

Resistencia antimicrobiana en enterobacterias por aguas residuales en Latinoamérica: una revisión sistemática

Antimicrobial resistance in enterobacteria from wastewater in Latin America: a systematic review

Recepción: 12 de mayo de 2026 | Aprobación: 1 de julio de 2026 | Publicación: 20 de agosto de 2026

Paulina Antonella Ochoa Robles 
antoor2721@gmail.com
Estudiante de Medicina, Universidad del Azuay, Ecuador

María Antonia Corral Bermeo 
antoniacorralb8827@gmail.com
Estudiante de Medicina, Universidad del Azuay, Ecuador

Carlota Valentina Torres Macías  
tcarlota2006@gmail.com
Estudiante de Medicina, Universidad del Azuay, Ecuador

Mariana Isabel Freire Cárdenas 
marianafreirec@gmail.com
Estudiante de Medicina, Universidad del Azuay, Ecuador

Christopher Mateo Minchala Castro 
mateominch@gmail.com
Estudiante de Medicina, Universidad del Azuay, Ecuador

DOI: <https://doi.org/10.26871/ceus.v8i1.297>

Resumen

Objetivo: Analizar la asociación entre la descarga de aguas residuales y la presencia de resistencia antimicrobiana en enterobacterias en cuerpos de agua superficiales de América Latina. **Métodos:** Se realizó una revisión sistemática de estudios observacionales y microbiológicos (2020–2026) en PubMed, Scopus, Web of Science y LILACS; se incluyeron estudios en América Latina que evaluaran resistencia antimicrobiana en enterobacterias asociadas a aguas residuales. **Resultados:** La síntesis narrativa identificó a *E. coli* como microorganismo destacado en todos los diferentes cuerpos de agua, con perfiles MDR del 91–100 %. Los genes blaCTX-M, blaKPC, blaNDM y mcr-1 fueron encontrados en efluentes hospitalarios, PTAR y aguas de riego agrícola,

confirmando rutas de diseminación hacia la cadena alimentaria. Los métodos de tratamiento convencional demostraron ser insuficientes para eliminar ARGs de mayor importancia clínica crítica.

Conclusiones: Las aguas residuales de América Latina representan una vía activa de transmisión para la resistencia antimicrobiana, con ARGs críticos presentes incluso en medios de consumo humano. Se necesita incorporar vigilancia ambiental de ARGs en los sistemas epidemiológicos nacionales, actualizar marcos regulatorios e invertir en saneamiento avanzado bajo el enfoque One Health.

Registro del artículo: Revisión sistemática disponible en la base de datos de PROSPERO (CRD420261360509). Disponible en: <https://www.crd.york.ac.uk/PROSPERO/view/CRD420261360509>

Palabras clave: Aguas residuales; beta-Lactamasas enterobacteriaceae; resistencia a los antimicrobianos; revisión sistemática.

Abstract

Objective: To analyze the association between wastewater discharge and the presence of antimicrobial resistance in enterobacteria in surface water bodies in Latin America.

Methods: A systematic review of observational and microbiological studies was conducted using PubMed, Scopus, Web of Science, and LILACS. Studies conducted in Latin America that evaluated antimicrobial resistance in enterobacteria associated with wastewater discharge were included (2020-2026).

Results: The narrative synthesis identified *E. coli* as a prominent microorganism across all water bodies studied, exhibiting multidrug-resistant (MDR) profiles ranging from 91% to 100%. The blaCTX-M, blaKPC, blaNDM, and mcr-1 genes were detected in hospital effluents, wastewater treatment plants (WWTPs), and agricultural irrigation waters, confirming dissemination pathways into the food chain. Conventional treatment methods were found to be insufficient for the removal of antimicrobial resistance genes (ARGs) of critical clinical importance.

Conclusions: Wastewater in Latin America represents an active transmission pathway for antimicrobial resistance, with critical antimicrobial resistance genes (ARGs) detected even in environments associated with human consumption. There is an urgent need to integrate environmental surveillance of ARGs into national epidemiological monitoring systems, update regulatory frameworks, and invest in advanced sanitation technologies under the One Health approach.

Registration: This systematic review was registered in the PROSPERO database (CRD420261360509). Available at: <https://www.crd.york.ac.uk/PROSPERO/view/CRD420261360509>

Keywords: Antimicrobial resistance; beta-lactamases; Enterobacteriaceae; systematic review; wastewater.

Introducción

La resistencia antimicrobiana constituye una crisis ecológica y sanitaria de alcance global, reconocida por la Organización Mundial de la Salud como una de las principales amenazas para la salud pública del siglo XXI. Más allá del ámbito clínico, este fenómeno ha adquirido un alcance ambiental crítico, donde los sistemas hídricos actúan como reservorios y vías de dispersión de bacterias resistentes y genes de resistencia antimicrobiana. En este ámbito, la interacción entre actividad humana, uso indiscriminado de antibióticos y deficiencias en el tratamiento de aguas residuales establece un escenario beneficioso para el incremento del problema.

Los efluentes hospitalarios, urbanos e industriales representan canales clave en la diseminación de bacterias multirresistentes hacia ríos, lagos y océanos. Esto se debe mayormente a que las plantas convencionales de tratamiento de aguas residuales no están diseñadas para eliminar por completo microorganismos resistentes ni material genético como los genes de resistencia antimicrobiana. La evidencia científica demuestra que estas infraestructuras pueden actuar como verdaderos “reactores biológicos”, facilitando la selección y concentración de patógenos críticos como *Escherichia coli* productora de betalactamasas de espectro expandido, asociados a infecciones de difícil tratamiento.

El impacto de este fenómeno supera lo microbiológico para convertirse en un problema sistémico con implicaciones ecológicas, clínicas y sociales. Los cuerpos de agua contaminados funcionan como reservorios del llamado resistoma ambiental, desde donde los genes de resistencia pueden volver a incorporarse en poblaciones humanas y animales a través del consumo de agua, la irrigación de cultivos, la pesca o el contacto recreativo. La detección de genes de resistencia a antibióticos de último recurso, como los

carbapenémicos, en sedimentos y aguas superficiales de diferentes regiones del mundo demuestra que la resistencia antimicrobiana ha dejado de ser un problema limitado al entorno hospitalario.

Desde una visión integral, este entorno requiere ser abordado bajo el enfoque de One Health, que reconoce la interdependencia entre la salud humana, animal y ambiental. Por esta razón, se vuelve indispensable fortalecer la vigilancia epidemiológica ambiental, modernizar los sistemas de tratamiento de aguas mediante tecnologías avanzadas y establecer regulaciones más estrictas sobre la liberación de contaminantes farmacológicos en los ecosistemas.

En este contexto, la realización de una revisión sistemática es clave para sintetizar la evidencia disponible sobre la resistencia antimicrobiana en enterobacterias asociada a la exposición a aguas residuales en América Latina, haciendo posible comprender la dimensión del problema y orientar medidas de minimización con impacto en la salud pública, el medio ambiente y la sostenibilidad económica.

Pregunta a desarrollar:

PICO:

P (Población): cuerpos de agua superficiales en América Latina (ríos, lagos, aguas receptoras)

I (Intervención/exposición): descarga de aguas residuales urbanas u hospitalarias

C (Comparación): cuerpos de agua sin influencia directa de descargas de aguas residuales

O (Outcome): prevalencia de enterobacterias productoras de ESBL y/o portadoras de genes de resistencia antimicrobiana

Pregunta PICO:

En cuerpos de agua superficiales en América Latina, ¿la descarga de aguas residuales

urbanas u hospitalarias, en comparación con cuerpos de agua sin influencia de estas descargas, se asocia con una mayor prevalencia de enterobacterias productoras de beta-lactamasas de espectro extendido (ESBL) y/o portadoras de genes de resistencia antimicrobiana?

Metodología

Registro de la revisión sistemática

Esta revisión sistemática fue registrada en la base de datos PROSPERO bajo el número de registro CRD420261360509, disponible en: <https://www.crd.york.ac.uk/PROSPERO/view/CRD420261360509>. El registro se realizó previo al inicio de la extracción y síntesis de datos.

Estrategia de búsqueda

Se realizó una búsqueda sistemática de la literatura científica basada en los componentes de la pregunta PICO, con el objetivo de identificar estudios relacionados con la resistencia antimicrobiana en enterobacterias asociada a la exposición a aguas residuales en América Latina.

La búsqueda se llevó a cabo en las bases de datos **PubMed**, **SciELO**, **LILACS** y **HINARI**, seleccionadas por su cobertura en ciencias de la salud y literatura regional. Para la construcción de la estrategia se emplearon descriptores controlados del **DeCS (Descriptores en Ciencias de la Salud)** y del **MeSH (Medical Subject Headings)**, complementados con términos libres, con el fin de maximizar la sensibilidad de la búsqueda. La búsqueda se limitó a artículos publicados entre 2020 y 2026, en idioma inglés, español y portugués, con el propósito de garantizar la accesibilidad y relevancia de la evidencia recopilada.

Los términos de búsqueda principales fueron los siguientes: ("Antimicrobial Resistance") AND ("Wastewater" OR

"Sewage") AND ("Enterobacteriaceae") AND ("Latin America" OR "South America")

La búsqueda se ajustó según el tesoro de cada base de datos consultada, utilizando tanto MeSH como el DeCS para establecer relaciones entre los conceptos clave de población, exposición y resultado.

Síntesis de resultados:

Debido a las diferencias entre los estudios incluidos en términos de diseño, tipo de matriz hídrica, técnicas microbiológicas y definición de resistencia, se realizó una síntesis descriptiva de los hallazgos. Estos se agruparon considerando el tipo de microorganismo identificado, patrones de resistencia, la fuente hídrica evaluada, mecanismos de diseminación y factores contextuales asociados.

