











ORIGINAL

Antimicrobial susceptibility in bacterial isolates from water and agricultural products of the Chanchán river, Chimborazo Province, Ecuador

Susceptibilidad antimicrobiana en aislados bacterianos de agua y productos agrícolas del río Chanchán, Provincia de Chimborazo, Ecuador

Ana Carolina González Romero¹  , Morella Lucia Guillén Ferraro¹  , María del Carmen Cordovéz Martínez¹  , Felix Falconí Ontaneda¹  

¹Universidad Nacional de Chimborazo. Facultad de Ciencias de la Salud. Riobamba, Ecuador.

Citar como: González Romero AC, Guillén Ferraro ML, Cordovéz Martínez M del C, Falconí Ontaneda F. Antimicrobial susceptibility in bacterial isolates from water and agricultural products of the Chanchán river, Chimborazo Province, Ecuador. Salud, Ciencia y Tecnología. 2024; 4:1318. <https://doi.org/10.56294/saludcyt20241318>

Enviado: 28-02-2024

Revisado: 03-06-2024

Aceptado: 06-08-2024

Publicado: 07-08-2024

Editor: Dr. William Castillo-González 

ABSTRACT

Introduction: river contamination with pathogenic and multidrug-resistant microorganisms is a public health issue due to its impact on health and its potential to transmit infectious diseases. Objective: To determine the presence of multidrug-resistant bacteria in irrigation water samples and agricultural products from the Chachán River.

Method: a descriptive, non-experimental study with a quantitative and cross-sectional approach was conducted. Water samples were collected from six different points, and pH and temperature were measured. Additionally, 13 agricultural product samples from the same points were analyzed. The identification and antimicrobial susceptibility testing of bacteria were performed using the VITEK2 system and amplification and sequencing of the 16S rRNA gene.

Results: a total of 17 bacterial strains were isolated from the water samples, 16 of which (94 %) belonged to the order Enterobacterales, including *Proteus mirabilis*, *Proteus vulgaris*, *Morganella morganii*, and *Citrobacter diversus*. From the agricultural products, 24 bacteria were isolated, including species of *Klebsiella*, *Stenotrophomonas maltophilia*, and *Enterococcus faecalis*. Antimicrobial resistance was observed in various strains, notably *P. mirabilis*, *C. diversus*, and *P. vulgaris* with multiple resistances. Resistance was also identified in pathogenic strains such as *Yersinia enterocolitica*, *Plesiomonas shigelloides*, and *Aeromonas hydrophila*.

Conclusions: the Chachan River and the agricultural products irrigated with its waters contain multidrug-resistant bacteria, posing a significant risk to public health. It is crucial to implement control and monitoring measures to reduce the spread of these pathogens and ensure food safety.

Keywords: Multidrug-Resistant Bacteria; Public Health; Irrigation Water; Agricultural Products; Antimicrobial Resistance.

RESUMEN

Introducción: la contaminación de los ríos con microorganismos patógenos y multirresistentes es un problema de salud pública debido a su impacto sanitario y su capacidad para transmitir enfermedades infecciosas.

Objetivo: determinar la presencia de bacterias multirresistentes en muestras de agua de riego y productos agrícolas del río Chachán.

Método: se realizó un estudio observacional descriptivo y transversal. Se recolectaron muestras de agua en seis puntos diferentes y se midieron pH y temperatura. También se analizaron 13 muestras de productos agrícolas de los mismos puntos. La identificación y las pruebas de susceptibilidad antimicrobiana de las bacterias se realizaron utilizando el sistema VITEK2 y amplificación y secuenciación del gen 16S rRNA.

Resultados: se aislaron 17 cepas bacterianas de las muestras de agua, 16 de las cuales (94%) pertenecían al orden Enterobacterales, incluyendo *Proteus mirabilis*, *Proteus vulgaris*, *Morganella morganii* y *Citrobacter diversus*. De los productos agrícolas se aislaron 24 bacterias, entre ellas especies de *Klebsiella*, *Stenotrophomonas maltophilia* y *Enterococcus faecalis*. Se observó resistencia antimicrobiana en diferentes cepas, destacando *P. mirabilis*, *C. diversus* y *P. vulgaris* con resistencias múltiples. También se identificaron resistencias en cepas patógenas como *Yersinia enterocolitica*, *Plesiomonas shigelloides* y *Aeromonas hydrophila*.

