuida de forma desigual, la ampliación del corpus permite reconocer evidencia en territorios que no estaban representados en la síntesis inicial: en Venezuela, Guzmán et al. (2019) caracterizaron aislamientos comunitarios de *E. coli* productora de BLEE y sus factores asociados; en Guatemala, Herrera García et al. (2019) documentaron la circulación comunitaria de *blaTEM*, *blaSHV* y *blaCTX-M*; en Paraguay, Serrano Caballero et al. (2025) aportaron una serie hospitalaria reciente; y en Argentina, Molina et al. (2026) incorporaron información filogenética, de virulencia y susceptibilidad en aislamientos urinarios. En conjunto, estos estudios amplían la cobertura hacia América Central y el Cono Sur, pero proceden principalmente de centros o laboratorios específicos y no eliminan la fragmentación regional.

Los trabajos más recientes profundizan esta disparidad: el estudio brasileño de Galvão et al. (2025) encontró una frecuencia relativamente baja de BLEE en una cohorte comunitaria, mientras los datos mexicanos de Zepeda-Gutiérrez et al. (2026) mostraron una proporción considerablemente mayor en pacientes hospitalizados con infección de inicio comunitario; comparar ambas investigaciones sin atender a sus diferencias metodológicas produciría conclusiones engañosas; analizarlas sistemáticamente, en cambio, permite reconocer cambios locales, concentraciones geográficas, perfiles recurrentes y vacíos de vigilancia que permanecen ocultos cuando los resultados se examinan de manera aislada.

Ante esta dispersión, la evidencia generada entre 2019 y 2026 requiere un enfoque que preserve las diferencias entre poblaciones, contextos asistenciales y métodos de identificación, pero que también permita reconocer patrones epidemiológicos regionales. A partir de esta necesidad, el propósito de esta revisión sistemática es analizar las tendencias epidemiológicas de las infecciones urinarias causadas por *Escherichia coli* productora de betalactamasas de espectro extendido en América Latina durante el periodo 2019–2026 y, de manera específica, se busca sintetizar la evolución y distribución de su frecuencia, caracterizar los principales perfiles de resistencia antimicrobiana y determinantes epidemiológicos descritos, identificar diferencias geográficas y poblacionales, y reconocer los vacíos de conocimiento que condicionan la vigilancia y el abordaje clínico de este microorganismo en la región.

2. Materiales y Métodos

Se realizó una revisión sistemática con síntesis narrativa, de carácter descriptivo y analítico, orientada a examinar la evidencia epidemiológica disponible sobre las infecciones urinarias causadas por *Escherichia coli* productora de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) en América Latina. El análisis comprendió publicaciones difundidas entre el 1 de enero de 2019 y el 27 de agosto de 2026 y consideró la frecuencia de aislamientos productores de BLEE, su distribución temporal y geográfica, los perfiles de resistencia antimicrobiana, los determinantes epidemiológicos y las diferencias entre contextos comunitarios, ambulatorios, hospitalarios y de larga estancia. El año de publicación constituyó el criterio temporal de elegibilidad; por consiguiente, se admitieron estudios publicados dentro del intervalo establecido aunque la recolección de sus muestras hubiera comenzado antes de 2019, circunstancia que se registró y se tomó en cuenta al interpretar las tendencias.

La presentación de la revisión se estructuró conforme a las recomendaciones de PRISMA 2020 (Page et al., 2021), mientras que la descripción de la búsqueda siguió los criterios de reproducibilidad propuestos por PRISMA-S (Rethlefsen et al., 2021). La revisión no contó con un protocolo registrado previamente en PROSPERO ni en otra plataforma pública. Debido a las diferencias entre poblaciones, unidades de análisis, escenarios asistenciales, periodos de recolección, procedimientos microbiológicos y denominadores, se planificó una síntesis narrativa y comparativa sin metaanálisis, evitando combinar estimaciones que no representaran poblaciones o diseños equivalentes.

La búsqueda principal se realizó en PubMed/MEDLINE, Scopus, Web of Science, SciELO y LILACS mediante la Biblioteca Virtual en Salud; ScienceDirect se empleó como fuente complementaria. La estrategia fue actualizada por última vez el 27 de agosto de 2026 y se limitó a publicaciones en español, inglés y portugués. Los términos se definieron mediante vocabulario controlado MeSH/DeCS y palabras libres relacionadas con *Escherichia coli*, *Escherichia coli* uropatógena, infecciones urinarias, betalactamasas de espectro extendido, resistencia a los betalactámicos, BLEE, ESBL, epidemiología y prevalencia. En PubMed se combinaron descriptores MeSH con términos de título y resumen; en Scopus se utilizaron los campos TITLE-ABS-KEY y en Web of Science el campo TS, con adaptaciones equivalentes en SciELO, LILACS y ScienceDirect.

La cadena general en inglés fue ("*Escherichia coli*" OR "uropathogenic *Escherichia coli*" OR UPEC) AND ("extended-spectrum beta-lactamase" OR ESBL) AND ("urinary tract infection" OR UTI) AND ("Latin America" OR "South America" OR "Central America" OR Caribbean). En español se empleó ("*Escherichia coli*" OR "*Escherichia coli* uropatógena" OR UPEC) AND ("betalactamasas de espectro extendido" OR BLEE) AND ("infección urinaria" OR "infección del tracto urinario") AND ("América Latina" OR "América del Sur" OR "América Central" OR Caribe). Cuando las expresiones regionales ofrecieron una recuperación insuficiente, se realizaron búsquedas complementarias mediante la sustitución del componente geográfico por los nombres de Argentina, Bolivia, Brasil, Chile, Colombia, Costa Rica, Cuba, Ecuador, El Salvador, Guatemala, Haití, Honduras, México, Nicaragua, Panamá, Paraguay, Perú, República Dominicana, Uruguay, Venezuela y Puerto Rico. La búsqueda se completó mediante la revisión de las

referencias de los artículos elegibles y la consulta de fuentes oficiales de las revistas para comprobar autoría, año, volumen, páginas, DOI o URL estable.

Se incluyeron artículos originales revisados por pares, publicados dentro del periodo establecido, que aportaran información diferenciable sobre aislamientos de *E. coli* obtenidos de muestras urinarias de pacientes de América Latina. Fueron elegibles los estudios observacionales transversales, retrospectivos, prospectivos, de casos y controles, de vigilancia microbiológica, series de laboratorio y análisis moleculares o filogenéticos cuando comunicaran al menos uno de los siguientes componentes: frecuencia de producción de BLEE, distribución temporal o geográfica, susceptibilidad antimicrobiana, genes o variantes de BLEE, linajes clonales, características poblacionales o factores epidemiológicos asociados. En investigaciones que combinaron muestras humanas, animales, alimentarias o ambientales solo se extrajeron los resultados correspondientes a aislamientos urinarios humanos cuando estos podían diferenciarse con claridad.

Se excluyeron registros duplicados, editoriales, cartas, revisiones, resúmenes de congresos sin información suficiente, estudios publicados antes de 2019, investigaciones desarrolladas fuera del ámbito geográfico definido, trabajos que agruparan distintas enterobacterias sin presentar resultados separables para *E. coli*, publicaciones sin muestras urinarias identificables y documentos cuyo texto completo o cuyos datos bibliográficos esenciales no pudieran verificarse. La ausencia de DOI no se consideró motivo de exclusión cuando existía una URL oficial estable y los metadatos coincidían con la publicación. Los duplicados se identificaron mediante la comparación de título, autoría, año y DOI o URL; posteriormente se examinaron títulos y resúmenes y se recuperaron los textos completos de los registros potencialmente elegibles.

El cribado inicial, la evaluación de los textos completos y la extracción fueron realizados por un investigador; un segundo investigador verificó las decisiones de inclusión, los datos incorporados a la matriz y la correspondencia entre cada publicación y los criterios establecidos. Las discrepancias se resolvieron mediante revisión conjunta del texto completo y consenso. La búsqueda complementaria que permitió ampliar el corpus se sometió al mismo procedimiento de deduplicación, cribado, elegibilidad y verificación aplicado a los registros inicialmente recuperados. Los motivos de exclusión en la fase de texto completo se documentaron individualmente y las cantidades definitivas se trasladaron al diagrama de flujo PRISMA 2020.

La información se organizó en una matriz documental estructurada que incluyó autoría, año, país, periodo de recolección, contexto geográfico, revista, DOI o URL, objetivo, diseño, población, unidad de análisis, ámbito epidemiológico, número de aislamientos urinarios de *E. coli*, procedimiento de identificación de BLEE, numerador, denominador, frecuencia comunicada, resistencia antimicrobiana, genes o variantes, linajes clonales, factores asociados, limitaciones, aporte al análisis regional, herramienta JBI aplicada y respuestas a cada criterio de calidad. No se completaron mediante inferencia las variables ausentes; cuando una publicación no proporcionó un dato necesario, se registró como no informado o no calculable.

El desenlace epidemiológico principal se definió como la proporción de aislamientos urinarios de *E. coli* productores de BLEE respecto del total de aislamientos urinarios de *E. coli* evaluados en cada estudio. Las frecuencias se recalcularon únicamente cuando

el numerador y el denominador estaban explícitamente disponibles; cuando faltó alguno de estos componentes, se conservó la estimación comunicada por los autores, acompañada de la limitación correspondiente, o se clasificó como no calculable. Los estudios conformados exclusivamente por aislamientos previamente seleccionados como BLEE positivos se utilizaron para describir resistencia, genes, variantes o linajes, pero no para estimar prevalencia. También se mantuvieron diferenciadas las unidades correspondientes a pacientes, urocultivos, muestras y aislamientos, sin tratarlas como denominadores intercambiables.

