

El papel dual de los insectos como vectores y mitigadores de genes de resistencia antimicrobiana: Una revisión sistemática

Pedro Albert Custodio Gamarra
Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa, Arequipa, Perú

María de los Ángeles Custodio Gamarra
Universidad Nacional Federico Villarreal, Lima, Perú.

Resumen

Existe una creciente preocupación a nivel global por la resistencia a los antimicrobianos (RAM), un fenómeno complejo que amenaza la salud pública y la seguridad alimentaria. El objetivo de esta revisión sistemática fue analizar el doble papel de los insectos, como vectores de diseminación y como agentes mitigadores de genes de resistencia antimicrobiana (ARGs), sintetizando la evidencia científica reciente entre 2015 y 2025 y siguiendo las directrices del análisis PRISMA, de 26 estudios en bases de datos científicas (Scopus, PubMed, SpringerLink). Los resultados demostraron que insectos sinantrópicos son vectores eficientes de ARGs de alta prioridad clínica (como *mcr*, *bla*NDM y *bla*CTX-M), al actuar como puentes entre ambientes contaminados (granjas, hospitales) y humanos. Simultáneamente, se identificó que las larvas de insectos son agentes mitigadores altamente efectivos. A través de la bioconversión de residuos, reducen la abundancia y diversidad de ARGs mediante la remodelación del microbioma, la interrupción de la transferencia genética horizontal y la degradación de antibióticos residuales. En conclusión, los insectos presentan un papel dual en la crisis de la resistencia antimicrobiana: son una amenaza como vectores de propagación, pero también representan una línea de investigación prometedora como potenciales agentes de biorremediación, principalmente a través de procesos de bioconversión de residuos.

Palabras clave: Bacterias, insectos, genes de resistencia antimicrobianos, vectores, bioconversión.

The dual role of insects as vectors and mitigators of antimicrobial resistance genes: a systematic review

Abstract

There is growing global concern about antimicrobial resistance (AMR), a complex phenomenon that threatens public health and food security. The objective of this systematic review was to analyse the dual role of insects as vectors of dissemination and as mitigating agents of antimicrobial resistance genes (ARGs), synthesising recent scientific evidence between 2015 and 2025 and following the PRISMA guidelines, which analysed 26 studies from scientific databases (Scopus, PubMed,

Citación sugerida:

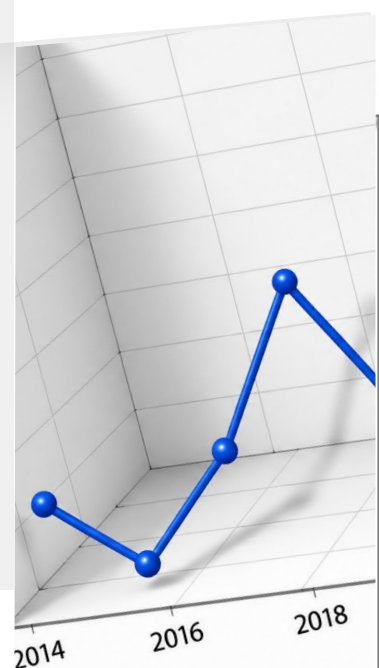
Custodio-Gamarra, P. A. y Custodio-Gamarra, M. A. (2026). El papel dual de los insectos como vectores y mitigadores de genes de resistencia antimicrobiana: Una revisión sistemática. *Revista de Ciencias*, 29(1): e20215350. <https://doi.org/10.25100/rc.v29i1.15350>

Recibido: 21-04-2025

Aceptado: 05-11-2025

ORCID Pedro Albert
Custodio Gamarra
0000-0001-9554-3080

ORCID María de los
Ángeles Custodio Gamarra
0009-0000-6195-886X



SpringerLink). The results demonstrated that synanthropic insects are efficient vectors of ARGs of high clinical priority (such as mcr, blaNDM and blaCTX-M), acting as bridges between contaminated environments (farms, hospitals) and humans. Simultaneously, insect larvae were identified as highly effective mitigating agents. Through the bioconversion of waste, they reduce the abundance and diversity of ARGs by remodelling the microbiome, disrupting horizontal gene transfer and degrading residual antibiotics. In conclusion, insects play a dual role in the antimicrobial resistance crisis: they pose a threat as vectors for dissemination, yet they also represent a promising line of research as potential bioremediation agents, primarily through waste bioconversion processes.

Keywords: Bacteria, insects, antimicrobial resistance genes, vectors, bioconversion.

1. Introducción

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) se ha consolidado como una de las amenazas más graves para la salud pública y la seguridad alimentaria global en el siglo XXI. Se estima que las infecciones causadas por bacterias resistentes son responsables de alrededor de 700.000 muertes anuales en todo el mundo. Cifra que podría ascender a diez millones para el año 2050 si no se implementan intervenciones efectivas^(1,2).

El fundamento molecular de esta crisis radica en la presencia de genes de resistencia antimicrobiana (ARGs), los cuales son diversos e incluyen, entre otros, genes que confieren resistencia a tetraciclinas (tet), sulfonamidas (sul), β -lactámicos (bla), macrólidos (erm), aminoglucósidos (aac), fluoroquinolonas (qnr), colistina (mcr), vancomicina (van) y multifármacos (mdr)⁽¹⁾. Además, la propagación de la RAM no responde a un mecanismo único, sino a un complejo entramado genético en el que las bacterias adquieren resistencia tanto por mutaciones cromosómicas como por la transferencia horizontal de genes (THG) mediada por plásmidos y otros elementos genéticos móviles (MGEs). Esto facilita la rápida dispersión de los ARGs entre diferentes especies bacterianas, incluyendo comensales y patógenos^(3,4).

Bajo el enfoque de Una Salud, que reconoce la interdependencia entre la salud humana, animal y ambiental, se han identificado entornos críticos como las granjas con uso intensivo de antimicrobianos, los hospitales y las plantas de tratamiento de aguas residuales como verdaderos focos de generación y diseminación de ARGs^(2,5). Sin embargo, la abundancia de estos genes no siempre se correlaciona directamente con las concentraciones de antibióticos, ya que factores como la riqueza bacteriana pueden incrementar la diversidad genética disponible para la persistencia y propagación de plásmidos resistentes⁽⁶⁾.

En este contexto, surge un puente crítico, pero aún subestimado, los insectos sinantrópicos (insectos que han adaptado su ciclo de vida para convivir con los seres humanos). Las moscas domésticas (*Musca domestica* – Linnaeus, 1758) y las cucarachas (Blattodea) han sido determinadas como vectores altamente eficientes en la transmisión de bacterias resistentes, tanto por vía mecánica como biológica. Su morfología, caracterizada por patas adhesivas, pelos y exoesqueleto con propiedades electrostáticas, les permite transportar una amplia gama de patógenos, incluyendo *Salmonella enterica*, *Escherichia coli* (Migula, 1895) productora de betalactamasas de espectro extendido (BLEE), *Klebsiella pneumoniae* (Schroeter, 1886) y *Staphylococcus aureus* (Rosenbach, 1884) resistente a meticilina^(7,8). En zonas con sistemas sanitarios deficientes, hasta un 72,5% de las moscas de la suciedad pueden estar colonizadas por *E. coli* productora de BLEE⁽³⁾.

Más allá del transporte externo, su tracto digestivo funciona como un microambiente que favorece la supervivencia bacteriana, la multiplicación y, crucialmente, la THG. Varios experimentos demuestran la conjugación exitosa de plásmidos portadores de genes críticos como

blaCTX-M, blaCMY-2 y tetM dentro del intestino de *M. domestica*, convirtiéndolas en verdaderos biorreactores de RAM ^(2,8,9). También, Tao *et al.* ⁽¹⁰⁾ destacan que los modelos *in vivo*, como los insectos, exhiben frecuencias de transferencia superiores a las observadas *in vitro*, lo que subraya su importancia como reservorios biológicos. Por un lado, la transmisión vertical hacia huevos y larvas garantiza la persistencia de bacterias resistentes a lo largo de todo su ciclo de vida ⁽⁹⁾. Por otro lado, la habilidad de estos insectos para albergar plásmidos de origen marino durante varios días consolida su papel como vectores capaces de conectar ecosistemas acuáticos, urbanos y humanos ⁽¹¹⁾.

Sin embargo, la misma clase Insecta que actúa como vector de RAM también encierra un prometedor arsenal de soluciones. Los insectos han desarrollado un sistema inmune innato altamente sofisticado, centrado en péptidos antimicrobianos (AMPs) como defensinas, cecropinas y dipterocinas. Estas moléculas pequeñas y catiónicas presentan actividad de amplio espectro, desestabilizan membranas microbianas y actúan sobre procesos celulares vitales, lo que dificulta la emergencia de resistencia bacteriana ^(12,13). Se destaca, además, su potente acción contra biopelículas y cepas multirresistentes, incluyendo patógenos ESKAPE (*Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* y especies de *Enterobacter*), lo que convierte a los AMPs en alternativas terapéuticas con alto potencial ⁽¹²⁾. Paralelamente, algunos insectos como la abeja melífera (*Apis mellifera* Linnaeus, 1758) se están utilizando como bioindicadores de la presión ambiental de RAM, dado que portan especies de la familia Enterobacteriaceae resistentes con patrones de origen predominantemente ambiental ⁽¹⁴⁾.