Conclusiones: el río Chachan y los productos agrícolas irrigados con sus aguas presentan bacterias multirresistentes, lo que representa un riesgo significativo para la salud pública. Es crucial implementar medidas de control y monitoreo para reducir la diseminación de estos patógenos y asegurar la seguridad alimentaria.

Palabras clave: Bacterias Multirresistentes; Salud Pública; Agua de Riego; Productos Agrícolas; Resistencia Antimicrobiana.

INTRODUCCIÓN

A nivel mundial, la contaminación de los recursos hídricos, impulsada por la actividad humana, impacta la seguridad alimentaria y la sostenibilidad de la biosfera. En ocasiones, las aguas residuales urbanas fluyen directamente hacia lagos, mares y ríos, contribuyendo a la degradación de los ecosistemas acuáticos.⁽¹⁾ Los ríos, en este contexto, pueden actuar como reservorios de cepas altamente resistentes, facilitando la diseminación a animales y humanos que dependen del agua.⁽²⁾

Los ecosistemas acuáticos, especialmente aquellos expuestos a actividades humanas como los ríos, no solo son vehículos cruciales para la propagación de microorganismos patógenos vinculados a enfermedades infecciosas, sino que también funcionan como reservorios de bacterias que albergan genes de resistencia a diversos antibióticos. Esto facilita la transferencia horizontal de estos genes a otras bacterias sensibles a los mismos, fenómeno conocido como resistomas ambientales.^(3,4,5,6,7)

La dispersión de bacterias y genes resistentes a los antimicrobianos al medio ambiente a partir de residuos humanos y animales, constituye un problema global con consecuencias significativas para la salud pública.⁽¹⁾ Los hospitales se consideran uno de los sectores más contaminantes del mundo.⁽⁸⁾ Las plantas de tratamiento de aguas residuales, especialmente aquellas dedicadas a las hospitalarias, son puntos críticos para la propagación de la resistencia a los antibióticos, lo que representa una amenaza para la salud.⁽⁹⁾

Las zonas urbanas en rápida expansión se ven especialmente afectadas por el crecimiento poblacional descontrolado y la falta de avances en el desarrollo de infraestructura. Como resultado, la contaminación fluvial emerge como un desafío grave y en constante aumento, los genes de resistencia a los antibióticos son considerados contaminantes emergentes críticos, por lo que, los ecosistemas acuáticos se presentan como entornos propicios para la proliferación de éstos.^(10,11) La abundancia de estos genes en el medio ambiente se ha convertido en una importante preocupación mundial de salud pública debido al uso generalizado de antibióticos en los sistemas de salud, la agricultura y la ganadería.^(12,13)

La cuenca del Río Chanchán, situada en la región Andina del centro de Ecuador en la Sierra Occidental, se forma mediante la unión de los ríos Alausí y Guasuntos, entre las montañas de Cruzpungo en la provincia de Chimborazo. El curso del río se dirige hacia el oeste y su caudal contribuye al sistema hídrico de la cuenca del río Guayas.⁽¹⁴⁾

Las aguas de este río tienen diferentes usos, entre los cuales se menciona el riego de productos agrícolas; en sus aguas, se vierten aguas residuales locales, lo que concentraría bacterias patógenas que podrían contaminarlos. La contaminación del río se agrava indirectamente debido a la presencia de animales que transitan libremente por el sector, depositando excrementos que pueden llegar al río arrastrados por el agua de lluvia. Además, el depósito de basura a lo largo del cauce convierte al río en un vertedero, exacerbando la contaminación ambiental.⁽¹⁵⁾ En Ecuador, se han realizado pocas investigaciones para estudiar las bacterias resistentes y multirresistentes en ecosistemas acuáticos y productos agrícolas irrigados con las aguas de diferentes cuencas hidrográficas. Estas investigaciones buscan analizar y comprender la influencia y el papel del ambiente en el creciente problema de la multirresistencia a los antibióticos.^(16,17,18,19,20)

Se considera esencial comprender el nivel de microorganismos contaminantes y los patrones de susceptibilidad antimicrobiana de éstos, ya que son potenciales causantes de infecciones en la población local. El presente estudio tiene como objetivo de determinar la presencia de bacterias multirresistentes en muestras de agua de riego y productos agrícolas del río Chachan.

