



Revista Hambatu Science

Ambato – Ecuador / ISSN 3151-815X (en línea) / abril – junio 2026

Volumen 1, Número 2

<https://doi.org/10.63862/rhs-v1n2-385-406-2026>

Aves silvestres y diseminación de bacterias zoonóticas en ecosistemas antropogénicos

*Wild Birds and Dissemination of Zoonotic Bacteria in
Anthropogenic Ecosystems*

Juan Martín Talavera-González
Tecnológico Nacional de México/Tecnológico de Estudios Superiores
de San Felipe del Progreso

Martín Talavera-Rojas
Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad
Autónoma del Estado de México



DOI: <https://doi.org/10.63862/rhs-v1n2-385-406-2026>

Aves silvestres y diseminación de bacterias zoonóticas en ecosistemas antropogénicos

Juan Martín Talavera-González

Tecnológico Nacional de
México/Tecnológico de Estudios Superiores
de San Felipe del Progreso

talagallo@gmail.com

<https://orcid.org/0000-0002-6579-2251>

Estado de México, México

Martín Talavera-Rojas

Universidad Autónoma del Estado de México

mtalaverar@uaemex.mx

<https://orcid.org/0000-0003-0908-985X>

Toluca, México

Recibido: 2026-06-15

Aceptado: 2026-06-17

Publicado: 2026-06-29

Resumen

Las aves silvestres desempeñan un papel importante en la diseminación de bacterias zoonóticas entre ecosistemas naturales y antropogénicos debido a su movilidad, comportamiento migratorio y capacidad de adaptación a ambientes modificados por actividades humanas. Entre los principales patógenos asociados con estas aves destacan *Salmonella enterica* y *Escherichia coli* productora de toxina Shiga (STEC), bacterias de relevancia para salud pública por su potencial zoonótico, persistencia ambiental y creciente resistencia antimicrobiana. Diversos estudios han demostrado que las aves silvestres interactúan con ambientes urbanos, sistemas agrícolas, cuerpos de agua contaminados, rellenos sanitarios e instalaciones pecuarias, donde adquieren y dispersan bacterias patógenas y genes de resistencia antimicrobiana. Asimismo, análisis moleculares han revelado elevada similitud genética entre aislamientos bacterianos obtenidos de aves, humanos, ganado y matrices ambientales, evidenciando redes complejas de transmisión dentro del enfoque One Health. Las rutas migratorias también favorecen la diseminación transcontinental de bacterias y determinantes de resistencia entre regiones geográficas distantes. La presente revisión sintetiza el conocimiento actual sobre el papel ecológico y epidemiológico de las aves silvestres en la circulación global de bacterias zoonóticas y resistencia antimicrobiana.

Palabras clave: Aves silvestres; bacterias zoonóticas; resistencia antimicrobiana; One Health; diseminación ambiental.

Wild Birds and Dissemination of Zoonotic Bacteria in Anthropogenic Ecosystems

Abstract

Wild birds play an important role in the dissemination of zoonotic bacteria across natural and anthropogenic ecosystems due to their mobility, migratory behavior, and ability to adapt to human-altered environments. Among the main pathogens associated with these birds are *Salmonella enterica* and Shiga toxin-producing *Escherichia coli* (STEC), bacteria of major public health concern because of their zoonotic potential, environmental persistence, and increasing antimicrobial resistance. Several studies have demonstrated that wild birds interact with urban environments, agricultural systems, contaminated water bodies, landfills, and livestock facilities, where they acquire and spread pathogenic bacteria and antimicrobial resistance genes. Molecular analyses have also revealed high genetic similarity among bacterial isolates recovered from birds, humans, livestock, and environmental matrices, highlighting complex transmission networks within the One Health framework. Migratory routes further contribute to the transcontinental dissemination of bacteria and resistance determinants between distant geographic regions. This review summarizes current knowledge regarding the ecological and epidemiological role of wild birds in the global circulation of zoonotic bacteria and antimicrobial resistance.

Keywords: Wild birds; zoonotic bacteria; antimicrobial resistance; One Health; environmental dissemination.

Introducción

La emergencia y diseminación de bacterias zoonóticas constituye un importante desafío para la salud pública global. La urbanización, la intensificación agrícola, la contaminación ambiental y otros cambios antropogénicos han incrementado las interacciones entre humanos, animales domésticos, fauna silvestre y reservorios ambientales, favoreciendo la circulación de agentes infecciosos. En este contexto, las aves silvestres han adquirido creciente relevancia debido a su elevada movilidad, comportamiento migratorio y capacidad para explotar ambientes naturales y antropizados. Estas características les permiten actuar como conectores ecológicos entre ecosistemas geográficamente distantes y contribuir a la dispersión de bacterias zoonóticas y determinantes de resistencia antimicrobiana (Benskin et al., 2009; Kobuszevska & Wysok, 2024; Zhang et al., 2024)

Entre las bacterias zoonóticas asociadas con aves silvestres, *Salmonella enterica* y *Escherichia coli* productora de toxina Shiga (STEC) destacan por su amplia distribución, potencial zoonótico, persistencia ambiental y asociación con brotes transmitidos por alimentos y enfermedades humanas graves. *Salmonella* spp., que comprende más de 2,600 serovares capaces de infectar diversos hospedadores (Aung et al., 2020; Silva et al., 2014), ha sido identificada en aves silvestres y migratorias, incluyendo serovares de importancia clínica como *S. Typhimurium*, *S. Enteritidis*, *S. Newport* y *S. Heidelberg* (Antilles et al., 2021; Khalefa et al., 2021; Liakopoulos et al., 2016). Asimismo, cepas STEC portadoras de los genes de virulencia *stx1*, *stx2* y *eae* han sido detectadas en múltiples especies aviares alrededor del mundo (Carlson et al., 2020; Munir et al., 2025; Navarro-Gonzalez et al., 2020). Estudios genómicos recientes han demostrado estrechas relaciones filogenéticas entre aislamientos bacterianos recuperados de aves silvestres y aquellos obtenidos de humanos, ganado, aguas residuales, productos agrícolas y muestras ambientales, sugiriendo una participación activa de estas aves en redes de transmisión interespecífica (Murakami et al., 2014). Adicionalmente, la detección creciente de cepas multirresistentes y genes de resistencia antimicrobiana como *blaCTX-M*, *mcr-1*, *fosA4* y determinantes asociados con β -lactamasas de espectro extendido refuerza su papel en la dispersión ambiental de bacterias de relevancia para la salud pública (Cheng et al., 2025; Munir et al., 2025).