La síntesis se organizó por país, año de publicación, periodo de recolección, contexto asistencial y tipo de aporte epidemiológico o molecular. No se calculó una prevalencia regional combinada porque la heterogeneidad clínica y metodológica impedía asumir que las estimaciones procedían de una población común. La comparación se concentró en la amplitud de las frecuencias, las variaciones locales, la distribución comunitaria u hospitalaria, los perfiles de multirresistencia y los determinantes moleculares, interpretando cada resultado de acuerdo con su denominador, diseño y riesgo de sesgo.

2.1. Evaluación de la calidad metodológica y del riesgo de sesgo

La calidad metodológica se evaluó mediante las herramientas de valoración crítica del Joanna Briggs Institute, seleccionadas según el diseño y el objetivo de cada estudio (Aromataris et al., 2024). Para las investigaciones destinadas a estimar frecuencia se utilizó la *JBICritical Appraisal Checklist for Studies Reporting Prevalence Data*, compuesta por nueve criterios; los estudios transversales analíticos se examinaron mediante la lista JBI de ocho criterios, el estudio de casos y controles mediante la herramienta de diez criterios y las series microbiológicas o moleculares de aislamientos mediante la lista JBI para series de casos, también integrada por diez criterios. La elección del instrumento se basó en el diseño efectivo y en la forma de selección de la muestra, no solamente en la denominación utilizada por los autores.

Cada criterio se calificó como “Sí”, “No”, “Poco claro” o “No aplicable” a partir de la revisión del texto completo. Los criterios no aplicables se excluyeron del denominador y el porcentaje de cumplimiento se calculó dividiendo las respuestas afirmativas para el total de criterios aplicables. Como regla operativa definida para esta revisión —y no como clasificación oficial de JBI— se consideró riesgo de sesgo bajo un cumplimiento igual o superior al 70 %, moderado entre 50 % y 69 % y alto cuando fue inferior al 50 %. Además del porcentaje global, se conservaron en la matriz las respuestas individuales para evitar que una puntuación agregada ocultara deficiencias importantes relacionadas con la selección de participantes, la representatividad, la medición de la exposición o el análisis estadístico.

La evaluación inicial fue realizada por un investigador y posteriormente verificada por un segundo, quien contrastó el instrumento seleccionado, las respuestas asignadas y el cálculo del porcentaje. Las discrepancias se resolvieron mediante revisión conjunta de la publicación. Ningún estudio se excluyó exclusivamente por su clasificación; el riesgo de sesgo se incorporó a la síntesis narrativa, especialmente al interpretar la amplitud de las frecuencias, la representatividad de las muestras, la comparabilidad entre escenarios y la solidez de las asociaciones epidemiológicas. Las evaluaciones definitivas se realizaron únicamente cuando se dispuso del texto completo.

La nomenclatura microbiológica se normalizó en todo el proceso de extracción y síntesis: el nombre binomial *Escherichia coli* y su abreviatura *E. coli* se escribieron en cursiva; UPEC, BLEE, las enzimas y las denominaciones de clones se conservaron en letra redonda; y los símbolos de genes bacterianos, entre ellos *bla*CTX-M, *bla*TEM, *bla*SHV, *qepA*, *fimH* y *papG*, se presentaron en cursiva.

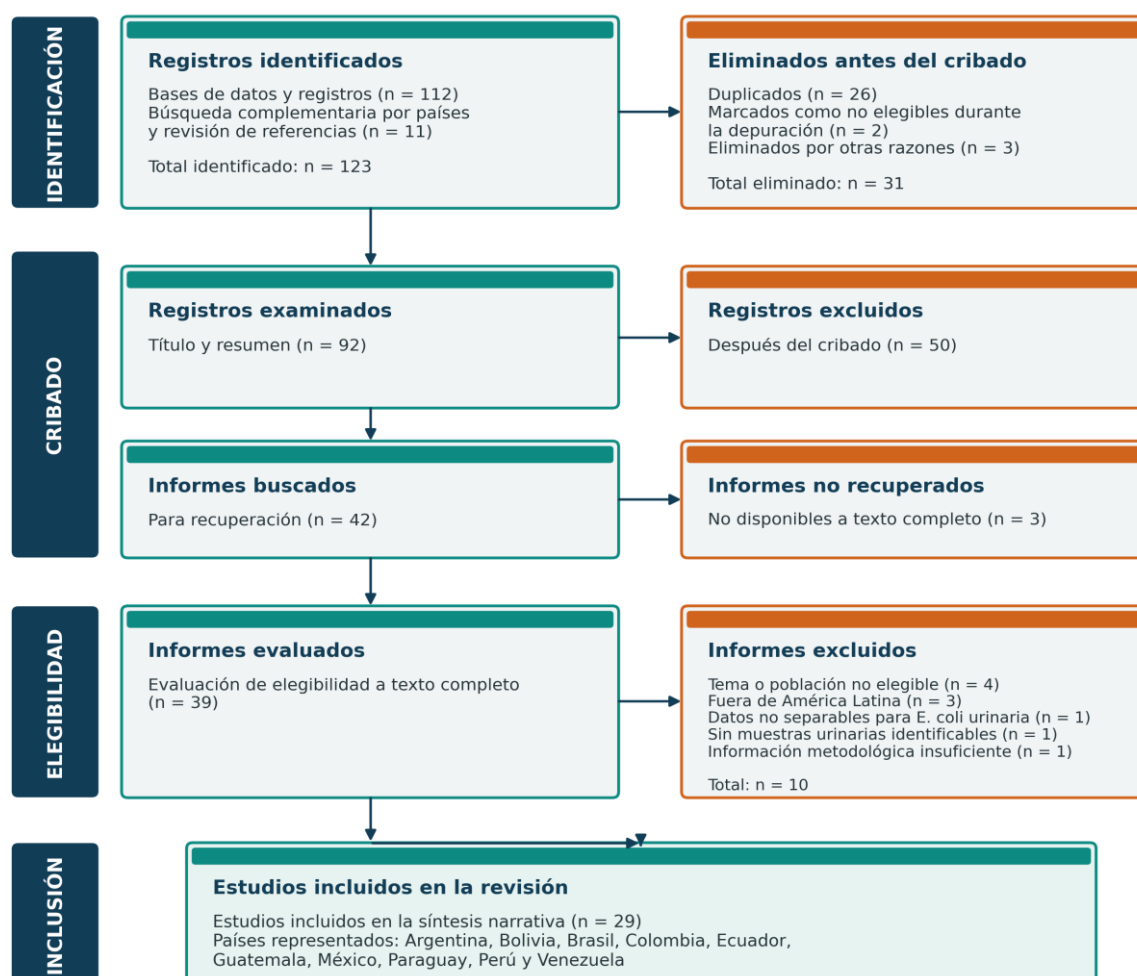
3. Resultados

3.1. Composición y cobertura del corpus documental

La búsqueda original recuperó 112 registros. Tras eliminar 31 antes del cribado, se examinaron 81 títulos y resúmenes; se buscaron 31 informes, 28 se evaluaron a texto completo y 10 fueron excluidos. Esta fase produjo 18 estudios. La actualización dirigida por países, la revisión de referencias y la conciliación de la matriz identificaron 11 informes elegibles adicionales, incluidos Rojas-Barco et al. (2024) y Tamayo-Contreras et al. (2021) dentro del corpus consolidado. La síntesis final quedó constituida por 29 estudios. La Figura 1 presenta ambos componentes del proceso de selección y su convergencia en el conjunto definitivo.

Figura 1.

Diagrama PRISMA 2020 actualizado del proceso de selección de estudios



Nota: Elaborado por los autores

Los 29 estudios procedieron de diez países. Perú aportó ocho investigaciones; Brasil, seis; México, cinco; Ecuador, cuatro; y Argentina, Bolivia, Colombia, Guatemala, Paraguay y Venezuela, una cada uno. Brasil y México reunieron 11 de 29 publicaciones (37,9 %), proporción inferior al 55,6 % observado en el corpus inicial, mientras la incorporación de Argentina, Guatemala, Paraguay y Venezuela amplió la cobertura hacia América Central y el Cono Sur. La evidencia siguió concentrada en estudios unicéntricos o series de laboratorio y no se identificaron investigaciones elegibles de Chile, Uruguay, América Central distinta de Guatemala ni del Caribe.

3.2. Magnitud y variación geográfica de *E. coli* productora de BLEE

Las estimaciones con denominador interpretable mostraron una amplitud marcada y no permitieron calcular una prevalencia regional conjunta. Los valores más bajos correspondieron a las cohortes comunitarias brasileñas de de Souza et al. (2019) y Galvão et al. (2025), con 6,0 % y 6,1 %, respectivamente, seguidas por la serie comunitaria ecuatoriana de Mendieta Astudillo et al. (2021), con 7,6 %. En Venezuela, Guzmán et al. (2019) identificaron 21 productores de BLEE entre 103 aislamientos (20,4 %), mientras Serrano Caballero et al. (2025) registraron entre 19,7 % y 21,5 % durante tres semestres consecutivos en Paraguay.