De esta manera, los insectos se perfilan como actores duales en la crisis global de la RAM: por un lado, vectores, amplificadores y reservorios de patógenos resistentes y ARGs. Y por otro, como mitigadores potenciales a través de procesos de bioconversión de residuos que reducen la abundancia y diversidad de ARGs. En este sentido, esta revisión sistemática se propuso analizar la evidencia científica reciente para comprender este doble papel.

2. Métodos

Esta revisión sistemática tuvo como objetivo responder a la pregunta ¿Cuál es el doble papel de los insectos en la crisis de RAM, específicamente como vectores de diseminación de ARGs y como agentes de mitigación? Para ello se siguieron los lineamientos de la declaración PRISMA 2020 ⁽¹⁵⁾.

Se realizó una búsqueda bibliográfica en tres bases de datos: Scopus, PubMed, SpringerLink. La estrategia de búsqueda se diseñó utilizando una combinación de términos clave y operadores booleanos (AND, OR) adaptados a la sintaxis específica de cada base de datos. Los términos principales incluyeron: *resistance genes*, *antimicrobial resistance gene*, *bacteria*, *insect* y su traducción al español. La búsqueda se estructuró combinando ambos conceptos con el operador AND y OR.

- TITLE-ABS-KEY (“resistance genes” OR “antimicrobial resistance gene” AND bacteria AND insect)
- ((“resistance genes”[Title/Abstract] OR “antimicrobial resistance gene”[Title/Abstract]) AND bacteria [Title/Abstract] AND insect [Title/Abstract])

2.1 Criterios de elegibilidad

El período de búsqueda bibliográfica se definió desde enero de 2015 hasta el primero de agosto de 2025. Aplicándose los criterios de elegibilidad detallados en la (tabla 1) para la selección de los estudios y los criterios en formato PICO en la (tabla 2).

Tabla 1. Criterios de elegibilidad según el tipo de estudio, acceso y contenido

Criterios	Inclusión	Exclusión
Tipo de estudio	Artículos de investigación originales o revisiones, indexados y revisados por pares.	Revisiones narrativas, cartas al editor, tesis, noticias y conferencias sin revisión por pares.
Acceso	Se incluyeron artículos de acceso abierto o aquellos a los que se pudo acceder a través de la suscripción institucional.	Artículos que requieran suscripción.
Contenido	Estudios que registren la detección de ARGs en insectos o en un entorno influenciado por ellos.	Estudios donde los insectos son tratados como modelos de infección o que analizaran solo patógenos específicos sin un enfoque en el ARGs.

Tabla 2. Criterios de elegibilidad (PICO)

Componente PICO	Criterios de inclusión	Criterios de exclusión
Población	Insectos (silvestres, sinantrópicos o de granja) o sus microbiomas/entornos inmediatos (intestino, heces, superficie) en los que se estudie ARGs.	Otros artrópodos como foco principal. Insectos utilizados solo como modelo de infección sin evaluar los ARGs
Intervención/ Indicador	Detección, caracterización o cuantificación de ARGs o MGEs en la población de estudio.	Estudios que solo analicen la presencia o ausencia de bacterias específicas sin un enfoque en su perfil de ARGs.
Comparación	Comparación o descripción de la prevalencia/diversidad de ARGs entre especies de insectos o ambientes donde hayan estado. Comparación de la eficacia de insectos frente a cepas de referencia.	Estudios teóricos o de modelización sin validación empírica contra un contexto real.
Contenido	Prevalencia o diversidad de ARGs.	Estudios que no definen claramente los métodos de detección

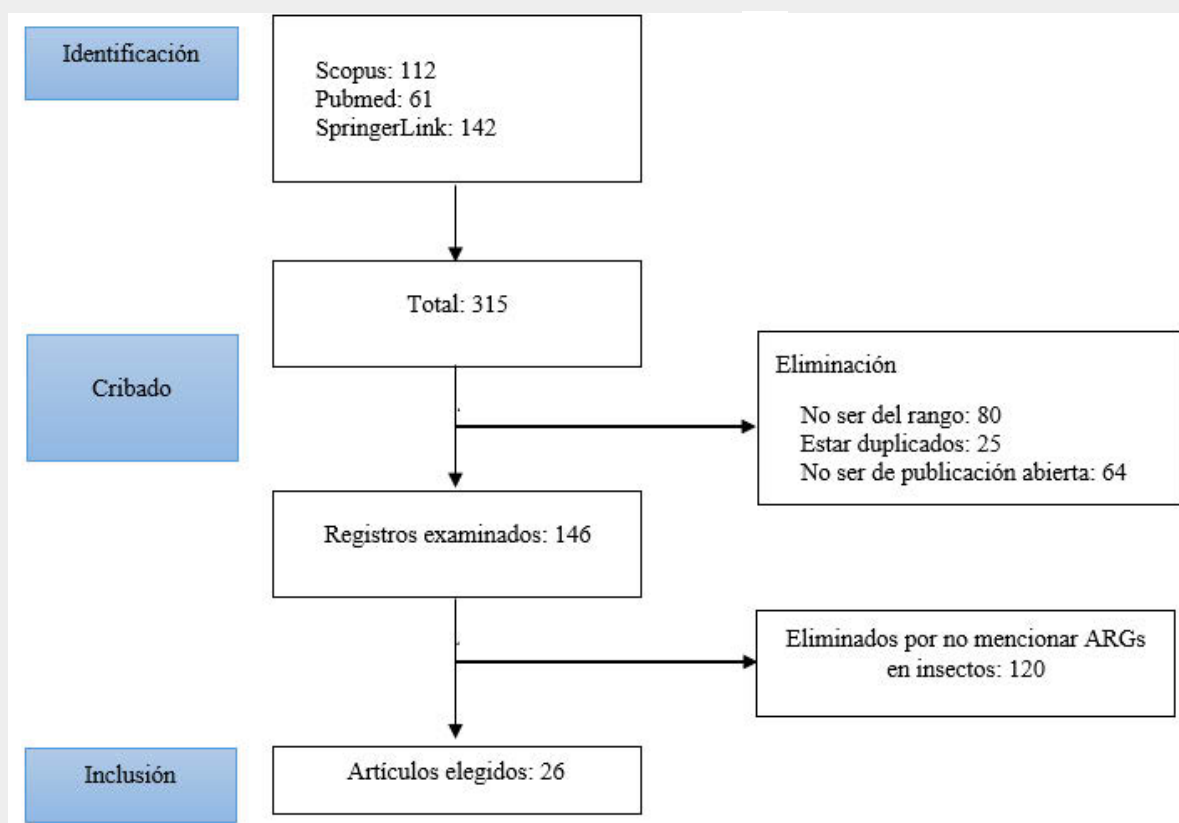
Debido a la heterogeneidad anticipada de los estudios incluidos, no fue factible realizar un meta-análisis cuantitativo de los resultados. Por lo que se optó hacer una presentación narrativa de estos.

2.2 Selección de artículos

La búsqueda inicial arrojó 315 estudios. Descartando 80 por no estar dentro del rango establecido, 25 por estar duplicados y 64 por no ser de publicación abierta. Luego de examinar los 146 restantes a texto completo se reveló que solo 26 estudios cumplían con los criterios antes mencionados (Reporte de ARGs en insectos). El proceso de selección de estudios se detalla en la (figura 1).

Figura 1. Diagrama de flujo PRISMA 2020 que resume el proceso de selección de estudios.

Identificación de estudios a través de base de datos



2.3 Selección de artículos

Para garantizar la robustez de los hallazgos y evaluar el riesgo de sesgo, los 26 artículos seleccionados fueron sometidos a un proceso de evaluación de calidad metodológica de forma independiente por ambos autores. Se empleó una herramienta de evaluación basada en Alfaisal *et al.* ⁽¹⁶⁾. Esta evaluación consistió en una lista de verificación de siete criterios de calidad:

- **C1:** Claridad en el planteamiento de los objetivos.
- **C2:** Pertinencia del diseño para alcanzar las metas del estudio.
- **C3:** Validez técnica de los instrumentos y herramientas aplicadas.
- **C4:** Precisión en la descripción del modelo de investigación.
- **C5:** Rigor en la ejecución de la fase de recolección de datos.
- **C6:** Suficiencia en la descripción del entorno y contexto del estudio.
- **C7:** Consistencia de los hallazgos con la literatura científica previa.

La calidad metodológica de los estudios incluidos se evaluó mediante una escala cuantitativa de tres niveles: 1 punto cuando el criterio se cumplía completamente (Sí), 0,5 puntos para un cumplimiento parcial y 0 puntos cuando la información estaba ausente (No). La puntuación total posible osciló entre 0 y 7 puntos, de modo que una calificación más alta indica un menor riesgo de sesgo y una mayor solidez metodológica. Los 26 estudios seleccionados superaron satisfactoriamente los criterios de evaluación de calidad (tabla 3).

