



**Somos calidad,  
somos USC**

**Análisis de los mecanismos de resistencia en enterobacterias presentes en aguas residuales urbanas en Latinoamérica: una revisión sistemática de la literatura**

**Autor**

**Valeria Mosquera Arboleda**

**Microbióloga**

**Director**

**Alexis Gafaro Montejo**

**Grupo de Investigación**

**GIMIA. Grupo de Investigación en Microbiología, Industria y Ambiente**

**Línea de Investigación**

**Microbiología ambiental**

**Facultad de Ciencias Básicas**

**Microbiología**

**Universidad Santiago de Cali**

**Santiago de Cali - Colombia**

**2025**

## IMPACTOS

Relacione el (los) impacto(s) que presentó el Trabajo de Grado según los siguientes criterios:

<b>IMPACTO</b>	<b>PRODUCTO</b>	<b>BENEFICIARIO(S)</b>
<b>Responsabilidad social</b>	Aporte al conocimiento sobre los riesgos sanitarios asociados a bacterias resistentes presentes en aguas residuales urbanas de Latinoamérica, y su relación con la salud pública.	Comunidades urbanas y rurales, autoridades sanitarias, entidades de salud pública y población general expuesta a aguas contaminadas.
<b>Científico</b>	Construcción de conocimiento que sintetiza la evidencia de enterobacterias en aguas residuales urbanas.	Investigadores y estudiantes de Microbiología, biotecnología y salud ambiental.
<b>Tecnológico</b>	Fundamentación teórica para el desarrollo de estrategias de monitoreo y control microbiológico de aguas residuales urbanas en Latinoamérica.	Laboratorios de control de calidad del agua, entidades regulatorias, industria sanitaria y consultoras ambientales.
<b>Técnico Ambiental</b>	Análisis de la relación entre factores ambientales/operativos y la diseminación de resistencia antimicrobiana en aguas residuales; propuesta de criterios técnicos para mitigación.	Profesionales de salud ambiental, instituciones hospitalarias, ministerios de ambiente, empresas de saneamiento y comunidad científica.

# ANÁLISIS DE LOS MECANISMOS DE RESISTENCIA EN ENTEROBACTERIAS PRESENTES EN AGUAS RESIDUALES URBANAS EN LATINOAMÉRICA: UNA REVISIÓN SISTEMÁTICA DE LA LITERATURA

Valeria Mosquera Arboleda ([valeria.mosquera00@usc.edu.co](mailto:valeria.mosquera00@usc.edu.co))

Grupo de Investigación en Microbiología, Industria y Ambiente GIMIA., Programa de Microbiología. Facultad de Ciencias Básicas. Universidad Santiago de Cali. Campus Pampalinda Calle 5 # 62-00. Santiago de Cali. Colombia.

## RESUMEN

Esta monografía aborda el estudio de las enterobacterias presentes en aguas residuales urbanas de Latinoamérica, con énfasis en los mecanismos de resistencia antimicrobiana y los factores ambientales asociados a su persistencia y propagación. El objetivo fue analizar la evidencia científica disponible sobre los mecanismos de resistencia en enterobacterias detectadas en aguas residuales mediante una revisión sistemática de la literatura, basada en los lineamientos de la metodología PRISMA. La búsqueda se realizó en bases de datos científicas especializadas, integrando publicaciones en inglés y español correspondientes al período 2015–2025; identificándose 185 documentos en inglés (con 7 duplicados) y 104 en español (con 34 duplicados). Tras la depuración, se evaluaron 178 estudios en inglés y 70 en español; de estos, se revisaron 14 textos completos en cada idioma y se excluyeron 5 en cada grupo. Finalmente, se incluyeron 9 artículos en inglés y 9 en español, a los que se sumaron 10 documentos adicionales identificados en Google Académico, para un total de 28 artículos analizados.

Los resultados muestran que las aguas residuales urbanas constituyen un reservorio crítico de enterobacterias multirresistentes, entre las que destacan *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae*, portadoras de genes asociados a mecanismos como BLEE, AmpC, carbapenemasas y resistencia plasmídica. Se concluye que la deficiente gestión de efluentes domésticos y hospitalarios, junto con la presencia de antibióticos y metales pesados, favorece la selección y propagación de resistencia antimicrobiana. Estos hallazgos evidencian la necesidad de fortalecer la vigilancia microbiológica ambiental y de implementar estrategias regionales integradas que contribuyan al control y tratamiento adecuado de las aguas residuales en Latinoamérica.

**Palabras clave:** *resistencia antimicrobiana, enterobacterias, aguas residuales, mecanismos de resistencia, vigilancia ambiental, Latinoamérica.*

# ANALYSIS OF RESISTANCE MECHANISMS IN ENTEROBACTERIAS PRESENT IN URBAN WASTEWATER IN LATIN AMERICA: A SYSTEMATIC LITERATURE REVIEW

## ABSTRACT

This monograph addresses the study of Enterobacteriaceae present in urban wastewater in Latin America, with an emphasis on antimicrobial resistance mechanisms and the environmental factors associated with their persistence and spread. The objective was to analyze the available scientific evidence on resistance mechanisms in Enterobacteriaceae detected in wastewater through a systematic literature review based on the PRISMA methodology. The search was conducted in specialized scientific databases, integrating publications in English and Spanish corresponding to the period 2015–2025; 185 documents were identified in English (with 7 duplicates) and 104 in Spanish (with 34 duplicates). After filtering, 178 studies in English and 70 in Spanish were evaluated; of these, 14 full texts were reviewed in each language, and 5 were excluded from each group. Finally, 9 articles in English and 9 in Spanish were included, along with 10 additional documents identified in Google Scholar, for a total of 28 articles analyzed.

The results show that urban wastewater constitutes a critical reservoir of multidrug-resistant Enterobacteriaceae, including *Escherichia coli* and *Klebsiella pneumoniae*, carriers of genes associated with mechanisms such as ESBL, AmpC, carbapenemases, and plasmid resistance. It is concluded that poor management of domestic and hospital effluents, along with the presence of antibiotics and heavy metals, favors the selection and spread of antimicrobial resistance. These findings highlight the need to strengthen environmental microbiological surveillance and implement integrated regional strategies that contribute to the adequate control and treatment of wastewater in Latin America.

**Keywords:** *antimicrobial resistance, Enterobacteriaceae, wastewater, resistance mechanisms, environmental surveillance, Latin America.*

## HIGHLIGHTS

- Las enterobacterias más reportadas en los estudios fueron *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae*, identificadas en aguas residuales urbanas de distintos países de Latinoamérica.
- Los mecanismos de resistencia más frecuentes correspondieron a BLEE, AmpC, carbapenemasas y resistencia plasmídica, asociados a genes como *blaCTX-M*, *blaTEM*, *blaSHV*, *AmpC*, *KPC* y *mcr*.
- Los factores ambientales más relacionados con la propagación de resistencia fueron la descarga de efluentes hospitalarios y domésticos sin tratamiento, la ineficiencia de las plantas de tratamiento de aguas residuales (PTAR) y la presencia de antibióticos y metales pesados.
- Los estudios evidenciaron que las aguas residuales urbanas actúan como reservorios de enterobacterias multirresistentes y de genes móviles de resistencia, con potencial impacto sobre la salud pública y los ecosistemas acuáticos.

# ANÁLISIS DE LOS MECANISMOS DE RESISTENCIA EN ENTEROBACTERIAS PRESENTES EN AGUAS RESIDUALES URBANAS EN LATINOAMÉRICA: UNA REVISIÓN SISTEMÁTICA DE LA LITERATURA

## 1. INTRODUCCIÓN

Las aguas residuales urbanas en la Latinoamérica representan una fuente significativa de contaminación ambiental y un desafío para la gestión de los recursos hídricos. De acuerdo con el Banco Mundial, más de 300 millones de habitantes urbanos generan aproximadamente 225.000 toneladas de residuos sólidos diarios, y menos del 5 % de las aguas de alcantarillado reciben tratamiento adecuado (Reynolds, 2002). Esta situación muestra la limitada capacidad de las plantas de tratamiento en la región, lo que favorece la acumulación de contaminantes biológicos y químicos en los cuerpos de agua. Según la Organización Mundial de la Salud (2023), “el agua contaminada con microorganismos patógenos puede transmitir enfermedades como diarrea, cólera, disentería, fiebre tifoidea y poliomielitis, causando aproximadamente 505.000 muertes anuales por enfermedades diarreicas”.

En ese sentido, las aguas residuales urbanas, también denominadas aguas negras, provienen de actividades domésticas, comerciales e industriales, y contienen desechos humanos, grasas, detergentes, compuestos químicos y microorganismos patógenos (Instituto del Agua, s.f.). Esta mezcla representa un entorno propicio para la proliferación de bacterias resistentes a los antimicrobianos (BRAs) y genes de resistencia (ARGs), capaces de transmitirse entre bacterias ambientales y patógenas. Como señalan Sambaza y Naicker (2023), “las aguas residuales a menudo contienen bacterias resistentes a antibióticos (ARB), ARG y patógenos comunes citados como los principales impulsores de la resistencia antimicrobiana”, y durante el tratamiento primario, las bacterias que permanecen adheridas a la materia orgánica pueden interactuar con el agua de entrada, generando nuevas combinaciones genéticas.

Por tanto, la resistencia antimicrobiana (RAM) se entiende como la capacidad que desarrollan algunos microorganismos para sobrevivir o multiplicarse frente a la acción de un antibiótico que normalmente inhibiría su crecimiento. En las enterobacterias, familia que incluye géneros como *Escherichia*, *Enterobacter*, *Klebsiella*, *Salmonella* y *Shigella*, esta resistencia puede originarse a través de mecanismos genéticos, bioquímicos y ambientales interrelacionados. Desde el componente genético, se manifiesta por la adquisición de genes como *bla*CTX-M, *bla*TEM, *bla*KPC, *bla*NDM o *mcr* (Rodríguez y Jiménez, 2023). En el plano bioquímico, estos genes codifican enzimas como las  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido (BLEE) o las carbapenemasas, que degradan antibióticos  $\beta$ -lactámicos, o activan bombas de eflujo que expulsan los fármacos del interior celular. A su vez, en el ámbito ambiental, factores como la temperatura, la carga orgánica, la presencia de metales pesados y las concentraciones subinhibitorias de antibióticos presentes en las plantas de tratamiento favorecen la proliferación y selección de genes resistentes. En este sentido, “las concentraciones subinhibitorias de antibióticos presentes en las plantas de tratamiento de aguas residuales promueven la proliferación de ARG, lo que da lugar al desarrollo y la propagación de nuevos ARB” (Sambaza y Naicker, 2023).

De acuerdo con lo anterior, el ambiente acuático se considera uno de los principales reservorios y puntos de encuentro de microorganismos resistentes. Como afirman Rodríguez y Jiménez (2023), “el ambiente acuático es el hábitat natural de un gran número de microorganismos, incluyendo bacterias

resistentes a antibióticos, y es calificado como el principal receptor de antimicrobianos”. En estos ecosistemas, las bacterias resistentes a los antibióticos (ARB) y los genes de resistencia (ARG) interactúan de manera continua, favoreciendo su persistencia y transferencia entre especies. Esta dinámica facilita la diseminación de cepas resistentes en el entorno y su eventual propagación hacia animales y humanos, lo que representa un riesgo creciente para la salud pública (Rodríguez y Jiménez, 2023).

El contexto latinoamericano evidencia limitaciones en infraestructura y políticas de saneamiento. Según la Organización Panamericana de la Salud (2021), “hay regiones que no tienen plantas de tratamiento o si las hay, no son eficientes, y esto se convierte en un grave problema cuando estas aguas terminan siendo utilizadas para el riego en agricultura, ampliando ese círculo vicioso nocivo, que solo empeora el fenómeno de la multiresistencia antimicrobiana”. En países de la región, las sociedades urbanas en crecimiento continúan generando grandes volúmenes de desechos líquidos que ingresan a los cuerpos de agua. “Los diferentes tipos de aguas residuales incluyen las derivadas de los sectores doméstico, comercial, industrial y agrícola, así como la escorrentía superficial de las zonas urbanas” (Chahal et al., 2016). Esta mezcla de vertimientos incrementa la carga bacteriana y química, alterando la composición microbiana de los ecosistemas.

En Colombia, el marco legal y de política pública busca mitigar esta problemática, donde, “la Constitución Política de Colombia establece la obligación del Estado y de los particulares de proteger las riquezas naturales de la Nación y planificar el uso y aprovechamiento de los recursos naturales para garantizar su conservación, restauración y uso sostenible” (Ministerio de Ambiente, Resolución 1256 de 2021). A su vez, la Política Nacional para la Gestión Integral del Recurso Hídrico promueve el uso eficiente del agua y el aprovechamiento de aguas residuales tratadas como estrategia para reducir impactos ambientales (Ministerio de Ambiente, Resolución 1256 de 2021). Sin embargo, en 2020, solo el 52,02 % de las aguas residuales urbanas del país recibían tratamiento, aunque se proyecta alcanzar más del 80 % para 2050 (Ministerio de Vivienda, Ciudad y Territorio, 2022).