Los ambientes antropogénicos, incluidos ecosistemas urbanos, sistemas agrícolas, instalaciones pecuarias y áreas contaminadas con aguas residuales, favorecen la interacción entre aves silvestres, humanos y animales domésticos, promoviendo la adquisición y dispersión de bacterias zoonóticas y genes de resistencia antimicrobiana (Kobuszewska & Wysok, 2024) (Tabla 1). Asimismo, las rutas migratorias facilitan la circulación transfronteriza de estos microorganismos entre regiones y ecosistemas conectados por los movimientos migratorios (Benskin et al., 2009). En este contexto, el papel de las aves silvestres debe analizarse desde una perspectiva ecológica y epidemiológica integrada. Por ello, esta revisión sintetiza el conocimiento actual sobre su participación en la diseminación de *Salmonella enterica* y STEC, con énfasis en las dinámicas de transmisión, la resistencia antimicrobiana, la conectividad ecológica, la evidencia genómica y su valor como bioindicadores de salud ambiental.

Tabla 1.
Bacterias zoonóticas reportadas en aves silvestres asociadas a diferentes interfaces ecológicas.

Interfaz ecológica	Especie aviar (nombre científico)	Patógeno	Serotipo / Serovar	Resistencia antimicrobiana	Factores de virulencia	País	Referencia
Urbana	<i>Ciconia ciconia</i>	STEC	O22:H21	Susceptible	<i>Stx2b</i>	España	(Alonso et al., 2017)
Urbana	<i>Columba livia</i>	STEC	O20, O78, O115	NEO, TET, LIN, DOX, AMX	<i>Stx2f, astA, cnf</i>	Irán	Askari Badouei et al., 2014
Urbana	<i>Columba livia</i>	STEC	No determinado	No reportado	<i>Stx1, Stx2</i>	Perú	Caballero et al., 2015
Urbana	<i>Columba livia domestica</i>	STEC	No determinado	Susceptible	<i>Stx2f, eae</i>	Brasil	de Oliveira et al., 2017
Urbana	<i>Bubulcus ibis</i> y cercetas domésticas	STEC	O26, O111	AMX, GEN, CFM, CTX, DOX, CEP, SUL	<i>Stx1, Stx2, eae</i>	Egipto	Fadel et al., 2017
Urbana	<i>Columba livia</i>	STEC	O17, O78	No reportado	<i>Stx1, Stx2f, eae</i>	India	Farooq et al., 2008

Centro de rehabilitación	<i>Rupornis magnirostris</i>	STEC	O48	CEF, KAN, NIT	<i>Stx2, ehxA, iha, saa, ipfAO113, nleB</i>	Brasil	Borges et al., 2017
Centro de rehabilitación	<i>Corvus spp. y Ixobrychus flavicollis</i>	<i>Salmonella enterica</i>	Paratyphi B var. Java monophasic	Resistencia intermedia a CIP	—	Singapur	Aung et al., 2019
Centro de rehabilitación	<i>Milvus milvus y Passer domesticus</i>	<i>Salmonella enterica</i>	Typhimurium	Pansusceptible	—	Suiza	Vogler et al., 2021
Centro de rehabilitación	<i>Larus dominicanus</i>	<i>Salmonella enterica</i>	No determinado	AMP, CRO, CIP, GEN, CHL, STR, KAN, SXT, TET	—	Chile	Tardone et al., 2020
Centro de rehabilitación	<i>Phaethon lepturus y Puffinus lherminieri</i>	<i>Salmonella enterica</i>	4,5,12:i:-	No reportado	—	Isla Reunión	Tessier et al., 2016
Centro de rehabilitación	<i>Falco tinnunculus</i>	<i>Salmonella enterica</i>	Typhimurium	No reportado	—	Italia	Gargiulo et al., 2017
Centro de rehabilitación	<i>Sporophila falcirostris</i>	<i>Salmonella enterica</i>	Typhimurium	CRO, CEF, TCY, NA, ENR	—	Brasil	Matias et al., 2016
Centro de rehabilitación	<i>Ciconia ciconia, Columba livia, Passer domesticus y Sturnus vulgaris</i>	<i>Salmonella enterica</i>	Enteritidis	CIP, NA, AMP, COL, TCY	—	España	Martín-Maldonado et al., 2020
Área protegida	<i>Aquila fasciata</i>	<i>Salmonella enterica</i>	Typhimurium	AM, TGC	—	España	Martín-Maldonado et al., 2019
Área protegida	<i>Ceratopipra rubrocapilla</i>	<i>Salmonella enterica</i>	Agona	Resistencia intermedia a AM y GEN	—	Brasil	dos Santos et al., 2020