Criterios de elegibilidad:

Criterios de inclusión

Se incluyeron estudios originales con datos primarios, de diseño observacional, tales como estudios transversales, de cohorte y de casos y controles, así como investigaciones microbiológicas realizadas en América Latina (2020–2026) que evaluaran resistencia antimicrobiana en enterobacterias aisladas de aguas residuales o cuerpos de agua influenciados por perfiles de susceptibilidad, detección fenotípica de resistencia o identificación de genes asociados, incluyendo ESBL y carbapenemasas. No se aplicaron restricciones de idioma.

Criterios de exclusión

Se excluyeron estudios sin datos primarios, revisiones, editoriales y cartas, así como investigaciones clínicas o en animales sin vínculo con el ambiente acuático, estudios fuera de América Latina, sin evaluación de resistencia antimicrobiana o sin acceso a texto completo.

También se eliminaron registros duplicados o con información insuficiente.

Selección de estudios

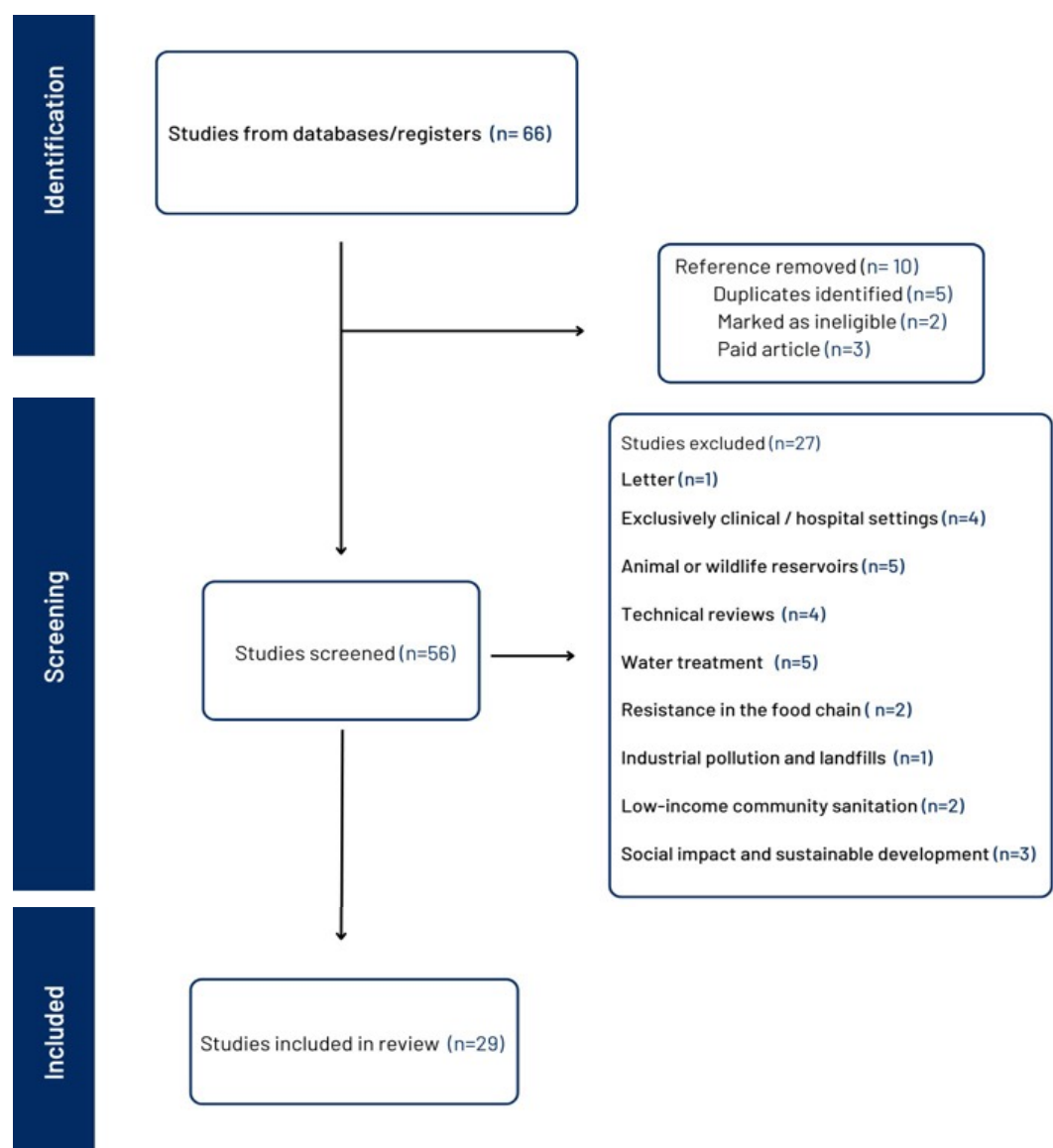
Los registros identificados a partir de las bases de datos fueron importados a la plataforma Rayyan para su gestión, organización y eliminación de duplicados. Posteriormente, dos revisores realizaron de manera independiente el cribado inicial mediante la evaluación de títulos y resúmenes, aplicando los criterios de elegibilidad previamente establecidos. Teniendo en consideración la finalidad de reducir el sesgo de selección, las decisiones se llevaron a cabo de manera independiente y ciega dentro de las plataformas. Existieron discrepancias entre los revisores, sin embargo, fue resuelto mediante discusión y consenso. Los estudios considerados potencialmente relevantes fueron recuperados en texto completo y evaluados detalladamente con la finalidad de determinar su inclusión. El proceso se llevó a cabo con las recomendaciones de la guía PRISMA, garantizando transparencia, reproducibilidad y rigor metodológico.

Evaluación de calidad metodológica

La calidad metodológica de los estudios incluidos fue evaluada mediante la Escala Newcastle-Ottawa (NOS), la cual evalúa los siguientes dominios: criterios relacionados con la representatividad y el tamaño de la muestra, la claridad en la medición de la exposición a aguas contaminadas, la precisión de identificación microbiológica de enterobacterias y la metodología empleada para la determinación de resistencia antimicrobiana, a nivel fenotípico y genotípico.

La evaluación fue realizada de manera independiente por los revisores, con la finalidad de asegurar la validez y la fiabilidad de los resultados. De la misma manera, se valoró la concordancia entre el diseño de estudio y la adaptación de los métodos de análisis. Con estos elementos, todos los estudios fueron clasificados según su riesgo de sesgo en: bajo (7-9 estrellas), moderado (4-6 estrellas) o alto (0-3 estrellas), permitiendo una interpretación profunda y crítica de la evidencia incluida.

Figura 1. Evaluación de la calidad de información



RESULTADOS

Tabla 1: Artículos incluidos

Titulo del documento	Autor(es)	País	Diseño del estudio	Fecha del estudio
Prevalence and Differential Plasmid Versus Chromosomal Distribution of Ribosome-Targeting Antibiotic Resistance Genes in <i>Escherichia coli</i> Isolates from River and Untreated Wastewater Environments	Medina-Sánchez, J.R. ; Salvatierra, M.	Panamá	Estudio observacional transversal analítico con análisis microbiológico y genómico	2026

Ampicillin- and Multidrug-Resistant <i>Escherichia coli</i> and <i>Enterococcus</i> spp. in Costa Rican Wastewater and Surface Water	Brodrick, E.A. ; González-Fernández, A.	Costa Rica	Estudio observacional, transversal y analítico-descriptivo	2025
Environmental health of water bodies from a Brazilian Amazon Metropolis based on a conventional and metagenomic approach	Siqueira, J.A.M. ; Teixeira, D.M.	Brazil	Estudio observacional, transversal, descriptivo-analítico con enfoque metagenómico ambiental	2024
Multidrug-resistant Enterobacteriaceae that produce antimicrobial resistance genes isolated from hospital effluents in Peru	Estheysi, E.-G. ; Wong, O.I.	Peru	Estudio observacional, transversal, descriptivo-analítico con enfoque microbiológico y molecular	2025
Urban wastewater overflows as hotspots for dissemination of bacteria producing extended-spectrum β -lactamases and carbapenemases in the Suquia River, Argentina.	Ruiz SE ; Morandini FN	Argentina	Estudio observacional experimental de campo con análisis microbiológico y molecular	2025
Hospital Wastewater as a Reservoir of Contaminants of Emerging Concern: A Study Report from South America, Chile	Aguilar-Rangel, E.J. ; Paredes-Cárcamo, F.	Chile	Estudio observacional transversal descriptivo	2025
Hospital effluents as a reservoir of beta-lactamase-and carbapenemase-producing enterobacteriaceae	Soriano-Moreno, D.R. ; Yareta, J.	Perú	Estudio transversal descriptivo	2021
Antimicrobial sensitivity profile of isolated <i>Escherichia coli</i> strains from surface water samples of the Carioca River-RJ, Brazil	da Silva, T.S.M. ; Abrantes, J.A.	Brazil	Estudio observacional transversal descriptivo	2022
Genomic characterization of a WHO critical priority isolate <i>Enterobacter kobei</i> ST2070 harboring OXA-10, KPC-2, and CTX-M-12 recovered from a water irrigation channel in Ecuador.	Corrales-Martínez J ; Jaramillo K	Ecuador	Estudio observacional transversal descriptivo con análisis genómico (WGS)	2024