Las proporciones más elevadas se localizaron en poblaciones hospitalarias o seleccionadas por urocultivo positivo. Tamayo-Contreras et al. (2021) comunicaron 32,1 % en 162 aislamientos de la Amazonía peruana; Suclupe-Campos et al. (2024), 46,0 %; Zepeda-Gutiérrez et al. (2026), 57,1 %; Sosa Flores y Chapoñan Mendoza (2022), 69,8 %; y Rojas-Barco et al. (2024), 73,6 %. Estas cifras deben interpretarse según el contexto, el periodo, el método diagnóstico y el denominador, porque una colección de aislamientos, un conjunto de pacientes y el total de urocultivos procesados no representan unidades equivalentes.

Tabla 1.
Distribución epidemiológica de *E. coli* productora de BLEE por país y escenario

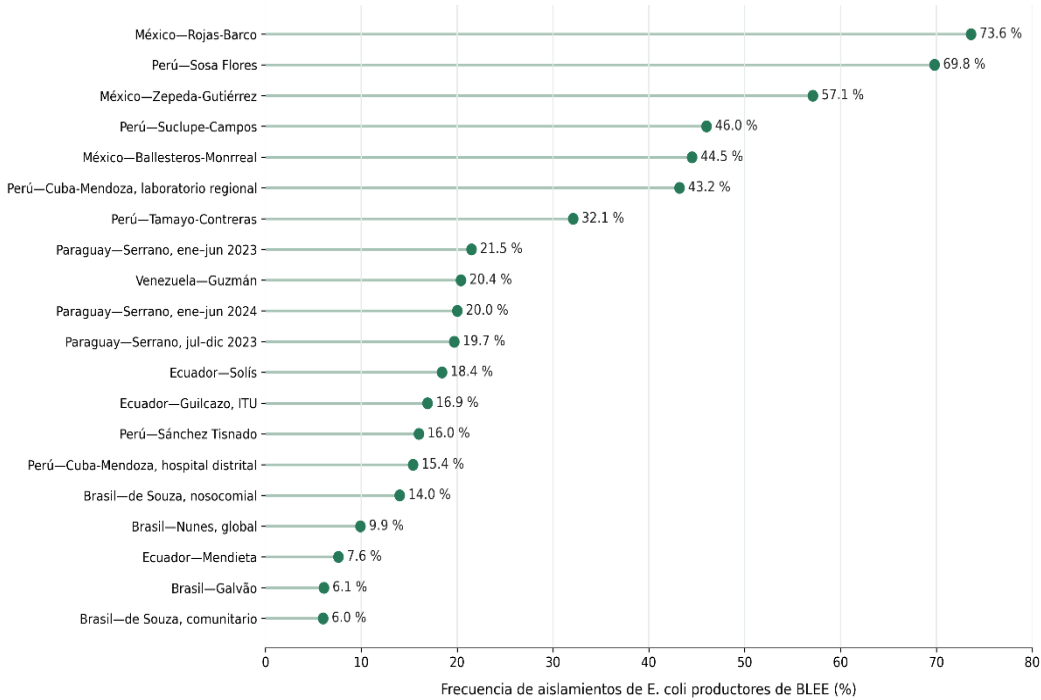
Estudio	País	Escenario	Población o denominador	BLEE / frecuencia	Consideración
de Souza et al. (2019)	Brasil	Comunitario / nosocomial	100 + 100 aislamientos	6,0 % / 14,0 %	Fenotipo; escenarios separados
Ballesteros-Monrreal et al. (2020)	México	Mujeres; dos estados	150 UPEC	44,5 %	Población específica
Solís et al. (2022)	Ecuador	Comunitario	3341 <i>E. coli</i>	612; 18,4 %	Denominador amplio
Nunes et al. (2024)	Brasil	Curitiba; serie 2011–2019	25 642 <i>E. coli</i>	2540; 9,9 %	4,7 % en 2012 a 19,26 % en 2019
Suclupe-Campos et al. (2024)	Perú	Pacientes con sospecha de ITU	103 UPEC	46,0 %	Retrospectivo
Rojas-Barco et al. (2024)	México	Predominio ambulatorio	372 <i>E. coli</i>	274; 73,6 %	Máximo del corpus
Galvão et al. (2025)	Brasil	ITU comunitaria	98 UPEC	6; 6,1 %	Colección pequeña
Guilcazo et al. (2025)	Ecuador	ITU / comensales	1139 / 405 <i>E. coli</i>	16,9 % / 7,6 %	La cifra principal corresponde a ITU
Zepeda-Gutiérrez et al. (2026)	México	Inicio comunitario; hospitalizados	70 <i>E. coli</i>	40; 57,1 %	Inicio comunitario no equivale a ambulatorio
Guzmán et al. (2019)	Venezuela	ITU comunitaria	103 <i>E. coli</i>	21; 20,4 %	Consulta de urología y urgencias

Mendieta Astudillo et al. (2021)	Ecuador	Laboratorio comunitario	761 <i>E. coli</i>	58; 7,6 %	Registros microbiológicos
Serrano Caballero et al. (2025)	Paraguay	Hospital regional; tres semestres	444 <i>E. coli</i>	21,5 %; 19,7 %; 20,0 %	Variación semestral reducida
Cuba-Mendoza et al. (2020)	Perú	Dos centros de Trujillo	No informado por especie	43,2 % / 15,4 %	Denominadores no recuperados
Sosa Flores y Chapoñan Mendoza (2022)	Perú	Hospitalario	126 <i>E. coli</i>	88; 69,8 %	Urocultivos positivos
Sánchez Tisnado et al. (2024)	Perú	Hospital provincial	100 <i>E. coli</i>	16; 16,0 %	Método de Jarlier
Tamayo-Contreras et al. (2021)	Perú	Amazonía; adultos	162 <i>E. coli</i>	52; 32,1 %	Doble disco; estimación local

Nota: Elaborado por los autores

La Figura 2 representa las estimaciones locales sin ponderarlas ni combinarlas. La distancia entre 6,0 % y 73,6 % refleja diferencias epidemiológicas y, simultáneamente, variaciones en la construcción de las muestras; por ello, la dispersión no demuestra por sí sola un incremento regional uniforme.

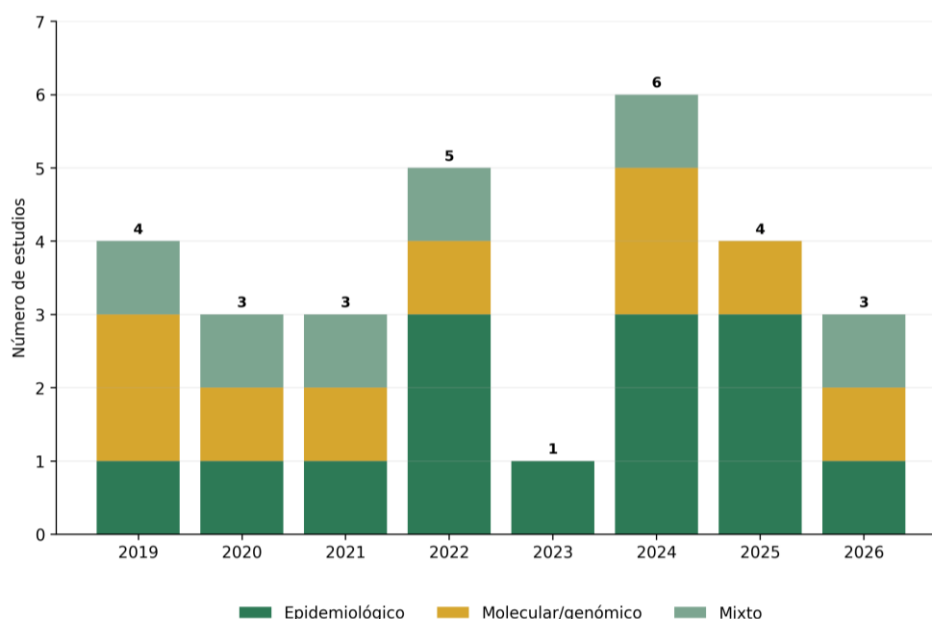
Figura 2.
Frecuencias de BLEE con denominador interpretable, por estudio y escenario



Nota: Elaborado por los autores

3.3. Distribución temporal y expansión fuera del hospital

La producción anual fue irregular: cuatro estudios se publicaron en 2019, tres en 2020, tres en 2021, cinco en 2022, uno en 2023, seis en 2024, cuatro en 2025 y tres en 2026. La mayor cantidad de publicaciones en 2024 no constituye una tendencia de prevalencia, porque corresponde al número de artículos y no a una serie coordinada de vigilancia. Nunes et al. (2024) aportaron el seguimiento local más prolongado, con un aumento de 4,7 % en 2012 a 19,26 % en 2019 en Curitiba; Serrano Caballero et al. (2025), en cambio, observaron valores cercanos a 20 % durante tres semestres, sin una variación sostenida de magnitud semejante.

Figura 3.*Distribución temporal y tipo de evidencia de los estudios incluidos, 2019–2026***Nota:** Elaborado por los autores

La circulación comunitaria fue documentada en Brasil, Ecuador, Guatemala, México y Venezuela, aunque “comunitario”, “ambulatorio” e “inicio comunitario” no tuvieron definiciones uniformes. De Souza et al. (2019) encontraron BLEE tanto en infecciones comunitarias como nosocomiales; Guilcazo et al. (2025) informaron 16,9 % en aislamientos asociados con ITU frente a 7,6 % en cepas comensales, y Zepeda-Gutiérrez et al. (2026) registraron 57,1 % en pacientes hospitalizados con infección de inicio comunitario. La evidencia ampliada confirma que la producción de BLEE no se restringe al hospital, pero tampoco permite equiparar todos los escenarios extrahospitalarios.