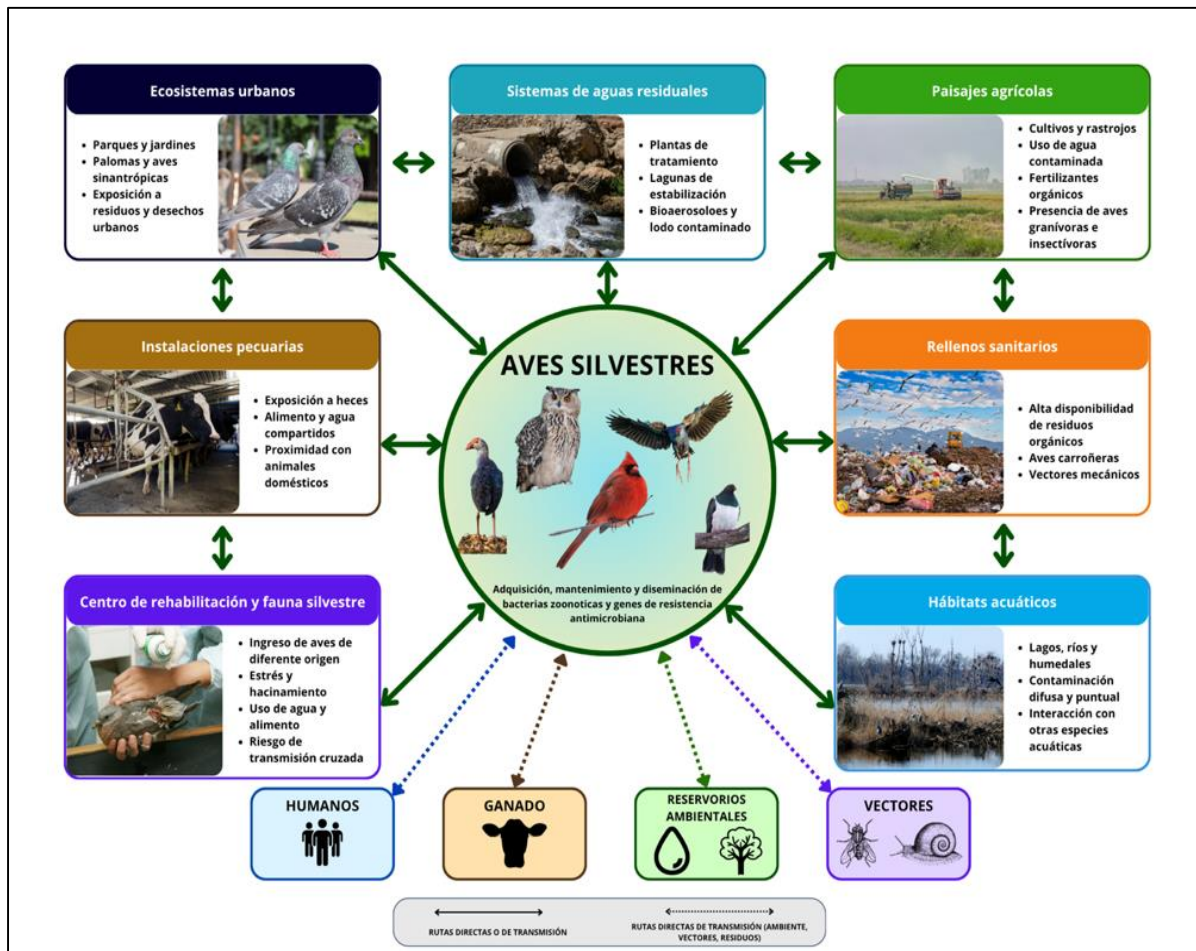
Área protegida	No especificada	<i>Salmonella enterica</i>	9,12:a:2; II 42:r:-; Stanleyville; Richmond; Zanzibar; Chandans; Heidelberg	SU	—	Uganda	Afema & Sisco et al., 2016
Agrícola	<i>Corvus brachyrhynchos</i>	STEC	O109:H48	No reportado	<i>Stx1a, cfaA-D</i>	Estados Unidos	Cartes et al., 2023
Agrícola	<i>Zenaida asiatica</i>	STEC	No reportado	No reportado	No reportado	México	Espinosa-Argüelles et al., 2010
Agrícola	<i>Melospiza melodia</i>	<i>Salmonella enterica</i>	Newport	No reportado	—	Estados Unidos	Navarro-Gonzalez et al., 2020

Interfaces ecológicas que favorecen la adquisición bacteriana en aves silvestres

Las aves silvestres están continuamente expuestas a comunidades bacterianas diversas a través de su interacción con ambientes naturales y antropogénicos. Su comportamiento alimentario, ecología migratoria, plasticidad de hábitat y creciente adaptación a ecosistemas modificados por el ser humano facilitan la adquisición de bacterias zoonóticas y determinantes de resistencia antimicrobiana provenientes de múltiples fuentes ambientales. La urbanización, intensificación agrícola, contaminación por aguas residuales, rellenos sanitarios, sitios de alimentación suplementaria y centros de rehabilitación de fauna silvestre crean colectivamente interfaces ecológicas que promueven la transmisión bacteriana entre fauna silvestre, humanos, ganado y reservorios ambientales (Kobuszewska & Wysok, 2024; Qiu et al., 2025) (Figura 1).

Figura 1.

Interfaces asociadas con la adquisición y diseminación de bacterias zoonóticas en aves silvestres.



Fuente: Elaboración propia.

Urbanización y adaptación sinantrópica

La rápida expansión urbana ha alterado profundamente la ecología aviar a nivel mundial. La fragmentación del hábitat, deforestación y disponibilidad de recursos antropogénicos han obligado a numerosas especies de aves a adaptarse a ambientes urbanos y periurbanos, donde establecen estrechas interacciones ecológicas con humanos y animales domésticos. Especies sinantrópicas prosperan en ambientes urbanos densamente poblados debido a la abundante disponibilidad de alimento y la reducción de presión de depredación. Sin embargo, estos mismos ambientes exponen a las aves a residuos contaminados, aguas residuales, cuerpos de agua recreativos y restos alimenticios colonizados por bacterias zoonóticas (Antilles et al., 2021). Diversos estudios han reportado el aislamiento de serotipos STEC clínicamente

relevantes y cepas de *Salmonella* en aves silvestres urbanas, destacando su papel en la circulación urbana de patógenos.

En Singapur, Aung et al., (2019) identificaron similitudes genéticas entre aislamientos de *Salmonella* Typhimurium ST19 y *Salmonella* Weltevreden ST365 obtenidos de aves urbanas, productos alimenticios y ambientes asociados a humanos, demostrando circulación activa entre fauna silvestre y reservorios antropogénicos. De manera similar, Horton et al., (2013) y Mather et al., (2016) identificaron similitud genotípica entre *S. Typhimurium* aislada de aves de jardín y gatos domésticos en Inglaterra y Gales, sugiriendo rutas de transmisión facilitadas por ambientes urbanos compartidos.

Las palomas urbanas también han emergido como importantes reservorios de STEC y genes de resistencia antimicrobiana. Estudios realizados en Egipto reportaron prevalencias alarmantes de STEC de hasta 46.9% en *Columba livia*, con aislamientos portadores de *stx1*, *stx2* y perfiles de multirresistencia frente a β -lactámicos, aminoglucósidos, tetraciclinas y sulfonamidas (Fadel et al., 2017). Asimismo, cepas STEC resistentes a antibióticos críticamente importantes como colistina y fosfomicina fueron detectadas en milanos negros y cuervos domésticos que habitaban parques urbanos en Pakistán, portando genes *mcr-1* y *fosA4* genéticamente relacionados con aislamientos provenientes de aves de corral y humanos (Munir et al., 2025).