Desde esa perspectiva, las enterobacterias se consolidan como organismos indicativos de contaminación y resistencia. “La familia *Enterobacteriaceae* incluye géneros como *Escherichia*, *Enterobacter*, *Klebsiella*, *Salmonella* y *Shigella*, siendo *Escherichia coli* la especie predominante en la microbiota humana con aproximadamente el 80 % del total de enterobacterias” (Chisavo y Husserl, 2020). Su presencia en aguas residuales urbanas muestra la influencia del vertimiento de origen fecal y la capacidad de adaptación a condiciones ambientales adversas. Estas bacterias actúan como reservorios y transmisores de genes de resistencia, los cuales pueden alcanzar a patógenos humanos y animales, generando un ciclo continuo de diseminación en la comunidad.

En ese contexto surge la pregunta de investigación: ¿Cuáles son los mecanismos de resistencia asociados a las enterobacterias presentes en aguas residuales urbanas en Latinoamérica, identificados a partir de una revisión sistemática de la literatura? Con ello se pretende integrar la evidencia científica disponible, profundizar en la comprensión de los mecanismos genéticos, bioquímicos y ambientales que sustentan la resistencia antimicrobiana y aportar información relevante sobre su diseminación en entornos urbanos. Asimismo, se busca contribuir al campo de la microbiología y la academia al proporcionar información sistematizada sobre la resistencia bacteriana en ambientes acuáticos urbanos, lo que permite enriquecer el conocimiento científico y orientar futuras investigaciones en esta área.

## **2. METODOLOGÍA**

Para el desarrollo de esta monografía se aplicó un enfoque analítico-descriptivo, basado en la metodología de revisión sistemática (RS) (Begoña et al., 2018). Este método permitió recopilar, analizar y sintetizar la literatura científica disponible sobre los mecanismos de resistencia de las enterobacterias presentes en aguas residuales urbanas de Latinoamérica, considerando los componentes genéticos, bioquímicos y, especialmente, los factores ambientales que inciden en la persistencia y propagación de la resistencia antimicrobiana en los ecosistemas acuáticos.

### **2.1. Estrategia de búsqueda**

Se aplicó una estrategia de búsqueda que se basó en la metodología PRISMA (*Preferred Reporting Items for Systematic Review and Meta-Analysis*) (Barrios, et al., 2021), para la cual se identificaron las palabras claves según los conceptos que definen los objetivos de investigación organizadas por categorías (tabla 1). Las palabras clave se combinaron para generar las ecuaciones de búsqueda de reportes bibliográficos, utilizando operadores booleanos para estructurar siete combinaciones específicas, las cuales abarcaron aspectos como enterobacterias, mecanismos de resistencia antimicrobiana y los factores ambientales y operativos asociados a las aguas residuales urbanas en el contexto de Latinoamérica.

La estrategia de búsqueda incluyó bases de datos multidisciplinarias y especializadas. Entre ellas, se seleccionaron *Redalyc*, *Elsevier*, *Dialnet*, *Scopus* y *Scielo*, complementando además con la búsqueda de artículos en Google Académico, siempre que cumplieran con criterios de rigurosidad científica y académica, como la publicación en revistas indexadas y la pertinencia metodológica respecto a los objetivos de esta investigación.

### **2.2. Criterios de inclusión y exclusión**

En el marco de esta revisión sistemática se establecieron criterios de inclusión y exclusión que delimitaron la selección de los estudios analizados. Se incluyeron artículos publicados entre los años 2015 y 2025, en español o inglés, que abordaran de manera específica la presencia de enterobacterias en aguas residuales urbanas y la identificación de mecanismos de resistencia antimicrobiana, incluyendo componentes genéticos, bioquímicos o ambientales. Asimismo, se consideraron los estudios desarrollados en países de Latinoamérica.

Se excluyeron artículos duplicados, publicaciones sin acceso al texto completo, estudios no relacionados directamente con el objeto de la investigación, documentos con información insuficiente, editoriales y artículos periodísticos, por no aportar evidencia científica verificable que contribuyera al cumplimiento de los objetivos de esta monografía. También se descartaron los artículos publicados antes del año 2015.

### **2.3. Extracción y análisis de la literatura**

La selección de documentos para esta investigación se realizó siguiendo el flujo establecido por la metodología PRISMA (ver figura 1). En primer lugar, se identificaron los registros a partir de bases de datos multidisciplinarias y especializadas previamente definidas. Esta etapa comprendió la aplicación de

combinaciones de palabras clave estructuradas para incluir los estudios relacionados con la temática de investigación, luego de obtener los estudios de las diferentes bases de datos, se utilizó la herramienta de gestión y análisis bibliográfico Mendeley<sup>1</sup> para la identificación y eliminación de artículos duplicados.

Posteriormente, se evaluaron los títulos y resúmenes de los artículos recuperados, excluyendo aquellos que no cumplían con los criterios de inclusión predefinidos. Luego, los estudios preseleccionados fueron revisados en texto completo para verificar su elegibilidad, lo que permitió una valoración detallada de su contenido y pertinencia en relación con la investigación. Tras esta segunda revisión, se descartaron los documentos que no cumplían con los criterios establecidos, obteniéndose finalmente el conjunto de estudios incluidos en la revisión sistemática.

Para el análisis de los datos, se diseñó una tabla en la que se registraron las enterobacterias identificadas en cada estudio, su mecanismo de resistencia, los factores ambientales/operativos mencionados y el contexto geográfico latinoamericano (Tabla 2).

### **3. RESULTADOS**

#### **3.1. Síntesis y análisis de los estudios incluidos**

Para esta revisión se diseñaron diez ecuaciones de búsqueda, estructuradas con operadores booleanos, cinco en español y cinco en inglés, aplicadas en las cinco bases de datos seleccionadas, conforme a lo descrito en la metodología. Los resultados obtenidos a partir de dichas combinaciones se presentan en la tabla 1.

---

<sup>1</sup> Mendeley. (s. f.). *Mendeley – Reference management software*. <https://www.mendeley.com/>

**Tabla 1.** Combinaciones de las palabras claves con el uso de operadores booleanos.

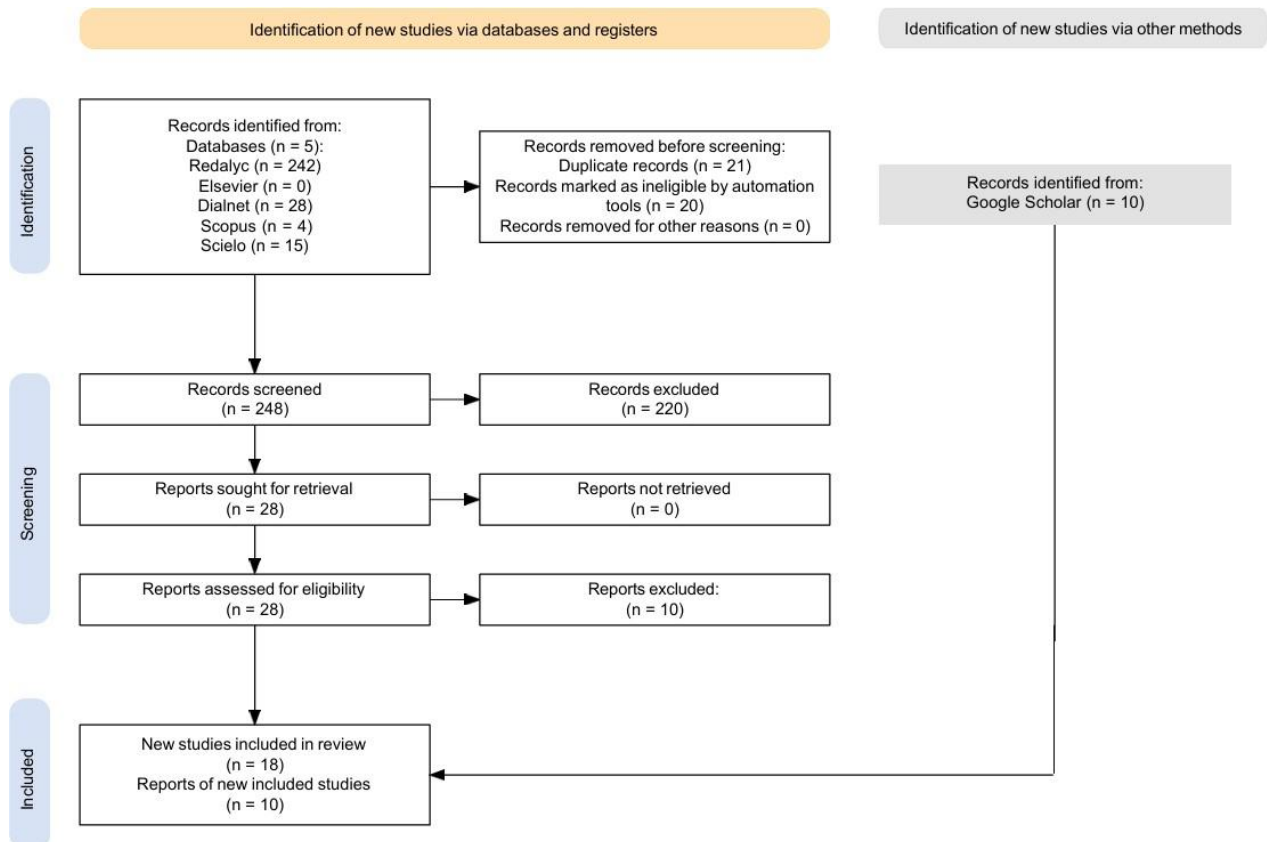
ESPAÑOL						
Palabras clave						
<b>Organismo principal (Enterobacterias / géneros):</b> Enterobacterias, <i>Escherichia coli</i> , <i>Klebsiella</i> , <i>Salmonella</i> , <i>Shigella</i> , <i>Enterobacter</i> .						
<b>Mecanismos de resistencia:</b> Mecanismos de resistencia, Resistencia antimicrobiana, Resistencia bacteriana, Genes de resistencia.						
<b>Ambiente (aguas residuales):</b> Aguas residuales, Aguas residuales urbanas, Efluentes, Contaminación hídrica.						
<b>Proceso / Factores asociados:</b> Factores ambientales, Factores operativos, Diseminación, Persistencia, Transferencia horizontal de genes.						
<b>Contexto geográfico:</b> América Latina.						
Palabras claves	Bases de datos					
	Redalyc	Elsevier	Dialnet	Scopus	Scielo	Total
("Mecanismos de resistencia" OR "Resistencia antimicrobiana") AND (Enterobacterias OR " <i>Escherichia coli</i> " OR <i>Klebsiella</i> OR <i>Salmonella</i> OR <i>Shigella</i> OR <i>Enterobacter</i> ) AND ("Aguas residuales" OR "Aguas residuales urbanas" OR efluentes) NOT (alimentos OR leche OR carne OR animales)	8	0	6	1	0	15
("Resistencia antimicrobiana" OR "Genes de resistencia" OR multirresistencia) AND (Enterobacterias OR <i>Enterobacter</i> OR <i>Salmonella</i> OR <i>Shigella</i> OR " <i>Escherichia coli</i> ") AND ("Aguas residuales" OR efluentes OR "aguas servidas") NOT (fermentación)	10	0	13	2	4	29
("Carbapenemasas" OR "β-lactamasas" OR "ESBL" OR multirresistencia) AND (Enterobacterias OR " <i>Escherichia coli</i> " OR <i>Klebsiella</i> ) AND ("Aguas residuales" OR "Aguas residuales urbanas") NOT (alimentos OR fermentación OR ganado)	8	0	4	1	5	18
("Mecanismos de resistencia" OR "Resistencia bacteriana") AND (Enterobacterias OR " <i>Escherichia coli</i> ") AND ("Aguas residuales" OR efluentes) AND ("Factores ambientales" OR "diseminación" OR "transferencia horizontal de genes") NOT (alimentos OR animal)	16	0	0	0	0	16
(Enterobacterias OR " <i>Escherichia coli</i> " OR <i>Klebsiella</i> ) AND ("Aguas residuales" OR "Aguas residuales urbanas" OR efluentes) AND (colonización OR persistencia OR diseminación) NOT (alimentos OR animal)	18	0	5	0	3	26
<b>Total español</b>						<b>104</b>