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

Artículo No.	CRITERIOS DE CALIDAD							Total
	C1	C2	C3	C4	C5	C6	C7	
1	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	0,5	1,0	6,5
2	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	7
3	1,0	0,5	0,5	1,0	1,0	1,0	1,0	6
4	1,0	1,0	1,0	0,5	1,0	1,0	1,0	6,5
5	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	0,5	1,0	6,5
6	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	7
7	1,0	1,0	0,5	1,0	1,0	1,0	1,0	7
8	1,0	1,0	1,0	1,0	0,5	1,0	1,0	6,5
9	1,0	1,0	1,0	0,5	1,0	1,0	1,0	6,5
10	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	0,5	1,0	6,5
11	1,0	1,0	0,5	1,0	1,0	1,0	1,0	6,5
12	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	7
13	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	7
14	1,0	1,0	1,0	0,5	1,0	0,5	1,0	6
15	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	7
16	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	7
17	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	7
18	1,0	1,0	0,5	1,0	1,0	1,0	1,0	6,5
19	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	0,5	1,0	6,5
20	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	0,5	6,5
21	1,0	0,5	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	6,5
22	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	7
23	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	0,5	6,5
24	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	7
25	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	0,5	1,0	6,5
26	1,0	0,5	1,0	1,0	1,0	1,0	1,0	6,5

3. Resultados

Se incluyeron 26 artículos, de los cuales 25 fueron originales y uno fue una revisión. Las principales características como autor, año, país de origen, especie de insecto, entre otros se detallan en la (tabla 4).

Tabla 4. Características de los 26 estudios incluidos en la revisión.

Autor/ Año	País donde se realizó el estudio	Especie de insecto	Objetivo	Microbioma analizado	Genes asociados a RAM detectados	Conclusión	Papel
Wang <i>et al.</i> , 2015 ⁽¹⁷⁾	China	<i>Musca domestica</i>	Determinar si las larvas de mosca atenúan ARGs	Residuos de estiércol de las larvas	Sul1, sul2, tetM, tetO, tetQ, tetW qnrS, qnrB	El vermicompostaje, (usando <i>M. domestica</i>) puede reducir la abundancia general de ARG	Mitigador
Zhang <i>et al.</i> , 2017 ⁽¹⁸⁾	China	<i>Musca domestica</i> y <i>Protophormia terraenovae</i> (Robineau-Desvoidy, 1830)	Detectar genes de resistencia móviles contra la colistina	Insecto completo	mcr-1, mcr-2, mcr-3	Las moscas pueden contribuir a la difusión de ARGs	Vector
Milano- nović <i>et al.</i> , 2018 ⁽¹⁹⁾	Italia	<i>Tenebrio molitor</i> - Linnaeus, 1758 y <i>Locusta migratoria migratorioides</i> (Reiche & Fairmaire, 1849)	Detectar genes de resistencia en insectos comestibles	Insecto completo	blaOXA-48, blaNDM-1, bla-VIM	El análisis de la microbiota reveló la presencia de posibles especies patógenas y no patógenas. Además de contener genes de resistencia	Vector
Osimani <i>et al.</i> , 2018 ⁽²⁰⁾	Italia	<i>Tenebrio molitor</i>	Evaluar la distribución de genes de resistencia a antibióticos en larvas del gusano de la harina	Cuerpo de las larvas, su excremento y su alimento (harina de trigo orgánica y alícuotas de zanahorias)	TetM, tetK, tetS, aac-aph y ermB	Se cree que hay una contribución del alimento a la aparición de ARGs	Vector
Onwu- gamba <i>et al.</i> , 2018 ⁽²¹⁾	No se puede determinar	Muscidae, Calliphoridae	Recopilar información sobre el papel de las moscas en la propagación de la resistencia a los antimicrobianos	Revisión sistemática	Mcr-1, blaNDM, tetM, ermB, blaCTX-M-15, blaTEM-, aphA1-positive, stx1	Se destaca el potencial de las moscas para actuar como vectores ARGs. Sin embargo, las larvas pueden atenuar los agentes antimicrobianos	Vector/ Mitigador

Abdolmaleki <i>et al.</i> , 2019 ⁽²²⁾	Irán	<i>Periplaneta americana</i> (Linnaeus, 1758) y <i>Blattella germanica</i>	Investigar la caracterización fenotípica y genotípica de la resistencia a antibióticos en cepas de <i>Staphylococcus aureus</i> resistentes a la meticilina aisladas de cucarachas hospitalarias	Intestino y superficie externa del insecto	BlaZ, aacA-D, tetK, msrA, dfrA, vatB, catI, tetM, grlA, rpoB, vatA, linA y ermA.	Las cucarachas de hospital, especialmente la especie <i>P. americana</i> , actúan como reservorios y vectores mecánicos de bacterias resistentes	Vector
Akter <i>et al.</i> , 2020 ⁽²³⁾	Bangladesh.	<i>Musca domestica</i>	Detectar bacterias resistentes a los antibióticos en moscas y examinar sus genes de resistencia	Superficie externa del insecto	tetB, mcr-3 y mecA	Se encontró <i>S. aureus</i> , <i>Salmonella</i> spp. Y <i>E. coli</i> con genes de resistencia a antibióticos	Vector
Liu <i>et al.</i> , 2020 ⁽²⁴⁾	China	<i>Hermetia illucens</i> (Linnaeus, 1758)	Determinar la capacidad de las larvas de la mosca soldado negra para degradar el antibiótico oxitetraciclina (OTC)	Intestinos de las larvas	107 (incluidos 19 aminoglucósidos, 17 beta-lactamas, 3 cloranfenico, 11 MLSB, 22 multifármaco, 3 sulfonamidas, 19 tetraciclinas, 8 vancomicinas y otros 5 genes de resistencia)	Las larvas de <i>H. illucens</i> altamente efectivas en la degradación de la OTC	Mitigador
Poudel <i>et al.</i> , 2020 ⁽²⁵⁾	Estados Unidos	<i>Musca domestica</i>	Evaluar el papel de las moscas como vectores en la dispersión de comunidades microbianas, comparándolos con los presentes en las heces de animales que conviven en el mismo entorno	Moscas y muestras fecales cercanas de aves, perros y vacas.	No específica, pero se mencionan el número: 120 ARGs	<i>M. domestica</i> podría ser un centinela importante para monitorear la resistencia a los antimicrobianos. Ya que, la similitud de sus microbiotas con los genes de resistencia sugiere que juegan un papel en la epidemiología de la resistencia a los antimicrobianos	Vector
Grispoldi <i>et al.</i> , 2021 ⁽²⁶⁾	No específica.	<i>Acheta domesticus</i> (Linnaeus, 1758)	Analizar la calidad microbiológica de una granja de grillos domésticos a lo largo de cuatro meses	Grillos muertos de cajas de crianza	TetM	Si no se toman las medidas correctas, la contaminación microbiana aumenta con el tiempo de crianza	Vector
Milano- nović <i>et al.</i> , 2021 ⁽²⁷⁾	Italia.	<i>Hermetia illucens</i>	Investigar la presencia de genes de resistencia a los antibióticos en las larvas y los excrementos de la mosca soldado negra criadas con diferentes sustratos	Sustratos de crianza experimentales, larvas y el excremento resultante	Erm (A, B, C), van (A y B), tet (M, O, S, K), mec, blaZ y aac-aph.	El uso de larvas de <i>H. illucens</i> (BSFL por sus siglas en inglés) como fuente de alimento o pienso es prometedor, pero conlleva un riesgo de seguridad en lo que respecta a la resistencia a los antibióticos	Vector

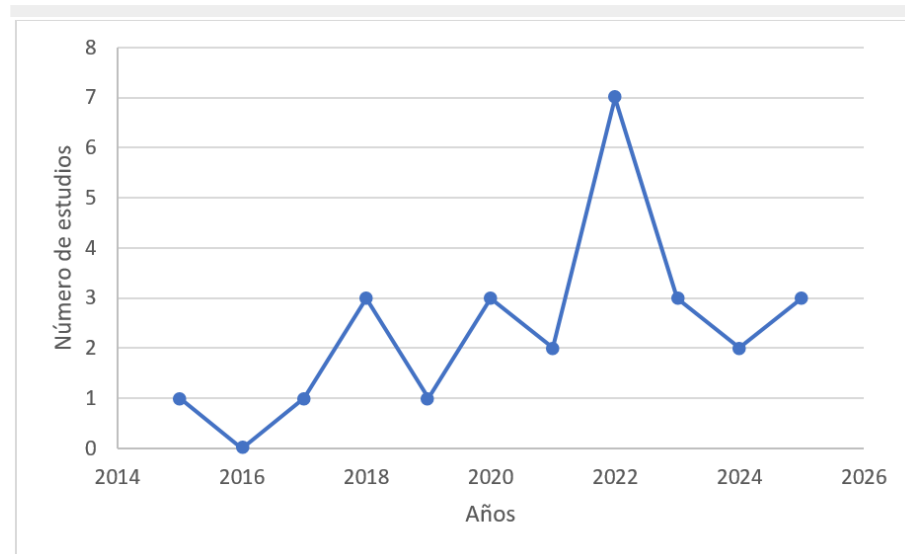
Alarcón <i>et al.</i> , 2022 ⁽²⁸⁾	Perú	<i>Musca domestica</i>	Identificar genes productores de carbapenemasas y el gen del plásmido mcr-1 en bacterias aisladas de moscas	Moscas trituradas previamente desinfectadas	BlaKPC, blaOXA-48 y mcr-1	<i>M. domestica</i> actúa como vectores que transportan genes de resistencia a antibióticos	Vector
Du <i>et al.</i> , 2022 ⁽²⁹⁾	China	<i>Protaetia brevitaris</i> (Lewis, 1879)	Estudiar la interacción entre los microorganismos intestinales y los derivados del estiércol	Estiércol de pollo, intestino medio y posterior de larvas y sus excrementos	Bla CTX-M, bla MOX, bla CMY, bla PER, bla VEB, acrA, acrB, acrR, tolC y rarD	Los compartimentos intestinales de los insectos y su microbioma tienen un papel clave en la mitigación de la dispersión ARGs	Mitigador
Landolsi <i>et al.</i> , 2022 ⁽³⁰⁾	Túnez.	<i>P. americana</i> , <i>B. germanica</i> y <i>B. orientalis</i>	Detectar cepas productoras de BLEE y resistentes a la colistina.	Superficie externa e intestino.	BlaCTX-M-15, blaTEM-117, blaTEM-128 y blaCTX-M-1 y mcr-1	Las cucarachas son una fuente de infecciones nosocomiales y como reservorio de <i>E. coli</i> resistente a la colistina, que es portadora de otros genes de riesgo adicionales, como blaESBL, especialmente en hospitales	Vector
Niu <i>et al.</i> , 2022 ⁽³¹⁾	China	<i>Hermetia illucen</i>	Evaluar el impacto de diferentes densidades de BSFL en la eliminación de los genes de resistencia a antibióticos	Contenido intestinal, estiércol fresco y de biconversión	Mcr-1 y tetX	Ajustar la densidad de BSFL es una estrategia útil para controlar los ARGs durante el proceso de bioconversión del estiércol	Mitigador
Okamoto <i>et al.</i> , 2022 ⁽³²⁾	Japón	No especifica la especie de abeja	Investigar el riesgo potencial de la transmisión de genes de resistencia a macrólidos de <i>Paenibacillus larvae</i> (patógeno bacteriano) a través de la miel	Muestras de miel	ermC y ermB	Se demostró la presencia generalizada de genes de resistencia a macrólidos en la miel japonesa	Vector
Seyfi <i>et al.</i> , 2022 ⁽³³⁾	Irán	<i>Blattella germanica</i>	Identificar los genes que confieren resistencia a los antibióticos carbapenémicos en la bacteria <i>E. coli</i> aisladas de cucarachas alemanas	Intestino de cucarachas	bla NDM y bla OXA-48.	<i>B. germanica</i> contribuye a la propagación de bacterias intestinales y de cepas que son resistentes a múltiples fármacos	Vector