3.4. Arquitectura molecular: genes BLEE y linajes clonales

Los determinantes del grupo *blaCTX-M* fueron los más extendidos geográficamente. Se documentaron en Bolivia, Brasil, Colombia, Ecuador, Guatemala, México, Perú y Venezuela, con predominio de *blaCTX-M-15* en Bolivia y Colombia, diversidad de variantes en Brasil y presencia de *blaCTX-M-15* y *blaCTX-M-55* en Guatemala. Guzmán et al. (2019) detectaron *blaTEM*, *blaCTX-M* y *blaSHV* en Venezuela, mientras Herrera García et al. (2019) encontró al menos uno de estos genes en 90 % de los aislamientos guatemaltecos evaluados y los tres simultáneamente en 53,2 %.

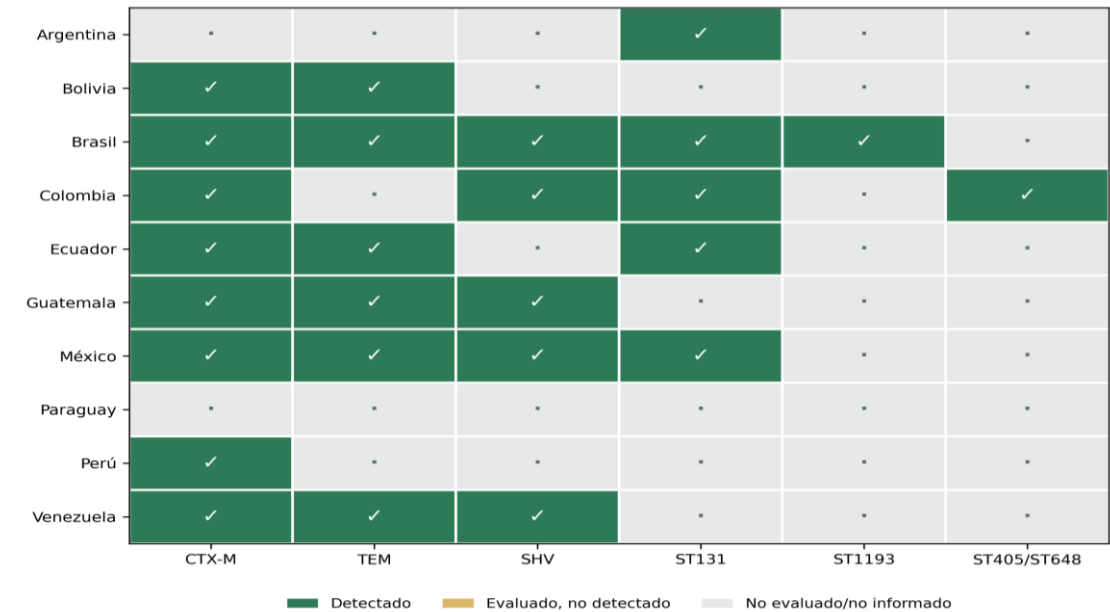
La diversidad clonal también se amplió. ST131 apareció en Argentina, Brasil, Colombia, Ecuador y México; De La Cadena et al. (2020) lo identificaron junto con ST405 y ST648, de Castro et al. (2025) documentaron persistencia del clado *C2/fimH30* en Río de Janeiro y Molina et al. (2026) detectaron ST131 en 7 de 105 aislamientos argentinos. En Brasil, Galvão et al. (2025) encontraron predominio de ST1193, restringido a los aislamientos multirresistentes. La Tabla 2 resume los estudios con aporte molecular y la Figura 4 muestra la distribución por país sin interpretar la ausencia de evaluación como ausencia del determinante.

Tabla 2.
Determinantes moleculares y linajes clonales informados en los estudios incluidos

Estudio	País	Genes o variantes	Linajes / filogrupos	Hallazgo principal
Pereyra et al. (2019)	Bolivia	CTX-M-15; TEM-1	No informado	Predominio CTX-M-15 asociado con TEM-1
de Souza et al. (2019)	Brasil	TEM; CTX-M; OXA; SHV	Filogrupo B2	Determinantes en comunidad y hospital
De La Cadena et al. (2020)	Colombia	CTX-M-15, -55 y -3; SHV-12	ST131; ST405; ST648	CTX-M-15 en 22/26
Soncini et al. (2022)	Brasil	CTX-M-2, -3, -8, -14, -15, -24, -27 y -55	ST131 y otros	Diversidad genómica en humanos y carnes
Vargas-Gutiérrez et al. (2024)	México	CTX-M; TEM; SHV	O25b-ST131	CTX-M 66 %; O25b-ST131 46,5 %
Ballesteros-Monrreal et al. (2024)	México	CTX-M-2	ST131	ST131 en 70 %
Galvão et al. (2025)	Brasil	CTX-M	ST1193	ST1193 exclusivo de MDR
Wang et al. (2026)	Ecuador	TEM-1B; CTX-M-65	ST131-H30	Genes enriquecidos en aislamientos probablemente zoonóticos
Zepeda-Gutiérrez et al. (2026)	México	TEM; CTX-M; SHV	Filogrupo B2	TEM en 85 % de BLEE
Guzmán et al. (2019)	Venezuela	TEM; CTX-M; SHV	No informado	Transferencia plasmídica en 17/26 MDR
Herrera García et al. (2019)	Guatemala	TEM-1; SHV-11; CTX-M-15 y -55	No informado	53,2 % con los tres genes
Gonzales-Rodriguez et al. (2022)	Perú	CTX-M; predominio grupo CTX-M-2	No informado	CTX-M en 20/35; genes de virulencia frecuentes
de Castro et al. (2025)	Brasil	BLEE caracterizadas molecularmente	ST131; C2/fimH30	ST131: 14 %; 40 % de BLEE en clado C
Molina et al. (2026)	Argentina	BLEE confirmada fenotípicamente	ST131; filogrupo B2	ST131 en 7/105; predominio B2

Nota: Elaborado por los autores

Figura 4.
Mapa de calor de genes BLEE y linajes clonales documentados por país



Nota: Elaborado por los autores

3.5. Factores epidemiológicos y rutas potenciales de transmisión

Los factores asociados fueron examinados en una proporción menor de estudios. Carcausto-Huamaní y Rodríguez-Hurtado (2022) identificaron el consumo previo de antibióticos como la asociación ajustada más fuerte para ITU por *E. coli* productora de BLEE; Guzmán et al. (2019) relacionaron la resistencia múltiple con antecedentes clínicos y exposición antimicrobiana en infecciones comunitarias, y Nunes et al. (2024) estimaron que el consumo de antimicrobianos explicaba aproximadamente 20–30 % de la variación geográfica distrital observada en Curitiba.

Los análisis genómicos ampliaron la interpretación hacia reservorios no humanos. Soncini et al. (2022) describieron clones y variantes CTX-M en infecciones comunitarias y carnes comerciales del sur de Brasil; Wang et al. (2026) clasificaron 35 de 137 aislamientos clínicos ecuatorianos (25,5 %) como probablemente zoonóticos y elevaron la estimación a 42,5 % al excluir ST131-H30. Estos resultados son compatibles con intercambio de determinantes entre reservorios, pero no demuestran la ruta individual de transmisión de cada infección.

3.6. Calidad metodológica y riesgo de sesgo

La evaluación crítica de los 29 estudios identificó 10 investigaciones con riesgo de sesgo bajo y 19 con riesgo moderado; ninguna quedó clasificada como de riesgo alto bajo los umbrales operativos definidos. Las debilidades más frecuentes fueron la descripción incompleta del marco muestral, la ausencia de cálculo explícito del tamaño de muestra, la representatividad limitada de colecciones unicéntricas, la selección previa por fenotipo BLEE y el control insuficiente de factores de confusión. Los estudios genómicos tendieron a documentar con mayor detalle sus procedimientos analíticos, aunque la selección dirigida de aislamientos restringió su capacidad para estimar frecuencia poblacional.

La corrección del instrumento modificó el denominador de los estudios de prevalencia de ocho a nueve criterios. Rojas-Barco et al. (2024) alcanzó 6/9 (66,7 %) y se mantuvo en riesgo moderado; Tamayo-Contreras et al. (2021) obtuvo 6/9 (66,7 %), también moderado. Los resultados de calidad se utilizaron para graduar la interpretación y no para excluir estudios. La Tabla 3 presenta los cálculos consolidados según la herramienta correspondiente a cada diseño.