Extended-Spectrum Beta-Lactamase Producing- <i>Escherichia coli</i> Isolated From Irrigation Waters and Produce in Ecuador.	Montero L ; Irazabal J	Ecuador	Estudio observacional transversal analítico	2021
Occurrence of <i>Klebsiella pneumoniae</i> ST244 and ST11 extensively drug-resistant producing KPC, NDM, OXA-370 in wastewater, Brazil.	Montenegro K ; Flores C	Brazil	Descriptive cross-sectional study	2023
Multidrug resistance and diversity of resistance profiles in carbapenem-resistant Gram-negative bacilli throughout a wastewater treatment plant in Colombia	Rodríguez, E.A. ; Garzón, L.M.	Colombia	Cross-sectional descriptive observational study	2020
Metallo-beta-lactamase-producing <i>Escherichia coli</i> in the sewage of Mexico City: where do they come from?	Lüneberg K ; Amábile-Cuevas CF	Mexico	Environmental observational study	2022
Antimicrobial Resistance Patterns and Clonal Distribution of <i>E. coli</i> , <i>Enterobacter spp.</i> and <i>Acinetobacter spp.</i> Strains Isolated from Two Hospital Wastewater Plants	Galarde-López, Miguel ; Velazquez-Meza, Maria Elena	Mexico	Cross - sectional	2022
Urban wastewater overflows as hotspots for dissemination of bacteria producing extended-spectrum β -lactamases and carbapenemases in the Suquía River, Argentina	Ruiz, Susana Eugenia ; Morandini, Fabrizio Nicolas	Argentina	Environmental observational study	2025
Plasmid and integron-associated antibiotic resistance in <i>Escherichia coli</i> isolated from domestic wastewater treatment plants	Mendoza-Guido, Bradd ; Rivera-Montero, Luis	Costa Rica	Observational study with whole-genome sequencing (WGS)	2025
Emerging contaminants and antibiotic resistance in the different environmental matrices of Latin America	Reichert, Gabriela, Hilgert, Stephan, Fuchs, Stephan, Azevedo, Júlio César Rodrigues	América Latina (Brasil, México, Argentina, Chile, Colombia)	Estudio observacional transversal descriptivo	2019

The occurrence of antimicrobial residues and antimicrobial resistance genes in urban drinking water and sewage in Southern Brazil	Ramalho, Rafaela, Mezzomo, Lisiane Cervieri, Machado, William, da Silva Morais Hein, Camila, Müller, Camila Zanfelize, da Silva, Thaisla Cristiane Borella, Jank, Louise, Lamas, Alex Elias, da Costa Ballestrin, Rogério Antônio, Wink, Priscila Lamb, Lima, Anderson Araújo de, Corção, Gertrudes, Martins, Andreza Francisco	Brasil	Estudio observacional transversal analítico	2022
Determination of Phylogroups, Pathotypes and Antibiotic Resistance Profiles of <i>E. coli</i> Isolates from Freshwater and Wastewater in the City of Panama	Rodríguez Guevara, Gabriela A., Michelangelli, Emmanuel, Medina-Sánchez, Juan R., Mejía-Meléndez, Fermín, Espino, Carmen Indira, Moreno P., José E., Martínez Torres, Alex O., Querol-Audí, Jordi	Panamá	Estudio observacional transversal analítico	2025
Evaluating Antibiotic Resistance in Urban Rivers and Coral Reefs of Belize: Evidence for Hotspots and a Potential Screening Tool	Galdamez, Ileana A., Jimenez, Karina, Cira, Marisol, Osborn, Katie, Ayad, Mariam, Lee, Christine M., Patel, Kai, Galdamez, Bryan A., Sloan, Ashlyn, Shenkiryk, Alexis, Cason, Taylor, Gomez, Nicole Auil, Phillips, Myles, Rosado, Samir, Rosado, Andria, Mishra, Deepak R., Cherrington, Emil A., Griffin, Robert, Jay, Jennifer A.	Belice	Estudio observacional transversal descriptivo	2026
Hospital sewage in Brazil: a reservoir of multidrug-resistant carbapenemase-producing Enterobacteriaceae	Gonçalves, D.L.D.R., Chang, M.R., Nobrega, G.D., Venancio, F.A., Higa Júnior, M.G., Fava, W.S.	Brasil	Estudio observacional transversal analítico	2024

Genomic surveillance of multidrug-resistant <i>Escherichia coli</i> and <i>Klebsiella</i> in clinical and wastewater isolates from a paediatric hospital in Lima, Peru	Ayzanoa, B., Castillo-Vilcahuam an, C., Salvatierra, G., Dávila-Barclay, A., Cuicapuza, D., Huancachoque, J., Calderón, M., Rizo-Patrón, E., Santillán-Salas, C., Gilman, R.H., Tsukayama, P.	Perú	Estudio observacional transversal analítico comparativo	2026
Resistencia bacteriana a antibióticos en ambientes acuáticos: origen e implicaciones para la salud pública	Rodríguez E, Jiménez JN	Colombia	Revisión narrativa de tema (bibliográfica)	2023
Aminoglycoside resistance in domestic sewage and clinical <i>Escherichia coli</i> isolates	De Oliveira Gomes B, Lima WG, Vargas Farias D, De Paiva MC	Brasil	Estudio observacional transversal comparativo	2022
High clonal diversity of multidrug-resistant and extended spectrum beta-lactamase-producing <i>Escherichia coli</i> in a wastewater treatment plant	Aristizábal-Hoyos AM, Rodríguez EA, Arias L, Jiménez JN	Colombia	Estudio observacional longitudinal (6 muestreos)	2019
Concern levels of beta-lactamase-producing Gram-negative bacilli in hospital wastewater: hotspot of antimicrobial resistance in Latin-America	Aristizabal-Hoyos AM, Rodríguez EA, Torres-Palma RA, Jiménez JN	Colombia	Nota técnica observacional descriptiva (2 muestreos por sitio)	2022
Lack of wastewater treatment in a small town drives the spread of ESBL-producing <i>Escherichia coli</i> in irrigation waters	VanderYacht T, Salinas L, Remerleitch T, Walas N, Ho T, Trueba G, Graham JP	Ecuador / Estados Unidos	Estudio observacional transversal de cuenca hidrográfica (reporte técnico)	2024
Detection of carbapenemases in Enterobacterales and other Gram-negative bacilli recovered from hospital and municipal wastewater in Mexico City	Urzua-Abad MM, Aquino-Andrade A, Castelan-Vega JA, Merida-Vieyra J, Ribas-Aparicio RM, Belmont-Monroy L, Jimenez-Alberto A, Aparicio-Ozores G	México	Estudio observacional descriptivo (muestreo prospectivo)	2024

<i>Citrobacter</i> spp. and <i>Enterobacter</i> spp. as reservoirs of carbapenemase blaNDM and blaKPC resistance genes in hospital wastewater	Duran-Bedolla J, Téllez-Sosa J, Bocanegra-Ibarras P, Schilmann A, Bravo-Romero S, Reyna-Flores F, Villa-Reyes T, Barrios-Camacho H	México	Estudio observacional descriptivo con análisis de transferencia plasmídica	2024
---	--	--------	--	------

Tabla 2: Resultado obtenidos

Estudio	Tipo de agua	Microorganismos predominantes	Patrones de resistencia	Factores asociados
Galarde-López et al., 2022	Aguas residuales hospitalarias (crudas y tratadas)	<i>E. coli</i> (73.1%); <i>Acinetobacter</i> spp.; <i>Enterobacter</i> spp.	MDR; BLEE (<i>bla</i> CTX-M, <i>bla</i> KPC); resistencia a β-lactámicos, fluoroquinolonas, carbapenémicos	Persistencia post-tratamiento (WWTP); presión selectiva hospitalaria; diseminación clonal
Ruiz et al., 2025	Aguas residuales urbanas + ríos (Suquía, Argentina)	<i>E. coli</i> (predominante); <i>Enterobacter</i> spp.; <i>Klebsiella</i> spp.; <i>Citrobacter</i> spp.; <i>Aeromonas</i> spp.	MDR; BLEE (<i>bla</i> CTX-M); carbapenemasas (<i>bla</i> KPC, <i>bla</i> NDM); co-resistencia a ciprofloxacino, TMP-SMX, gentamicina	Descargas urbanas; desbordamiento de aguas residuales; transferencia horizontal de genes
Lüneberg et al., 2022	Aguas residuales municipales urbanas (Ciudad de México)	<i>E. coli</i> resistente a carbapenémicos	MDR; <i>bla</i> NDM-5; resistencia a carbapenémicos + co-resistencia (sulfonamidas, trimetoprim, tetraciclina, ciprofloxacino)	Plásmidos conjugativos (~145 kb), integrones, transposones; uso de aguas para irrigación
Mendoza-Guido et al., 2025	Aguas residuales domésticas – influente/efluente PTAR (Costa Rica)	<i>E. coli</i> MDR (8 aislados); filogrupos A y B1; ST205, ST448, ST540, ST2530	MDR (100%); BLEE (<i>bla</i> TEM-1, <i>bla</i> CTX-M-115); <i>sul</i> 1, <i>sul</i> 2, <i>dfr</i> A, <i>tet</i> A, <i>tet</i> B; <i>qnr</i> S1; mutaciones <i>gyr</i> A/ <i>par</i> C	ARGs en plásmidos (77%); integrones clase 1; plásmidos <i>IncH</i> , <i>IncFIB</i> ; genes de virulencia (<i>ompT</i> , <i>hlyF</i>)
Rodríguez et al., 2020	Aguas residuales domésticas, industriales y hospitalarias (Colombia)	<i>Aeromonas</i> spp. (41%); <i>Enterobacter</i> spp. (27%); <i>Klebsiella</i> spp. (8%); <i>Citrobacter</i> spp.; <i>E. coli</i>	MDR (91%); <i>bla</i> KPC-2 (100%); resistencia a carbapenémicos (IMP 100%, MEM 98%); ciprofloxacino (44–65%); 21 perfiles	Mezcla de efluentes humanos, veterinarios e industriales; concentraciones subinhibitorias; PTAR como reservorio