Sun <i>et al.</i> , 2022 ⁽³⁴⁾	China	<i>Apis cerana</i> Fabricius, 1793 y <i>Apis mellifera</i>	Analizar cómo las variables ambientales, estas dos especies de abejas y los plásmidos influyen en el resistoma intestinal de las abejas melíferas	Resistoma intestinal	strA, sul2, sul1, tetB, tetM, tetW, tetA, tetG, fosA, aadA16, bla-TEM-1C, blaC-TX-M-15, ferY, lnuC, ermB, ermT, cat, aph(6)-Id, y blaCTX-M-15	El microbioma intestinal de diferentes abejas hospedadoras melíferas presentó variaciones en su estructura de genes de resistencia a los antibióticos	Vector
Bertelloni <i>et al.</i> , 2023 ⁽³⁵⁾	Italia	<i>Musca domestica</i>	Evaluar la presencia de bacterias patógenas en moscas y determinar su nivel de resistencia a los antibióticos	Sustrato atrayente, la superficie corporal del insecto y el cuerpo completo del insecto	blaTEM-1	<i>M. domestica</i> actúa como vector y diseminador de bacterias patógenas y cepas con resistencia a antibióticos	Vector
Neupane <i>et al.</i> / 2023 ⁽³⁶⁾	Estados Unidos	<i>Musca domestica</i>	Caracterizar comunidades bacterianas de moscas	Cuerpo completo del insecto	tetA, tetB, tetC, tetL, tetM, tetO, fexA y floR.	<i>M. domestica</i> es un reservorio de bacterias resistentes	Vector
Zhao <i>et al.</i> , 2023 ⁽³⁷⁾	China	<i>Hermetia illucens</i>	Investigar la bioconversión de estiércol de pollo utilizando BSFL como una posible estrategia para mitigar estas bacterias resistentes a antibióticos (BRA)	ADN microbiano total de las muestras de estiércol	mexX, msrA, ANT4-Ib y apmA OXA-131, tetW/ N/W, ErmF, tetQ, floR, APH3-IIIa, APH3-Ib, tet39, OXA-22, OXA-10, OXA-131, OXA-85, ChC12, ChL12, ChC28, ChL28, entre otros.	El tratamiento es una estrategia eficaz para mitigar rápidamente las BRA	Mitigador
Bohm <i>et al.</i> , 2024 ⁽³⁸⁾	Nueva Zelanda	<i>Hermetia illucens</i>	Investigar si la bioconversión de biosólidos con BSFL puede reducir la presencia de patógenos y ARGs	Larvas maduras	ermB, intl1, sul1, tetA, tetQ, tetW y blaCTX-M-32	La bioconversión de biosólidos utilizando larvas <i>H. illucens</i> puede reducir significativamente la abundancia de bacterias patógenas y carga de patógenos y (ARGs). Sin embargo, si se alimentan con residuos de alta carga biológica el efecto es inverso	Mitigador
Yang <i>et al.</i> , 2024 ⁽³⁹⁾	China	<i>Musca domestica</i>	Investigar muestras de moscas domésticas de cinco sitios típicos asociados con actividades humanas	Muestras del exterior del insecto	bacA, ArlR, lnuA, crp, mecA, fosB, mphC, aadE, ermB, mdtL, tetM, vatE, tetO, penA, mdFA, bla CTX-M, blaSHV, blaTEM, mecA	Las moscas de la especie <i>M. domestica</i> pueden ser utilizadas como monitores de ARGs ambientales	Vector

Bello <i>et al.</i> , 2025 ⁽⁴⁰⁾	Países bajos	<i>Acheta domesticus</i> y <i>Grylloides sigillatus</i> (Walker, 1869)	Investigar la presencia de ARGs en bacterias patógenas oportunistas aisladas de grillos de granja aparentemente sanos durante su ciclo de producción	Muestras del interior y exterior del cuerpo del insecto.	bla SHV-81, bla SHV-110, bla Z, mec A1, lsaA, fos B1, fos A, blaSHV-70, blaSHV-13, blaSHV-11, blaOXY-2-6, blaACT-16, cat y tet J	Hay presencia de ARGs durante todo el proceso de crianza de grillos	Vector
Carra-maschi <i>et al.</i> , 2025 ⁽⁴¹⁾	Brasil	<i>Musca domestica</i>	Caracterizar y comparar la resistencia a los antimicrobianos y los determinantes de virulencia en cepas del género <i>Klebsiella</i> aisladas de moscas	Insecto y muestras de pacientes enfermos	blaSHV, blaNDM, aac(6')-Ib, Int1, blaCTX-M, acrAB, ompK35, ompK36, mdtK y linA	Una cepa (de 10) aislada de <i>M. domestica</i> fue MDR. La mayoría de las cepas adicionales aisladas de moscas codificaron al menos un gen de resistencia y/o presentaron un fenotipo de resistencia	Vector
Zhao <i>et al.</i> , 2025 ⁽⁴²⁾	China.	<i>Hermetia illucens</i>	Investigar si el fertilizante orgánico hecho de larvas de BSFL podría reducir la transferencia ARGs del suelo al rábano cereza	Campos tratados con fertilizante orgánico de control, fertilizante orgánico de (BSF) y sin fertilizante	sul1, sul2, sul4, smeE, smeD, MexB, tet30, tet42, vanRO, parY, aadE, tet34, vanSB Y blaTEM	El uso de fertilizante orgánico de BSFL es una estrategia eficaz para mitigar la transferencia de ARGs, de elementos genéticos móviles y factores de virulencia	Mitigador

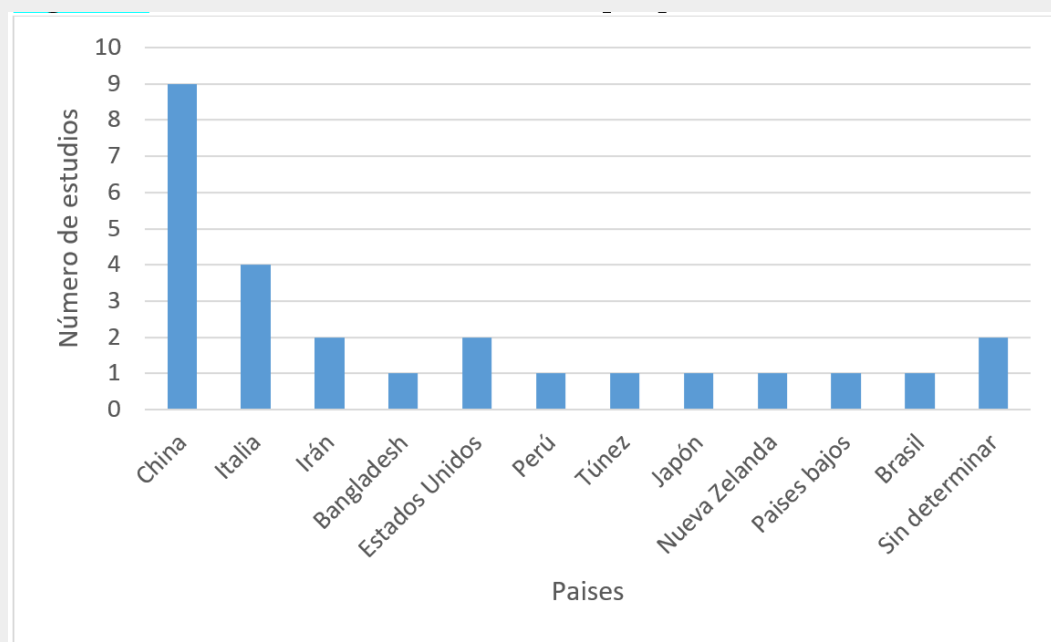
Más allá de las características individuales de los estudios incluidos, resulta relevante analizar su distribución temporal y geográfica para comprender la evolución y el contexto de la investigación en esta área. El pico de estudios se dio en el 2022 con siete estudios (figura 2) y China fue el país donde más investigaciones se hicieron (figura 3).