Tabla 3.
Evaluación de la calidad metodológica y riesgo de sesgo de los estudios incluidos

Estudio	Diseño metodológico	Instrumento JBI	Sí/aplica bles	Cumplim iento	Riesgo
Pereyra et al. (2019)	Longitudinal prospectivo	Prevalencia (9)	5/9	55,6 %	Modera do
de Souza et al. (2019)	Comparativo transversal	Transversal analítico (8)	5/8	62,5 %	Modera do
Ballesteros-Monrreal et al. (2020)	Transversal microbiológico	Prevalencia (9)	5/9	55,6 %	Modera do
De La Cadena et al. (2020)	Serie molecular	Serie de casos (10)	7/10	70,0 %	Bajo
Loyola et al. (2021)	Serie de UPEC BLEE	Serie de casos (10)	8/10	80,0 %	Bajo
Solís et al. (2022)	Vigilancia comunitaria	Prevalencia (9)	5/9	55,6 %	Modera do
Carcausto-Huamaní y Rodríguez-Hurtado (2022)	Casos y controles	Casos y controles (10)	5/10	50,0 %	Modera do

Soncini et al. (2022)	Serie genómica One Health	Serie de casos (10)	6/10	60,0 %	Moderado
Araújo et al. (2023)	Retrospectivo comparativo	Transversal analítico (8)	5/8	62,5 %	Moderado
Nunes et al. (2024)	Longitudinal ecológico	Prevalencia adaptada (9)	6/9	66,7 %	Moderado
Vargas-Gutiérrez et al. (2024)	Serie molecular	Serie de casos (10)	7/10	70,0 %	Bajo
Ballesteros-Monrreal et al. (2024)	Serie molecular	Serie de casos (10)	6/10	60,0 %	Moderado
Suclupe-Campos et al. (2024)	Descriptivo retrospectivo	Prevalencia (9)	5/9	55,6 %	Moderado
Rojas-Barco et al. (2024)	Retrospectivo de registros	Prevalencia (9)	6/9	66,7 %	Moderado
Galvão et al. (2025)	Transversal comunitario	Prevalencia (9)	5/9	55,6 %	Moderado
Guilcazo et al. (2025)	Comparativo transversal	Transversal analítico (8)	5/8	62,5 %	Moderado
Wang et al. (2026)	Genómico analítico	Transversal analítico (8)	7/8	87,5 %	Bajo
Zepeda-Gutiérrez et al. (2026)	Transversal retrospectivo	Transversal analítico (8)	6/8	75,0 %	Bajo
Guzmán et al. (2019)	Observacional analítico	Transversal analítico (8)	6/8	75,0 %	Bajo
Herrera García et al. (2019)	Serie molecular	Serie de casos (10)	7/10	70,0 %	Bajo
Mendieta Astudillo et al. (2021)	Transversal documental	Prevalencia (9)	6/9	66,7 %	Moderado
Serrano Caballero et al. (2025)	Transversal descriptivo	Prevalencia (9)	6/9	66,7 %	Moderado
Cuba-Mendoza et al. (2020)	Microbiológico descriptivo	Prevalencia (9)	5/9	55,6 %	Moderado
Sosa Flores y Chapoñán Mendoza (2022)	Retrospectivo descriptivo	Prevalencia (9)	6/9	66,7 %	Moderado
Gonzales-Rodriguez et al. (2022)	Serie molecular	Serie de casos (10)	7/10	70,0 %	Bajo
Sánchez Tisnado et al. (2024)	Descriptivo de laboratorio	Prevalencia (9)	6/9	66,7 %	Moderado
de Castro et al. (2025)	Vigilancia molecular	Serie de casos (10)	8/10	80,0 %	Bajo
Molina et al. (2026)	Transversal molecular	Transversal analítico (8)	7/8	87,5 %	Bajo
Tamayo-Contreras et al. (2021)	Transversal descriptivo	Prevalencia (9)	6/9	66,7 %	Moderado

Nota: JBI = Joanna Briggs Institute; UPEC = *E. coli* uropatógena; BLEE = betalactamasas de espectro extendido. El cumplimiento corresponde a los criterios respondidos afirmativamente respecto de los criterios aplicables. Los puntos de corte ≥ 70 % (bajo), 50–69 % (moderado) y < 50 % (alto) constituyen una regla operativa de esta revisión y no una clasificación oficial de JBI.

4. Discusión

La síntesis de 29 estudios confirma que la frecuencia de *Escherichia coli* productora de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) en infecciones urinarias varía ampliamente en América Latina, desde aproximadamente 6 % en cohortes comunitarias brasileñas hasta 73,6 % en una serie mexicana de urocultivos positivos para *E. coli*. Lejos de configurar un gradiente regional, esta dispersión reúne poblaciones, escenarios asistenciales, periodos de recolección, denominadores y procedimientos microbiológicos distintos, de modo que expresa simultáneamente variación epidemiológica y heterogeneidad metodológica; en consecuencia, los extremos observados deben leerse como estimaciones locales y no como límites de una

prevalencia latinoamericana común (de Souza et al., 2019; Rojas-Barco et al., 2024; Galvão et al., 2025; Zepeda-Gutiérrez et al., 2026).

La interpretación geográfica cambió de manera sustancial con la ampliación del corpus: Perú aportó ocho estudios, Brasil seis, México cinco y Ecuador cuatro, mientras Argentina, Bolivia, Colombia, Guatemala, Paraguay y Venezuela estuvieron representados por una investigación cada uno, de modo que Brasil y México concentraron 37,9 % de las publicaciones, una proporción importante pero menor que la estimada en la versión inicial. La incorporación de nuevos territorios demuestra que la ausencia previa de evidencia no equivalía necesariamente a ausencia del problema, aunque la persistencia de series unicéntricas y la falta de estudios elegibles en numerosos países impiden trasladar los resultados de un laboratorio o ciudad al conjunto nacional. Esta distribución desigual delimita con mayor precisión el alcance regional de la revisión y revela que la vigilancia sigue dependiendo de iniciativas locales poco conectadas entre sí.

La presencia de BLEE fuera del hospital constituye uno de los patrones más consistentes del conjunto analizado: De Souza et al. (2019) identificaron productores tanto en infecciones comunitarias como nosocomiales; Guzmán et al. (2019) y Herrera García et al. (2019) documentaron circulación comunitaria en Venezuela y Guatemala, respectivamente; Galvão et al. (2025) los recuperaron en UPEC comunitaria de Brasil, y Zepeda-Gutiérrez et al. (2026) registraron una proporción elevada en pacientes hospitalizados con infección de inicio comunitario. Sin embargo, “comunitario”, “ambulatorio” e “inicio comunitario” no fueron categorías equivalentes entre estudios, de modo que la evidencia respalda la expansión extrahospitalaria del mecanismo, pero no permite comparar directamente su magnitud sin una definición uniforme del ámbito de adquisición.

Tampoco el componente temporal permite sostener un incremento regional continuo entre 2019 y 2026, pues la distribución anual de publicaciones fue irregular y el mayor número de artículos en 2024 refleja actividad científica, no necesariamente mayor frecuencia de BLEE; Nunes et al. (2024) mostraron en Curitiba un aumento local de 4,7 % en 2012 a 19,26 % en 2019, mientras Serrano Caballero et al. (2025) registraron valores cercanos a 20 % durante tres semestres consecutivos en Paraguay, sin una trayectoria ascendente comparable. Estas series permiten reconocer comportamientos situados, pero la predominancia de diseños transversales o retrospectivos de un solo periodo impide reconstruir una tendencia latinoamericana y obliga a separar el año de publicación del periodo real de recolección.

La coexistencia de BLEE con resistencia a otras familias antimicrobianas amplía el problema más allá de los betalactámicos: Araújo et al. (2023) observaron que los aislamientos BLEE positivos mantuvieron mayor resistencia a fluoroquinolonas que los negativos durante 2019–2022, Tamayo-Contreras et al. (2021) comunicaron resistencia elevada a ampicilina y trimetoprim-sulfametoxazol en la Amazonía peruana, y Torres Villalobos et al. (2024) documentaron una tendencia ascendente de resistencia a ciprofloxacino en Colombia. A su vez, la actividad relativamente conservada de nitrofurantoína en la serie brasileña de Peter et al. (2022) no autoriza a convertirla en una recomendación regional, porque la susceptibilidad depende del contexto clínico, la población y los puntos de corte utilizados; la principal implicación es que el fenotipo

BLEE no debe interpretarse aisladamente ni utilizarse como sustituto de un antibiograma local actualizado.

Los hallazgos moleculares muestran un predominio geográfico amplio del grupo *blaCTX-M*, documentado en ocho de los diez países representados, aunque con combinaciones locales que descartan una plataforma genética uniforme: se identificó *blaCTX-M-15* en Bolivia y Colombia, diversidad de variantes en Brasil, coexistencia de *blaCTX-M-15* y *blaCTX-M-55* en Guatemala y configuraciones con *blaTEM* y *blaSHV* en Venezuela (Pereyra et al., 2019; De La Cadena et al., 2020; Herrera García et al., 2019; Guzmán et al., 2019; Soncini et al., 2022); por tanto, la recurrencia de CTX-M describe una familia enzimática dominante, pero no una epidemiología molecular única; la comparación regional requiere conservar la variante, el linaje, el tipo de muestra y el contexto de selección de cada colección.

La distribución clonal refuerza esta interpretación, ya que ST131 circuló en Argentina, Brasil, Colombia, Ecuador y México, pero coexistió con ST405, ST648 y ST1193; este último predominó en la cohorte comunitaria brasileña de Galvão et al. (2025) y apareció exclusivamente entre aislamientos multirresistentes; Molina et al. (2026), por su parte, identificaron ST131 en siete de 105 aislamientos argentinos, mientras las colecciones mexicanas mostraron una representación más elevada del mismo linaje (Vargas-Gutierrez et al., 2024; Ballesteros-Monrreal et al., 2024). La propagación regional parece depender, en consecuencia, de la interacción entre clones de alto riesgo y determinantes móviles, cuya importancia relativa cambia entre territorios y no puede reducirse a la expansión de un único clon pandémico.