INGLÉS						
Keywords						
<b>Primary organism (Enterobacteria / genera):</b> Enterobacteriaceae, <i>Escherichia coli</i> , <i>Klebsiella</i> , <i>Salmonella</i> , <i>Shigella</i> , <i>Enterobacter</i> .						
<b>Resistance mechanisms:</b> Resistance mechanisms, Antimicrobial resistance, Bacterial resistance, Resistance genes.						
<b>Environment (wastewater):</b> Wastewater, Urban wastewater, Effluent, Water pollution.						
<b>Process/Associated factors:</b> Environmental factors, Operational factors, Dissemination, Persistence, Horizontal gene transfer.						
<b>Geographic context:</b> Latin America.						
Palabras clave	Bases de datos					
	Redalyc	Elsevier	Dialnet	Scopus	Scielo	Total
("Resistance mechanisms" OR "Antimicrobial resistance") AND (Enterobacteria OR " <i>Escherichia coli</i> " OR <i>Klebsiella</i> OR <i>Salmonella</i> OR <i>Shigella</i> OR <i>Enterobacter</i> ) AND ("Wastewater" OR "Urban wastewater" OR effluents) AND (Latin America) NOT (food OR milk OR meat OR animals)	2	0	0	0	0	2
("Antimicrobial resistance" OR "Resistance genes" OR multi-resistance) AND (Enterobacteria OR <i>Enterobacter</i> OR <i>Salmonella</i> OR <i>Shigella</i> OR " <i>Escherichia coli</i> ") AND ("Wastewater" OR effluents OR "sewage") NOT (fermentation)	81	0	0	0	1	82
("Carbapenemases" OR "β-lactamases" OR "ESBL" OR multidrug resistance) AND (Enterobacteriaceae OR " <i>Escherichia coli</i> " OR <i>Klebsiella</i> ) AND ("Wastewater" OR "Urban wastewater") NOT (food OR fermentation OR livestock)	10	0	0	0	0	10
("Resistance mechanisms" OR "Bacterial resistance") AND (Enterobacteria OR " <i>Escherichia coli</i> ") AND ("Wastewater" OR effluents) AND ("Environmental factors" OR "dissemination" OR "horizontal gene transfer") NOT (food OR animal)	2	0	0	0	1	3
(Enterobacteria OR " <i>Escherichia coli</i> " OR <i>Klebsiella</i> ) AND ("Wastewater" OR "Urban wastewater" OR effluents) AND (colonization OR persistence OR dissemination) NOT (food OR animal)	87	0	0	0	1	88
<b>Total inglés</b>						<b>185</b>
<b>Total artículos español e inglés</b>						<b>289</b>
<b>Notas aclaratorias: tipo de estudio (artículos de investigación, ensayos clínicos); población (Global); fecha de publicación (entre los años 2015-2015); idiomas (inglés y español).</b>						

Fuente: elaboración propia.

En la fase de identificación, la búsqueda en las bases de datos arrojó un total de 289 documentos, de los cuales 185 correspondieron a publicaciones en inglés y 104 en español. Se eliminaron 7 duplicados en inglés y 34 en español, conservándose 178 y 70 estudios, respectivamente, para la revisión inicial. En

la fase de selección, tras la lectura de títulos y resúmenes, se priorizaron los artículos con mayor correspondencia con los objetivos de investigación, y se seleccionaron 14 textos completos en cada idioma para su evaluación detallada. Posteriormente, se excluyeron cinco estudios de cada grupo por no cumplir los criterios de inclusión o por presentar información insuficiente. Finalmente, se incorporaron 18 artículos en inglés y español, a los que se sumaron 10 documentos adicionales identificados en Google Académico, los cuales fueron incluidos por cumplir con los criterios de pertinencia, calidad y rigor metodológico. En total, se analizaron 28 estudios en la revisión sistemática (Figura 1).



**Figura 1.** Diagrama de flujo PRISMA. Fuente: elaboración propia a partir de información de Haddaway, N. R., Page, M. J., Pritchard, C. C., y McGuinness, L. A. (2022). PRISMA2020: An R package and Shiny app for producing PRISMA 2020-compliant flow diagrams, with interactivity for optimised digital transparency and Open Synthesis Campbell Systematic Reviews, 18, e1230. <https://doi.org/10.1002/cl2.1230>.

En la siguiente tabla (2) se presentan los artículos incluidos en la revisión sistemática, los cuales fueron seleccionados conforme a los criterios de inclusión definidos en la metodología. Cada estudio se describe en relación con la enterobacteria identificada, los mecanismos de resistencia, los factores ambientales/operativos señalados y la calidad metodológica reportada. Esta sistematización permite visualizar de manera comparativa los principales aportes de la literatura y es la base para el análisis posterior de los hallazgos.

Pese a la aplicación rigurosa de los criterios de inclusión establecidos, se realizaron algunas excepciones justificadas en la selección de los artículos, atendiendo a su pertinencia temática, relevancia contextual y aporte significativo al objetivo de la investigación. A continuación, se describen los estudios incorporados bajo esta consideración:

- Juárez et al. (2003) – Microbiological indicators of water quality in the Xochimilco canals, Mexico City.

→ Se incluyó por aportar antecedentes relevantes sobre el uso de enterobacterias como indicadores microbiológicos en aguas urbanas, a pesar de encontrarse fuera del rango temporal establecido.

- Alzate et al. (2016) – Identificación de un consorcio microbiano en humedales construidos de flujo sub-superficial alimentados con aguas residuales industriales coloreadas.

→ Se consideró pertinente porque, aunque se desarrolló en un entorno industrial, guarda relación con procesos de tratamiento de aguas vinculados a sistemas urbanos.

- Ríos, Agudelo y Gutiérrez (2017) – Patógenos e indicadores microbiológicos de calidad del agua para consumo humano.

→ Fue incluido por su contribución a la identificación de enterobacterias resistentes en redes de abastecimiento urbano.

- Vázquez, Lara y Tipán (2025) – Perfil de susceptibilidad antimicrobiana de enterobacterias hidrotransmisibles aisladas en el río Guamote, Chimborazo.

→ Se incorporó por ofrecer evidencia reciente sobre mecanismos de resistencia antimicrobiana en cuerpos de agua de Latinoamérica.

- Instituto Nacional de Salud (INS, 2024) – Lineamiento técnico para la vigilancia de *Escherichia coli* y *Salmonella* spp. productoras de BLEE y carbapenemasas.

→ Se incluyó por su relevancia normativa y contextual en la vigilancia de resistencia antimicrobiana en Colombia.

- Bastidas et al. (2022) – Extended-Spectrum Beta-Lactamases Producing *Escherichia coli* in South America: A Systematic Review with a One Health Perspective.

→ Se añadió por ofrecer una visión regional integradora sobre la presencia de enterobacterias productoras de BLEE, a pesar de tratarse de una revisión bibliográfica.

**Tabla 2.** Artículos incluidos en la revisión sistemática.

Nº	Autor (año)	Enterobacteria(s)	Mecanismo(s) de resistencia	Factores ambientales / operativos	Contexto geográfico
1	Juárez et al. (2003)	<i>Escherichia coli</i>	Resistencia fenotípica a tetraciclina y ampicilina; transferencia por plásmidos (conjugación).	Descargas cloacales ilegales; PTAR con eficiencia parcial; fugas de alcantarillado; uso de agua tratada para riego.	México (LatAm)
2	Rodríguez y Jiménez (2023)	<i>E. coli</i> , <i>K. pneumoniae</i> , <i>Enterobacter cloacae</i> , <i>Salmonella</i> spp., <i>Proteus mirabilis</i>	BLEE, carbapenemasas, bombas de eflujo y resistencia mediada por plásmidos (HGT).	Descargas hospitalarias/domésticas/agrícolas; acumulación de antibióticos y metales; deficiencia de tratamiento.	Colombia
3	Segundo et al. (2017)	<i>Salmonella enterica</i> (serovar Typhimurium)	No reporta	Aislamiento desde agua contaminada; presencia ambiental de <i>Salmonella</i> en aguas residuales.	México (LatAm)
4	Dias. et al. (2019)	<i>E. coli</i> ; <i>K. pneumoniae</i> (ssp. pneumoniae, ozaenae)	EMA (aacC2), BLEE (blaTEM, blaSHV, blaCTX-M-1), PMQR (qnrB); reportes de resistencia a carbapenems.	Descarga de efluentes hospitalarios/industriales; contaminación fecal y presión por uso de antibióticos; plásmidos/integrones.	Río de Janeiro, Brasil (LatAm)
5	Larrea et al. (2022)	<i>E. coli</i> y coliformes termotolerantes	Menciones a BLEE en <i>E. coli</i> en estudios asociados (no caracterizado en detalle).	Descargas de aguas residuales, vertimientos agrícolas/industriales, metales pesados, variabilidad estacional.	La Habana, Cuba
6	Rueda, Arboleda y Pérez (2017)	<i>E. coli</i> y coliformes totales	No reporta	Falta de tratamiento, discontinuidad en servicio, biopelículas, vertimientos fecales, saneamiento deficiente.	Meta, Colombia
7	Alzate et al. (2016)	<i>E. coli</i>	No reporta	Humedales plantados, control parámetros fisicoquímicos, aguas residuales textiles; reducción de carga orgánica.	Antioquia, Colombia
8	Balcaza et al. (2020)	<i>E. coli</i> ; <i>K. pneumoniae</i> ; <i>Enterobacter</i> spp.; <i>Citrobacter</i> ; <i>Cedecea</i>	Resistencia fenotípica a fosfomicina, colistina y tigeciclina (genes específicos no detallados; mcr sugerido).	Descargas domésticas/hospitalarias/agropecuarias; uso de antibióticos en salud animal/humana; desinfectantes/metales como presión selectiva.	Chaco, Argentina

9	Menezes et al. (2021)	<i>Escherichia coli</i>	Resistencia fenotípica a betalactámicos, tetraciclinas y fluoroquinolonas (sin caracterización genética).	Contaminación por descargas domésticas y urbanas.	Brasil
10	Gonçalves, D. (2024)	<i>K. pneumoniae</i> ; <i>Enterobacter cloacae</i> ; <i>K. oxytoca</i> ; <i>Citrobacter</i> ; <i>Kluyvera</i>	Carbapenemasas (blaKPC-2) y perfiles MDR; aislamientos con resistencia extensa.	Ausencia de tratamiento previo de efluentes hospitalarios; vertido al sistema municipal.	Brasil
11	Chacón et al. (2022)	<i>E. coli</i> (EPEC, EAEC, EHEC, ETEC, EIEC, DAEC)	Genes de virulencia (eaeA, aggR, stx1/2, lt/st, ipaH, daaE); no se evaluaron genes de resistencia.	Persistencia post-tratamiento secundario; alta carga orgánica; variación estacional (seca/lluvia).	Costa Rica
12	Ortega et al. (2024)	<i>Escherichia coli</i>	Genes tet(A/B/M/C); integrón clase 1 (intl); transferencia plasmídica (IncF, IncP, IncW, IncK/B, IncI).	Muestreo en Río Bravo y drenes urbanos; técnicas CLSI, PCR y conjugación plasmídica.	Reynosa, Tamaulipas, México (LatAm)
13	Ríos, Agudelo y Gutiérrez (2017)	<i>E. coli</i> , <i>Salmonella spp.</i> , <i>Shigella spp.</i> , <i>Klebsiella spp.</i> , <i>Enterobacter spp.</i>	No reporta	Revisión de métodos de control y monitoreo del agua potable.	Colombia
14	Morales et al. (2022)	<i>Escherichia coli</i>	No reporta	Precipitación, periodo seco/lluvioso, uso del suelo urbano/agro, intensidad de lluvia; monitoreo quincenal.	Costa Rica
15	Soriano et al. (2021)	<i>Enterobacter cloacae</i> ; <i>E. coli</i> ; <i>Citrobacter</i> ; <i>Enterobacter asburiae</i> ; <i>K. oxytoca</i> ; <i>E. vulneris</i> ; <i>Y. enterocolitica</i>	Genes blaTEM, blaKPC, blaIMP (BLEE y carbapenemasas); perfiles MDR fenotípicos.	Efluentes hospitalarios sin tratamiento; descarga directa a alcantarillado; riesgo de contaminación urbana y fluvial.	Lima, Perú (LatAm)
16	Flores Moya et al. (2019)	<i>Escherichia coli</i>	Producción fenotípica de BLEE; sospecha de AmpC plasmídico; resistencia a cefalosporinas 3 <sup>a</sup> gen.	Aguas de riego contaminadas por aguas residuales domésticas; muestreo puntual (julio 2018).	Cochabamba, Bolivia (LatAm)
17	Suldotski et al. (2024)	<i>K. pneumoniae</i> ; <i>Enterobacter cloacae</i> ; <i>K. oxytoca</i> ; <i>E. coli</i> ; <i>C. freundii</i>	ESBLs y presencia del gen blaKPC; resistencia a $\beta$ -lactámicos y carbapenémicos.	Efluentes hospitalarios no tratados que desembocan en arroyo local; variación estacional (más en primavera).	Brasil
18	Dias et al. (2019)	<i>E. coli</i> ; <i>K. pneumoniae</i> (ssp. pneumoniae, ozaenae)	EMA (aacC2), BLEE (blaTEM, blaSHV, blaCTX-M-1), PMQR (qnrA/B/S); plásmidos transferibles; búsqueda de blaKPC.	Contaminación por efluentes domésticos, hospitalarios e industriales; presencia de plásmidos/integrones.	Río de Janeiro, Brasil (LatAm)