Figura 2. Progresión de estudios incluidos a lo largo de los años



*Nota: 2025 fue un año incompleto

Figura 3. Número de estudios analizados por país



Con relación al microbioma analizado, el insecto (ya sea parte externa o interna) fue el más analizado. La especie más estudiada fue *M. domestica*, mencionada en nueve estudios. Se identificaron seis estudios donde se investigó el papel mitigador de los insectos y 20 donde se los identificó como vectores (tabla 3).

3.1 Evidencia en *Musca domestica*

Musca domestica es el insecto más documentado como vector de ARGs. Estudios recientes demuestran su capacidad de portar enterobacterias y patógenos resistentes a antibióticos críticos. En Perú, se registro la presencia de *E. coli* con genes blaKPC, blaOXA-48 y mcr-1 en *M. domestica* recolectadas en un vertedero, constituyendo el primer reporte nacional de resistencia plasmídica a colistina en estos insectos⁽²⁸⁾. En entornos agrícolas italianos, se identificaron cepas de *Salmonella* spp. y Enterobacteriaceae resistentes a β -lactámicos y tetraciclinas, incluyendo aislamientos con blaTEM-1 y fenotipos ESBL⁽³⁵⁾.

Estudios en Asia revelaron prevalencias alarmantes de genes móviles de resistencia a colistina. En China, se detectó que entre el 34,1% y 51,1% de moscas eran positivas a mcr-1, mientras que también se reportó la presencia de mcr-2 y mcr-3, confirmando su rol en la expansión global de estos determinantes⁽¹⁸⁾. Resultados similares se observaron en Bangladesh, donde *M. domestica* portaba *S. aureus*, *Salmonella* spp. y *E. coli* multirresistentes, incluyendo genes tetA, tetB, mcr-3 y mecA⁽²³⁾.

En China, se hallaron ARGs contra múltiples fármacos, β -lactámicos y tetraciclinas en su superficie corporal, correlacionándose su abundancia con la densidad poblacional humana y animal⁽³⁹⁾. Del mismo modo, en Estados Unidos se demostró que *M. domestica* de granjas de carne y leche porta genes como tetA, tetB, tetC, tetL, tetM, tetO y floR, con variaciones según tipo de explotación⁽³⁶⁾.

Una revisión sistemática subraya que las moscas transportan bacterias productoras de carbapenemasas, ESBL y resistentes a colistina (mcr-1), amplificando el riesgo de transmisión de ARGs clínicamente relevantes⁽²¹⁾.

En Brasil, *M. domestica* capturadas cerca de hospitales portaban cepas de *K. pneumoniae* resistentes a carbapenémicos, con genes asociados como blaSHV, blaNDM, blaCTX-M, acrAB y ompK35, destacando que incluso los aislados de moscas formaban biopelículas más robustas que cepas clínicas ⁽⁴¹⁾. Asimismo, estudios comparativos confirman que las moscas albergan comunidades bacterianas con hasta 216 ARGs y MGEs, de los cuales 198 coinciden con los presentes en heces animales, demostrando su papel como centinelas de resistencia ambiental ⁽²⁵⁾.

3.2 Evidencia en cucarachas hospitalarias

Blattella germanica también representan un vector crítico dentro de entornos hospitalarios. En Irán, se reportaron cepas de *E. coli* portadoras de blaNDM y blaOXA-48 en *B. germanica* recolectadas en UCI, confirmando su papel en la transmisión de Enterobacterales multirresistentes ⁽³³⁾. En Túnez, se aislaron *E. coli* y *K. pneumoniae* con genes blaCTX-M, blaTEM y mcr-1, hallándose además coincidencias genotípicas con aislamientos clínicos humanos ⁽³⁰⁾.

Estudios más antiguos ya evidenciaban la magnitud de este riesgo: en Irán, más del 50% de cucarachas de hospitales portaban *S. aureus* resistentes, con genes como blaZ, aacA-D, tetK, msrA, dfrA, ermA y tetM ⁽²²⁾.

3.3 Otros insectos vectores

Los insectos comestibles también albergan resistomas relevantes. En Europa y Asia, se detectaron genes de carbapenemasas (blaNDM-1, blaOXA-48 y blaVIM) en *T. molitor* y *L. migratoria*, con prevalencias de hasta 57% en saltamontes ⁽¹⁹⁾. En un estudio posterior, se demostró que *H. illucens* criada en sustratos experimentales acumula ARGs en sus excrementos, incluyendo tetM, tetS, ermB y mecA, lo que plantea problemas de bioseguridad en su reutilización agrícola ⁽²⁷⁾.

El grillo doméstico (*Acheta domesticus*) también ha sido identificado como reservorio. En Italia, se detectó la presencia de tetM en poblaciones de cría, sugiriendo que los sistemas de producción de insectos requieren protocolos de bioseguridad comparables a los de animales convencionales ^(20,26). Más recientemente, un estudio con grillos domésticos y grillos bandeados identificó genes como blaOXY2-6, blaACT-16, blaSHV, blaZ, mecA, fosA y tetJ, junto con MGEs asociados a plásmidos IncF y Col3M, confirmando el riesgo microbiológico en la producción de insectos para consumo ⁽⁴⁰⁾.

En abejas, la microbiota intestinal constituye un ecosistema clave en la diseminación de ARGs. En China, se encontró que *A. mellifera* alberga mayor abundancia de ARGs que *A. cerana*. Además, se confirmó que plásmidos IncQ presentes en simbiosis intestinales pueden transferirse por conjugación, demostrando la capacidad de las abejas para vehicular ARGs ⁽³⁴⁾.

En Japón, se encontró que la miel contiene ARGs macrólidos como ermC y ermB, coexistiendo con *Paenibacillus larvae*, agente causal de la loque americana, lo que sugiere un riesgo de aparición de cepas resistentes a tilosina ⁽³²⁾.

3.5 Insectos como mitigadores de genes de resistencia antimicrobiana

Más allá de su papel como vectores, algunas especies de insectos (*H. illucens*, *P. brevitarsis*, *M. domestica*), particularmente en sus etapas larvarias, emergen como

agentes mitigadores altamente eficaces de la contaminación por ARGs y antibióticos en residuos orgánicos.

El análisis de los estudios incluidos ^(17, 24,29,31,37,38,42) demuestra que el paso de sustratos como estiércol porcino, avícola y biosólidos a través del tracto digestivo de larvas de insectos resulta en una reducción significativa y consistente en la abundancia y diversidad de ARGs.

La evidencia demuestra que el paso de los residuos a través del tracto digestivo de ciertas larvas de insecto induce una profunda remodelación de la comunidad microbiana y una significativa atenuación de los ARGs. En este contexto, Wang *et al.* ⁽¹⁷⁾ demostraron este efecto a escala real. Su estudio mostró que el vermicompostaje con larvas de *M. domestica* redujo significativamente ($P < 0,05$) las abundancias de genes de resistencia a tetraciclina (*tetM*, *tetO*, *tetQ*, *tetW*) en estiércol porcino después de 6 días de tratamiento, correlacionándose esta reducción con la disminución de las concentraciones de tetraciclinas en el sustrato.

Este hallazgo ha sido corroborado y amplificado en investigaciones con la mosca soldado negra. Liu *et al.* ⁽²⁴⁾ investigaron la capacidad de las BSFL para degradar OTC en residuos. Sus resultados fueron contundentes: las larvas degradaron entre el 69,3% y el 82,7% del antibiótico presente, una eficiencia muy superior al 19,3-22,2% alcanzado por degradación natural sin insectos. Aunque el intestino larvario albergaba una gran diversidad de ARGs (especialmente contra tetraciclinas) y MGEs, el proceso general resultó en una eliminación neta del contaminante, demostrando el potencial de las BSFL para la biorremediación. Otro estudio confirmó una reducción en la abundancia de ARGs (<99%) investigados (*ermB*, *sul1*, *tetA*, *blaCTX-M-32*, entre otros). Si bien se observó que una carga biológica inicial muy alta puede llevar a una acumulación residual en las larvas, la bioconversión logró disminuir drásticamente la diversidad microbiana patógena en el producto final ⁽³⁸⁾.

El beneficio último de esta bioconversión se materializa en la producción de un biofertilizante más seguro. Zhao *et al.* ⁽⁴²⁾ evaluaron el riesgo de transferencia de ARGs del suelo a cultivos (rábano) utilizando fertilizante derivado de BSFL (BOF) en comparación con fertilizante orgánico convencional. El estudio metagenómico reveló que el BOF redujo la riqueza y abundancia de ARGs en un 27,6% en el rábano, suprimió 13 subtipos de ARG y disminuyó la abundancia de MGEs y factores de virulencia en un 32,8% y 29,1%, respectivamente.