Las implicaciones para la salud pública derivadas de estos hallazgos son considerables. Las aves urbanas frecuentemente contaminan cuerpos de agua recreativos, bancas, áreas de juegos, mercados de alimentos y espacios públicos, creando oportunidades para transmisión zoonótica. Samadpour et al., (2002) asociaron contaminación fecal por patos en un lago recreativo con infecciones humanas causadas por cepas de *E. coli* O157:H7 portadoras de genes *stx*, *eaeA* y *hly*. Esta evidencia demuestra que los ecosistemas urbanos funcionan como zonas de convergencia donde patógenos asociados con fauna silvestre pueden impactar directamente a las poblaciones humanas.

Rellenos sanitarios y sitios de eliminación de residuos

Los rellenos sanitarios y sitios de disposición de residuos representan interfaces antropogénicas críticas para la adquisición bacteriana en aves silvestres. La acumulación de residuos orgánicos atrae grandes cantidades de especies carroñeras y oportunistas, incluyendo gaviotas, buitres,

cuervos, cigüeñas y grajas, las cuales se exponen a altas concentraciones de bacterias zoonóticas, residuos antimicrobianos y comunidades microbianas resistentes.

Diversos estudios han demostrado incrementos significativos en la prevalencia de *Salmonella* spp. y STEC en aves asociadas con ambientes de rellenos sanitarios. Malekian et al., (2021) aislaron *Salmonella* spp. en grajas, estorninos europeos y gaviotas cabecinegras alimentándose en rellenos sanitarios de Irán, mientras que Camacho et al., (2016) reportaron prevalencias significativamente mayores de *Salmonella* en cigüeñas blancas asociadas con rellenos sanitarios en comparación con individuos que habitaban ecosistemas naturales. De manera similar, Plaza et al., (2019) identificaron *S. Typhi*, *S. Paratyphi A* y *S. Arizonae* en zopilotes negros dependientes de recursos alimenticios provenientes de residuos urbanos, mientras que estas bacterias estuvieron ausentes en buitres alimentándose de presas silvestres.

La acumulación de residuos antropogénicos también favorece la circulación de determinantes de resistencia antimicrobiana. Espunyes et al., (2022) aislaron *S. Typhimurium* multirresistente en buitres leonados cercanos a rellenos sanitarios en Barcelona, revelando más de 90% de similitud genética con aislamientos obtenidos de humanos, aves de corral y cerdos. De igual forma, Wallace et al., (1997) detectaron cepas STEC O157 portadoras de genes *stx1* y *stx2* en gaviotas y cuervos asociados con ambientes de disposición de residuos en Reino Unido.

Los rellenos sanitarios facilitan no solamente la adquisición bacteriana, sino también el intercambio de elementos genéticos móviles mediante intensas interacciones microbianas dentro de sustratos orgánicos contaminados. Estos ambientes actúan como verdaderos puntos de mezcla ecológica donde convergen patógenos provenientes de hospitales, instalaciones pecuarias, sistemas de aguas residuales, industrias alimentarias y residuos urbanos. En consecuencia, las aves carroñeras que habitan estos ambientes se convierten en importantes vectores para la diseminación ambiental de bacterias multirresistentes entre ecosistemas regionales y transfronterizos.

Interfaces agrícolas y pecuarias

La intensificación agrícola ha incrementado dramáticamente las oportunidades de contacto entre aves silvestres, ganado, fuentes de agua contaminadas, alimento para animales y sistemas de producción agrícola. Corrales de engorda, granjas avícolas, instalaciones porcinas, explotaciones lecheras y cultivos irrigados proporcionan abundantes recursos alimenticios e

hídricos que atraen grandes cantidades de aves sinantrópicas y migratorias, creando redes multidireccionales de transmisión que vinculan fauna silvestre, animales domésticos y humanos.

Múltiples estudios han documentado la circulación de cepas bacterianas genéticamente relacionadas entre aves silvestres y ambientes pecuarios. Rubini et al., (2016) identificaron serovares de *Salmonella* compartidos entre fauna silvestre y ganado en el noroeste de Italia, sugiriendo transmisión cruzada facilitada por proximidad geográfica y superposición ambiental. Asimismo, Andrés et al., (2013) identificaron fagotipos U310 y DT56 de *S. Typhimurium* en granjas porcinas y aves silvestres que frecuentaban instalaciones agrícolas en España, mostrando más de 95% de similitud genética entre aislamientos.

El papel de las aves silvestres como vectores puente entre instalaciones pecuarias y ecosistemas circundantes también ha sido documentado para STEC. Foster et al., (2006) demostraron que estorninos y otras aves pequeñas portaban serotipos STEC genéticamente relacionados con cepas aisladas de bovinos y humanos en Escocia y Dinamarca. Además, Ejidokun et al., (2006) vincularon un brote familiar de *E. coli* O157 PT2 en Reino Unido con contacto directo con heces de cuervo en una granja bovina.

Las aves silvestres también contribuyen a la contaminación bacteriana de productos agrícolas. Navarro-Gonzalez et al., (2020) identificaron serotipos STEC incluyendo O157:H7, O26, O84, O103 y O163 en aves que habitaban campos de lechuga y brócoli en California, destacando el papel de la contaminación fecal aviar en la transmisión alimentaria. Por otro lado, Smith et al., (2023) identificaron *S. Typhimurium*, *S. Hadar*, *S. Kentucky* y *S. Newport* en aves silvestres que frecuentaban campos agrícolas en el suroeste de Estados Unidos; mientras que Gorski et al., (2011) demostraron que aislamientos de *Salmonella* obtenidos de aves y suelos agrícolas exhibían elevada similitud genética, respaldando el papel de las aves en contaminación a nivel de campo.

Estos hallazgos demuestran colectivamente que los ecosistemas agrícolas funcionan como importantes interfaces ecológicas que promueven el intercambio bacteriano entre fauna silvestre, ganado, cultivos y humanos. El uso creciente de antibióticos en sistemas de producción animal intensifica aún más estas dinámicas al seleccionar cepas multirresistentes capaces de circular entre reservorios ambientales interconectados.