19	Vázquez, Lara y Tipán, (2025)	<i>K. pneumoniae</i> ; <i>K. oxytoca</i> ; <i>Citrobacter spp.</i> ; <i>Proteus mirabilis</i> ; <i>Enterobacter spp.</i>	AmpC ( $\beta$ -lactamasas tipo AmpC); mutaciones en <i>gyrA</i> (quinolonas); multirresistencia fenotípica.	Descargas urbanas, domésticas y agrícolas; uso de agua para riego de alimentos; falta de tratamiento.	Guamote, Chimborazo, Ecuador
20	Malán (2024)	<i>E. coli</i> ; <i>Klebsiella sp.</i> ; <i>Enterobacter sp.</i> ; <i>Citrobacter sp.</i>	BLEE; genes <i>blaCTX-M</i> , <i>blaTEM</i> , <i>blaSHV</i> detectados por RT-PCR.	Aguas residuales hospitalarias/laboratorio sin tratamiento previo; alta carga de coliformes.	Ambato, Ecuador (LatAm)
21	Pérez et al. (2015)	<i>Enterobacter</i> , <i>Klebsiella</i> , <i>Escherichia</i>	Resistencia fenotípica a colorantes y solventes (adaptaciones metabólicas/ de membrana); no genes AMR estudiados.	Aguas residuales industriales con alta carga de solventes y colorantes.	México (LatAm)
22	Pereira. et al. (2022)	<i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Enterobacter cloacae</i> complex, <i>Citrobacter freundii</i> , <i>Escherichia coli</i>	Carbapenemasas <i>blaKPC</i> y <i>blaNDM</i> ; resistencia a $\beta$ -lactámicos y carbapenems.	Efluentes hospitalarios como principal fuente de contaminación; correlación directa entre presencia de cepas resistentes y proximidad a hospitales.	Río de Janeiro, Brasil (LatAm).
23	Coelho et al. (2021)	<i>Escherichia coli</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Enterobacter cloacae</i> , <i>Citrobacter freundii</i> , <i>Proteus mirabilis</i>	Producción de $\beta$ -lactamasas de espectro extendido (BLEE) y carbapenemasas; detección de genes <i>blaTEM</i> , <i>blaCTX-M</i> , <i>blaSHV</i> y <i>blaKPC</i> en varios aislamientos.	Aguas residuales municipales sin tratamiento; contaminación por descargas urbanas y hospitalarias mixtas; ausencia de sistemas de depuración previos a la liberación al ambiente.	Minas Gerais, Brasil
24	Bastidas et al. (2022)	<i>Escherichia coli</i>	Genes <i>blaCTX-M</i> , <i>blaTEM</i> , <i>blaSHV</i> ; principal mecanismo: $\beta$ -lactamasas de espectro extendido (BLEE). Se reportan variantes <i>CTX-M-1</i> , <i>CTX-M-2</i> , <i>CTX-M-9</i> , <i>CTX-M-15</i> .	Identificación de BLEE en muestras humanas, animales y ambientales (aguas residuales y ríos); transmisión cruzada vinculada a actividades agropecuarias y urbanas.	Brasil, Colombia, Ecuador, Perú, Argentina y Chile
25	Rodríguez, Pino y Jiménez (2021)	<i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Escherichia coli</i> , <i>Enterobacter cloacae</i> , <i>Citrobacter freundii</i>	Genes <i>blaKPC</i> , <i>blaNDM</i> , <i>blaOXA-48</i> , <i>blaCTX-M</i> , <i>blaSHV</i> , <i>ermB</i> , <i>sul1</i> , <i>sul2</i> , <i>tetW</i> , <i>qnrA</i>	temperatura, precipitación, carbono orgánico total, oxígeno disuelto, conductividad y origen de los efluentes hospitalarios; mayor abundancia de ARGs durante temporadas lluviosas.	Colombia
26	Téllez, Rodríguez y Jiménez (2023)	<i>Citrobacter freundii</i> , <i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Escherichia coli</i> , <i>Enterobacter cloacae</i>	Genes <i>blaTEM</i> , <i>blaSHV</i> , <i>blaCTX-M</i> (grupos 1 y 9), <i>blaKPC</i> , <i>blaVIM</i> ; coexistencia BLEE y carbapenemasas; 100% MDR.	Tipo de unidad hospitalaria (UCI, quirúrgica, hospitalización), presión antibiótica, mezcla de efluentes hospitalarios con red urbana; variabilidad entre puntos de muestreo.	Colombia

27	Arévalo et al. (2017)	Morganella, Providencia, Proteus	No reportado	Tipo de tratamiento (digestión anaerobia), concentración de metales pesados, temperatura, oxígeno disuelto y composición del agua residual (doméstica, industrial, hospitalaria).	Colombia
28	Instituto Nacional de Salud (2024)	Escherichia coli, Salmonella spp., Klebsiella pneumoniae	BLEE (principalmente CTX-M, también blaTEM, blaSHV), AmpC (ej. CMY), y carbapenemasas (KPC, NDM, VIM, OXA)	Aguas residuales municipales sin Difusión humana-animal-ambiente; efluentes y aguas residuales.	Colombia

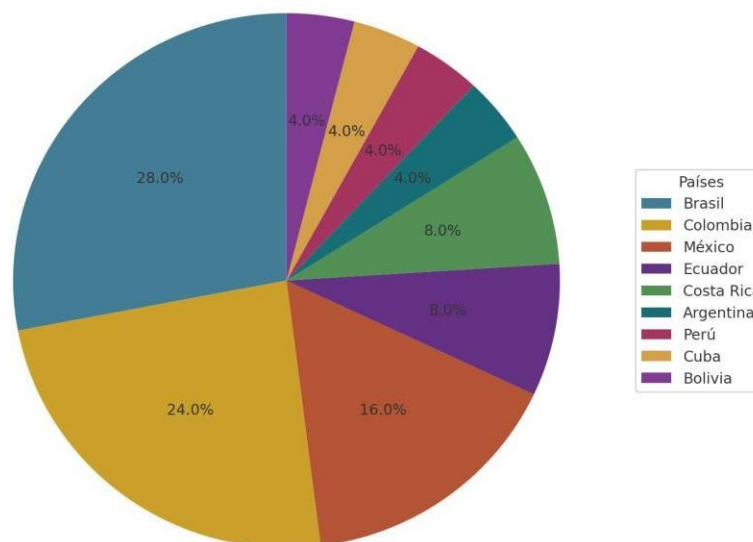
Fuente: elaboración propia.

### 3.1. Enterobacterias presentes en aguas residuales urbanas

El análisis de los 28 estudios incluidos en esta revisión identificó diferentes enterobacterias en aguas residuales urbanas de Brasil, Colombia, Ecuador, México, Perú, Argentina, Chile, entre otros (ver gráfico 1). Brasil cuenta con el mayor número de investigaciones, mientras que Colombia ocupa el segundo lugar con 9 estudios.

**Gráfico 1.** Contexto geográfico de los estudios.

Distribución geográfica de los estudios  
(Aguas residuales urbanas en Latinoamérica)



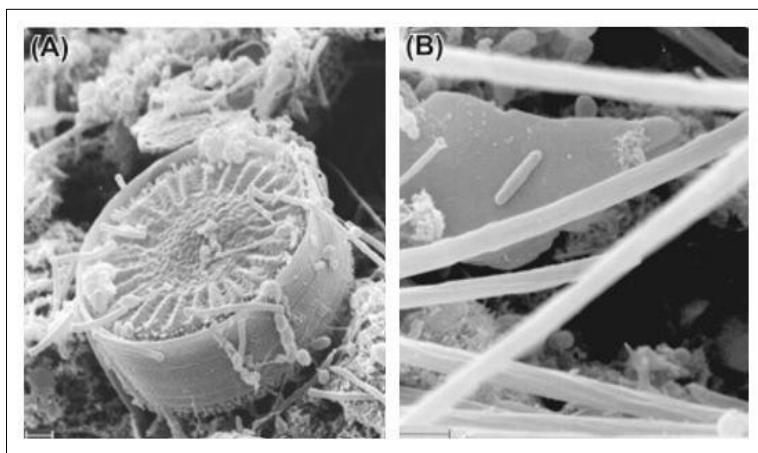
Fuente: elaboración propia.

La mayoría de las investigaciones se realizaron en zonas urbanas o en plantas de tratamiento que reciben descargas de origen doméstico, hospitalario o mixto. En estos sistemas, la acumulación de materia orgánica, nutrientes y humedad genera un entorno favorable para la persistencia y multiplicación de microorganismos, entre ellos las enterobacterias (Coelho et al., 2021; Téllez, Rodríguez y Jiménez, 2023; Rodríguez, Pino y Jiménez, 2021). La figura 1 muestra las etapas del tratamiento de aguas residuales, que incluyen procesos físicos, biológicos y químicos destinados a reducir la carga contaminante antes de su vertimiento o reutilización. Sin embargo, se ha evidenciado en los estudios que las enterobacterias pueden encontrarse en distintas fases del sistema, desde el afluente hasta el efluente final, lo que demuestra su capacidad para resistir los procesos de depuración y mantenerse activas en el ambiente urbano.



**Figura 1.** Esquema general del tratamiento de aguas residuales urbanas. Fuente: Aguas y Aguas de Pereira S.A. E.S.P. (2019). Capítulo 2. Descripción del proyecto: Planta de Tratamiento de Aguas Residuales (PTAR) El Paraíso, municipios de Pereira y Dosquebradas. En Estudio de Impacto Ambiental del Proyecto PTAR El Paraíso. Pereira, Colombia: Aguas y Aguas de Pereira S.A. E.S.P., en asociación con Hazen, Fichtner y Conhydra S.A.

Entre los géneros identificados, *Escherichia coli* fue el más frecuente, reportado en 25 de los 28 estudios analizados (Figura 2). *E. coli* aparece como indicador de contaminación fecal en varios documentos de referencia incluidos en la matriz; su presencia en aguas residuales muestra el aporte de materia orgánica de origen humano y animal (Juárez et al., 2003; Ríos, Agudelo y Gutiérrez, 2017). La figura 2 evidencia imágenes de microscopía electrónica donde se observa la adhesión de *E. coli* a partículas orgánicas e inorgánicas, lo que le permite mantenerse activa en ambientes acuáticos y explica su persistencia en los sistemas de tratamiento.



**Figura 2.** Adhesión de *Escherichia coli* a partículas orgánicas e inorgánicas. Imágenes de microscopía electrónica de barrido: (A) crecimiento de *E. coli* adherida a una diatomea en una biopelícula; (B) *E. coli* adherida a una partícula de arcilla. Fuente: Chahal, C., van den Akker, B., Young, F., Franco, C., Blackbeard, J., y Monis, P. (2016). *Pathogen and particle associations in wastewater: Significance and implications for treatment and disinfection processes*. *Advances in Applied Microbiology*, 97, 63-119. <https://doi.org/10.1016/bs.aambs.2016.08.001>

Su detección se asocia con contaminación fecal, ya que es una bacteria intestinal común en humanos y animales de sangre caliente (Ríos, Agudelo y Gutiérrez, 2017). La presencia de *E. coli* en el agua indica contaminación reciente, y su persistencia en los sistemas de agua residual demuestra la carga microbiológica de origen urbano (Pereira, 2022; Bastidas et al., 2022). En Brasil, fue aislada tanto en aguas sin tratar como en efluentes de plantas de tratamiento, lo que evidencia que los procesos de depuración, conformados por etapas físicas, biológicas y químicas, no siempre eliminan por completo a estos microorganismos (Coelho et al., 2021). En Colombia, Rodríguez, Pino y Jiménez (2021) y Téllez, Rodríguez y Jiménez (2023) también reportaron su presencia en diferentes puntos del tratamiento, incluyendo el efluente final.

*Klebsiella pneumoniae* fue la segunda especie más citada (16 estudios). Varios trabajos la ubicaron en la entrada de las plantas, en el tratamiento biológico secundario y en el efluente final, lo que indica que parte de la carga sobrevive a las etapas de remoción microbiológica (Rodríguez, Pino y Jiménez, 2021; Téllez, Rodríguez y Jiménez, 2023; Pereira, 2022). En contextos donde confluyen efluentes hospitalarios y municipales se registró una mayor frecuencia de *K. pneumoniae*, lo que añade relevancia a la vigilancia de descargas clínicas dentro del sistema urbano. Su coexistencia con *E. coli* fue común en varios estudios, posiblemente porque ambas comparten nichos ecológicos similares, es decir, ambientes húmedos y con abundante materia orgánica, y se originan principalmente en la microbiota intestinal humana (Coelho et al., 2021; Gonçalves et al., 2019).