Montenegro et al., 2023	Aguas residuales municipales, industriales y hospitalarias – PTAR (Brasil)	<i>Klebsiella pneumoniae</i> (18/98); ST11, ST37, ST147, ST244, ST281; CC11 predominante	MDR (39%); XDR (61%); <i>bla</i> KPC (55%), <i>bla</i> NDM (27.8%), <i>bla</i> OXA-370 (11.1%); ≥2 carbapenemasas (42.8%); resistencia universal a ertapenem	Incremento de antibióticos (COVID-19); tratamiento secundario insuficiente; plásmidos IncR, IncFII
Medina et al., 2026 (Panamá)	Agua superficial (río Juan Díaz) + aguas residuales urbanas sin tratar (WWTP)	<i>E. coli</i> (99 aislados: 50 río, 49 WWTP)	Aminoglucósidos (80.8%); tetraciclina (37.4%); cloranfenicol (18.2%); tet(A) (86.5%), floR (83.3%), mphA (78%); primer reporte tet(M) en Panamá	Río: ARGs en plásmidos; WWTP: ARGs cromosómicos (9/12); descarga sin tratamiento como vía de diseminación
Brodrick et al., 2025 (Costa Rica)	Aguas residuales hospitalarias, WWTP y estuario receptor	<i>E. coli</i> (116 aislados); <i>Enterococcus</i> spp. (58 aislados); subgrupos: resistentes a ampicilina y MDR	<i>E. coli</i> : tetraciclina (75%), TMP-SMX (59%); perfil AMP+TET+SXT frecuente <i>Enterococcus</i> : AMP+TET+CIP o AMP+TET+ERY	Efluente sin desinfección; aguas hospitalarias con mayor presión antibiótica
Siqueira et al., 2024 (Brasil)	Canales de drenaje urbanos; cuerpos de agua con impacto antropogénico	473 familias bacterianas; 83 familias virales; indicadores de contaminación ambiental	63 ARGs; resistencia a 13 clases de antimicrobianos; 5 mecanismos de resistencia	Falta de políticas ambientales; deficiente educación ambiental; contaminación química (Cd, Fe, Mn)
Estheysi et al., 2025 (Perú)	Efluentes hospitalarios (pre-descarga al alcantarillado)	Enterobacterias Gram negativas; <i>Salmonella enterica</i> ; <i>Stenotrophomonas maltophilia</i> ; bacterias MDR	BLEE (<i>bla</i> TEM, <i>bla</i> CTX-M, <i>bla</i> SHV); AmpC (<i>bla</i> AmpC); carbapenemasas (<i>bla</i> KPC, <i>bla</i> NDM, <i>bla</i> IMP)	Uso excesivo de antibióticos; ausencia de tratamiento adecuado; vigilancia epidemiológica deficiente
Ruiz et al., 2025 (Argentina) – Laguna Salía	Aguas residuales urbanas; río Suquía; Laguna Salía; estuarios	<i>E. coli</i> (predominante); <i>Enterobacter</i> spp.; <i>Klebsiella</i> spp.; <i>Citrobacter</i> spp.; <i>Aeromonas caviae</i>	BLEE (<i>bla</i> CTX-M); carbapenemasas (<i>bla</i> KPC-2, <i>bla</i> NDM-1); plásmidos IncU, IncA/C2; MDR generalizada	Desbordamiento en calles; descarga directa al río; carga fecal 10 ⁸ MPN/100 mL; fallos en alcantarillado

Aguilar-Rangel et al., 2025 (Chile)	Aguas residuales hospitalarias sin tratamiento	<i>Aeromonas</i> spp. (7 cepas, predominante); <i>K. pneumoniae</i> (3); <i>E. coli</i> (1); <i>Pseudomonas</i> spp. (1); <i>Enterococcus faecium</i> (1)	MDR (40%); 121 ARGs en 31 clases; cefalosporinas (11.6%), penams (10.76%), macrólidos (9.89%); inactivación enzimática y bombas de eflujo	Ausencia de tratamiento; ARGs en plásmidos e integrones; paracetamol detectado (277.4 µg/L)
Soriano-Moreno et al., 2021 (Perú)	Aguas residuales hospitalarias sin tratamiento	32 cepas: <i>Enterobacter cloacae</i> (30%), <i>E. coli</i> (25%), <i>Citrobacter freundii</i> (20%); 20 enterobacterias (62.5%)	MDR (100%); BLEE (<i>bla</i> TEM, predominante); carbapenemasas (<i>bla</i> KPC, <i>bla</i> IMP)	Ausencia de tratamiento; mayor carga en hospital nivel III
Silva et al., 2022 (Brasil)	Aguas superficiales urbanas con influencia hospitalaria y doméstica (Río Carioca, 5 puntos)	<i>E. coli</i> (100% puntos positivos); 99.9% muestras positivas para coliformes	Sin BLEE ni carbapenemasas; resistencia fenotípica a AMP, CIP, LEV, TMP-SMX solo en punto más impactado (punto 5)	Descarga de efluentes sin tratamiento; saneamiento deficiente
Corrales-Martínez et al., 2024 (Ecuador)	Agua de riego agrícola (canal de irrigación, Cayambe)	60 aislados Enterobacteriaceae; 1 <i>Enterobacter kobei</i> ST2070 productor de carbapenemasa	MDR; BLEE (<i>bla</i> CTX-M-12); carbapenemasas (<i>bla</i> OXA-10, <i>bla</i> KPC-2); <i>aac</i> (6)-Ib, <i>sul</i> 2, <i>dfr</i> A14, <i>fos</i> A, <i>msr</i> (E), <i>mph</i> (A)	Aguas residuales urbanas y ganadería; riesgo de diseminación a cadena alimentaria
Montero et al., 2021 (Ecuador)	Aguas de riego agrícola y productos frescos (17 provincias)	<i>E. coli</i> (165 aislados); 96/165 (58%) fenotipo BLEE, 58% procedentes de agua de riego	MDR (94%); <i>bla</i> CTX-M (96%); CTX-M-55 (64%), CTX-M-65 (18%); <i>bla</i> TEM (92%), <i>bla</i> SHV (28%); <i>mcr</i> -1 en 3 aislados	Aguas residuales sin tratamiento para riego; elementos móviles; falta de infraestructura en Ecuador
Reichert et al., 2019 (América Latina)	Agua potable, superficial y residuales urbanas (Brasil, México, Argentina, Chile, Colombia)	No especificados a nivel de especie; presencia de ARGs	ARGs priorizados: tetraciclina, amoxicilina, norfloxacin, ampicilina, imipenem	Sistemas de tratamiento ineficientes; WWTP como fuente principal; ausencia de listas de contaminantes prioritarios

Ramalho et al., 2022 (Brasil)	Agua potable pre/post-tratamiento; aguas residuales STP y SPP (invierno y verano)	No se identificaron especies específicas; ARGs en 100% de aguas residuales, sin variación estacional	Carbapenemasas (<i>bla</i> NDM-1, <i>bla</i> KPC-2); BLEE (<i>bla</i> TEM, <i>bla</i> CTX-M); <i>mcr-1</i> (100% muestras STP/SPP)	Tratamiento insuficiente; uso excesivo de antibióticos; transferencia por bacteriófagos y elementos móviles
Rodríguez Guevara et al., 2025 (Panamá)	Agua superficial urbana (Río Matasnillo) y aguas residuales crudas (WWTP Juan Díaz)	<i>E. coli</i> predominante; río: 100% filogrupo A; WWTP: 72% A, 12% D, 6% B2; patotipos ETEC (12%) y EHEC (18%) en WWTP	WWTP: MDR (94%); alta resistencia a cefalosporinas; 41% intermedia a carbapenémicos; <i>qnrB19</i> en río; quinolonas bajas en río (8%)	Contaminación fecal urbana e industrial; descarga sin tratamiento; diseminación de <i>qnrB19</i> por plásmidos
Galdamez et al., 2026 (Belice)	18 sitios: cuenca río Belice, costa, arrecifes BBRRS, Atolón Glover's Reef (ago-sep 2022)	ESBL-EC en sitios con altos ARGs; metagenómica: bacterias fecales (<i>Bacteroides</i> , <i>Faecalibacterium</i>) y de agua dulce	qPCR: <i>sul1</i> , <i>sul2</i> , <i>tetA</i> , <i>ermF</i> , <i>bla</i> SHV, <i>int1</i> en 18 sitios; 17 clases ARGs; máximos en Haulover Creek y zonas costeras; presentes incluso en arrecifes remotos	Niveles altos cerca de lagunas de tratamiento; ARGs en ecosistemas remotos (arrecifes)
Gonçalves et al., 2024 (Brasil)	Efluentes hospitalarios (n=42) y no hospitalarios (n=16); muestreo mensual 6 meses	CRE: <i>K. pneumoniae</i> , <i>Enterobacter cloacae</i> y otras Enterobacteriaceae; 16 productores de carbapenemasa (todos hospitalarios)	MDR; <i>bla</i> KPC-2 (100% de 16 aislados); resistencia a carbapenémicos, cefalosporinas, pip/tazo, CIP, aminoglucósidos; 2 aislados pan-resistentes (incl. CZA y C/T)	Efluentes hospitalarios sin tratamiento; regulación deficiente; diseminación de <i>bla</i> KPC-2 por clones y plásmidos
Ayzanoa et al., 2026 (Perú)	Aguas residuales hospitalarias (26 muestras, 113 aislamientos) y urocultivos/hemocultivos UCI pediátrica	<i>E. coli</i> (113) y <i>Klebsiella</i> spp. (44); mayor diversidad en aguas residuales (H=3.45 vs 2.95); ST compartidos: ST88, ST101	<i>E. coli</i> : más BLEE en clínicos; carbapenemasas y <i>mcr-1</i> solo en aguas residuales/orina; <i>Klebsiella</i> : carbapenemasas solo en aguas residuales	Infraestructura limitada; alto uso de antibióticos en UCI; stewardship insuficiente; transferencia horizontal de genes
Rodríguez E & Jiménez JN, 2023	Múltiple: residuales urbanas, hospitalarias, agrícolas, recreativas y potable	<i>E. coli</i> ; <i>Pseudomonas aeruginosa</i> ; <i>Acinetobacter</i> spp.; <i>K. pneumoniae</i> ; <i>Aeromonas</i> spp.	BLEE (<i>bla</i> CTX-M, <i>bla</i> TEM, <i>bla</i> SHV); carbapenemasas (<i>bla</i> KPC, <i>bla</i> NDM, <i>bla</i> OXA-48); ARGs: quinolonas, tetraciclinas, sulfonamidas	Uso excesivo de antibióticos; ausencia de tratamiento; actividades agrícolas, ganaderas y acuicultura; efluentes farmacéuticos