Los factores epidemiológicos fueron evaluados con menor frecuencia y con niveles de análisis distintos: Carcausto-Huamaní y Rodríguez-Hurtado (2022) identificaron el consumo previo de antibióticos como la asociación ajustada de mayor magnitud para ITU por *E. coli* BLEE, mientras Nunes et al. (2024) estimaron que el consumo distrital explicaba aproximadamente 20–30 % de la variación geográfica observada en Curitiba; el primer resultado corresponde al riesgo individual y el segundo a una relación ecológica, por lo que no deben combinarse ni interpretarse como equivalentes; su convergencia, no obstante, sitúa la presión antimicrobiana como un componente relevante de selección y mantenimiento, cuya contribución debe estudiarse con diseños que articulen consumo, exposición clínica y microbiología individual.

La evidencia genómica incorporada amplía la discusión hacia una perspectiva de Una Salud: Soncini et al. (2022) describieron clones y variantes CTX-M en infecciones comunitarias y carnes comerciales del sur de Brasil, mientras Wang et al. (2026) clasificaron 35 de 137 aislamientos clínicos ecuatorianos como probablemente zoonóticos mediante un modelo basado en señales genéticas asociadas con el hospedador, y la estimación aumentó al excluir ST131-H30. Estos hallazgos son compatibles con reservorios compartidos y circulación entre nichos, pero no reconstruyen la ruta individual de transmisión ni prueban que cada infección proceda de una fuente animal. Su valor reside en evidenciar que la vigilancia centrada exclusivamente en urocultivos humanos deja incompleto el circuito ecológico por el que se movilizan genes, plásmidos y linajes resistentes.

La evaluación metodológica matiza la solidez de estas interpretaciones: diez estudios presentaron riesgo de sesgo bajo y 19 moderado, sin investigaciones clasificadas como

de riesgo alto bajo la regla operativa adoptada; las limitaciones más frecuentes —marcos muestrales incompletos, ausencia de cálculo del tamaño de muestra, colecciones unicéntricas, selección previa por fenotipo BLEE y control insuficiente de factores de confusión— afectan principalmente la representatividad y la comparabilidad, por lo que Rojas-Barco et al. (2024) y Tamayo-Contreras et al. (2021), ambos con 6/9 criterios cumplidos, aportan estimaciones relevantes pero deben interpretarse como evidencia de riesgo moderado. Del mismo modo, los estudios genómicos describen con precisión genes y clones, aunque la selección dirigida de aislamientos limita cualquier inferencia de prevalencia poblacional.

Entre las fortalezas de la revisión se encuentran la ampliación a diez países, la separación entre estudios con denominadores interpretables y colecciones moleculares preseleccionadas, la conservación de las unidades originales —pacientes, urocultivos, muestras o aislamientos— y la aplicación de instrumentos JBI según el diseño efectivo; aun así, la ausencia de metaanálisis, lejos de ser una carencia subsanable mediante una combinación simple, responde a diferencias clínicas y metodológicas que habrían producido una estimación regional engañosa. También deben reconocerse la falta de un protocolo registrado, la realización del cribado inicial por un investigador con verificación posterior y la posibilidad de subrepresentación de literatura local no indexada o publicada fuera de los idiomas considerados.

La evidencia disponible orienta una agenda de investigación más precisa: se requieren series multicéntricas y longitudinales que definan de manera uniforme el origen comunitario u hospitalario, informen numeradores y denominadores verificables y vinculen susceptibilidad fenotípica, genes, linajes, exposición antimicrobiana y variables clínicas en cada aislamiento; esta armonización permitiría distinguir variaciones atribuibles al diseño de vigilancia de cambios epidemiológicos reales, comparar territorios sin borrar sus diferencias y seguir la circulación de determinantes entre pacientes, servicios de salud y reservorios no humanos. Mientras esos datos no existan, las decisiones clínicas y de vigilancia deben apoyarse en información local actualizada y la síntesis regional debe conservar explícitamente sus límites de comparabilidad.

5. Conclusiones

La evidencia integrada de 29 estudios publicados entre 2019 y 2026 confirma que las infecciones urinarias por *Escherichia coli* productora de BLEE presentan una distribución heterogénea en América Latina; las frecuencias con denominador interpretable oscilaron entre 6,0 % y 73,6 %, pero las diferencias entre poblaciones, escenarios asistenciales, unidades de análisis y métodos microbiológicos impiden calcular una prevalencia regional o inferir una tendencia temporal común. El fenómeno se documentó en ámbitos hospitalarios y comunitarios de diez países, con mayor producción científica en Perú, Brasil, México y Ecuador; la representación aislada de Argentina, Bolivia, Colombia, Guatemala, Paraguay y Venezuela, junto con la ausencia de otros territorios, confirma que la cobertura regional todavía es incompleta.

Los genes del grupo *blaCTX-M* fueron los determinantes moleculares más extendidos y coexistieron con variantes locales, resistencia a fluoroquinolonas y trimetoprim-sulfametoxazol y linajes de alto riesgo como ST131, ST1193, ST405 y ST648; la exposición a antimicrobianos apareció como factor relevante en los pocos estudios que la evaluaron, mientras los análisis genómicos ofrecieron evidencia compatible con

reservorios no humanos sin demostrar rutas individuales de transmisión, aunque la interpretación debe considerar que diez estudios presentaron riesgo de sesgo bajo y 19 moderado, con limitaciones de representatividad y comparabilidad; la vigilancia futura requiere series multicéntricas y longitudinales que articulen datos clínicos, consumo antimicrobiano, susceptibilidad fenotípica y caracterización molecular mediante definiciones y denominadores armonizados.

Referencias Bibliográficas

- Amato, H. K., Loayza, F., Salinas, L., Paredes, D., García, D., Sarzosa, S., Saraiva-García, C., Johnson, T. J., Pickering, A. J., Riley, L. W., Trueba, G., & Graham, J. P. (2023). Leveraging the COVID-19 pandemic as a natural experiment to assess changes in antibiotic use and antibiotic-resistant *E. coli* carriage in semi-rural Ecuador. *Scientific Reports*, 13, 14854. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-39532-5>
- Araújo, M. R. B., Sant'Anna, L. de O., Santos, N. N. C. dos, Seabra, L. F., & Santos, L. S. dos. (2023). Monitoring fluoroquinolone resistance among ESBL-positive and ESBL-negative *Escherichia coli* strains isolated from urinary tract infections: An alert for empirical treatment. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 56, e0513-2022. <https://doi.org/10.1590/0037-8682-0513-2022>
- Aromataris, E., Lockwood, C., Porritt, K., Pilla, B., & Jordan, Z. (Eds.). (2024). *JB1 manual for evidence synthesis*. JBI. <https://doi.org/10.46658/JBIMES-24-01>
- Ballesteros-Monreal, M. G., Arenas-Hernández, M. M. P., Enciso-Martínez, Y., Martínez-de la Peña, C. F., Rocha-Gracia, R. del C., Lozano-Zaraín, P., Navarro-Ocaña, A., Martínez-Laguna, Y., & de la Rosa-López, R. (2020). Virulence and resistance determinants of uropathogenic *Escherichia coli* strains isolated from pregnant and non-pregnant women from two states in Mexico. *Infection and Drug Resistance*, 13, 295–310. <https://doi.org/10.2147/IDR.S226215>
- Ballesteros-Monreal, M. G., Mendez-Pfeiffer, P., Barrios-Villa, E., Arenas-Hernández, M. M. P., Enciso-Martínez, Y., Sepúlveda-Moreno, C. O., Bolado-Martínez, E., & Valencia, D. (2023). Uropathogenic *Escherichia coli* in Mexico, an overview of virulence and resistance determinants: Systematic review and meta-analysis. *Archives of Medical Research*, 54(3), 247–260. <https://doi.org/10.1016/j.arcmed.2023.01.001>
- Ballesteros-Monreal, M. G., Mendez-Pfeiffer, P., Ortiz, B., Bolado-Martínez, E., Álvarez-Ainza, M. L., Enciso-Martínez, Y., Arenas-Hernández, M. M. P., Díaz-Murrieta, B., Barrios-Villa, E., & Valencia, D. (2024). Uropathogenic *E. coli* and hybrid pathotypes in Mexican women with urinary tract infections: A comprehensive molecular and phenotypic overview. *Current Issues in Molecular Biology*, 46(6), 5909–5928. <https://doi.org/10.3390/cimb46060353>
- Bastidas-Caldes, C., Romero-Alvarez, D., Valdez-Vélez, V., Morales, R. D., Montalvo-Hernández, A., Gomes-Dias, C., & Calvopiña, M. (2022). Extended-spectrum beta-lactamases producing *Escherichia coli* in South America: A systematic review with a One Health perspective. *Infection and Drug Resistance*, 15, 5759–5779. <https://doi.org/10.2147/IDR.S371845>