Diseminación local y global de bacterias zoonóticas

Una vez adquiridas, las bacterias zoonóticas pueden ser dispersadas por las aves silvestres mediante mecanismos que operan tanto a escala local como global. La excreción fecal constituye la principal vía de liberación de estos microorganismos al ambiente, favoreciendo la contaminación de cuerpos de agua, suelos, cultivos y otras superficies utilizadas por humanos y animales (Tsiodras et al., 2008). La magnitud de estos procesos aumenta considerablemente durante la migración. Cada año, millones de aves se desplazan entre continentes utilizando rutas que conectan humedales, ecosistemas costeros, paisajes agrícolas y ambientes urbanos, facilitando el transporte de bacterias zoonóticas y genes de resistencia antimicrobiana a escalas regionales e intercontinentales (Elsohaby et al., 2021; Lin et al., 2020). Los sitios de descanso migratorio actúan como puntos de convergencia donde aves procedentes de diferentes regiones interactúan dentro de espacios ecológicos relativamente restringidos, favoreciendo el intercambio bacteriano interespecífico y la amplificación ambiental de microorganismos (Lin et al., 2020). Esta conectividad ecológica ha sido documentada en diversas rutas migratorias. Por ejemplo, Cheng et al., (2025) aislaron *Escherichia coli* resistente a cefalosporinas de tercera generación portadora del gen blaCMY-2 en aves playeras migratorias a lo largo de la ruta Asia Oriental–Australasia, mientras que Musa et al., (2023) identificaron cepas resistentes a azitromicina en especies migratorias europeas. De manera complementaria, los análisis genómicos han proporcionado evidencia cada vez más sólida sobre la participación de las aves migratorias en la circulación internacional de clones bacterianos. Murakami et al., (2014) identificaron cepas STEC O145:H34 en palomas japonesas con elevada similitud genética respecto a aislamientos europeos asociados con colitis hemorrágica y síndrome urémico hemolítico, mientras que Antilles et al., (2021) documentaron serovares multirresistentes de *Salmonella enterica* en gaviotas migratorias distribuidas a través de ecosistemas mediterráneos.

En conjunto, estas observaciones indican que las aves silvestres no solo contribuyen a la dispersión local de bacterias zoonóticas mediante contaminación fecal, sino que también favorecen su circulación a gran escala al conectar ecosistemas distantes y facilitar el movimiento de bacterias, genes de virulencia y elementos genéticos móviles entre regiones geográficas separadas.

Vacíos de conocimiento y perspectivas futuras de investigación

A pesar de la creciente evidencia que demuestra el papel de las aves silvestres en la diseminación de bacterias zoonóticas, persisten importantes vacíos de conocimiento relacionados con los mecanismos ecológicos que regulan la adquisición, mantenimiento y dispersión de estos microorganismos, así como con las consecuencias epidemiológicas y evolutivas derivadas de su circulación entre ecosistemas. El conocimiento actual continúa limitado por la heterogeneidad metodológica entre estudios, la escasa representatividad geográfica de muchas investigaciones, la insuficiente vigilancia longitudinal y la limitada integración de datos ecológicos, microbiológicos, genómicos y epidemiológicos. Estas limitaciones dificultan la comprensión precisa de las rutas de transmisión, la dinámica de circulación bacteriana y los factores ambientales que favorecen la emergencia y propagación de patógenos zoonóticos (Greig et al., 2015; Li et al., 2024).

Aunque el enfoque One Health se ha consolidado como un marco conceptual fundamental para el estudio de las enfermedades infecciosas emergentes, la fauna silvestre continúa insuficientemente incorporada en numerosos programas de vigilancia epidemiológica y monitoreo de resistencia antimicrobiana. En particular, las aves silvestres constituyen componentes estratégicos para sistemas integrados de vigilancia debido a su capacidad para desplazarse entre múltiples compartimentos ecológicos, acumular contaminantes ambientales, reflejar la circulación microbiana a escala ecosistémica y conectar regiones geográficamente distantes mediante movimientos migratorios. Su inclusión sistemática en programas de monitoreo podría fortalecer la detección temprana de clones bacterianos emergentes, identificar rutas de dispersión de resistencia antimicrobiana y revelar puntos críticos de contaminación ambiental (Mbutia & Hoza, 2025; Woods et al., 2019).

En este contexto, futuras investigaciones deberán priorizar enfoques multidisciplinarios capaces de integrar epidemiología genómica, microbiología ambiental, ecología de fauna silvestre, seguimiento migratorio, vigilancia de aguas residuales y sistemas de salud pública. Asimismo, la incorporación de herramientas de secuenciación de genoma completo, análisis filogenómicos, caracterización del resistoma y enfoques metagenómicos permitirá reconstruir con mayor precisión las redes de transmisión bacteriana e identificar reservorios y rutas de dispersión actualmente subestimados. El desarrollo de estas estrategias será esencial para

comprender la circulación de bacterias zoonóticas dentro de ecosistemas globales cada vez más interconectados y para fortalecer la capacidad predictiva de los sistemas de vigilancia bajo el enfoque One Health (Li et al., 2024; Woods et al., 2019).

Conclusiones

Las aves silvestres desempeñan un papel importante en la circulación de bacterias zoonóticas dentro de ecosistemas antropizados debido a su capacidad para explotar diversos hábitats, interactuar con múltiples reservorios ambientales y desplazarse entre regiones geográficas distantes. La evidencia disponible indica que ambientes urbanos, rellenos sanitarios e interfaces agrícolas y pecuarias favorecen la adquisición de *Salmonella enterica*, *Escherichia coli* productora de toxina Shiga (STEC) y bacterias portadoras de genes de resistencia antimicrobiana. Asimismo, la detección de aislamientos genéticamente relacionados entre aves silvestres, humanos, animales domésticos y matrices ambientales demuestra que estas especies participan en redes complejas de transmisión bacteriana que conectan ecosistemas naturales y antropogénicos.

La excreción fecal y los movimientos migratorios constituyen mecanismos clave que favorecen la dispersión local y global de bacterias zoonóticas, determinantes de resistencia antimicrobiana y elementos genéticos móviles. En conjunto, estos procesos contribuyen a la conectividad ecológica entre ecosistemas previamente separados y refuerzan la importancia de las aves silvestres dentro de la interfaz humano-animal-ambiente. Sin embargo, persisten importantes vacíos de conocimiento relacionados con las dinámicas de transmisión, los factores ecológicos que regulan la circulación bacteriana y la magnitud real de la contribución de las aves silvestres a la epidemiología de estos microorganismos. En consecuencia, el fortalecimiento de programas de vigilancia que integren herramientas genómicas, microbiología ambiental, ecología de fauna silvestre y salud pública será fundamental para comprender la circulación de bacterias zoonóticas en ecosistemas cada vez más interconectados y mejorar las estrategias de prevención y vigilancia bajo el enfoque One Health.