De Oliveira Gomes et al., 2022	Aguas residuales domésticas y muestras clínicas (urocultivos hospitalarios)	<i>E. coli</i> (aislados clínicos y ambientales); UPEC predominante en muestras clínicas	Resistencia a aminoglucósidos (amikacina, gentamicina, neomicina); BLEE (ESBL); AME: <i>aph</i> (3'), <i>aac</i> (3'), <i>aac</i> (6')-I	Uso indiscriminado de aminoglucósidos; ungüentos de neomicina (Brasil); presión selectiva clínica; transferencia vía plásmidos/transposones
Aristizábal-Hoyos et al., 2019 (PTAR Colombia)	Aguas residuales urbanas – PTAR: afluyente, aireación, lodo recirculado, efluente final	<i>E. coli</i> (83%); <i>Citrobacter freundii</i> (11%); <i>Enterobacter cloacae</i> (4%); <i>K. pneumoniae</i> (1%)	BLEE: <i>bla</i> CTX-M-g1 (35.8%), <i>bla</i> TEM (43.8%), <i>bla</i> SHV (3.6%), <i>bla</i> CTX-M-g9 (8.8%); AmpC: LAT/BIL/CMY (78.3%), ACT/MIR (17.4%); sin carbapenemasas	Tratamiento biológico insuficiente; concentraciones subinhibitorias en PTAR; presión selectiva continua
Aristizábal-Hoyos et al., 2022 (HWW Colombia)	Aguas residuales hospitalarias (UCI, UCE, hospitalización) – PTAR hospitalaria (Hospital B)	<i>Citrobacter freundii</i> (21.1%); <i>E. coli</i> (16.7%); <i>K. pneumoniae</i> (13.3%); 33.3% identificado del total	MDR (97.7%); >50% resistentes a ≥9 categorías; BLEE: <i>bla</i> TEM (48.3%), <i>bla</i> CTX-M-g1 (10.8%); carbapenemasas: <i>bla</i> KPC (88.7%), <i>bla</i> NDM (5.2%), <i>bla</i> VIM (1.9%)	Sin PTAR en mayoría de hospitales colombianos; resistencia endémica; alto uso de antibióticos de amplio espectro; descarga directa a alcantarillado
VanderYacht et al., 2024 (Ecuador)	Agua superficial glacial para riego; upstream (sin contaminación) y downstream (post-descarga urbana); lechuga irrigada	<i>E. coli</i> (principal); <i>Enterobacter cloacae</i> (4 casos, <i>bla</i> ACT-12); 2 no-Enterobacteriales con ARGs a carbapenémicos	BLEE: <i>bla</i> CTX-M-65 (29%), <i>bla</i> CTX-M-14b (14.7%), <i>bla</i> CTX-M-8 (11.8%), <i>bla</i> TEM; 91.7% ≥1 gen β-lactámico; <i>bla</i> OXA-427 en lechuga	Solo 31% de aguas residuales tratadas en Ecuador; urbanización sin infraestructura sanitaria; agua contaminada para riego
Urzua-Abad et al., 2024 (México)	Aguas residuales municipales (canales) y hospitalarias (hospital pediátrico), Ciudad de México	<i>Aeromonas</i> sp. (n=10); <i>K. pneumoniae</i> (n=8, Canal 1); <i>E. coli</i> (n=7, Canal 2); <i>Enterobacter</i> spp. (n=5); <i>Pseudomonas putida</i> (n=6); <i>Citrobacter</i> spp.; primeros reportes de carbapenemasas en <i>Lelliottia</i> , <i>Kluyvera</i> , <i>Shewanella</i>	MDR (100% Enterobacteriales); carbapenem-resistentes (92%); <i>bla</i> KPC (55%), <i>bla</i> NDM (12%), <i>bla</i> VIM-2 (12%), <i>bla</i> OXA-48 (4%); BLEE: <i>bla</i> TEM (24%), <i>bla</i> CTX-M-1 (18%), <i>bla</i> SHV (8%)	4 hospitales en Canal 1 vs 1 en Canal 2; resistencia endémica a carbapenémicos en México; efluentes sin tratamiento; vigilancia AMR insuficiente

Duran-Bedo Ila et al., 2024 (México)	Aguas residuales hospitalarias brutas – 5 hospitales COVID-19 (distintos estados de México)	<i>E. coli</i> (32.9%); <i>Enterobacter</i> spp. (24.6%); <i>Citrobacter</i> spp. (14.4%) = 71.9% total; <i>K. pneumoniae</i> ; <i>Acinetobacter</i> spp.; <i>Pseudomonas</i> spp.	BLEE: <i>bla</i> TEM (33.1%), <i>bla</i> CTX-M (25.4%), <i>bla</i> SHV (5.3%), <i>bla</i> OXA-48 (1.1%); carbapenemasas: <i>bla</i> KPC (25.4%), <i>bla</i> NDM (8.8%); <i>bla</i> NDM predomina en <i>Enterobacter</i> spp. (91% en <i>E. cloacae</i> / <i>xiangfangensis</i>); co-producción <i>bla</i> NDM+ <i>bla</i> OXA-48	Uso continuo de antibióticos; concentraciones subletales en efluentes; plásmidos IncFII (110 kb); hospitalización COVID-19
---	---	--	--	---

Síntesis narrativa

1.1 Microorganismos predominantes en matrices acuáticas

Escherichia coli emergió como el microorganismo predominante en la totalidad de los estudios analizados, independientemente del tipo de matriz hídrica. Las prevalencias oscilaron entre 25 % en efluentes hospitalarios peruanos(1) y 73,1 % en aguas residuales hospitalarias de México(2), constituyendo además el principal indicador de contaminación fecal en matrices superficiales y de riego. En segundo plano, con frecuencias considerables, se identificaron *Klebsiella pneumoniae*, *Enterobacter* spp., *Aeromonas* spp. y *Citrobacter* spp. En Colombia, *Aeromonas* spp. (41 %) precedió a *E. coli* en matrices que mezclan efluentes domésticos, industriales y hospitalarios(3), evidenciando perfiles polimicrobianos vinculados a la heterogeneidad de los aportes orgánicos. Los análisis metagenómicos han permitido ampliar de manera considerable este panorama. En Brasil, Siqueira et al.(4) reportaron la presencia de 473 familias bacterianas en canales de drenaje urbano, mientras que Aguilar-Rangel et al.(5) identificaron 56 familias de genes de resistencia en aguas residuales hospitalarias sin tratamiento en Chile. Asimismo, Urzua-Abad et al.(6) documentaron por primera vez la detección de

carbapenemasas en *Shewanella putrefaciens*, *Lelliottia amnigena* y *Kluyvera cryocrescens* en canales que reciben efluentes hospitalarios en Ciudad de México. Este hallazgo amplía el rango de posibles hospederos de genes de resistencia considerados de importancia crítica.

1.2 Patrones de resistencia antimicrobiana y genes de resistencia identificados

Las beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE) representaron el mecanismo de resistencia reportado con mayor frecuencia en los diferentes países y matrices analizados, observándose un predominio del gen *bla*CTX-M. Este patrón fue descrito en estudios realizados en Argentina(7), Brasil(8), Colombia(9), Costa Rica(10), Ecuador(11,12), México(2), Panamá(13,14) y Perú(1,15). En Ecuador, Montero et al.(11) hallaron que el 96 % de los aislados BLEE portaban *bla*CTX-M, con las variantes CTX-M-55 (64 %) y CTX-M-65 (18%) como dominantes; esta última fue también la más frecuente en aguas de riego agrícola de Perú(16). El gen *bla*TEM apareció como co-portador en la mayoría de los estudios(8,9,16), y *bla*SHV con menor frecuencia relativa.

Las carbapenemasas representaron el hallazgo de mayor alarma clínica y epidemiológica. El gen *bla*KPC fue el más frecuentemente reportado, con distribución en Brasil(18,19), Colombia(3, 20), México(6,17) y

Perú(18). En Brasil, Montenegro et al.(19) documentaron que el 55 % de los aislados de *K. pneumoniae* en plantas de tratamiento de aguas residuales (PTAR) portaban *blaKPC*, con un 42,8 % co-produciendo dos o más carbapenemasas simultáneamente. Gonçalves et al.(20) hallaron *blaKPC-2* en el 100 % de los 16 aislados productores de carbapenemasa en efluentes hospitalarios, dos de los cuales resultaron pan-resistentes, incluyendo resistencia a ceftazidima/avibactam y ceftolozan/tazobactam. Las metalo-beta-lactamasas *blaNDM* se documentaron en México (NDM-5 en plásmidos de ~145 kb)(21), Brasil(8,19), Argentina(7) y Colombia(23); su co-producción con *blaOXA-48* en *Enterobacter* spp. de hospitales COVID-19 en México configura escenarios de pandeterminancia terapéutica(17). Con menor frecuencia se reportaron *blaVIM* (México(6), Colombia(22)), *blaIMP* (Colombia(23), Perú(18)) y *blaOXA-370* (Brasil(19)). La multiresistencia (MDR) fue prácticamente universal —91–100 % en la mayoría de estudios—; el 61 % de los aislados de *K. pneumoniae* en Brasil fueron XDR(19). El gen *mcr-1*, conferidor de resistencia a polimixinas (último recurso terapéutico), fue detectado en Ecuador(11) y en el 100 % de las muestras de PTAR en Brasil(8). Adicionalmente, se identificaron genes de resistencia a sulfonamidas (*su1*, *su2*), trimetoprim (*dfrA*), tetraciclinas (*tetA*, *tetB*, *tetM*) y aminoglucósidos en múltiples matrices y países(10,13,14).