*Enterobacter cloacae* se reportó en 13 estudios y fue detectada en biosólidos, efluentes hospitalarios y cuerpos receptores que reciben descargas domésticas y urbanas. Investigaciones como las de Soriano et al. (2021), Gonçalves et al. (2024) y Vásquez, Lara y Tipán (2025) evidencian su presencia tanto en efluentes sin tratamiento como en aguas de riego y ríos contaminados, lo que demuestra su adaptabilidad a matrices con alta carga orgánica y su capacidad para persistir en ambientes urbanos. En Ecuador, Bastidas et al. (2022) y Vásquez, Lara y Tipán (2025) también registraron *E. cloacae* en cuerpos hídricos receptores de descargas domésticas, lo que evidencia su participación activa en la contaminación urbana y su posible interacción con bacterias de origen fecal.

Entre las especies menos frecuentes se encuentran *Citrobacter freundii* (4 estudios), *Proteus mirabilis* (3), *Morganella morganii* (3) y *Providencia rettgeri* (3). Su menor número de apariciones puede relacionarse con su baja abundancia relativa en las muestras y con que muchos muestreos priorizan


indicadores como *E. coli* y *K. pneumoniae*. Aun así, estos géneros se reportaron en lodos, efluentes y ríos urbanos (Coelho et al., 2021; Bastidas et al., 2022; Arévalo et al., 2017). Estas especies mantienen relevancia ambiental y sanitaria, ya que pueden comportarse como bacterias oportunistas capaces de causar infecciones en personas con defensas bajas o en entornos hospitalarios. Además, varios estudios han evidenciado que portan genes de resistencia ubicados en plásmidos e integrones, los cuales facilitan la transferencia horizontal entre bacterias y su persistencia en ecosistemas residuales (Coelho et al., 2021; Rojas et al., 2016; Pereira, 2022; Bastidas et al., 2022; Rodríguez, Pino y Jiménez, 2021).



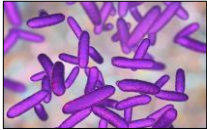
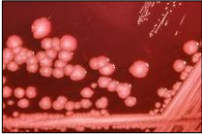
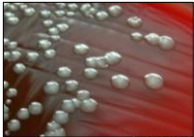
Los estudios realizados en México (Juárez et al., 2003) y Argentina (Balcaza et al., 2020) confirman que las enterobacterias pueden mantenerse activas en aguas superficiales contaminadas con descargas urbanas, incluso cuando las condiciones del agua no son óptimas para su crecimiento. En Perú y Chile también se observó que las descargas domésticas no tratadas incrementan la carga bacteriana en los cuerpos de agua urbanos (Soriano et al., 2021; Bastidas et al., 2022). En el caso de Colombia, los análisis de Rodríguez, Pino y Jiménez (2021) demostraron que, aun después del tratamiento secundario, persisten concentraciones detectables de *E. coli* y *K. pneumoniae*, lo que indica una eliminación parcial atribuida a la formación de biopelículas y a la presencia de genes de resistencia que les permiten sobrevivir a la desinfección.

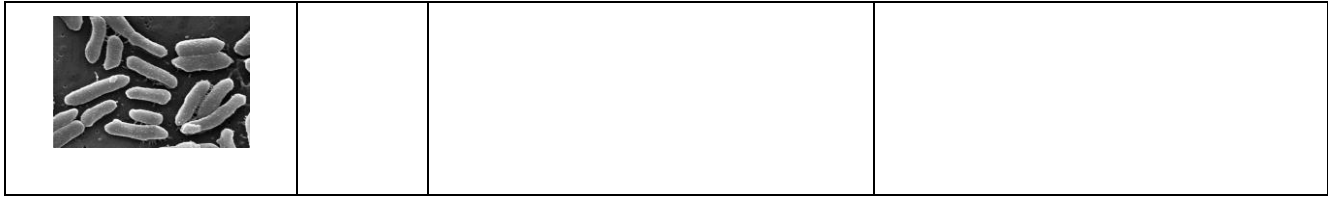
Varios trabajos incluidos en la revisión muestran que las enterobacterias persisten en cuerpos receptores y pueden detectarse fuera de las plantas de tratamiento, por ejemplo, en ríos y zonas de riego. Esta situación fue documentada en Bolivia (Flores et al., 2019), Ecuador (Vásquez, Lara y Tipán, 2025) y Costa Rica (Chacón et al., 2022), lo que evidencia la conexión entre la gestión del saneamiento urbano y la carga microbiana en ambientes receptores donde puede producirse exposición humana o ambiental.

En la tabla 1 se resumen las enterobacterias identificadas en los 28 estudios incluidos en la revisión, junto con sus principales características microbiológicas y los hallazgos observados en aguas residuales urbanas. Es importante señalar que varios estudios reportaron más de una especie, por lo que el número total de registros supera el de artículos analizados.

**Tabla 2.** Enterobacterias identificadas en aguas residuales urbanas.

Género / especie	N.º de estudios	Características generales	Hallazgos en aguas residuales urbanas
<p><i>Escherichia coli</i></p> 	25	Bacteria coliforme, indicador de contaminación fecal; aerobia facultativa.	Reportada en afluentes y efluentes tratados; alta abundancia ( $10^3$ – $10^6$ UFC/mL); persistente tras procesos de depuración.

<p><i>Klebsiella pneumoniae</i></p> 	16	Oportunista, presente en ambientes húmedos y orgánicos.	Identificada en distintas etapas del tratamiento; frecuente en efluentes hospitalarios y urbanos.
<p><i>Enterobacter cloacae</i></p> 	13	Bacilo móvil, aerobio facultativo.	Detectada en biosólidos y ríos urbanos; adaptada a ambientes con alta materia orgánica.
<p><i>Citrobacter freundii</i></p> 	4	Habitante intestinal y del suelo.	Presente en aguas sin tratar; asociada a zonas con baja oxigenación y alta carga orgánica.
<p><i>Proteus mirabilis</i></p> 	3	Bacteria móvil con capacidad de formar biopelículas.	Encontrada en aguas residuales domésticas; sobrevive en condiciones variables de pH y nutrientes.
<p><i>Morganella morganii</i></p> 	3	Comensal intestinal y ambiental.	Aislada en lodos activados; baja frecuencia y limitada supervivencia ambiental.
<p><i>Providencia rettgeri</i></p>	3	Enterobacteria móvil y oportunista.	Presente en aguas domésticas; persistente en ambientes urbanos con saneamiento deficiente.



Fuente: elaboración propia.

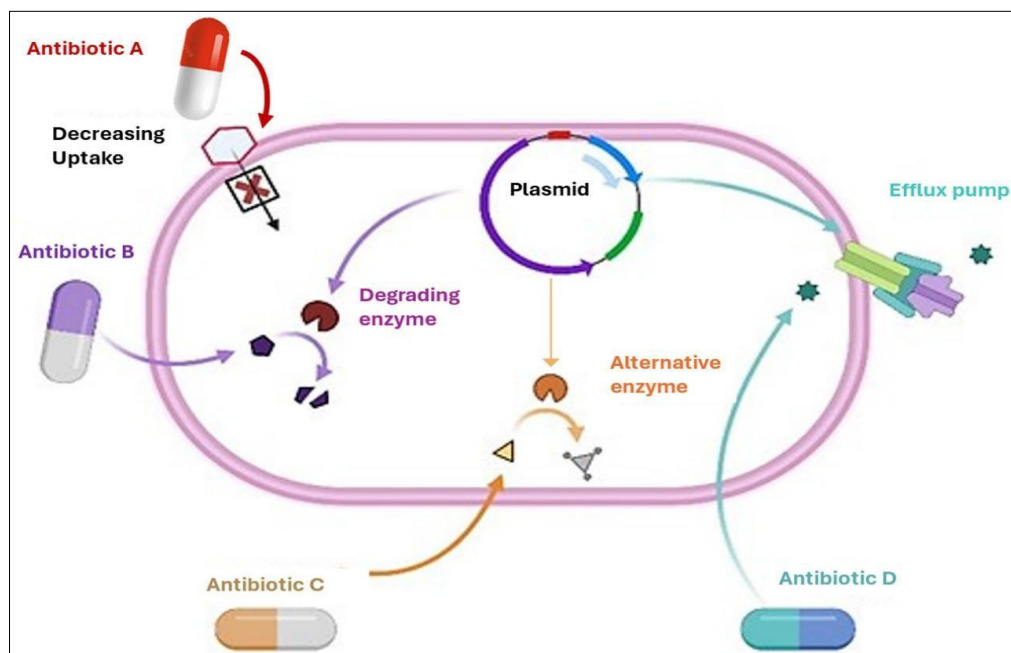
### 3.2. Mecanismos de resistencia asociados a las enterobacterias presentes en aguas residuales urbanas

De acuerdo con el análisis efectuado, las enterobacterias presentes en aguas residuales urbanas presentan mecanismos de resistencia de tipo genético, bioquímico y ambiental. Aunque seis estudios no reportaron información específica sobre mecanismos de resistencia, los resultados obtenidos permiten inferir y establecer indicios sobre los procesos que favorecen la supervivencia y persistencia de estos microorganismos. En general, los hallazgos muestran que los mecanismos más comunes son de origen genético, relacionados con la presencia de genes ubicados en plásmidos, integrones y transposones, lo cual facilita la transferencia horizontal de resistencia entre bacterias ambientales y de origen clínico.

Entre los genes más detectados se encuentran aquellos que codifican  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido (BLEE), principalmente *blaCTX-M*, *blaTEM* y *blaSHV*, identificados en especies como *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* y *Enterobacter cloacae*. Estos genes se localizaron con mayor frecuencia en plásmidos conjugativos, lo que explica la amplia diseminación observada en los distintos estudios realizados en Brasil, Colombia, Ecuador y Perú (Coelho et al., 2021; Rodríguez, Pino y Jiménez, 2021; Pereira, 2022; Téllez et al., 2023). También se detectaron genes carbapenemasa, entre ellos *blaKPC*, *blaNDM*, *blaVIM*, *blaIMP* y *blaOXA-48*, asociados especialmente a cepas de *K. pneumoniae* y *E. coli* aisladas de efluentes hospitalarios o de sistemas mixtos que reciben descargas domésticas y clínicas. La coexistencia de genes BLEE y carbapenemasa en los mismos aislamientos evidencia la complejidad de los mecanismos genéticos presentes en las aguas residuales urbanas de la región.

Otros genes reportados incluyen *qnr*, relacionados con la resistencia plasmídica a quinolonas; *aacC2* y *aadA*, vinculados con la modificación enzimática de aminoglucósidos; *tet(A/B/C/M)*, asociados a resistencia a tetraciclinas; y *sul1/sul2*, vinculados con resistencia a sulfonamidas. En algunos estudios recientes se registró la presencia del gen *mcr*, que modifica el lípido A del lipopolisacárido, confirmando resistencia a colistina, antibiótico de última línea empleado en infecciones graves por bacterias multirresistentes (Bastidas et al., 2022; Vásquez, Lara y Tipán, 2025). Por lo tanto, la detección de estos genes confirma que las enterobacterias en aguas residuales actúan como reservorios ambientales de resistencia múltiple.

En la Figura 2 se ilustran de manera esquemática los principales mecanismos de resistencia bacteriana descritos en los estudios analizados, los cuales muestran la interacción entre los niveles genético y bioquímico de la resistencia. En este esquema se representan los procesos mediante los cuales las bacterias pueden disminuir la captación del antibiótico a través de la modificación de porinas, inactivar el fármaco mediante enzimas degradantes, sintetizar enzimas alternativas que sustituyen el sitio de acción original o expulsar activamente las moléculas antimicrobianas por medio de bombas de eflujo. Estos mecanismos, observados en especies como *E. coli*, *K. pneumoniae* y *E. cloacae*, explican la capacidad de las enterobacterias para resistir a antibióticos y persistir en los sistemas de tratamiento de aguas residuales urbanas.



**Figura 3.** Esquema general de los principales mecanismos de resistencia bacteriana a antibióticos: (A) disminución de la captación, (B) producción de enzimas degradantes, (C) síntesis de enzimas alternativas y (D) expulsión mediante bombas de eflujo. Fuente: Elshobary, M. E., Badawy, N. K., Ashraf, Y., Zatioun, A. A., Masriya, H. H., Ammar, M. M., Mohamed, N. A., Mourad, S., y Assy, A. M. (2025). *Combating antibiotic resistance: Mechanisms, multidrug-resistant pathogens, and novel therapeutic approaches: An updated review. Pharmaceuticals*, 18(3), 402. <https://doi.org/10.3390/ph18030402>

En cuanto a los mecanismos bioquímicos, la producción de  $\beta$ -lactamasas y carbapenemasas se presenta como el principal mecanismo de resistencia. En varios estudios se confirmó fenotípicamente la producción de BLEE en *E. coli* y *K. pneumoniae*, principalmente mediante la hidrólisis de penicilinas y cefalosporinas de tercera generación (Coelho et al., 2021; Pereira, 2022). Asimismo, se identificó la producción de carbapenemasas tipo KPC y NDM en aislamientos procedentes de efluentes hospitalarios en Colombia, Brasil y Argentina (Rodríguez, Pino y Jiménez, 2021; Balcaza et al., 2020). Algunos estudios también evidenciaron la presencia de enzimas AmpC en *Enterobacter cloacae*, lo que sustenta su papel como especie adaptada a ambientes con alta carga orgánica y exposición constante a antibióticos (Soriano et al., 2021).