Referencias bibliográficas

- Afema, J. A., & Sischo, W. M. (2016). Salmonella in Wild Birds Utilizing Protected and Human Impacted Habitats, Uganda. *Ecohealth*, 13(3), 558–569. <https://doi.org/10.1007/s10393-016-1149-1>
- Alonso, C. A., Mora, A., Díaz, D., Blanco, M., González-Barrio, D., Ruiz-Fons, F., Simón, C., Blanco, J., & Torres, C. (2017). Occurrence and characterization of *stx* and/or *eae*-positive *Escherichia coli* isolated from wildlife, including a typical EPEC strain from a wild boar. *Veterinary Microbiology*, 207, 69–73. <https://doi.org/10.1016/j.vetmic.2017.05.028>
- Andrés, S., Vico, J. P., Garrido, V., Grilló, M. J., Samper, S., Gavín, P., Herrera-León, S., & Mainar-Jaime, R. C. (2013). Epidemiology of subclinical salmonellosis in wild birds from an area of high prevalence of pig salmonellosis: Phenotypic and genetic profiles of *Salmonella* isolates. *Zoonoses and Public Health*, 60(5), 355–365. <https://doi.org/10.1111/j.1863-2378.2012.01542.x>
- Antilles, N., García-Bocanegra, I., Alba-Casals, A., López-Soria, S., Pérez-Méndez, N., Saco, M., González-Solís, J., & Cerdà-Cuellar, M. (2021). Occurrence and antimicrobial resistance of zoonotic enteropathogens in gulls from southern Europe. *The Science of the Total Environment*, 763, 143018. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.143018>
- Askari Badouei, M., Zahraei Salehi, T., Koochakzadeh, A., Kalantari, A., & Tabatabaei, S. (2014). Molecular characterization, genetic diversity and antibacterial susceptibility of *Escherichia coli* encoding Shiga toxin 2f in domestic pigeons. *Letters in Applied Microbiology*, 59(4), 370–376. <https://doi.org/10.1111/lam.12288>
- Aung, K. T., Chen, H. J., Chau, M. L., Yap, G., Lim, X. F., Humaidi, M., Chua, C., Yeo, G., Yap, H. M., Oh, J. Q., Manogaran, V., Hapuarachchi, H. C., Maiwald, M., Tee, N. W. S., Barkham, T., Koh, T. H., Gutiérrez, R. A., Schlundt, J., & Ng, L. C. (2019). *Salmonella* in retail food and wild birds in Singapore—prevalence, antimicrobial resistance, and sequence types. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 16(21), 4235. <https://doi.org/10.3390/ijerph16214235>

-
- Aung, K. T., Khor, W. C., Octavia, S., Ye, A., Leo, J., Chan, P. P., Lim, G., Wong, W. K., Tan, B. Z. Y., Schlundt, J., Dalsgaard, A., Ng, L. C., & Lin, Y. N. (2020). Distribution of *Salmonella* serovars in humans, foods, farm animals and environment, companion and wildlife animals in Singapore. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 17(16), 5774. <https://doi.org/10.3390/ijerph17165774>
- Benskin, C. M. H., Wilson, K., Jones, K., & Hartley, I. R. (2009). Bacterial pathogens in wild birds: A review of the frequency and effects of infection. *Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society*, 84(3), 349–373. <https://doi.org/10.1111/j.1469-185X.2008.00076.x>
- Borges, C. A., Cardozo, M. V., Beraldo, L. G., Oliveira, E. S., Maluta, R. P., Barboza, K. B., Werther, K., & Ávila, F. A. (2017). Wild birds and urban pigeons as reservoirs for diarrheagenic *Escherichia coli* with zoonotic potential. *Journal of Microbiology*, 55(5), 344–348. <https://doi.org/10.1007/s12275-017-6523-3>
- Caballero, M., Rivera, I., Jara, L. M., Ulloa-Stanojlovic, F. M., & Shiva, C. (2015). Isolation and molecular identification of potentially pathogenic *Escherichia coli* and *Campylobacter jejuni* in feral pigeons from an urban area in the city of lima, peru. *Revista Do Instituto De Medicina Tropical De Sao Paulo*, 57(5), 393–396. <https://doi.org/10.1590/S0036-46652015000500004>
- Camacho, M., Hernández, J. M., Lima-Barbero, J. F., & Höfle, U. (2016). Use of wildlife rehabilitation centers in pathogen surveillance: A case study in white storks (*Ciconia ciconia*). *Preventive Veterinary Medicine*, 130, 106–111. <https://doi.org/10.1016/j.prevetmed.2016.06.012>
- Carlson, J. C., Chandler, J. C., Bisha, B., LeJeune, J. T., & Wittum, T. E. (2020). Bird-livestock interactions associated with increased cattle fecal shedding of ciprofloxacin-resistant *Escherichia coli* within feedlots in the United States. *Scientific Reports*, 10(1), 10174. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-66782-4>
- Carter, M. Q., Quiñones, B., Laniohan, N., Carychao, D., Pham, A., He, X., & Cooley, M. (2023). Pathogenicity assessment of Shiga toxin-producing *Escherichia coli* strains