1.3 Tipo de fuente hídrica y carga diferencial de resistencia

Los estudios que compararon distintas matrices hídricas evidenciaron una jerarquía de contaminación en términos de carga de genes de resistencia antimicrobiana (ARGs) y microorganismos resistentes. Las aguas residuales hospitalarias sin tratar mostraron consistentemente los perfiles más complejos: MDR en el 100 % de los aislados en Perú(1) y Colombia(23), con predominio de

carbapenemasas. Ayzanoa et al.(18) compararon aislamientos clínicos (UCI pediátrica) y ambientales en Perú, observando que las carbapenemasas aparecían exclusivamente en las aguas residuales, lo que sugiere transferencia bidireccional hospital-ambiente. Los cuerpos de agua que reciben descargas urbanas sin tratamiento, entre ellos el río Juan Díaz (Panamá)(13), el río Suquía (Argentina)(7) y el río Matasnillo (Panamá)(14), registraron concentraciones fecales de hasta 10⁸ NMP/100 mL con perfiles de ARGs equiparables a los hallados en aguas residuales sin tratar. En el ámbito agrícola, el agua de riego representa un punto de conexión directo con los alimentos: estudios en Ecuador identificaron un 58 % de los aislamientos productores de BLEE provenían de canales de irrigación(11), mientras que en Perú se encontró el gen *blaCTX-M-65* en lechugas cultivadas con este tipo de agua(16). Las PTAR, aunque reducen parcialmente la carga bacteriana, demostraron limitaciones estructurales para eliminar ARGs: Ramalho et al.(8) confirmaron carbapenemasas y *mcr-1* en efluentes tratados en Brasil, y Aristizábal-Hoyos et al.(22) evidenciaron persistencia de *blaCTX-M* y *blaTEM* en todas las etapas del tratamiento convencional en Colombia.

1.3 Mecanismos de diseminación: transferencia horizontal de genes y elementos móviles

Si bien las plantas de tratamiento de aguas residuales logran disminuir parcialmente la carga bacteriana, varios estudios latinoamericanos han puesto en evidencia su incapacidad para eliminar los ARGs de forma consistente. Respecto a los mecanismos de propagación, los elementos genéticos móviles, los Plásmidos conjugativos de los grupos IncFII, IncH, IncR e integrones de clase 1, constituyeron los principales vectores de transferencia horizontal de genes(10,19). En Costa Rica, el 77 % de los ARGs se localizaron en plásmidos,

y en México se identificaron plásmidos portadores de *bla*NDM asociados a integrones y transposones(21). La diseminación clonal y la posible intervención de bacteriófagos amplifican este fenómeno, favoreciendo la persistencia y a su vez expansión de la resistencia en distintos ecosistemas acuáticos.

1.5 Factores contextuales y determinantes estructurales de la resistencia ambiental

El factor más frecuentemente señalado como condicionante estructural de la resistencia ambiental fue la ausencia o insuficiencia del tratamiento de aguas residuales (1,9,18,19,22–24). Esta situación se concreta en datos como la cobertura de saneamiento del 31 % registrada en Ecuador(16) o la falta de PTAR en la mayoría de hospitales colombianos(22). El uso excesivo e inapropiado de antibióticos en los ámbitos humano y veterinario fue señalado como principal generador de presión selectiva(7,8,11,12,14,23), mientras que las concentraciones subinhibitorias en efluentes promueven la transferencia horizontal de ARGs sin ejercer presión letal directa(17,22,23). Montenegro et al.(19) documentaron un incremento en la diversidad de

carbapenemasas en PTAR brasileñas durante la pandemia COVID-19, vinculado al mayor uso de antimicrobianos de amplio espectro. La deficiencia de vigilancia epidemiológica ambiental, el subregistro clínico y la falta de políticas públicas armonizadas completan el cuadro de vulnerabilidad estructural de la región(4,13,14,18).

1.6 Distribución geográfica y heterogeneidad regional

El análisis de la literatura incluyó estudios procedentes de 10 países de América Latina y el Caribe: Argentina, Belice, Brasil, Chile, Colombia, Costa Rica, Ecuador, México, Panamá y Perú. Brasil concentró el mayor número de estudios (n=5), seguido de México (n=4), Colombia, Perú y Ecuador (n=3), mientras que Panamá, Costa Rica y Argentina aportaron dos estudios cada uno, y Chile y Belice contribuyeron con un estudio respectivamente. Los hallazgos evidenciaron una marcada heterogeneidad regional en la distribución y diversidad de genes de resistencia antimicrobiana en matrices ambientales.

Figura 2. Distribución geográfica de la resistencia antimicrobiana ambiental en América Latina y el Caribe

El mapa muestra la intensidad de resistencia antimicrobiana ambiental en 10 países de la región, basada en el número de estudios, diversidad de ARGs y fenotipos MDR/XDR reportados. Brasil y México representan los puntos con mayor intensidad (rojo), concentrando mayor número de estudios (n=5 y n=4 respectivamente) y la mayor diversidad de genes de resistencia críticos. Colombia,

Perú y Argentina presentan intensidad media-alta (naranja), mientras que Panamá, Ecuador y Costa Rica muestran intensidad moderada (amarillo). Chile y Belice presentan la menor intensidad regional, aunque el último destaca por detección de ARGs en arrecifes de coral a cientos de km de fuentes urbanas, evidenciando la capacidad de dispersión de estos genes.



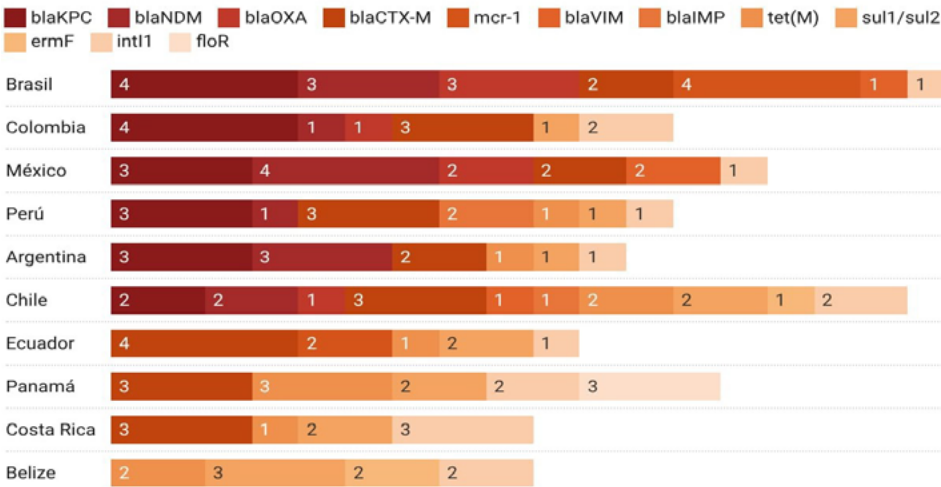
Nota: ARGs: genes de resistencia antimicrobiana. MDR: multirresistente. XDR: extremadamente resistente. Escala basada en revisión sistemática. Los círculos representan la intensidad acumulada de resistencia por país.

Con el fin de caracterizar los patrones de distribución de ARGs específicos por país, se analizó la frecuencia de detección de doce genes de resistencia en las matrices ambientales reportadas.

Figura 3. Distribución de genes de resistencia antimicrobiana en América Latina y el Caribe

Distribución de genes de resistencia antimicrobiana (ARGs) por país en América Latina y el Caribe

Intensidad de detección de 12 ARGs en matrices ambientales de 10 países (escala 0–4). 0 = no reportado; 1 = ocasional; 2 = moderado; 3 = alta prevalencia; 4 = muy alta / hallazgo crítico. Basado en revisión sistemática de literatura científica.



ARGs: genes de resistencia antimicrobiana. MDR: multirresistente. Fuente: revisión sistemática de AMR ambiental en LAC (~27 estudios).

El análisis de la frecuencia de ARGs por país reveló patrones diferenciados según la subregión. Brasil y Colombia presentaron la mayor intensidad de carbapenemasas, con *blaKPC* en valor crítico(4) y co-detección de *blaNDM* y *mcr-1*. México destacó por la mayor cantidad de genes detectados, con *blaNDM* dominante(4). En la parte sur, Argentina y Chile mostraron predominio de *blaKPC* y *blaNDM*, mientras que Ecuador, Panamá y Costa Rica presentaron *blaCTX-M* como gen prevalente. Belice, pese a tener la menor carga, registró *sul1/sul2* y *blaNDM* en matrices ambientales remotas(24).

Los genes de carbapenemasas detectados: *blaKPC*, *blaNDM*, *blaOXA-370* y *blaVIM*, confieren resistencia a carbapenémicos de última línea, siendo relevante la co-producción simultánea de los tres primeros documentada en *K. pneumoniae* de PTAR brasileñas. El gen *mcr-1*, detectado en el 100% de las muestras de PTAR en Brasil y en canales de riego de Ecuador, otorga resistencia a la colistina, último recurso terapéutico disponible para infecciones por gram-negativos multirresistentes. El gen *blaCTX-M*, predominante en Ecuador, Perú y Colombia confiere resistencia a cefalosporinas de tercera generación y fue el único ARG con presencia ininterrumpida en todas las fases de tratamiento de la PTAR evaluadas en Colombia. Los genes *tet(M)*, reportados por primera vez en Panamá en el 83.3% de los aislados de *E.coli*, y *sul1/sul2* detectados en arrecifes de coral en Belice confieren resistencia a tetraciclinas y sulfonamidas respectivamente. El gen *int1*, co-detectado en varios países no confiere resistencia directa, pero actúa como elemento móvil que facilita la transferencia horizontal de todos los ARGs mencionados entre bacterias del ambiente.