- Beaumont, A.-L., Danjean, M., Jacquier, H., Boyd, A., Jaspard, M., Royer, G., Surgers, L., & Woerther, P.-L. (2026). Dissemination of ESBL-producing *Escherichia coli* and carriage in the community worldwide: Epidemiology, transmission pathways, molecular insights, and practical aspects. *Clinical Microbiology Reviews*. Advance online publication. <https://doi.org/10.1128/cmr.00274-25>
- Carcausto-Huamaní, E., & Rodríguez-Hurtado, D. (2022). Factores de riesgo para infección urinaria por *Escherichia coli* BLEE positiva. *Acta Médica Colombiana*, 47(2), 7–12. <https://doi.org/10.36104/amc.2022.2131>
- Cuba-Mendoza, M., Faccio-Paredes, K., Romero-Sánchez, E., Plasencia-Vargas, D., Zavaleta-Verde, D., Asmat, P., & Mercado-Martínez, P. (2020). Presencia de *E. coli* y *K. pneumoniae* productoras de beta-lactamasas de espectro extendido en centros de salud de Trujillo. *Revista Ciencia y Tecnología*, 16(3), 29–34. <https://doi.org/10.17268/rev.cyt.2020.03.03>
- de Castro, E. M., Barcellos, I. S., Santoro-Lopes, G., da Silva, A. P. de S., Longo, L. G. de A., Barbosa, M. A., de Oliveira, G. C., Vilar, L. C., Ferreira, A. L. P., Miranda, K. R., & Moreira, B. M. (2025). Emergence and persistence of *Escherichia coli* ST131 as community-onset antimicrobial resistant urinary tract infection in Rio de Janeiro, Brazil. *Brazilian Journal of Infectious Diseases*, 29(4), 104555. <https://doi.org/10.1016/j.bjid.2025.104555>
- De La Cadena, E., Mojica, M. F., Castillo, N., Correa, A., Appel, T. M., García-Betancur, J. C., Pallares, C. J., & Villegas, M. V. (2020). Genomic analysis of CTX-M-group-1-producing extraintestinal pathogenic *E. coli* (ExPEC) from patients with urinary tract infections (UTI) from Colombia. *Antibiotics*, 9(12), 899. <https://doi.org/10.3390/antibiotics9120899>
- de Souza, G. M., Neto, E. R. D. S., da Silva, A. M., Iacia, M. V. M. S., Rodrigues, M. V. P., Pereira, V. C., & Winkelstroter, L. K. (2019). Comparative study of genetic diversity, virulence genotype, biofilm formation and antimicrobial resistance of uropathogenic *Escherichia coli* (UPEC) isolated from nosocomial and community acquired urinary tract infections. *Infection and Drug Resistance*, 12, 3595–3606. <https://doi.org/10.2147/IDR.S228612>
- Duran-Bedolla, J., Garza-Ramos, U., Silva-Sánchez, J., Lozano, L., Reyna-Flores, F., Sánchez-Pérez, A., Barrios-Camacho, H., & Bacterial Resistance Consortium. (2023). Genetic characterization of plasmid-mediated fluoroquinolone efflux pump QepA among ESBL-producing *Escherichia coli* isolates in Mexico. *Brazilian Journal of Microbiology*, 54(4), 2791–2797. <https://doi.org/10.1007/s42770-023-01115-x>
- Fonseca-Martínez, S. A., Martínez-Vega, R. A., Farfán-García, A. E., González Rugeles, C. I., & Criado-Guerrero, L. Y. (2023). Association between uropathogenic *Escherichia coli* virulence genes and severity of infection and resistance to antibiotics. *Infection and Drug Resistance*, 16, 3707–3718. <https://doi.org/10.2147/IDR.S391378>
- Galvão, V. S., Monteiro, A. S. S., Leite, J. L. P., Sousa, I. O., Cordeiro, S. M., & Reis, J. N. (2025). High rates of antimicrobial resistance and emergence of high-risk clones in community-acquired uropathogenic *Escherichia coli*. *MicrobiologyOpen*, 14(5), e70074. <https://doi.org/10.1002/mbo3.70074>

- Gonzales-Rodriguez, A. O., Infante Varillas, S. F., Reyes-Farias, C. I., Ladines Fajardo, C. E., & Gonzales Escalante, E. (2022). β -lactamasas de espectro extendido y factores de virulencia en *Escherichia coli* uropatógenas en asilos de ancianos en Lima, Perú. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 39(1), 98–103. <https://doi.org/10.17843/rpmesp.2022.391.8580>
- Guilcazo, D., López, L., Calderón, D., Vasquez, K., Chávez, C., Price, L. B., Graham, J. P., Eisenberg, J. N. S., & Trueba, G. (2025). Comparative analysis of ESBL phenotypes and antimicrobial resistance in *Escherichia coli* associated with urinary tract infections and in commensal strains. *Microbial Drug Resistance*, 31(11), 380–383. <https://doi.org/10.1177/10766294251386346>
- Guzmán, M., Salazar, E., Cordero, V., Castro, A., Villanueva, A., Rodulfo, H., & De Donato, M. (2019). Multidrug resistance and risk factors associated with community-acquired urinary tract infections caused by *Escherichia coli* in Venezuela. *Biomédica*, 39(Supl. 1), 96–106. <https://doi.org/10.7705/biomedica.v39i2.4030>
- Herrera García, M., Arévalo Valdez, C., & Velásquez Porta, T. (2019). Detección de los genes de β -lactamasas *bla*TEM, *bla*SHV y *bla*CTX-M en aislamientos de *Escherichia coli* comunitarios. *Revista Científica*, 28(2). <http://portal.amelica.org/ameli/jatsRepo/50/50602013/index.html>
- Larramendy, S., Gaultier, A., Fournier, J.-P., Caillon, J., Moret, L., & Beaudeau, F. (2021). Local characteristics associated with higher prevalence of ESBL-producing *Escherichia coli* in community-acquired urinary tract infections: An observational, cross-sectional study. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 76(3), 789–795. <https://doi.org/10.1093/jac/dkaa514>
- Loyola, S., Concha-Velasco, F., Pino-Dueñas, J., Vasquez-Luna, N., Juarez, P., Llanos, C., Salvatierra, G., Tamariz, J., & Lescano, A. G. (2021). Antimicrobial resistance patterns and dynamics of extended-spectrum β -lactamase-producing uropathogenic *Escherichia coli* in Cusco, Peru. *Antibiotics*, 10(5), 485. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10050485>
- Marchisio, M. L., Liebrez, K. I., Méndez, E. de los A., & Di Conza, J. A. (2021). Molecular epidemiology of cefotaxime-resistant but ceftazidime-susceptible *Enterobacterales* and evaluation of the in vitro bactericidal activity of ceftazidime and cefepime. *Brazilian Journal of Microbiology*, 52(4), 1853–1863. <https://doi.org/10.1007/s42770-021-00574-4>
- Medina, M., & Castillo-Pino, E. (2019). An introduction to the epidemiology and burden of urinary tract infections. *Therapeutic Advances in Urology*, 11, 1756287219832172. <https://doi.org/10.1177/1756287219832172>
- Mendieta Astudillo, V., Gallegos Merchan, J. D., & Peña Cordero, S. J. (2021). Frecuencia de (BLEE) (AmpC) y carbapenemasas en muestras de urocultivo, en cepas de *Escherichia coli* de origen comunitario. *Revista de Investigación en Salud VIVE*, 4(11). <http://portal.amelica.org/ameli/journal/541/5413276019/>
- Molina, N. B., González Pasayo, R. A., López, M. A., & Sparo, M. D. (2026). Phylogenetic groups, virulence factors, and antimicrobial susceptibility of *Escherichia coli* associated with urinary tract infections from a metropolitan area of Buenos Aires, Argentina. *Antibiotics*, 15(4), 350. <https://doi.org/10.3390/antibiotics15040350>

- Nunes, L. H. de S., Ribeiro, V. S. T., Salviato, R. B., de Andrade, A. P., Suss, P. H., Vicenzi, F. J., Hino, A. A. F., Telles, J. P., & Tuon, F. F. (2024). Increasing community prevalence of extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli* in urine is associated with increasing district-level antibiotic consumption. *FEMS Microbiology Letters*, 371, fnae038. <https://doi.org/10.1093/femsle/fnae038>
- Page, M. J., McKenzie, J. E., Bossuyt, P. M., Boutron, I., Hoffmann, T. C., Mulrow, C. D., Shamseer, L., Tetzlaff, J. M., Akl, E. A., Brennan, S. E., Chou, R., Glanville, J., Grimshaw, J. M., Hróbjartsson, A., Lalu, M. M., Li, T., Loder, E. W., Mayo-Wilson, E., McDonald, S., ... Moher, D. (2021). The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. *BMJ*, 372, n71. <https://doi.org/10.1136/bmj.n71>
- Pereyra, M., Ruiz, R., Baez, J., Valenzuela, N., Araya, J., Silva, J., & Cartagena, R. (2019). Caracterización molecular de β -lactamasas de espectro extendido en cepas de *Escherichia coli* causantes de infección urinaria en pacientes inmunocomprometidos. *Revista Médica La Paz*, 25(2), 10–18. https://www.scielo.org.bo/scielo.php?pid=S1726-89582019000200002&script=sci_abstract
- Peter, C. R. M., Braga, J. C. dos P. K., Rodrigues, L. H. de A., Arrieira, M. P., Arrieira, R. de O., & Böhlke, M. (2022). Antibiotic resistance pattern in urine cultures from community-dwelling women in southern Brazil: A cross-sectional study short communication. *Revista Gaúcha de Enfermagem*, 43, e20200485. <https://doi.org/10.1590/1983-1447.2022.20200485.en>
- Rethlefsen, M. L., Kirtley, S., Waffenschmidt, S., Ayala, A. P., Moher, D., Page, M. J., Koffel, J. B., & PRISMA-S Group. (2021). PRISMA-S: An extension to the PRISMA statement for reporting literature searches in systematic reviews. *Systematic Reviews*, 10, 39. <https://doi.org/10.1186/s13643-020-01542-z>
- Rhea, S., Gensler, C., Atlaw, N., Pairis-Garcia, M., Lewbart, G. A., Valentine, A., Cruz, M., Castillo, P., Vélez, A., Trueba, G., & Jacob, M. E. (2024). Presence of extended-spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli* in food-producing and companion animals and wildlife on small-holder farms of Floreana Island, Galápagos Islands. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 24(1), 36–45. <https://doi.org/10.1089/vbz.2023.0044>
- Rojas-Barco, R., Vega-Paz, R., Gerónimo-Guevara, N., & Rodríguez-Weber, F. L. (2024). Variaciones de *E. coli* a *E. coli* BLEE en los cultivos de orina y sus resistencias. *Medicina Interna de México*, 40(2), 121–126. <https://doi.org/10.24245/mim.v40i2.8884>
- Sánchez Tisnado, D. A., Soriano, B., Luján, M., & Jiménez, M. (2024). *Escherichia coli* productoras de betalactamasas de espectro extendido, aisladas en urocultivos de pacientes del Hospital de Cascas-La Libertad, Perú. *Arnaldoa*, 31(1), 187–198. <https://doi.org/10.22497/arnaldoa.311.31110>
- Sartori, L., Sellera, F. P., Fuga, B., Sano, E., Monte, D. F. M., Cardoso, B., Côrtes, L. de A., & Lincopan, N. (2023). Phylogenomic analysis of CTX-M-15-positive *Escherichia coli* from companion animal reveals intercontinental dissemination of