-
- isolated from wild birds in a major agricultural region in California. *Frontiers in Microbiology*, 14, 1214081. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1214081>
- Cheng, Z., Chen, Y., Li, M., Lv, C., Zhou, N., Chen, W., Huang, J., Li, Q., Gao, Z., Feng, X., Shi, L., Yao, Y., Guo, X., & Zhu, Y. (2025). An unusual “gift” from humans: third-generation cephalosporin-resistant enterobacterales in migratory birds along the east Asian-Australasian flyway. *Environment International*, 197, 109320. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2025.109320>
- de Oliveira, M. C. V., Camargo, B. Q., Cunha, M. P. V., Saidenberg, A. B., Teixeira, R. H. F., Matajira, C. E. C., Moreno, L. Z., Gomes, V. T. M., Christ, A. P. G., Barbosa, M. R. F., Sato, M. I. Z., Moreno, A. M., & Knöbl, T. (2018). Free-ranging synanthropic birds (*ardea alba* and *columba livia domestica*) as carriers of *salmonella* spp. and diarrheagenic *Escherichia coli* in the vicinity of an urban zoo. *Vector Borne and Zoonotic Diseases*, 18(1), 65–69. <https://doi.org/10.1089/vbz.2017.2174>
- Ejidokun, O. O., Walsh, A., Barnett, J., Hope, Y., Ellis, S., Sharp, M. W., Paiba, G. A., Logan, M., Willshaw, G. A., & Cheasty, T. (2006). Human vero cytotoxigenic *Escherichia coli* (vtec) O157 infection linked to birds. *Epidemiology and Infection*, 134(2), 421–423. <https://doi.org/10.1017/S0950268805004917>
- Elsohaby, I., Samy, A., Elmoslemany, A., Alorabi, M., Alkafafy, M., Aldoweriej, A., Al-Marri, T., Elbehiry, A., & Fayez, M. (2021). Migratory wild birds as a potential disseminator of antimicrobial-resistant bacteria around Al-Asfar Lake, Eastern Saudi Arabia. *Antibiotics*, 10(3), 260. <https://doi.org/10.3390/antibiotics10030260>
- Espunyes, J., Illera, L., Dias-Alves, A., Lobato, L., Ribas, M. P., Manzanares, A., Ayats, T., Marco, I., & Cerdà-Cuellar, M. (2022). Eurasian griffon vultures carry widespread antimicrobial resistant *Salmonella* and *Campylobacter* of public health concern. *The Science of the Total Environment*, 844, 157189. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.157189>
- Fadel, H. M., Afifi, R., & Al-Qabili, D. M. (2017). Characterization and zoonotic impact of Shiga toxin producing *Escherichia coli* in some wild bird species. *Veterinary World*, 10(9), 1118–1128. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2017.1118-1128>

-
- Foster, G., Evans, J., Knight, H. I., Smith, A. W., Gunn, G. J., Allison, L. J., Synge, B. A., & Pennycott, T. W. (2006). Analysis of feces samples collected from a wild-bird garden feeding station in Scotland for the presence of verocytotoxin-producing *Escherichia coli* O157. *Applied and Environmental Microbiology*, 72(3), 2265–2267. <https://doi.org/10.1128/AEM.72.3.2265-2267.2006>
- Gargiulo, A., Fioretti, A., Russo, T. P., Varriale, L., Rampa, L., Paone, S., De Luca Bossa, L. M., Raia, P., & Dipineto, L. (2018). Occurrence of enteropathogenic bacteria in birds of prey in Italy. *Letters in Applied Microbiology*, 66(3), 202–206. <https://doi.org/10.1111/lam.12836>
- Gorski, L., Parker, C. T., Liang, A., Cooley, M. B., Jay-Russell, M. T., Gordus, A. G., Atwill, E. R., & Mandrell, R. E. (2011). Prevalence, distribution, and diversity of *Salmonella enterica* in a major produce region of California. *Applied and Environmental Microbiology*, 77(8), 2734–2748. <https://doi.org/10.1128/AEM.02321-10>
- Greig, J., Rajić, A., Young, I., Mascarenhas, M., Waddell, L., & LeJeune, J. (2015). A scoping review of the role of wildlife in the transmission of bacterial pathogens and antimicrobial resistance to the food Chain. *Zoonoses and Public Health*, 62(4), 269–284. <https://doi.org/10.1111/zph.12147>
- Horton, R. A., Wu, G., Speed, K., Kidd, S., Davies, R., Coldham, N. G., & Duff, J. P. (2013). Wild birds carry similar *Salmonella enterica* serovar Typhimurium strains to those found in domestic animals and livestock. *Research in Veterinary Science*, 95(1), 45–48. <https://doi.org/10.1016/j.rvsc.2013.02.008>
- Khalefa, H. S., Ahmed, Z. S., Abdel-Kader, F., Ismail, E. M., & Elshafiee, E. A. (2021). Sequencing and phylogenetic analysis of the *stn* gene of *Salmonella* species isolated from different environmental sources at Lake Qarun protectorate: The role of migratory birds and public health importance. *Veterinary World*, 14(10), 2764–2772. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2021.2764-2772>
- Kobuszevska, A., & Wysok, B. (2024). Pathogenic bacteria in free-living birds, and its public health significance. *Animals: An Open Access Journal from MDPI*, 14(6), 968. <https://doi.org/10.3390/ani14060968>

-
- Li, X., Mowlaboccus, S., Jackson, B., Cai, C., & Coombs, G. W. (2024). Antimicrobial resistance among clinically significant bacteria in wildlife: An overlooked one health concern. *International Journal of Antimicrobial Agents*, 64(3), 107251. <https://doi.org/10.1016/j.ijantimicag.2024.107251>
- Liakopoulos, A., Olsen, B., Geurts, Y., Artursson, K., Berg, C., Mevius, D. J., & Bonnedahl, J. (2016). Molecular characterization of extended-spectrum-cephalosporin-resistant Enterobacteriaceae from wild kelp gulls in South America. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 60(11), 6924–6927. <https://doi.org/10.1128/AAC.01120-16>
- Lin, Y., Dong, X., Sun, R., Wu, J., Tian, L., Rao, D., Zhang, L., & Yang, K. (2020). Migratory birds-one major source of environmental antibiotic resistance around Qinghai Lake, China. *Science of The Total Environment*, 739, 139758. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.139758>
- Malekian, M., Shagholian, J., & Hosseinpour, Z. (2021). Pathogen presence in wild birds inhabiting landfills in Central Iran. *EcoHealth*, 18(1), 76–83. <https://doi.org/10.1007/s10393-021-01516-0>
- Martín-Maldonado, B., Montoro-Dasi, L., Pérez-Gracia, M. T., Jordá, J., Vega, S., Marco-Jiménez, F., & Marin, C. (2019). Wild Bonelli's eagles (*Aquila fasciata*) as carrier of antimicrobial resistant *Salmonella* and *Campylobacter* in Eastern Spain. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 67, 101372. <https://doi.org/10.1016/j.cimid.2019.101372>
- Mather, A. E., Lawson, B., de Pinna, E., Wigley, P., Parkhill, J., Thomson, N. R., Page, A. J., Holmes, M. A., & Paterson, G. K. (2016). Genomic analysis of *Salmonella Enterica* serovar Typhimurium from wild passerines in England and Wales. *Applied and Environmental Microbiology*, 82(22), 6728–6735. <https://doi.org/10.1128/AEM.01660-16>
- Matias, C. A. R., Pereira, I. A., Reis, E. M. F. dos, Rodrigues, D. dos P., & Siciliano, S. (2016). Frequency of zoonotic bacteria among illegally traded wild birds in Rio de Janeiro. *Brazilian Journal of Microbiology*, 47(4), 882–888. <https://doi.org/10.1016/j.bjm.2016.07.012>