Junto con la producción enzimática, se evidenciaron mecanismos adicionales como la reducción de la permeabilidad de la membrana externa, debido a la pérdida o modificación de porinas (OmpF, OmpC y OmpK36), y el incremento de la actividad de bombas de eflujo, que permiten la expulsión activa de antimicrobianos desde el interior celular, disminuyendo su concentración intracelular. Algunos estudios detectaron mutaciones cromosómicas en genes como *gyrA* y *parC*, asociadas a resistencia a fluoroquinolonas (Vásquez, Lara y Tipán, 2025).

Además de los componentes genéticos y bioquímicos, la revisión identificó mecanismos de resistencia asociados a condiciones ambientales. La presencia de antibióticos, desinfectantes y metales pesados en los efluentes urbanos y hospitalarios ejerce una presión selectiva que favorece la conservación y transferencia de genes de resistencia (Flores Moya et al., 2019; Gonçalves et al., 2024). Las aguas residuales provenientes de hospitales y laboratorios clínicos mostraron mayor diversidad de genes y una proporción más alta de cepas multirresistentes, lo cual permite deducir que estos sistemas actúan como reservorios críticos para la propagación de bacterias resistentes en entornos urbanos (Téllez et al., 2023; Suldotski et al., 2024).

La formación de biopelículas en los sistemas de tratamiento y en las redes de distribución también se describe como un aspecto que contribuye a la persistencia de las enterobacterias resistentes. Estas estructuras facilitan la comunicación interbacteriana (*quorum sensing*), protegen frente a agentes desinfectantes y permiten la transferencia horizontal de genes. Así, aun después del tratamiento secundario o terciario, se han detectado genes de resistencia en los efluentes finales y en los cuerpos receptores, lo que demuestra una eliminación incompleta y un riesgo de dispersión ambiental (Rodríguez, Pino y Jiménez, 2021; Coelho et al., 2021).

Al comparar los resultados de los distintos estudios, se observa una similitud en los mecanismos de resistencia, especialmente en la amplia distribución de genes BLEE y carbapenemasa, y en la importancia de los plásmidos e integrones como principales vehículos de transferencia genética. Las diferencias radican principalmente en la procedencia de las muestras, donde los efluentes con aporte hospitalario registran mayores niveles de resistencia y diversidad de genes, mientras que las aguas domésticas muestran perfiles moderados, dominados por BLEE y AmpC. Asimismo, se evidencian contrastes metodológicos, ya que algunos trabajos se basan exclusivamente en pruebas fenotípicas, mientras que otros aplican PCR o qPCR para la identificación molecular de genes específicos (Menezes et al., 2021; Rueda et al., 2017).

Es importante señalar que algunos mecanismos, como la producción de BLEE, aparecen tanto en el nivel genético como en el bioquímico. En el primer caso, hacen referencia a la presencia de genes codificantes como *blaCTX-M*, *blaTEM* y *blaSHV*; en el segundo, a la expresión fenotípica de las enzimas  $\beta$ -lactamasas que confieren resistencia a  $\beta$ -lactámicos.

En la Tabla 3 se presentan los principales mecanismos de resistencia identificados a partir del análisis de los 28 estudios incluidos en la revisión sistemática, sus características y las enterobacterias en las que fueron reportados.

**Tabla 3.** Mecanismos de resistencia en enterobacterias aisladas de aguas residuales urbanas en Latinoamérica.

Tipo de mecanismo	Mecanismos de resistencia	Características	Enterobacterias reportadas
Genético	<i>blaCTX-M</i> , <i>blaTEM</i> , <i>blaSHV</i> (BLEE)	Genes plasmídicos e integrónicos que codifican $\beta$ -lactamasas de espectro extendido. Detectados en cepas ambientales y hospitalarias (Coelho, 2021; Pereira, 2022).	<i>E. coli</i> , <i>K. pneumoniae</i> , <i>E. cloacae</i> , <i>C. freundii</i> , <i>M. morganii</i> , <i>P. rettgeri</i>
Genético	<i>blaKPC</i> , <i>blaNDM</i> , <i>blaVIM</i> , <i>blaOXA-48</i> (carbapenemasas)	Genes que confieren resistencia a carbapenémicos; frecuentes en efluentes hospitalarios (Rodríguez, Pino y Jiménez, 2021; Téllez-Carrasquilla, 2023).	<i>K. pneumoniae</i> , <i>E. coli</i> , <i>E. cloacae</i>
Genético	<i>qnr</i> , <i>aacC2</i> , <i>tet(A/B)</i> , <i>sul1/sul2</i> , <i>mcr</i>	Genes plasmídicos que protegen la ADN-girasa, modifican aminoglucósidos o alteran el lípido A. Asociados a resistencia múltiple (Bastidas, 2022; Vásquez, Lara y Tipán, 2025).	<i>E. coli</i> , <i>K. pneumoniae</i> , <i>P. mirabilis</i>
Bioquímico	BLEE, AmpC, carbapenemasas	Enzimas que hidrolizan $\beta$ -lactámicos y carbapenémicos, responsables del fenotipo multirresistente (Soriano, 2021; Coelho, 2021).	<i>E. coli</i> , <i>K. pneumoniae</i> , <i>E. cloacae</i> , <i>C. freundii</i> , <i>M. morganii</i> , <i>P. rettgeri</i>

Bioquímico	Bombas de eflujo, alteración de porinas, mutaciones <i>gyrA/parC</i>	Disminuyen la concentración intracelular o modifican los blancos; asociadas a resistencia a fluoroquinolonas (Pereira, 2022; Gonçalves, 2019).	<i>E. coli</i> , <i>E. cloacae</i> , <i>K. pneumoniae</i>
Ambiental	Presión selectiva, biopelículas, persistencia post-tratamiento	Antibióticos y metales facilitan la selección de genes; biopelículas y efluentes tratados conservan bacterias resistentes (Rodríguez, Pino y Jiménez, 2021; Flores, 2019).	<i>E. coli</i> , <i>K. pneumoniae</i> , <i>E. cloacae</i> , <i>Proteus spp.</i> , <i>Citrobacter spp.</i>

Fuente: elaboración propia.

### 3.3. Factores ambientales y operativos que favorecen la aparición y diseminación de los mecanismos de resistencia antimicrobiana en aguas residuales urbanas.

Se identificaron distintos factores ambientales y operativos que influyen en la presencia y propagación de enterobacterias resistentes en aguas residuales urbanas de Latinoamérica. Aunque los contextos varían entre países, la mayoría de estudios coinciden en que la combinación de descargas sin tratamiento, fallas en las plantas de depuración y la presencia de compuestos químicos en los efluentes crea un entorno favorable para la persistencia de bacterias con resistencia antimicrobiana.

Uno de los factores más mencionados fue la descarga directa de aguas domésticas, hospitalarias o industriales sin tratamiento adecuado, documentada en Brasil, Colombia, Ecuador, Perú y México (Coelho et al., 2021; Rodríguez y Jiménez, 2023; Soriano et al., 2021; Téllez et al., 2023; Pereira, 2022). Esta mezcla de efluentes permite que bacterias de origen clínico entren en contacto con microorganismos ambientales, además de antibióticos, desinfectantes y metales pesados presentes en el agua. De acuerdo con los estudios, cuando estos compuestos permanecen de forma continua en el ambiente, bacterias con genes de resistencia como *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* y *Enterobacter cloacae* logran adaptarse, multiplicarse y mantenerse activas en los sistemas residuales.

Asimismo, las plantas de tratamiento de aguas residuales (PTAR) también se mencionan como puntos donde persisten las bacterias resistentes. En varios estudios se observó que, aunque los tratamientos biológicos y químicos disminuyen la carga microbiana, no logran eliminar completamente los genes de resistencia ni las bacterias que los portan, especialmente cuando el sistema funciona por encima de su capacidad o no recibe mantenimiento adecuado (Rodríguez, Pino y Jiménez, 2021; Chacón et al., 2022). Las condiciones de temperatura y la presencia de materia orgánica contribuyen a que especies como *E. coli*, *K. pneumoniae* y *E. cloacae* pueden mantenerse activas incluso después del tratamiento (Arévalo et al., 2017).

Por otra parte, varios estudios también destacaron la presencia de metales pesados (como plomo, cobre, zinc y cadmio), además de detergentes, colorantes y residuos farmacológicos en los efluentes. Estos compuestos modifican las condiciones del agua y pueden generar respuestas adaptativas en las bacterias, como el aumento de bombas de eflujo, el cambio en la permeabilidad de la membrana o la producción de proteínas que neutralizan los iones metálicos (Larrea et al., 2022; Alzate et al., 2016; Balcaza et al., 2020). Los metales pesados también actúan como co-selectores, ya que las bacterias que desarrollan tolerancia a estos compuestos suelen portar plásmidos que contienen genes de resistencia a antibióticos, favoreciendo la persistencia de cepas multiresistentes en el ambiente. En este tipo de aguas, donde hay alta carga orgánica y bajo oxígeno, predominan bacterias facultativas anaerobias como *E. coli*, *K. pneumoniae* y *E. cloacae*, capaces de adaptarse y formar biopelículas que las protegen frente a los desinfectantes.

Otro aspecto mencionado fue el uso continuo de antibióticos en la medicina humana, veterinaria y la producción agrícola. Las investigaciones muestran que, aunque las concentraciones detectadas en los cuerpos de agua son bajas, pueden influir en la composición microbiana y favorecer la permanencia de

bacterias resistentes (Segundo, et al., 2017; Ortega et al., 2024; Balcaza et al., 2020). En Bolivia y Ecuador, Flores Moya et al. (2019) y Vásquez, Lara y Tipán (2025) señalaron que el uso de aguas contaminadas para riego facilita la llegada de bacterias resistentes al suelo y a los cultivos, conectando de forma directa los ecosistemas ambiental, animal y humano.

Las condiciones climáticas también se relacionan con la persistencia bacteriana. En época de lluvias, Morales et al. (2022) y Chacón et al. (2022) encontraron que el aumento del caudal y el arrastre de contaminantes incrementan la carga microbiana en los ríos. Asimismo, durante los períodos secos, el calor y la concentración de materia orgánica favorecen la proliferación de bacterias en ambientes con poco oxígeno.

Desde el punto de vista operativo, casi todos los estudios mencionan las deficiencias en la infraestructura sanitaria urbana. La falta de mantenimiento de los sistemas de alcantarillado, las fugas, filtraciones y la conexión de redes hospitalarias con redes domésticas son factores que facilitan el movimiento de bacterias resistentes y material genético (Rueda et al., 2017; Téllez et al., 2023; Gonçalves, 2024). En muchos casos, los hospitales no cuentan con un tratamiento previo de sus aguas residuales, lo que permite que los efluentes lleguen directamente a las plantas municipales (Soriano et al., 2021; Suldofski et al., 2024). En Colombia, el Instituto Nacional de Salud (2024) afirma que esta mezcla de efluentes es un riesgo para la propagación de enterobacterias productoras de BLEE y carbapenemasas.

Asimismo, varios estudios destacaron que la formación de biopelículas en las redes de tratamiento dificulta el control y la eliminación de las bacterias resistentes. Dentro de estas biopelículas, las bacterias se agrupan formando una capa protectora que les permite mantenerse adheridas a las superficies y resistir la acción de los desinfectantes, lo que favorece su persistencia incluso después del tratamiento (Rueda et al., 2017; Alzate et al., 2016; Coelho et al., 2021).

También se identificó como factor limitante la ausencia de programas de monitoreo y regulación ambiental en la región. De acuerdo con Rodríguez y Jiménez (2023) y Balcaza et al. (2020), la mayoría de países latinoamericanos carecen de una vigilancia microbiológica constante en aguas residuales y de lineamientos normativos específicos para el control de descargas urbanas, lo cual retrasa la detección de bacterias multirresistentes y reduce la eficacia de las estrategias de intervención.