- ST90 within a One Health framework. *Microbial Drug Resistance*, 29(7), 296–301. <https://doi.org/10.1089/mdr.2022.0249>
- Serrano Caballero, L. M., Diaz Chávez, M. de los A., Huerta Vera, A. L. M., Salinas Bonhomme, C. I., Monje Lezcano, X., & Sánchez, N. R. (2025). Prevalencia de BLEE en *Escherichia coli* en el Hospital Regional de Concepción entre los semestres enero 2023–junio 2024. *Medicinae Signum*, 3(1), 7–20. <https://revistas.unc.edu.py/index.php/fmunc/article/view/270>
- Solís, M. B., Romo, S., Granja, M., Sarasti, J. J., Paz y Miño, A., & Zurita, J. (2022). Infección comunitaria del tracto urinario por *Escherichia coli* en la era de resistencia antibiótica en Ecuador. *Metro Ciencia*, 30(1), 37–48. <https://doi.org/10.47464/MetroCiencia/vol30/1/2022/37-48>
- Soncini, J. G. M., Cerdeira, L., Sano, E., Koga, V. L., Tizura, A. T., Tano, Z. N., Nakazato, G., Kobayashi, R. K. T., Aires, C. A. M., Lincopan, N., & Vespero, E. C. (2022). Genomic insights of high-risk clones of ESBL-producing *Escherichia coli* isolated from community infections and commercial meat in southern Brazil. *Scientific Reports*, 12, 9354. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-13197-y>
- Sosa Flores, J. L., & Chapoñan Mendoza, J. F. (2022). Resistencia antibiótica de *Escherichia coli*, según producción de beta lactamasas de espectro extendido, en urocultivos. Hospital III-1. Chiclayo, Perú 2020. *Revista del Cuerpo Médico Hospital Nacional Almanzor Aguinaga Asenjo*, 15(4), 598–603. <https://doi.org/10.35434/rcmhnaaa.2022.154.1627>
- Suclupe-Campos, D. O., Pérez-Mejía, R. A., & Aguilar-Gamboa, F. R. (2024). Características clínicas y microbiológicas de *Escherichia coli* uropatógenas productoras de BLEE aisladas de pacientes atendidos en el norte del Perú. *Revista Experiencia en Medicina del Hospital Regional Lambayeque*, 10(4), 28–36. <https://doi.org/10.37065/rem.v10i4.788>
- Tamayo-Contreras, H. L., Campos-Altamirano, M. S. L., Baca-Choque, Y. C., Bazán-Tanchiva, L., & Neyra-Rivera, C. D. (2021). Multirresistencia en *Escherichia coli* asociada a betalactamasas de espectro extendido en urocultivos obtenidos en pacientes de una provincia de la Amazonía Peruana. *Revista del Cuerpo Médico Hospital Nacional Almanzor Aguinaga Asenjo*, 14(4), 501–505. <https://doi.org/10.35434/rcmhnaaa.2021.144.1457>
- Tano, N., Vespero, E. C., Dias, J., Tejo, A. M., Candido, E. P., Andrekowicz, A., Ramos, A., Kobayashi, R., & Pavanelli, W. (2019). 1467. Antimicrobial susceptibility and molecular characterization of extended-spectrum β -lactamase of *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae* of urine samples isolated from community patients in South Brazil. *Open Forum Infectious Diseases*, 6(Suppl 2), S535–S536. <https://doi.org/10.1093/ofid/ofz360.1331>
- Torres Villalobos, E. S., Mendivil De la Ossa, J. A., Pertuz Meza, Y., & Rojas Gullosa, A. C. (2024). Nueve años de tendencia en la resistencia a ciprofloxacina por *Escherichia coli*: Estudio transversal en un hospital de Colombia. *Cadernos de Saúde Pública*, 40(7), e00031723. <https://doi.org/10.1590/0102-311XES031723>
- Vargas-Gutierrez, P., Silva-Sanchez, J., Uribe-Salas, F. J., Lopez-Jasso, F., Juarez-Perez, E. Y., Gonzalez-Martinez, M. del R., & Barrios-Camacho, H. (2024). Molecular characterization of extended spectrum β -lactamase-producing

Escherichia coli: Insights into the O25b-ST131 clone in Mexican urinary tract infections. *Jundishapur Journal of Microbiology*, 17(2), e143352. <https://doi.org/10.5812/jjm-143352>

Wang, Y., Park, D. E., Aziz, M., Salinas, L., Sung, E., Hallstrøm, S., Liu, C. M., Stegger, M., Wu, Z., Trueba, G., Eisenberg, J. N. S., Graham, J. P., & Price, L. B. (2026). Investigating the zoonotic origins of ESBL-producing *E. coli* in community-acquired urinary tract infections in Ecuador. *Microbiology Spectrum*. Advance online publication. <https://doi.org/10.1128/spectrum.03325-25>

Zepeda-Gutiérrez, L. A., Ramírez-Ochoa, S., Ambriz-Alarcón, M. A., Cervantes-Pérez, E., Castillo-Romero, A., Licona-Lasteros, K. C., & Cortés-Zárate, R. (2026). Antimicrobial resistance, biofilm formation, and phylogenetic distribution of *Escherichia coli* in hospitalized patients with community-onset urinary tract infections in Western Mexico. *Antibiotics*, 15(6), 541. <https://doi.org/10.3390/antibiotics15060541>

AGRADECIMIENTOS

Llegar hasta este momento no ha sido solamente alcanzar una meta académica; ha sido recorrer un camino de aprendizajes, sacrificios, dudas, esfuerzos y, sobre todo, de crecimiento personal. Por ello, estas palabras representan mucho más que un requisito de esta investigación: representan mi profunda gratitud hacia quienes hicieron posible que hoy pueda mirar atrás y decir con emoción: lo logré.

En primer lugar, expreso mi más sincero y profundo agradecimiento a la Universidad Politécnica Estatal del Carchi (UPEC), institución que abrió sus puertas para permitirme continuar mi formación profesional y alcanzar una nueva meta en mi vida académica. Gracias por brindarme los conocimientos, las herramientas y el espacio necesario para crecer no solamente como profesional, sino también como ser humano. Llevar conmigo el nombre de esta institución será siempre motivo de orgullo y gratitud.

Agradezco de manera especial a los profesores de la Maestría, quienes, con sus conocimientos, exigencia, experiencia y dedicación, dejaron una huella imborrable en mi formación. Cada enseñanza, cada observación, cada corrección y cada palabra de motivación contribuyeron a construir este trabajo y, al mismo tiempo, a formar una mejor versión de mí. Gracias por enseñarme que detrás de cada resultado existe esfuerzo, disciplina, perseverancia y pasión por la investigación.

A quienes participaron directa o indirectamente en el desarrollo de esta investigación, mi reconocimiento y gratitud. Cada aporte, por pequeño que haya parecido en su momento, fue una pieza importante para que este proyecto pudiera llegar a su culminación.

Pero, sobre todo, agradezco a Dios y a la vida por haberme dado la fortaleza para continuar cuando las fuerzas parecían agotarse, por permitirme levantarme después de cada dificultad y por recordarme que los sueños verdaderamente importantes requieren paciencia, sacrificio y perseverancia.

Hoy comprendo que detrás de cada página escrita existen horas de esfuerzo; detrás de cada resultado existen momentos de incertidumbre; y detrás de este logro existen muchas personas que, de una u otra manera, caminaron conmigo durante este proceso.

A todos ustedes, gracias de corazón.

Este logro lleva mi nombre, pero nunca fue construido solamente por mí. Es también el reflejo de quienes creyeron, enseñaron, acompañaron y estuvieron presentes durante este camino.

Con profunda gratitud, respeto y cariño, gracias por haber sido parte de esta historia y de este sueño que hoy se convierte en una realidad.

CONFLICTO DE INTERESES

“Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses”.