-
- Mbuthia, C. W., & Hoza, A. S. (2025). Wild birds as potential reservoirs of antimicrobial-resistant *Escherichia coli*: A systematic review. *Frontiers in Microbiology*, 16. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1615826>
- Munir, A., Lu, X., Humak, F., Kürekci, C., Mahmood, M. S., Gul, S., Wang, Z., Mohsin, M., & Li, R. (2025). Emergence of plasmid-mediated fosfomycin resistance among *Escherichia coli* harboring *fosA4*, *tet* (X4), and *mcr-1* genes in wild birds. *mSystems*, 10(4), e0167324. <https://doi.org/10.1128/msystems.01673-24>
- Murakami, K., Etoh, Y., Ichihara, S., Maeda, E., Takenaka, S., Horikawa, K., Narimatsu, H., Kawano, K., Kawamura, Y., & Ito, K. (2014). Isolation and characteristics of shiga toxin 2f-producing *Escherichia coli* among pigeons in Kyushu, Japan. *PLOS ONE*, 9(1), e86076. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0086076>
- Musa, L., Stefanetti, V., Casagrande Proietti, P., Grilli, G., Gobbi, M., Toppi, V., Brustenga, L., Magistrali, C. F., & Franciosini, M. P. (2023). Antimicrobial susceptibility of commensal *E. coli* isolated from wild birds in Umbria (Central Italy). *Animals*, 13(11), 1776. <https://doi.org/10.3390/ani13111776>
- Navarro-Gonzalez, N., Wright, S., Aminabadi, P., Gwinn, A., Suslow, T. V., & Jay-Russell, M. T. (2020). Carriage and subtypes of foodborne pathogens identified in wild birds residing near agricultural lands in California: A repeated cross-sectional study. *Applied and Environmental Microbiology*, 86(3), e01678-19. <https://doi.org/10.1128/AEM.01678-19>
- Plaza, P. I., Blanco, G., Madariaga, M. J., Boeri, E., Teijeiro, M. L., Bianco, G., & Lambertucci, S. A. (2019). Scavenger birds exploiting rubbish dumps: Pathogens at the gates. *Transboundary and Emerging Diseases*, 66(2), 873–881. <https://doi.org/10.1111/tbed.13097>
- Qiu, Y., Lv, C., Chen, J., Sun, Y., Tang, T., Zhang, Y., Yang, Y., Wang, G., Xu, Q., Zhang, X., Hong, F., Hay, S. I., Fang, L., & Liu, W. (2025). The global distribution and diversity of wild-bird-associated pathogens: An integrated data analysis and modeling study. *Med*, 6(4), 100553. <https://doi.org/10.1016/j.medj.2024.11.006>

-
- Rubini, S., Ravaioli, C., Previato, S., D’Incau, M., Tassinari, M., Guidi, E., Lupi, S., Meriardi, G., & Bergamini, M. (2016). Prevalence of *Salmonella* strains in wild animals from a highly populated area of north-eastern Italy. *Annali Dell’Istituto Superiore Di Sanita*, 52(2), 277–280. https://doi.org/10.4415/ANN_16_02_21
- Samadpour, M., Stewart, J., Steingart, K., Addy, C., Louderback, J., McGinn, M., Ellington, J., & Newman, T. (2002). Laboratory investigation of an *E. coli* O157:H7 outbreak associated with swimming in Battle Ground Lake, Vancouver, Washington. *Journal of Environmental Health*, 64(10), 16–20, 26, 25.
- Silva, C., Calva, E., & Maloy, S. (2014). One health and food-borne disease: *Salmonella* transmission between humans, animals, and plants. *Microbiology Spectrum*, 2(1). <https://doi.org/10.1128/%2520microbiolspec.OH-0020-2013>.
- Smith, J. C., Varriano, S., Roach, K., Snipes, Z., Dawson, J. L., Shealy, J., Dunn, L. L., Snyder, W. E., & Shariat, N. W. (2023). Prevalence and molecular characterization of *Salmonella* isolated from wild birds in fresh produce environments. *Frontiers in Microbiology*, 14. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1272916>
- Tessier, C., Parama Atiana, L., Lagadec, E., Le Minter, G., Denis, M., & Cardinale, E. (2016). Wild fauna as a carrier of *Salmonella* in Reunion Island: Impact on pig farms. *Acta Tropica*, 158, 6–12. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2016.01.027>
- Tsiodras, S., Kelesidis, T., Kelesidis, I., Bauchinger, U., & Falagas, M. E. (2008). Human infections associated with wild birds. *The Journal of Infection*, 56(2), 83–98. <https://doi.org/10.1016/j.jinf.2007.11.001>
- Vogler, B. R., Zurfluh, K., Mattmann, P., Schmitt, K., & Albini, S. (2021). Low occurrence of *Salmonella* spp. In wild birds from a Swiss rehabilitation centre. *Veterinary Record Open*, 8(1), e17. <https://doi.org/10.1002/vro2.17>
- Wallace, J. S., Cheasty, T., & Jones, K. (1997). Isolation of vero cytotoxin-producing *Escherichia coli* O157 from wild birds. *Journal of Applied Microbiology*, 82(3), 399–404. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2672.1997.00378.x>
- Woods, R., Reiss, A., Cox-Witton, K., Grillo, T., & Peters, A. (2019). The importance of wildlife disease monitoring as part of global surveillance for zoonotic diseases: the role

of Australia. *Tropical Medicine and Infectious Disease*, 4(1), 29.
<https://doi.org/10.3390/tropicalmed4010029>

Zhang, T., Nickerson, R., Zhang, W., Peng, X., Shang, Y., Zhou, Y., Luo, Q., Wen, G., & Cheng, Z. (2024). The impacts of animal agriculture on One Health—Bacterial zoonosis, antimicrobial resistance, and beyond. *One Health*, 18, 100748.
<https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2024.100748>

Declaraciones finales

Conflicto de intereses: Los autores declaran que no existe conflicto de interés posible.

Financiamiento: No existió asistencia financiera de partes externas al presente artículo.

Agradecimiento: N/A

Nota editorial: El artículo no es producto de una publicación anterior.