Análisis y discusión

Los hallazgos de esta revisión sistemática convergen con la posición de la Organización

Mundial de la Salud (OMS), que en su Plan de Acción Mundial sobre la Resistencia a los Antimicrobianos reconoce el nexo entre la resistencia clínica y la contaminación ambiental dentro del enfoque «Una sola salud» (*One Health*).⁽²⁵⁾ La presencia de *E. coli* BLEE en el 58 % de las muestras de agua de riego en Ecuador⁽¹⁰⁾ y de *E. coli* BLEE en lechuga irrigada con agua contaminada en Perú⁽¹⁶⁾ confirma el principio de que los ambientes acuáticos impactados por actividades humanas actúan como reservorios y vectores de diseminación de ARGs hacia la cadena alimentaria y, en última instancia, hacia la población general. Este mecanismo fue anticipado por estudios seminales como el de Van Boeckel et al.,⁽⁸⁾ quienes proyectaron un incremento del 67 % en el consumo global de antibióticos para 2030, con América Latina como una de las regiones de mayor crecimiento relativo, amplificando la presión selectiva tanto en entornos clínicos como ambientales.

El hallazgo más preocupante desde la perspectiva clínica y de salud pública es la amplia diseminación de carbapenemasas en efluentes hospitalarios y en plantas de tratamiento de aguas residuales (PTAR). Se ha reportado que un 55% de aislados de *K.pneumoniae* en PTAR en Brasil portan el gen *blaKPC*⁽¹⁹⁾; además, se ha detectado el gen *mcr-1* que confiere resistencia a polimixinas y es un antibiótico de último recurso en un 100% de las muestras de PTAR brasileñas^(7,26). Los reportes han dejado evidencia de que los sistemas de tratamiento tienen un papel relevante en el incremento de la resistencia. Estos datos muestran una disparidad con los estándares requeridos por la Directiva Europea TARU 2024/3019, la cual establece tratamientos cuaternarios (oxidación avanzada, membranas) y control constante de ARGs en efluentes⁽²⁷⁾, mientras que los resultados que se observan, muestran que la regulación ambiental sigue basada en parámetros físico-químicos tradicionales como DBO y DQO

en América Latina, sin incluir bacterias resistentes (ARB) ni ARGs. Según Hossain y Ahmed(28), se señala que esta brecha regulatoria convierte a los hospitales de países de ingresos bajos y medios en focos discretos de la crisis superbacteriana, observación que refleja la situación latinoamericana reportada en los estudios incluidos.

En cuanto a las fortalezas de la evidencia revisada, es relevante destacar la cobertura multipaís y la diversidad de matrices hídricas analizadas, lo que permite proyectar conclusiones con cierta solidez regional. Aún así, persisten limitaciones importantes: la diversidad metodológica entre estudios dificulta comparaciones cuantitativas precisas en lo que respecta a técnicas de aislamiento, umbrales de identificación y criterios de definición de MDR/XDR. La cobertura geográfica es desequilibrada, con sobre-representación de Brasil, Colombia y México frente a países con escasa investigación ambiental publicada. Además, gran parte de estos estudios presentan muestras de tamaño reducido y diseños transversales, lo que dificulta extraer inferencias sobre tendencias temporales(29). Asimismo, otra brecha que persiste es la carencia de evidencia que logre relacionar entre cepas ambientales resistentes e infecciones concretas en humanos.

Las implicaciones para la práctica profesional y las políticas de salud pública son considerables. Inicialmente, la detección de carbapenemasas y del gen *mcr-1* en aguas de riego agrícola y en lixiviados que alcanzan ríos de uso recreativo y consumo humano establece una vía de exposición directa de la población general, lo que precisa incorporar la vigilancia ambiental de ARGs dentro de los sistemas nacionales de vigilancia epidemiológica de la RAM. Es pertinente destacar que el enfoque *One Health* que incluye la salud humana, animal y ambiental se ha vuelto indispensable para una respuesta verdaderamente eficaz(22,28,29).Vallejos y Pérez(29)

sostienen que, en Perú y América Latina, las estrategias One Health deben ir acompañadas de inversiones en infraestructura de saneamiento y con capacitación intersectorial. La justificación a este razonamiento es que la RAM amenaza no solo la eficacia terapéutica, sino también la estabilidad macroeconómica: el Banco Mundial proyecta pérdidas de PIB comparables a las de grandes crisis financieras para 2050 si no se toman medidas con urgencia(29). En tercer lugar, experiencias como el Proyecto EMERGENTcy (España-Francia-Andorra, 2021-2027) que junta monitoreo sistemático en 45 puntos de muestreo más procesos de oxidación avanzada (POA) y gobernanza multisectorial(27,30) ofrecen un modelo replicable para la región, adaptado a contextos de menor capacidad institucional mediante tecnologías costo-efectivas en origen. Por último, la epidemiología basada en aguas residuales (WBE) se presenta como una herramienta de bajo costo y alta sensibilidad para la detección temprana de brotes de cepas resistentes, con potencial de incorporarse a planes nacionales de acción contra la RAM que, en muchos países latinoamericanos aún no han sido implementados(28).

Conclusión

Los resultados de esta revisión confirman que la descarga de aguas residuales presenta una fuente relevante y documentada de diseminación de resistencia antimicrobiana en América Latina. Los estudios incluidos muestran consistencia y en distintos contextos nacionales, que los cuerpos de agua receptores de efluentes urbanos y hospitalarios concentran enterobacterias multirresistentes portadoras de genes de resistencia de relevancia clínica crítica.

El microorganismo que más frecuente se identificó fue *E. coli*, lo que resulta alarmante es su perfil de resistencia, pues posee genes como *bla*CTX-M, *bla*KPC y *bla*NDM, algunos

de los cuales otorgan resistencia a los últimos antibióticos disponibles. La co-producción de múltiples carbapenemasas en *K.pneumoniae* de Brasil, o la detección de *mcr-1* en el total de las PTAR analizadas en ese mismo país, muestran un escenario que hoy en día aparece como un patrón regional.

Cabe destacar también los canales de riego agrícola de Ecuador y Perú, donde estos genes avanzan a los productos que consume la población. De esta manera, la resistencia antimicrobiana ambiental es un problema que ya no es exclusivo del sistema de salud, sino que también se instaura en el día a día de la población.

Frente a esta situación, se puede concluir que las acciones sectoriales y aisladas no son suficientes. Se requiere incorporar vigilancia de ARGs en los sistemas epidemiológicos nacionales, actualizar marcos regulatorios más allá de los parámetros tradicionales, e invertir en infraestructura de saneamiento con tecnología capaz de eliminar material genético resistente. Todo lo mencionado, bajo el enfoque *One Health* que reconozca que la salud humana, animal y ambiental no pueden abordarse de manera separada.

Agradecimientos:

Los autores expresan su sincero agradecimiento al Doctor José Patricio Beltrán Carreño y a la Ingeniera Johanna Priscila Tacuri Campoverde por su orientación académica, las ideas aportadas y la guía brindada a lo largo del desarrollo de esta investigación. Su retroalimentación constante y criterio fueron fundamentales para la realización de este trabajo.

Financiamiento:

Los autores declaran no haber recibido financiamiento externo para el desarrollo de este trabajo.

Conflicto de intereses:

Los autores declaran no tener conflicto de intereses con ninguna fuente externa. Este trabajo fue realizado en el marco académico sin financiamiento externo ni vínculos con otras organizaciones.

Referencias:

1. Soriano-Moreno DR, Yareta J, Rojas-Cosi AF, Fajardo-Loyola A, León-Luna D, Castillo-Quezada I, et al. Efluentes hospitalarios como reservorio de enterobacterias productoras de betalactamasas y carbapenemasas. *Rev Peru Med Exp Salud Pública*. 14 de abril de 2021;38(2):302-7. doi:10.17843/rpmesp.2021.382.6202
2. Galarde-López M, Velazquez-Meza ME, Bobadilla-del-Valle M, Cornejo-Juárez P, Carrillo-Quiroz BA, Ponce-de-León A, et al. Antimicrobial Resistance Patterns and Clonal Distribution of *E. coli*, *Enterobacter* spp. and *Acinetobacter* spp. Strains Isolated from Two Hospital Wastewater Plants. *Antibiotics*. 29 de abril de 2022;11(5):601. doi:10.3390/antibiotics11050601
3. Rodríguez EA, Garzón LM, Gómez ID, Jiménez JN. Multidrug resistance and diversity of resistance profiles in carbapenem-resistant Gram-negative bacilli throughout a wastewater treatment plant in Colombia. *J Glob Antimicrob Resist*. septiembre de 2020;22:358-66. doi:10.1016/j.jgar.2020.02.033
4. Siqueira JAM, Teixeira DM, da Piedade GJL, Souza C de O, Moura TCF, Bahia M de NM, et al. Environmental health of water bodies from a Brazilian Amazon Metropolis based on a conventional and metagenomic approach. *J Appl Microbiol*. 1 de mayo de 2024;135(5):lxae101. doi:10.1093/jambio/lxae101 PubMed PMID: 38627246.
5. Aguilar-Rangel EJ, Paredes-Cárcamo F, Andrade MD, Contreras-Sánchez