Este efecto de atenuación es consistente y cuantificable. Zhao *et al.* ⁽³⁷⁾, en un análisis centrado en el estiércol de pollo, demostraron que el tratamiento con BSFL redujo la abundancia relativa de bacterias resistentes a los antibióticos en un 34,9% en comparación con el estiércol inicial. Específicamente, se observaron disminuciones en bacterias resistentes a múltiples fármacos (64,6%), vancomicina (90,3%), tetraciclina (34,8%) y MLSB (41,7%). El estudio identificó una reducción notable en patógenos clínicamente relevantes como *E. coli*, *S. aureus* y *Atopostipes suicloacalis*, confirmando la eficacia de las BSFL para mitigar rápidamente los ARGs en residuos ganaderos.

Los mecanismos detrás de esta mitigación son multifacéticos, e involucran la acción combinada de la fisiología del insecto y su microbioma intestinal. Du *et al.* ⁽²⁹⁾, estudiando al Scarabaeidae *P. brevitarsis*, descubrieron que la diversidad de ARGs era significativamente menor en el intestino posterior y en los excrementos de las larvas que en el estiércol de pollo crudo inicial. Aproximadamente, el 80% de los genes relacionados con la patogenicidad y 30 ARGs de alto riesgo para la salud (como *blaCTX-M* y genes de resistencia multidroga) fueron eliminados durante el proceso. El análisis de red identificó a Bacteroidota y Bacillota como filos bacterianos clave asociados con la reducción de ARGs, destacando el papel crucial del microbioma intestinal del insecto como un «cuello de botella» que filtra y atenúa los determinantes de resistencia.

La eficacia de este proceso puede optimizarse, mediante el manejo de los parámetros de cría. Niu *et al.* ⁽³¹⁾ demostraron que la densidad larval es un factor crítico. Encontraron que una densidad de 100 larvas de BSFL por 100 g de estiércol era la más efectiva para reducir la abundancia del gen *mcr*, sin provocar una acumulación excesiva del gen *tetX* en el intestino de las larvas.

El análisis de los estudios permite sintetizar un modelo de acción múltiple, en el que la mitigación de la resistencia a antibióticos durante la bioconversión larval opera a través de tres mecanismos principales sinérgicos:

- Remodelación de la microbiota: El proceso digestivo larval de ciertas especies reduce la diversidad bacteriana general y enriquece taxones específicos no asociados a la resistencia (Flavobacteriaceae), mientras suprime filos portadores de ARGs como *Pseudomonadota* ^(17, 29).
- Interrupción de la transferencia genética: La atenuación simultánea de MGEs como integrones y transposasas dentro del intestino larval reduce drásticamente el potencial de THG, minimizando el riesgo de recombinación y diseminación de ARGs entre bacterias ^(24, 29).
- Degradación de antibióticos: Se ha documentado que las larvas de *H. illucens* degradan activamente antibióticos como la oxitetraciclina (hasta en un 82,7%), eliminando así la presión selectiva que mantiene y enriquece los ARGs en el sustrato ⁽²⁴⁾.

En conjunto, estos hallazgos, derivados de estudios en condiciones controladas, posicionan a la bioconversión por larvas de insecto no solo como una estrategia de gestión de residuos, sino como una prometedora plataforma de biorremediación con un potencial biotecnológico aún por explorar a mayor escala. Un aspecto clave de este potencial reside en su eficiencia temporal. Como señalan Wang *et al.* ⁽¹⁷⁾, mientras que el compostaje tradicional requiere meses para atenuar ARGs, el vermicompostaje con larvas logra reducciones significativas en cuestión de días. Lo que, en el contexto de los millones de toneladas de estiércol producidos anualmente, se traduce en una capacidad de procesamiento drásticamente superior. Este beneficio operativo se complementa con la posibilidad de optimización industrial mediante el manejo de parámetros de cría. El estudio de Niu *et al.* ⁽³¹⁾ ejemplifica cómo un factor aparentemente simple, como la densidad larval, puede ser ajustado para maximizar la eliminación de ARGs ofreciendo a la industria una herramienta de gestión de riesgos de bioseguridad sencilla, económica e inmediatamente aplicable.

4. Discusión

Los insectos ocupan una posición paradójica en la epidemiología de la RAM. Su ecología trófica y su estrecho contacto con actividades humanas y animales los convierten en centinelas, vectores y, potencialmente, en herramientas de remediación. Especies sinantrópicas como *M. domestica* y *P. americana*, e incluso insectos comestibles, han demostrado portar y amplificar ARGs de relevancia clínica, incluyendo genes de resistencia a colistina, carbapenémicos y betalactámicos de espectro extendido. Por otro lado, en su etapa larvaria, algunas de estas mismas especies participan en procesos de bioconversión de residuos orgánicos que resultan en una significativa reducción de la abundancia y diversidad de ARGs, la supresión de MGEs y la degradación de antibióticos residuales. Esta capacidad dual posiciona a los insectos tanto como una amenaza para la salud pública (por su papel en la propagación de resistencia) y a la vez como una solución prometedora. Lo que refuerza la necesidad imperante de abordar este problema bajo el enfoque integral de Una Salud ^(2,5,7).

Los resultados de esta revisión concuerdan con Gwenzi *et al.* ⁽⁷⁾ y Shahanaz *et al.* ⁽⁴⁾, quienes enfatizan que la RAM constituye una de las mayores amenazas para la salud pública global y subrayan el papel de los insectos como reservorios y vectores de patógenos resistentes. En este sentido, RAM no reconoce fronteras entre humanos, animales y el medio ambiente ^(3,10). En esta misma línea, los resultados también concuerdan con la evidencia aportada por Landolsi *et al.* ⁽³⁰⁾ y Seyfi *et al.* ⁽³³⁾, quienes hallaron aislamientos genéticamente coincidentes entre cucarachas hospitalarias y pacientes. Estos resultados indican que los insectos son importantes en esta cadena de transmisión, especialmente en contextos con deficiencias sanitarias.

La detección de enterobacterias resistentes a antibióticos concuerda con lo observado por Yin *et al.* ⁽⁸⁾, quienes reportan que estos insectos pueden transportar internamente patógenos como *S. enterica* y *E. coli*, permitiendo no solo su transporte, sino también su proliferación dentro del tracto digestivo. Shahanaz *et al.* ⁽⁴⁾ también abordan este punto al señalar que la detección de ARGs en elementos móviles puede indicar su transmisión tanto horizontal como vertical, consolidando la noción de que los insectos actúan como vectores biológicos, no únicamente mecánicos. Complementariamente, el estudio de Fukuda *et al.* ⁽⁹⁾ proporciona un fundamento crucial para este rol, al demostrar que *E. coli* resistente ingerida por *M. domestica* no solo persiste a lo largo de su ciclo de vida, sino que puede transmitirse a pollos, confirmando que los insectos son reservorios a largo plazo que facilitan la circulación de RAM en entornos agropecuarios. Estos estudios corroboran los hallazgos de transmisión a humanos y animales reportados en la presente revisión.

Los artículos analizados también apoyan la propuesta de utilizar insectos como centinelas de la RAM. Nawata *et al.* ⁽¹¹⁾ y Yin *et al.* ⁽⁸⁾ defienden esta posibilidad basados en estudios metagenómicos que muestran correlación entre los ARGs presentes en moscas y su entorno, argumentando que estos insectos son vectores de vigilancia útiles al reflejar el resistoma ambiental, convivir estrechamente con humanos y ser de fácil y económica recolección. Gwenzi *et al.* ⁽⁷⁾ apoyan también esta perspectiva, sugiriendo que los insectos podrían actuar como centinelas o bioindicadores de RAM en diferentes entornos.

Además, la amplia gama de ARGs encontrados en insectos (desde β -lactamasas hasta genes de resistencia a colistina) refleja fielmente la lista de máxima prioridad de ARGs identificada por Koutsoumanis *et al.* ⁽⁵⁾, que incluye blaCTX-M, blaVIM, blaNDM, blaOXA y mcr. Esta revisión, que documenta la presencia de estos mismos genes en moscas y cucarachas, refuerza la idea de que los insectos son espejos eficaces de la contaminación por RAM en sus ambientes, actuando como centinelas de la presión antibiótica ambiental.

El segundo hallazgo principal de esta revisión, el papel de las larvas de insecto en la mitigación de ARGs, refuerza una perspectiva dual: los insectos no son solo parte del problema de la RAM, sino que albergan un potencial aún incipiente como herramienta dentro de estrategias de biorremediación. Este aspecto complementa el panorama de Una Sola Salud propuesto por diversos autores al ofrecer una solución innovadora para cortar el ciclo de la RAM en su fuente ambiental. No obstante, conviene subrayar que la evidencia disponible proviene mayoritariamente de ensayos controlados.

La viabilidad de este proceso de mitigación encuentra un sólido marco teórico en la bibliografía. Jian *et al.* ⁽¹⁾ señalan que los ARGs extracelulares (eARGs) adsorbidos a partículas en matrices como el estiércol persisten durante largo tiempo, subrayando así la necesidad crítica de métodos de remediación efectivos, donde la bioconversión por insectos emerge como una solución prometedora. Un principio ecológico clave que sustenta esta solución es planteado por Debroas ⁽⁶⁾, quien sugiere que la abundancia de ARGs en un ambiente está más correlacionada con la riqueza bacteriana que con la concentración de antibióticos. Esto explica la doble capacidad de los insectos: su tracto digestivo, al ser un ambiente de alta densidad microbiana, puede actuar como vector, pero también

puede funcionar como un potente filtro biológico que reduce drásticamente la diversidad bacteriana general ⁽¹⁶⁾. Eliminando así muchos hospedadores potenciales de ARGs y suprimiendo el sustrato necesario para su persistencia.