De acuerdo con el análisis de los resultados, se puede decir que las aguas residuales urbanas funcionan como un punto de encuentro de enterobacterias procedentes de efluentes hospitalarios, domésticos o industriales. Esta interacción facilita la persistencia y el intercambio de genes de resistencia, lo que también ha sido descrito por Read et al. (2024), quienes destacan que los ríos y arroyos que reciben descargas tratadas y sin tratar albergan comunidades microbianas diversas y dinámicas. En varios de los estudios analizados, las enterobacterias se mantuvieron activas incluso después del tratamiento, lo que evidencia que los procesos de depuración no siempre logran eliminar completamente las bacterias resistentes, posiblemente por la formación de biopelículas o la presencia de genes que les permiten resistir los desinfectantes (Zhang et al., 2022).

En esa medida, las especies *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* fueron las más reportadas, lo que coincide con los estudios de Husna et al. (2023), quienes señalan que ambas especies producen enzimas  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido (BLEE) capaces de hidrolizar el anillo  $\beta$ -lactámico de los antibióticos, impidiendo su acción sobre la pared celular. Esto las convierte en un grupo de especial preocupación para la OMS. En esta revisión también se detectaron genes como *blaKPC*, *blaNDM* y *blaOXA-48*, asociados a la producción de carbapenemasas, lo cual concuerda con Wisner et al. (2022), quienes destacan que la presencia de estas enzimas representa uno de los principales mecanismos de resistencia en bacilos gramnegativos.

Asimismo, los plásmidos, integrones y transposones, conocidos como elementos genéticos móviles, fueron identificados en varios estudios como puntos importantes para la diseminación de la resistencia. Según Kaiser (s.f.), estos elementos facilitan la transferencia de genes entre bacterias, incluso de especies diferentes, lo que explica la amplia propagación observada en las aguas residuales. Este comportamiento también fue descrito por Rada et al. (2018), quienes indican que las  $\beta$ -lactamasas tipo BLEE, AmpC y las carbapenemasas pueden estar codificadas en estos elementos, favoreciendo su movilidad y permanencia en el ambiente.

Los resultados relacionados con las  $\beta$ -lactamasas AmpC mostraron que estas enzimas pueden activarse en respuesta a las condiciones del entorno o transmitirse mediante plásmidos que las bacterias comparten entre sí, como explican Tamma et al. (2019). Esto se observó en cepas de *Enterobacter cloacae*, *K. pneumoniae* y *E. coli*, reforzando la idea de que los mecanismos genéticos y bioquímicos pueden coexistir y adaptarse según las condiciones del entorno.

En cuanto a los factores ambientales, varios estudios resaltaron la presencia de antibióticos, desinfectantes y metales pesados en los efluentes urbanos e industriales. Chukwu et al. (2023) señalan que compuestos como la tetraciclina, la ciprofloxacina y la amoxicilina son frecuentes en aguas residuales, mientras que Onaran (2025) describe que la exposición continua a estos agentes genera respuestas adaptativas en las bacterias, como el engrosamiento de la pared celular o la activación de bombas de eflujo, mecanismos que reducen la entrada o aumentan la expulsión del antibiótico. Además, la presencia de metales pesados favorece la persistencia de bacterias resistentes, ya que muchas de ellas poseen genes que les permiten tolerar estos compuestos y resistir la acción de varios antibióticos (Kigozi et al., 2025).

Por otra parte, Pinamonti et al. (2025) mencionan que los sistemas de agua actúan como reservorios de bacterias resistentes y residuos de antibióticos, favoreciendo la transferencia genética entre comunidades microbianas. En algunos estudios latinoamericanos, el uso de aguas contaminadas para riego permitió el paso de bacterias resistentes al suelo y a los cultivos, lo que amplía la diseminación de resistencia hacia la cadena alimentaria, lo que demuestra que la resistencia antimicrobiana no solo tiene implicaciones clínicas, sino también ambientales y sanitarias.

#### 4. CONCLUSIONES

El análisis de los 28 estudios incluidos en esta revisión mostró que Brasil fue el país con más investigaciones sobre el tema, seguido de Colombia, con 9 estudios. En general, las aguas residuales urbanas de Latinoamérica son ambientes donde coexisten diferentes especies de enterobacterias resistentes, entre las que sobresalen *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* por ser las más reportadas. Estas bacterias se detectaron tanto en aguas sin tratar como en efluentes que ya pasaron por procesos de tratamiento, evidenciando su capacidad para mantenerse activas incluso después de la depuración.

En relación con los mecanismos de resistencia, los estudios coincidieron en que los de tipo genético son los más frecuentes, principalmente asociados con genes *blaCTX-M*, *blaTEM*, *blaSHV*, *blaKPC* y *blaNDM*, vinculados con la producción de  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido (BLEE) y carbapenemasas. Estos genes se localizan, en la mayoría de los casos, en plásmidos e integrones, lo que facilita su intercambio entre especies ambientales y bacterias de origen clínico. Junto a estos, se identificaron mecanismos bioquímicos como la producción de enzimas AmpC, la modificación de porinas y

la activación de bombas de eflujo, que fortalece la resistencia frente a diferentes grupos de antibióticos, lo que demuestra que las enterobacterias presentes en aguas residuales poseen una alta capacidad de adaptación y persistencia.

Asimismo, las descargas directas de aguas domésticas, hospitalarias e industriales sin tratamiento adecuado pueden ser el punto de partida de la contaminación, ya que en estos efluentes confluyen antibióticos, desinfectantes y metales pesados que alteran las condiciones del agua y favorecen la supervivencia de bacterias resistentes. A esto se suman fallas en las plantas de tratamiento, la formación de biopelículas y la falta de mantenimiento de las redes sanitarias, que impiden una eliminación completa de los microorganismos.

También se observó que las variaciones climáticas y el uso de aguas contaminadas para riego facilitan la expansión de las bacterias resistentes hacia el suelo y los cultivos, generando una conexión directa entre los ecosistemas ambiental, animal y humano. Además, la falta de programas de monitoreo microbiológico y de políticas para el control de descargas urbanas en la mayoría de países de la Latinoamérica, dificulta la detección temprana de cepas multirresistentes y retrasa la implementación de medidas preventivas y efectivas.

## **5. RECOMENDACIONES**

Se recomienda realizar más investigaciones experimentales en Colombia sobre enterobacterias presentes en aguas residuales urbanas, ya que solo se identificaron 9 estudios y muchos de ellos no son recientes. Abordar este tema desde el campo de la microbiología es importante para comprender los mecanismos de resistencia y su relación con las condiciones ambientales que favorecen su persistencia y diseminación.

De igual modo, es necesario consolidar programas de vigilancia microbiológica ambiental que permitan monitorear de forma continua la presencia de bacterias resistentes y sus mecanismos de resistencia en los sistemas de tratamiento.

Asimismo, se recomienda optimizar los procesos de depuración de los efluentes, considerando factores como la presencia de antibióticos, desinfectantes y metales pesados, que actúan como elementos selectivos y favorecen la persistencia bacteriana.

## **6. DECLARACIÓN DEL USO DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL**

La autora declara que no ha usado herramientas de Inteligencia Artificial (IA) en la creación del artículo.

## **CONFLICTO DE INTERESES**

La autora declara que no tiene conflicto de intereses.

## 7. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aguas y Aguas de Pereira S.A. E.S.P. (2019). *Capítulo 2. Descripción del proyecto: Planta de Tratamiento de Aguas Residuales (PTAR) El Paraíso, municipios de Pereira y Dosquebradas*. En *Estudio de Impacto Ambiental del Proyecto PTAR El Paraíso*. Pereira, Colombia: Aguas y Aguas de Pereira S.A. E.S.P., en asociación con Hazen, Fichtner y Conhydra S.A.
- Alzate, E. Y., Castrillón Cano, L. V., Rúa Vásquez, L. F., Rojas, D. L., Pino, N. J., Agudelo, R. M. C., y Peñuela, G. A. (2016). *Identificación de un consorcio microbiano en humedales construidos de flujo sub-superficial alimentados con aguas residuales industriales coloreadas*. *Ingeniería y Competitividad*, 18(2), 53–64.
- Arévalo Arbeláez, Á. J., Bedoya Urrego, K., Cabarcas Jaramillo, F., y Alzate Restrepo, J. F. (2017). *Descripción de la microbiota bacteriana residente en el biosólido generado en la planta de tratamiento de aguas residuales San Fernando, Itagüí (Colombia)*. *Revista de Salud Pública*, 19(6), 806–813.
- Balcaza, J. A., Kurz, I., Macin, C. I., Mosquera, M. S., Sandi, A., López, D., Leyes, S. R., Lösch, L. S., y Merino, L. A. (2020). *Resistencia a fosfomicina, tigeciclina y colistina en enterobacterias provenientes de ambientes acuáticos del Chaco, Argentina*. *Revista de Ciencia y Tecnología*, 34(1), 96–100. Universidad Nacional de Misiones. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=382679051013>
- Barrios Serna, K. V., Orozco Núñez, D. M., Pérez Navas, E. C. y Conde Cardona, G. C. (2021). Nuevas recomendaciones de la versión PRISMA 2020 para revisiones sistemáticas y metaanálisis. *Acta Neurológica Colombiana*, 37 (2), 105-106.
- Bastidas Caldes, C., Romero Álvarez, D., Valdez Vélez, V., Morales, R. D., Montalvo Hernández, A., Gomes Dias, C., y Calvopiña, M. (2022). *Extended-spectrum  $\beta$ -lactamase-producing Escherichia coli in South America: A systematic review with a One Health perspective*. *Infection and Drug Resistance*, 15, 5759–5779. <https://doi.org/10.2147/IDR.S371845>
- Chacón Jiménez, L. M., Hall Lora, K., Rivera Navarro, P. C., Reyes Lizano, L., Ach Araya, R., y Barrantes Jiménez, K. (2022). *Circulación de genes de virulencia asociados a Escherichia coli diarreogénica en aguas residuales del Gran Área Metropolitana de Costa Rica*. *Población y Salud en Mesoamérica*, 19(2), Artículo 330.
- Chahal, C., van den Akker, B., Young, F., Franco, C., Blackbeard, J., y Monis, P. (2016). *Pathogen and particle associations in wastewater: Significance and implications for treatment and disinfection processes*. *Advances in Applied Microbiology*, 97, 63-119. <https://doi.org/10.1016/bs.aambs.2016.08.001>
- Chukwu, K. B., Abafe, O. A., Amoako, D. G., Essack, S. Y., y Abia, A. L. K. (2023). *Antibiotic, heavy metal, and biocide concentrations in a wastewater treatment plant and its receiving water body exceed PNEC limits: Potential for antimicrobial resistance selective pressure*. *Antibiotics*, 12 (7), 1166. <https://doi.org/10.3390/antibiotics12071166>
- Coelho, N. T., Salviano da Silva, R., Morais-Delmondes, G., Lima, W. G., de Matos Jensen, C. E., y de Paiva, M. C. (2021). *Occurrence of extended-spectrum beta-lactamase (ESBL) and*

*carbapenemases among ampicillin-resistant Enterobacteriales recovered from a municipal raw sewage in Minas Gerais, Brazil. Revista Colombiana de Ciencias Químico-Farmacéuticas, 50(3), 708–725. <https://doi.org/10.15446/rciquifa.v50n3.100228>*

Dias Gonçalves, V., Meirelles Pereira, F., Cataldo, M., de Oliveira Fonseca, B., Araujo Nogueira, B., Botelho Olivella, J. G., Esteves, F. A., Mattos Guaraldi, A. L., Braga de Andrade, A. F., Ribeiro Bello, A., y Adler Pereira, J. A. (2019). *Detection of multidrug-resistant Enterobacteriaceae isolated from river waters flowing to the Guanabara Bay and from clinical samples of hospitals in Rio de Janeiro, Brazil. Biomédica, 39(Supl.1), 135–149. <https://doi.org/10.7705/biomedica.v39i0.4391>*

Flores Moya, R. A., Albornoz Cardozo, C. S., Hurtado Cáceres, J., Montañó Villagómez, V. M., y Santa Cruz, A. (2019). *Enterobacterias productoras de  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido y plásmido-AmpC en aguas de riego, zona Maiça, Cochabamba. Revista Científica Ciencia Médica, 22(2), 15–21.*

Elshobary, M. E., Badawy, N. K., Ashraf, Y., Zatioun, A. A., Masriya, H. H., Ammar, M. M., Mohamed, N. A., Mourad, S., y Assy, A. M. (2025). *Combating antibiotic resistance: Mechanisms, multidrug-resistant pathogens, and novel therapeutic approaches: An updated review. Pharmaceuticals, 18(3), 402. <https://doi.org/10.3390/ph18030402>*

Gonçalves, D. L. D. R., Chang, M. R., Nobrega, G. D., Venancio, F. A., Higa Júnior, M. G., y Fava, W. S. (2024). *Hospital sewage in Brazil: a reservoir of multidrug-resistant carbapenemase-producing Enterobacteriaceae. Brazilian Journal of Biology, 84. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.277750>*

Haddaway, N. R., Page, M. J., Pritchard, C. C., y McGuinness, L. A. (2022). PRISMA2020: An R package and Shiny app for producing PRISMA 2020-compliant flow diagrams, with interactivity for optimised digital transparency and Open Synthesis Campbell Systematic Reviews, 18, e1230. <https://doi.org/10.1002/cl2.1230>