- D, Rain-Medina V, Campanini-Salinas J, et al. Hospital Wastewater as a Reservoir of Contaminants of Emerging Concern: A Study Report from South America, Chile. *Antibiotics*. 4 de noviembre de 2025;14(11):1111. doi:10.3390/antibiotics14111111
6. Urzua-Abad MM, Aquino-Andrade A, Castelan-Vega JA, Merida-Vieyra J, Ribas-Aparicio RM, Belmont-Monroy L, et al. Detection of carbapenemases in Enterobacterales and other Gram-negative bacilli recovered from hospital and municipal wastewater in Mexico City. *Sci Rep*. 4 de noviembre de 2024;14(1):26576. doi:10.1038/s41598-024-76824-w PubMed PMID: 39496672; PubMed Central PMCID: PMC11535501.
 7. Ruiz SE, Morandini FN, Panzetta ME, Lipari FG, Irazábal MG, Toselli R, et al. Urban wastewater overflows as hotspots for dissemination of bacteria producing extended-spectrum β -lactamases and carbapenemases in the Suquía River, Argentina. *Front Microbiol*. 2025;16:1669531. doi:10.3389/fmicb.2025.1669531 PubMed PMID: 41070122; PubMed Central PMCID: PMC12504239.
 8. Ramalho R, Mezzomo LC, Machado W, da Silva Morais Hein C, Müller CZ, da Silva TCB, et al. The occurrence of antimicrobial residues and antimicrobial resistance genes in urban drinking water and sewage in Southern Brazil. *Braz J Microbiol Publ Braz Soc Microbiol*. septiembre de 2022;53(3):1483-9. doi:10.1007/s42770-022-00786-2 PubMed PMID: 35764766; PubMed Central PMCID: PMC9433623.
 9. Aristizábal-Hoyos AM, Rodríguez EA, Arias L, Jiménez JN. High clonal diversity of multidrug-resistant and extended spectrum beta-lactamase-producing *Escherichia coli* in a wastewater treatment plant. *J Environ Manage*. 1 de septiembre de 2019;245:37-47. doi:10.1016/j.jenvman.2019.05.073 PubMed PMID: 31150908.
 10. Mendoza-Guido B, Rivera-Montero L, Barrantes K, Chacon L. Plasmid and integron-associated antibiotic resistance in *Escherichia coli* isolated from domestic wastewater treatment plants. *FEMS Microbiol Lett*. 10 de enero de 2025;372:fnaf041. doi:10.1093/femsle/fnaf041
 11. Montero L, Irazabal J, Cardenas P, Graham JP, Trueba G. Extended-Spectrum Beta-Lactamase Producing-*Escherichia coli* Isolated From Irrigation Waters and Produce in Ecuador. *Front Microbiol*. 2021;12:709418. doi:10.3389/fmicb.2021.709418 PubMed PMID: 34671324; PubMed Central PMCID: PMC8521160.
 12. Corrales-Martínez J, Jaramillo K, Tadesse DA, Satán C, Villavicencio FX, Sánchez-Gavilanes L, et al. Genomic characterization of a WHO critical priority isolate *Enterobacter kobei* ST2070 harboring OXA-10, KPC-2, and CTX-M-12 recovered from a water irrigation channel in Ecuador. *Heliyon*. 15 de marzo de 2024;10(5):e26379. doi:10.1016/j.heliyon.2024.e26379 PubMed PMID: 38449644; PubMed Central PMCID: PMC10915343.
 13. Medina-Sánchez JR, Salvatierra M, Espino CI, Martínez-Torres AO, Llanes A, Querol-Audi J. Prevalence and Differential Plasmid Versus Chromosomal Distribution of Ribosome-Targeting Antibiotic Resistance Genes in *Escherichia coli* Isolates from River and Untreated Wastewater Environments. *Antibiotics*. 28 de enero de 2026;15(2):132. doi:10.3390/antibiotics15020132 PubMed PMID: 41750430; PubMed Central PMCID: PMC12937253.
 14. Rodríguez Guevara GA, Michelangelli E, Medina-Sánchez JR, Mejía-Meléndez F, Espino CI, Moreno P JE, et al. Determination of Phylogroups, Pathotypes and

- Antibiotic Resistance Profiles of *E. coli* Isolates from Freshwater and Wastewater in the City of Panama. *Pathogens*. 20 de junio de 2025;14(7):617. doi:10.3390/pathogens14070617 PubMed PMID: 40732665; PubMed Central PMCID: PMC12299560.
15. Elías Solís GE, Wong Cabanillas O, Hinojosa Cordova R, Mamani Poma MC, Maquera Canales A, Hernandez Gutierrez F, et al. Enterobacterias multidrogas resistentes productoras de betalactamasas de espectro extendido, Ampc y Carbapenemasas aislados de efluentes hospitalarios del Perú. *Rev Cuerpo Méd Hosp Nac Almanzor Aguinaga Asenjo*. 18 de mayo de 2025;18(1). doi:10.35434/rcmhnaaa.2025.181.2594
 16. VanderYacht T, Salinas L, Remerleitch T, Walas N, Ho T, Trueba G, et al. Lack of wastewater treatment in a small town drives the spread of ESBL-producing *Escherichia coli* in irrigation waters. *J Environ Qual*. 2024;53(6):1116-26. doi:10.1002/jeq2.20641 PubMed PMID: 39428701.
 17. Duran-Bedolla J, Téllez-Sosa J, Bocanegra-Ibarias P, Schilmann A, Bravo-Romero S, Reyna-Flores F, et al. *Citrobacter* spp. and *Enterobacter* spp. as reservoirs of carbapenemase *bla*NDM and *bla*KPC resistance genes in hospital wastewater. *Appl Environ Microbiol*. 21 de agosto de 2024;90(8):e0116524. doi:10.1128/aem.01165-24 PubMed PMID: 39012101; PubMed Central PMCID: PMC11337798.
 18. Ayzanoa B, Castillo-Vilcahuaman C, Salvatierra G, Dávila-Barclay A, Cuicapuza D, Huancachoque J, et al. Genomic surveillance of multidrug-resistant *Escherichia coli* and *Klebsiella* in clinical and wastewater isolates from a paediatric hospital in Lima, Peru. *Access Microbiol*. 1 de enero de 2026;8(1). doi:10.1099/acmi.0.001006.v3
 19. Montenegro K, Flores C, Nascimento APA, Farias BO, Brito ASG, Magaldi M, et al. Occurrence of *Klebsiella pneumoniae* ST244 and ST11 extensively drug-resistant producing KPC, NDM, OXA-370 in wastewater, Brazil. *J Appl Microbiol*. 4 de julio de 2023;134(7):lxad130. doi:10.1093/jambio/lxad130 PubMed PMID: 37391364.
 20. Gonçalves DLDR, Chang MR, Nobrega GD, Venancio FA, Higa Júnior MG, Fava WS. Hospital sewage in Brazil: a reservoir of multidrug-resistant carbapenemase-producing Enterobacteriaceae. *Braz J Biol*. 2024;84:e277750. doi:10.1590/1519-6984.277750
 21. Lüneberg K, Amábile-Cuevas CF, Mucito-Varela E, Martínez L, Salinas E, López-Vidal Y, et al. Metallo-beta-lactamase-producing *Escherichia coli* in the sewage of Mexico City: where do they come from? *Can J Microbiol*. febrero de 2022;68(2):139-45. doi:10.1139/cjm-2021-0284 PubMed PMID: 34662521.
 22. Aristizabal-Hoyos AM, Rodríguez EA, Torres-Palma RA, Jiménez JN. Concern levels of beta-lactamase-producing Gram-negative bacilli in hospital wastewater: hotspot of antimicrobial resistance in Latin-America. *Diagn Microbiol Infect Dis*. enero de 2023;105(1):115819. doi:10.1016/j.diagmicrobio.2022.115819 PubMed PMID: 36242873.
 23. Rodríguez EA, Garzón LM, Gómez ID, Jiménez JN. Multidrug resistance and diversity of resistance profiles in carbapenem-resistant Gram-negative bacilli throughout a wastewater treatment plant in Colombia. *J Glob Antimicrob Resist*. septiembre de 2020;22:358-66. doi:10.1016/j.jgar.2020.02.033
 24. Galdamez IA, Jimenez K, Cira M, Osborn K, Ayad M, Lee CM, et al. Evaluating Antibiotic Resistance in Urban Rivers and Coral Reefs of Belize: Evidence for Hotspots and a Potential Screening Tool. *GeoHealth*. 2026;10(2):e2025GH001427. doi:10.1029/2025GH001427
 25. Global action plan on antimicrobial resistance [Internet]. [citado 3 de mayo de

- 2026]. Disponible en: <https://www.who.int/publications/i/item/9789241509763>
26. de Oliveira Gomes B, Lima W, Vargas D, de Paiva MC. Aminoglycoside resistance in domestic sewage and clinical *Escherichia coli* isolates [Internet]. 2023 [citado 2 de mayo de 2026]. Disponible en: http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0034-74182022000200625&nrm=iso
 27. Sierra SDJ, Ilzarbe I, Szpunar J, Moles S, Ruiz-Ripa L, Pérez-Etayo L, et al. Contaminantes emergentes y resistencia antimicrobiana en aguas residuales detección, tratamiento y desafíos desde el enfoque *One Health*. South Health. 24 de febrero de 2026;3:e002-e002. doi:10.21142/SH-03-2026-e002
 28. Hossain H, Ahmed S. Hospital wastewater microbiome & resistome: An overlooked one health crisis driving superbugs in low- and middle-income countries (LMICs). New Microbes New Infect. diciembre de 2025;68:101653. doi:10.1016/j.nmni.2025.101653
 29. Vallejos I, Pérez G. Impacto socioeconómico de la resistencia a los antimicrobianos: bajo el enfoque Una Salud en Perú y Latinoamérica. Rev Investig Multidisciplinaria Iberoam. 28 de noviembre de 2025. doi:10.69850/rimi.vi4.187
 30. Reichert G, Hilgert S, Fuchs S, Azevedo JCR. Emerging contaminants and antibiotic resistance in the different environmental matrices of Latin America. Environ Pollut. diciembre de 2019;255(Pt 1):113140. doi:10.1016/j.envpol.2019.113140 PubMed PMID: 31541833.