Los mecanismos de mitigación identificados en la revisión, remodelación de la microbiota, interrupción de la THG y degradación de antibióticos, proporcionan la base mecánica para este proceso. La drástica remodelación del microbioma, donde se suprimen portadores de ARGs, puede ser impulsada por los AMPs que poseen insectos como *H. illucens* y *Calliphora vicina* ^(12,13). Estos AMPs, con actividad antibiofilm, desestructuran comunidades bacterianas y hacen del tracto digestivo larval un “cuello de botella” ecológico y bioquímico ⁽²⁹⁾. Estos hallazgos concuerdan con la descripción de Yin *et al.* ⁽⁸⁾ del intestino de las moscas como un ambiente hostil. Además, la degradación activa de antibióticos como la oxitetraciclina por parte de *H. illucens* ⁽²⁴⁾ aborda directamente el principal motor de selección señalado por Olaru *et al.* ⁽³⁾: la presión selectiva antibiótica.

Para futuras investigaciones, como bien señalan Gwenzi *et al.* ⁽⁷⁾, se requiere superar la evidencia inferencial y avanzar hacia evaluaciones cuantitativas de riesgo microbiano para precisar el riesgo real de transmisión. Esto requiere aplicar modelos de dispersión de vectores y análisis de transferencia horizontal de genes. Simultáneamente, es crucial optimizar los procesos de bioconversión para maximizar la mitigación de ARGs mientras se garantiza la bioseguridad de los subproductos. Además, se recomienda estudiar un insecto en sus diferentes estadios para ver si realmente una sola especie puede cumplir ambas funciones (mitigador y portador). El estudio de los insectos en el contexto de la RAM debe, por lo tanto, abordarse desde esta doble perspectiva: comprendiendo su papel en la crisis y aprovechando su potencial intrínseco para contribuir a la solución.

Limitaciones

La presente revisión tiene limitaciones. En primer lugar, existe una alta heterogeneidad entre los estudios incluidos, la cual se manifiesta en la diversidad de especies de insectos analizadas, los distintos tipos de matrices biológicas (heces, tracto digestivo). Además de la variabilidad de los métodos empleados para la detección y análisis de genes de resistencia. Esta heterogeneidad, limita la comparabilidad directa de los resultados entre estudios y, como consecuencia, impidió la realización de un meta-análisis cuantitativo, optándose por una síntesis narrativa.

Otra restricción está en el acceso a la literatura, al incluir únicamente artículos de acceso abierto o disponibles mediante suscripción institucional, pudo generar un sesgo de selección al omitir investigaciones relevantes publicadas en revistas con suscripción. Asimismo, la estrategia de búsqueda, aunque exhaustiva, podría no haber capturado todos los estudios pertinentes al estar sujeta a la sintaxis específica de cada base de datos y a los términos clave seleccionados. Los criterios de elegibilidad, particularmente la exclusión de estudios que no definen claramente los métodos de detección de genes de resistencia, si bien garantizan rigor, pueden haber limitado el corpus final de evidencia disponible para el análisis. Todos los estudios cumplieron satisfactoriamente con los criterios de calidad, lo que fortalece la confianza en la síntesis narrativa. No obstante, es importante reconocer que, a pesar de este riguroso proceso y de la evaluación independiente, cualquier herramienta de evaluación implica un cierto grado de subjetividad por parte de los revisores. Finalmente, gran parte de la evidencia sobre estrategias de mitigación o potencial biotecnológico proviene de estudios experimentales realizados en condiciones controladas de laboratorio. Si bien estos hallazgos son prometedores y fundamentales para generar hipótesis, su aplicabilidad en escenarios reales puede estar limitada.

En conclusión, la relación de los insectos con la RAM es ambivalente. Si bien funcionan como vehículos de propagación de genes de resistencia debido a su movilidad, paradójicamente, su fase larvaria se posiciona como una posible herramienta de biorremediación capaz de mitigar esta misma amenaza.

Agradecimientos

Agradecemos a la comunidad científica en general y, en particular, a todos los investigadores y académicos cuyas valiosas contribuciones sentaron las bases del conocimiento actual.

Referencias

1. Jian Z, Zeng L, Xu T, Sun S, Yan S, Yang L, *et al.* Antibiotic resistance genes in bacteria: Occurrence, spread, and control. *J. Basic Microbiol.* 2021 Oct 14; 61(12): 1049-1070. Disponible en: <https://doi.org/10.1002/jobm.202100201>
2. Usui M, Tamura Y, Asai T. Current status and future perspective of antimicrobial-resistant bacteria and resistance genes in animal-breeding environments. *J. Vet. Med. Sci.* 2022; 84(9): 1292-1298. Disponible en: <https://doi.org/10.1292/jvms.22-0253>
3. Olaru I, Walther B, Schaumburg F. Zoonotic sources and the spread of antimicrobial resistance from the perspective of low and middle-income countries. *Infect. Dis. Poverty.* 2023 Jun 14; 12(59). Disponible en: <https://doi.org/10.1186/s40249-023-01113-z>.
4. Shahanaz E, Zwally K, Powers C, Lyons B, Kaufman P, Athrey G, *et al.* Flies as Vectors of Foodborne Pathogens Through Food Animal Production: Factors Affecting Pathogen and Antimicrobial Resistance Transmission. *J. Food Prot.* 2025 Jun 23; 88(7): 100537. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.jfp.2025.100537>
5. Koutsoumanis K, Allende A, Álvarez A, Bolton D, Bover S, Chemaly M, *et al.* Role played by the environment in the emergence and spread of antimicrobial resistance (AMR) through the food chain. *Eur. Food Saf. Authority J.* 2021 Jun 17; 19(6): e06651. Disponible en: <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2021.6651>
6. Debroas D. Global analysis of the metaplasmidome: ecological drivers and spread of antibiotic resistance genes across ecosystems. *Microbiome.* 2025 Mar 19; 13(1): 77. Disponible en: <https://doi.org/10.1186/s40168-025-02062-5>
7. Gwenzi W, Chaukura N, Muisa N, Teta C, Musvuugwa T, Rzymiski P, *et al.* Insects, Rodents, and Pets as Reservoirs, Vectors, and Sentinels of Antimicrobial Resistance. *Antibiotics.* 2021 Ene 11; 10(1): 68. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/antibiotics10010068>
8. Yin J-H, Kelly PJ, Wang C. Flies as Vectors and Potential Sentinels for Bacterial Pathogens and Antimicrobial Resistance: A Review. *Vet. Sci.* 2022 Jun 15; 9(6): 300. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/vetsci9060300>
9. Fukuda A, Usui M, Okamura M, Dong H, Tamura Y. Role of Flies in the Maintenance of Antimicrobial Resistance in Farm Environments. *Microb. Drug Resist.* 2019Ene/Feb; 25(1): 127-132. Disponible en: <https://doi.org/10.1089/mdr.2017.0371>

10. Tao S, Chen H, Li N, Wang T, Liang W. The Spread of Antibiotic Resistance Genes In Vivo Model. *Can. J. Infect. Dis. Med. Microbiol.* 2022 Jul 18; 2022(1): 3348695. Disponible en: <https://doi.org/10.1155/2022/3348695>
11. Nawata K, Kadoya A, Suzuki S. Persistence of Marine Bacterial Plasmid in the House Fly (*Musca domestica*): Marine-Derived Antimicrobial Resistance Genes Have a Chance of Invading the Human Environment. *Microb. Ecol.* 2024 Ene 8; 87(1): 30. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s00248-023-02341-4>
12. Manniello M, Morita A, Salvia R, Scieuzo R, Lucchetti D, Vogel H, *et al.* Insect antimicrobial peptides: potential weapons to counteract the antibiotic resistance. *Cell. Mol. Life Sci.* 2021 Feb 17; 78(1): 4259-4281. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s00018-021-03784-z>
13. Moretta A, Salvia R, Scieuzo C, Somma A, Vogel H, Pucci, P, *et al.* A bioinformatic study of antimicrobial peptides identified in the Black Soldier Fly (BSF) *Hermetia illucens* (Diptera: Stratiomyidae). *Sci Rep.* 2020 Oct 9; 10(1): 16875. Disponible en: <https://doi.org/10.1038/s41598-020-74017-9>
14. Piva S, Giacometti F, Marti E, Massella E, Cabbri R, Galuppi R, *et al.* Could honey bees signal the spread of antimicrobial resistance in the environment?. *Lett. Appl. Microbiol.* 2020 May; 70(5): 349-355. Disponible en: <https://doi.org/10.1111/lam.13288>
15. Page M, McKenzie J, Bossuyt P, Boutron I, Hoffmann T, Mulrow C, *et al.* Declaración PRISMA 2020: una guía actualizada para la publicación de revisiones sistemáticas. *Rev. Esp. Cardiol.* 2021 Sep; 74(9): 79-799. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.recesp.2021.06.016>
16. Alfaisal, R., Hashim, H. Azizan, U. Metaverse system adoption in education: A systematic literature review. *J Comput Educ*, 2024 Dic 24; 11: 259–303. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s40692-022-00256-6>
17. Wang H, Li H, Gilbert JA, Li H, Wu L, Liu M, *et al.* Housefly Larva Vermicomposting Efficiently Attenuates Antibiotic Resistance Genes in Swine Manure, with Concomitant Bacterial Population Changes. *Appl. Environ. Microbiol.* 2015 Nov; 81(22): 7668–7679. Disponible en: <https://doi.org/10.1128/aem.01367-15>
18. Zhang J, Wang J, Chen L, Yassin AK, Kelly P, Butaye P, *et al.* Housefly (*Musca domestica*) and Blow Fly (*Protophormia terraenovae*) as Vectors of Bacteria Carrying Colistin Resistance Genes. *Appl. Environ. Microbiol.* 2018 Dic 15; 84(1): e01736-17. Disponible en: <https://doi.org/10.1128/AEM.01736-17>
19. Milanović V, Osimani A, Roncolini A, Garofalo C, Aquilanti L, Pasquini M, *et al.* Investigation of the Dominant Microbiota in Ready-to-Eat Grasshoppers and Mealworms and Quantification of Carbapenem Resistance Genes by qPCR. *Front. Microbiol.* 2018 Dic 16; 9(1): 3036. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.03036>
20. Osimani A, Milanović V, Cardinali F, Garofalo C, Clementi F, Ruschioni S, *et al.* Distribution of Transferable Antibiotic Resistance Genes in Laboratory-Reared Edible Mealworms (*Tenebrio molitor* L.). *Front. Microbiol.* 2018 Nov 18; 9(1): 2702. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fmicb.2018.02702>