Husna, A., Rahman, M. M., Badruzzaman, A. T. M., Sikder, M. H., Islam, M. R., Rahman, M. T., Alam, J., y Ashour, H. M. (2023). *Extended-Spectrum  $\beta$ -Lactamases (ESBL): Challenges and Opportunities. Biomedicines, 11(11), 2937. <https://doi.org/10.3390/biomedicines11112937>*

Instituto del Agua. (s. f.). *Aguas residuales urbanas e industriales: Un análisis profundo sobre su tratamiento y gestión. <https://institutodelagua.es/aguas-residuales/aguas-residuales-urbanas-e-industrialesaguas-residuales/>*

Instituto Nacional de Salud. (2025). *Lineamiento para la vigilancia de Escherichia coli y Salmonella spp. productoras de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) y carbapenemasas. Grupo de Microbiología, Subdirección Laboratorio Nacional de Referencia, Dirección Redes en Salud Pública. Bogotá, D.C., Colombia.*

Juárez Figueroa, L. A., Silva Sánchez, J., Uribe Salas, F. J., y Cifuentes García, E. (2003). *Indicadores microbiológicos de la calidad del agua de los canales de Xochimilco de la Ciudad de México. Salud Pública de México, 45(5), 389–395.*

Kaiser, G. (2022, 29 de octubre). *2.4C: Plásmidos y transposones. En Microbiología (Kaiser). LibreTexts Español.*

- Kigozi, J., Nansubuga, I., y Namukobe, J. (2025). *Impact of heavy metals on antibiotic resistance of Escherichia coli from slum wastewater in Kawempe Division, Kampala District, Uganda: A case study*. *BMC Microbiology*, 25(1), 240. <https://doi.org/10.1186/s12866-025-04024-1>
- Larrea Murrell, J. A., Romeu Álvarez, B., Lugo Moya, D., y Rojas Badá, M. M. (2022). *Aspectos fundamentales del monitoreo de calidad de las aguas: el río Almendares como caso de estudio*. *Revista CENIC Ciencias Biológicas*, 53(2), 148–159.
- Malán Tacuamán, G. E. (2024). *Resistencia antimicrobiana en enterobacterias productoras de  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido (BLEE) aisladas de aguas residuales* [Trabajo de titulación de maestría, Universidad Técnica de Ambato]. Facultad de Ciencias de la Salud, Maestría en Laboratorio Clínico, mención Microbiología Clínica. Ambato, Ecuador.
- Menezes da Silva, T. S., Abrantes, J. A., Ramos, T. M. V., Cozendey Silva, E. N., y Nogueira, J. M. R. (2021). *Perfil de sensibilidad aos antimicrobianos das cepas de Escherichia coli isoladas de amostras de águas superficiais do Rio Carioca-RJ, Brasil*. *Engenharia Sanitária e Ambiental*, 27(4), 673–682. <https://doi.org/10.1590/S1413-415220200405>
- Ministerio de Ambiente (Noviembre 23, 2021). Resolución 1256. *Por la cual se reglamenta el uso de las aguas residuales y se adoptan otras disposiciones*. <https://www.minambiente.gov.co/wp-content/uploads/2021/12/Resolucion-1256-de-2021.pdf>
- Ministerio de Vivienda, Ciudad y Territorio (2022). *Plan Nacional de Manejo de Aguas Residuales Municipales (PMAR) 2020 - 2050*, 1era ed. Bogotá, Colombia. <https://www.minvivienda.gov.co/publicacion/plan-nacional-de-manejo-de-aguas-residuales-municipales-pmar-2020-2050>
- Morales Mora, E., Reyes Lizano, L., Barrantes Jiménez, K., y Chacón Jiménez, L. (2022). *Evaluación temporal y espacial en la calidad microbiológica del agua superficial: caso en un sistema de abastecimiento de agua para consumo humano en Costa Rica*. *Revista de Ciencias Ambientales (Tropical Journal of Environmental Sciences)*, 56(1), 120–137. <https://doi.org/10.15359/rca.56-1.6>
- Onaran Acar, B., Şenarisoy, H., y Keyvan, E. (2025). *Comparison of heavy metal and disinfectant resistance of Staphylococcus aureus and Enterococcus isolates with antibiotic resistance profiles*. *OBM Genetics*, 9(1), 278. <https://doi.org/10.21926/obm.genet.2501278>
- Organización Mundial de la Salud [OMS] (septiembre 13, 2023). *Agua para consumo humano* [en línea]. <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/drinking-water>
- Organización Panamericana de la Salud. (2021, 4 de marzo). *El medio ambiente, arma y escudo de bacterias multirresistentes*. <https://www.paho.org/es/noticias/4-3-2021-medio-ambiente-arma-escudo-bacterias-multirresistentes>
- Ortega Balleza, J. L., Requena Castro, R., Cruz Hernández, M. A., Martínez Vázquez, A. V., Castro Escarpulli, G., y Bocanegra García, V. (2024). *Resistencia a tetraciclinas en Escherichia coli aislada de aguas superficiales y residuales de Tamaulipas, México*. *Revista Internacional de Contaminación Ambiental*, 40, 193–202. <https://doi.org/10.20937/RICA.54492>

- Pereira, A. L., de Oliveira, P. M., Faria Junior, C., Alves, E. G., de Castro e Caldo Lima, G. R., da Costa Lamounier, T. A., Haddad, R., y de Araújo, W. N. (2022). *Environmental spreading of clinically relevant carbapenem-resistant gram-negative bacilli: the occurrence of blaKPC- or NDM strains relates to local hospital activities*. *BMC Microbiology*, 22, 6. <https://doi.org/10.1186/s12866-021-02400-1>
- Pérez y Terrón, R., Fuentes Cruz, S., Bibbins, M., Muñoz Rojas, J., Rivera Tapia, J. A., y Martínez Contreras, R. D. (2015). *Bacterias aisladas de aguas residuales y crecimiento en diferentes concentraciones de colorantes y solventes*. En M. del R. Ramírez, L. J. González y E. Álvarez (Eds.), *Ciencias Biológicas y Químicas: La labor investigadora e innovadora en México* (pp. 65–90).
- Pinamonti, D., Vidic, J., Maifreni, M., Cossettini, A., Leguillier, V., & Manzano, M. (2025). *Diseminación y detección de resistencia a antibióticos mediada por agua en sistemas ganaderos, agroalimentarios y acuícolas*. *Micromachines*, 16(8), 934. <https://doi.org/10.3390/mi16080934>
- Rada, A. M., Hernández-Gómez, C., Restrepo, E., y Villegas, M. V. (2019). *Distribución y caracterización molecular de betalactamasas en bacterias Gram negativas en Colombia, 2001-2016*. *Biomédica*, 39(Supl. 1), 199–220. <https://doi.org/10.7705/biomedica.v39i3.4351>
- Read, D. S., Gweon, H. S., Bowes, M. J., Anjum, M. F., Crook, D. W., Chau, K. K., Shaw, L. P., Hubbard, A., AbuOun, M., Tipper, H. J., Hoosdally, S. J., Bailey, M. J., Walker, A. S., y Stoesser, N. (2024). *Dissemination and persistence of antimicrobial resistance (AMR) along the wastewater-river continuum*. *Water Research*, 264, 122204. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2024.122204>
- Reynolds, K. A. (2002, septiembre/octubre). *Tratamiento de aguas residuales en Latinoamérica*. AGUA LATINOAMÉRICA. <https://agua.org.mx/wp-content/uploads/2007/10/Tratamiento-aguas-residuales-Latinoamerica.pdf>
- Ríos Tobón, S., Agudelo Cadavid, R. M., y Gutiérrez Builes, L. A. (2017). *Patógenos e indicadores microbiológicos de calidad del agua para consumo humano*. *Revista Facultad Nacional de Salud Pública*, 35(2), 236–247.
- Rodríguez, E. A., y Jiménez Quiceno, J. N. (2023). *Resistencia bacteriana a antibióticos en ambientes acuáticos: origen e implicaciones para la salud pública*. *Revista Facultad Nacional de Salud Pública*, 41(3).
- Rodríguez, E. A., Pino, N. J., y Jiménez, J. N. (2021). *Climatological and epidemiological conditions are important factors related to the abundance of blaKPC and other antibiotic resistance genes (ARGs) in wastewater treatment plants and their effluents in an endemic country*. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 11, 686472. <https://doi.org/10.3389/fcimb.2021.686472>
- Rueda Camberos, F., Arboleda Girón, W., y Pérez Gutiérrez, N. (2017). *La calidad del agua de los acueductos de las áreas urbanas del departamento del Meta, Colombia*. *Revista Investigaciones Andina*, 19(35), 11–30.
- Sambaza, S. S., y Naicker, N. (2023). *Contribution of wastewater to antimicrobial resistance: A review article*. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, 34, 23-29. <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2023.05.010>

- Segundo Arizmendi, N., Gómez García, J., Flores Cuevas, K. G., Duque Montaña, B. E., López Villegas, E. O., Baltazar Hernández, E., y Torres Ángeles, O. (2017). *Caracterización parcial del bacteriófago S1, lítico contra Salmonella enterica, con posible uso farmacéutico*. *Revista Mexicana de Ciencias Farmacéuticas*, 48(2), 36–48. <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=57956615005>
- Soriano Moreno, D. R., Yareta, J., Rojas Cosi, A. F., Fajardo Loyola, A., León Luna, D., Castillo Quezada, I., Laura Bejarano, M., Hilario Sánchez, M., Galarza Pérez, M., y Marcos Carbajal, P. (2021). *Efluentes hospitalarios como reservorio de enterobacterias productoras de betalactamasas y carbapenemasas*. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 38(2), 275–283. <https://doi.org/10.17843/rpmesp.2021.382.6202>
- Suldofski, M. T., Medeiros, G., Suldofski de Farias, C., Pilatti, M. C., y dos Reis, R. R. (2024). *Phenotypic characterization and molecular identification of multidrug-resistant bacteria in untreated effluent from a hospital in Brazil*. *Revista Observatorio de la Economía Latinoamericana*, 22(12), 1–21. <https://doi.org/10.55905/oelv22n12-113>
- Tamma, P. D., Doi, Y., Bonomo, R. A., Johnson, J. K., y Simner, P. J.; Antibacterial Resistance Leadership Group. (2019). *A Primer on AmpC  $\beta$ -Lactamases: Necessary Knowledge for an Increasingly Multidrug-resistant World*. *Clinical Infectious Diseases*, 69(8), 1446-1455. <https://doi.org/10.1093/cid/ciz173>
- Téllez Carrasquilla, S., Rodríguez, E. A., y Jiménez, J. N. (2023). *Alta frecuencia de bacilos Gram negativos de importancia clínica resistentes a betalactámicos en efluentes de aguas residuales hospitalarias*. *Infectio*, 27(2), 78–85.
- Vázquez, C., Lara, I., y Tipán, I. (2025). *Perfil de susceptibilidad antimicrobiana de enterobacterias hidrotransmisibles aisladas en río Guamote, Chimborazo*. *Tecnología y Ciencias del Agua*, 16(4), 339–372. <https://doi.org/10.24850/j-tyca-2025-04-08>
- Wisner, B., Herrero, M., Serruto, G., y Zarate, M. S. (2022). *Detección directa de genes blaKPC, blaNDM y blaOXA-48 a partir de hemocultivos positivos*. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 40, 455–464. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2021.06.008>
- Zhang, Y., Li, X., Wang, Q., y Chen, H. (2022). *Occurrence of antibiotics and bacterial resistance genes in wastewater: Resistance mechanisms and antimicrobial resistance control approaches*. *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, 38(10), 220. <https://doi.org/10.1007/s11274-022-03334-0>

## DEDICATORIA

*Dedico este trabajo a mis padres, a mi abuela y a mi hermana, quienes han sido mi mayor apoyo, mi motor y mi motivación constante a lo largo de este camino. A ellos, por su amor, paciencia y confianza, que me impulsaron a no rendirme y a alcanzar esta meta profesional.*

## **AGRADECIMIENTOS**

*Quiero agradecer en primer lugar a Dios, por ser mi guía y brindarme la fortaleza necesaria para llegar hasta aquí. A mis padres, a mi abuela y a mi hermana, por ser mi apoyo incondicional, mi motor y mi motivación en cada etapa de este proceso. A mis docentes, por los conocimientos compartidos a lo largo de la carrera, y de manera especial a mi tutor, por su orientación, acompañamiento y valiosos aportes durante el desarrollo de este trabajo. A mis compañeros, amigos, familiares y a todas las personas que me acompañaron y apoyaron durante este proceso académico. Finalmente, agradezco al jurado por sus observaciones y aportes, los cuales contribuyeron al fortalecimiento y enriquecimiento de esta investigación*