21. Onwugamba F, Fitzgerald J, Rochon K, Guardabassi L, Alabi A, Kühne S, *et al.* The role of 'filth flies' in the spread of antimicrobial resistance. *Travel Med. Infect. Dis.* 2018 May/Abr; 22(1): 8–17. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.tmaid.2018.02.007>
22. Abdolmaleki Z, Mashak Z, Safarpour F. Phenotypic and genotypic characterization of antibiotic resistance in the methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains isolated from hospital cockroaches. *Antimicrob. Resist. Infect. Control.* 2019 Mar 13; 8(1): 54. Disponible en: <https://doi.org/10.1186/s13756-019-0505-7>
23. Akter S, Momen A, Farzana Z, Kafi A, Rahman T, Saha S. Detection of antibiotic-resistant bacteria and their resistance genes from houseflies. *Vet. World.* 2020 Feb; 13(2): 266-274. Disponible en: <https://doi.org/10.14202/vetworld.2020.266-274>
24. Liu C, Yao H, Chapman S, Su J, Wang C. Changes in gut bacterial communities and the incidence of antibiotic resistance genes during degradation of antibiotics by black soldier fly larvae. *Environ. Int.* 2020 Sep; 142(1): 105834. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.envint.2020.105834>
25. Poudel A, Kang Y, Mandal R, Kalalah A, Butaye P, Hathcock T, *et al.* Comparison of microbiota, antimicrobial resistance genes and mobile genetic elements in flies and the feces of sympatric animals. *FEMS Microbiol. Ecol.* 2020 Abr 1; 96(4): fiae027. Disponible en: <https://doi.org/10.1093/femsec/fiae027>
26. Grispoli L, Karama M, El-Ashram S, Saraiva C, García J, Chalias A, *et al.* Hygienic Characteristics and Detection of Antibiotic Resistance Genes in Crickets (*Acheta domesticus*) Breed for Flour Production. *Microbiol. Res.* 2021 Jun 14; 12(2): 503-512. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/microbiolres12020034>
27. Milanović V, Roncolini A, Cardinali F, Garofalo C, Aquilanti L, Riolo P, *et al.* Occurrence of antibiotic resistance genes in hermetia illucens larvae fed coffee silverskin enriched with schizochytrium limacinum or isochrysis galbana microalgae. *Genes.* 2021 Ene 31; 12(2): 213. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/genes12020213>
28. Alarcón M, Osorio V, Salas R, Yareta J, Marcos P, Rodrigo M. Carbapenems and colistin resistance genes isolated in *Musca domestica* from a garbage dump near a hospital in Lima. *Rev. Peru. Med. Exp. Salud Publica.* 2024; 41(2): 164–170. Disponible en: <https://doi.org/10.17843/rpmesp.2024.412.13257>
29. Du S, Zhang Y, Shen JP, Hu H, Zhang J, Shu C, *et al.* Alteration of Manure Antibiotic Resistance Genes via Soil Fauna Is Associated with the Intestinal Microbiome. *mSystems.* 2022 Ago 8; 7(4): e0052922. Disponible en: <https://doi.org/10.1128/msystems.00529-22>
30. Landolsi S, Selmi R, Hadjadj L, Ben Haj Yahia A, Ben Romdhane K, Messadi L, *et al.* First Report of Extended-Spectrum β -Lactamase (blaCTX-M1) and Colistin Resistance Gene mcr-1 in *E. coli* of Lineage ST648 from Cockroaches in Tunisia. *Microbiol. Spectr.* 2022 Mar 1; 10(2): e0003621. Disponible en: <https://doi.org/10.1128/spectrum.00036-21>
31. Niu S, Liu S, Deng W, Wu R, Cai Y, Liao X, *et al.* A sustainable and economic strategy to reduce risk antibiotic resistance genes during poultry manure bioconversion by black soldier fly *Hermetia illucens* larvae: Larval density adjustment. *Ecotoxicol. Environ. Saf.* 2022 Mar 1; 232(1): 113294. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2022.113294>

32. Okamoto M, Furuya H, Sugimoto I, Takamatsu D. Detection of macrolide resistance genes, *ermC* and *ermB*, in Japanese honey using real-time PCR assays. *J. Vet. Med. Sci.* 2022 Nov 1; 84(11): 1453–1456. Disponible en: <https://doi.org/10.1292/jvms.22-0307>
33. Seyfi B, Hossainpour H, Kooti S, Jalilian F. Identification of Carbapenem Resistance Genes in *Escherichia coli* Isolated from *Blattella germanica* by Dot Blot Assay in Hamadan Hospitals, Iran – 2018. *Iran. J. Med. Microbiol.* 2022 Jul/Ago; 16(4): 357-362. Disponible en: <https://doi.org/10.30699/ijmm.16.4.357>
34. Sun H, Mu X, Zhang K, Lang H, Su Q, Li X, *et al.* Geographical resistome profiling in the honeybee microbiome reveals resistance gene transfer conferred by mobilizable plasmids. *Microbiome.* 2022 May 3; 10(1): 69. Disponible en: <https://doi.org/10.1186/s40168-022-01268-1>
35. Bertelloni F, Bresciani F, Cagnoli G, Scotti B, Lazzerini L, Marcucci M, *et al.* House Flies (*Musca domestica*) from Swine and Poultry Farms Carrying Antimicrobial Resistant Enterobacteriaceae and *Salmonella*. *Vet. Sci.* 2023 Feb 3; 10(2): 118. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/vetsci10020118>
36. Neupane S, Talley J, Taylor D, Nayduch D. Bacterial communities and prevalence of antibiotic resistance genes carried within house flies (Diptera: Muscidae) associated with beef and dairy cattle farms. *J. Med. Entomol.* 2023 Nov 14; 60(6): 1388–1397. Disponible en: <https://doi.org/10.1093/jme/tjad112>
37. Zhao Z, Yang C, Gao B, Wu Y, Ao Y, Ma S, *et al.* Insights into the reduction of antibiotic-resistant bacteria and mobile antibiotic resistance genes by black soldier fly larvae in chicken manure. *Ecotoxicol. Environ. Saf.* 2023 Nov 1; 266(1): 115551. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2023.115551>
38. Bohm K, Taylor W, Gyawali P, Pattis I, Gutiérrez M. Black soldier fly-based bioconversion of biosolids: Microbial community dynamics and fate of antibiotic resistance genes. *Sci. Total Environ.* 2024 Jun 20; 930(1): 172823. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.172823>
39. Yang Y, Xu P, He W, Tao F. Metagenomic analysis reveals houseflies as indicators for monitoring environmental antibiotic resistance genes. *Environ. Microbiol. Rep.* 2024 Dic; 16(6): e70032. Disponible en: <https://doi.org/10.1111/1758-2229.70032>
40. Bello T, Van B, Harders F, Bossers A, Brouwer M, Haenen O. An Insight into the Presence of Antimicrobial Resistance Genes in Opportunistic Pathogenic Bacteria Isolated from Farm-Reared Crickets. *Microorganisms.* 2025 Feb 10; 13(2): 391. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/microorganisms13020391>
41. Carramaschi I, Lery L, Chagas T, Zahner V. *Klebsiella* spp. carried by insects as a reservoir of virulence and resistance to antimicrobials. *One Health (Amst.)*. 2025 May 8; 20(1): 101064. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2025.101064>
42. Zhao Z, Gao B, Henawy A, Rehman K, Ren Z, Jiménez N, *et al.* Mitigating the transfer risk of antibiotic resistance genes from fertilized soil to cherry radish during the application of insect fertilizer. *Environ. Int.* 2025 May; 199(1): 109510. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.envint.2025.109510>

Pedro Albert Custodio Gamarra
pcustodio@unsa.edu.pe
Universidad Nacional de San Agustín de Arequipa,
Arequipa, Perú.

María de los Ángeles Custodio Gamarra
2023007536@unfv.edu.pe
Universidad Nacional Federico Villarreal, Lima, Perú