MÉTODO

Se realizó un estudio descriptivo, con diseño de campo no experimental, enfoque cuantitativo y transversal.

Sitios de muestreo

Se ubicaron 6 puntos para muestreo de agua del río Chachán, en Chimborazo, Ecuador, a 3700 m s. n. m. Se registraron altitud con altímetro, temperatura con termómetro y pH con tiras reactivas (Fisher Scientific). Las tiras se sumergieron dos segundos en el agua y se esperó diez segundos para observar el cambio de color.

Recolección de muestras de agua y productos agrícolas

Se realizaron dos campañas de muestreo en cada uno de los sitios seleccionados para recolectar muestras de agua, con un volumen de 100 mL cada una, recogidas por duplicado en frascos estériles. Estos frascos fueron luego transportados al Laboratorio de Microbiología de la Facultad de Ciencias de la Salud de la Universidad Nacional de Chimborazo, ubicado en Riobamba, Ecuador.

En cuanto a los productos agrícolas evaluados, se recolectaron trece muestras por duplicado de manera aséptica en bolsas estériles. Las muestras incluyeron lechuga crespa, lechuga repollada, culantro (punto 1); frutillas y papas (punto 2); zanahorias y habas (punto 3); ocas, papa y mashua (punto 4); culantro y rábano (punto 5); y habas (punto 6). Todas las muestras fueron selladas herméticamente, codificadas y conservadas en refrigeración dentro de un contenedor con hielo durante el transporte hasta el laboratorio de Microbiología.

Aislamiento y evaluación de bacterias en muestras de agua y productos agrícolas

Para aislar las colonias bacterianas presentes en muestras de agua del río, se realizaron diluciones seriadas de cada una en solución fisiológica estéril (10^{-1} , 10^{-3} , 10^{-5} y 10^{-7}). Se sembró un mililitro de la muestra sin diluir y de cada una de las diluciones mediante la técnica de siembra en superficie. El aislamiento bacteriano se llevó a cabo utilizando varios medios de cultivo, como cistina electrolito deficiente (Oxoid™) (CLED), agar sangre, MacConkey, Salmonella-Shigella (Oxoid™) (SS) y tiosulfato citrato bilis sacarosa (Oxoid™) (TCBS). Todas las muestras se incubaron a 37 °C durante 24 a 48 horas.

Se tomaron 25 g del centro de cada vegetal, triturados en 225 mL de agua peptonada, y se incubaron 24 horas a 37 °C. Luego, 1 mL se inoculó en 9 mL de agua peptonada e incubó 24 horas a 37 °C. Posteriormente, 10 µL del cultivo se sembraron en agar MacConkey, agar sangre, CLED, y TCBS, utilizando la técnica de agotamiento.

Las colonias aisladas y seleccionadas se identificaron utilizando el sistema VITEK2 (bioMérieux). Las pruebas de susceptibilidad antimicrobiana se realizaron con VITEK2® (bioMérieux) en agar Mueller-Hinton según las pautas del Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI).⁽²¹⁾

Identificación molecular de bacterias aisladas

Las cepas bacterianas se identificaron a nivel de especie mediante el análisis del gen 16S rRNA. El ADN genómico se extrajo según Hesham A et al.⁽²²⁾ La PCR se realizó con iniciadores universales 27F y 1492R en un volumen final de 50 µL. Se analizaron 5 µL del producto amplificado mediante electroforesis en gel de agarosa (1 %) teñido con bromuro de etidio. Los amplicones se purificaron con el TaKaRa Agarose Gel DNA Purification Kit y se secuenciaron en un secuenciador automático ABI 3730 (Macrogen, Seúl, Corea). Las secuencias del gen 16S rRNA se alinearon y compararon con GenBank según Hesham A et al.⁽²²⁾

Análisis Estadístico de Datos

Los datos se procesaron en tablas descriptivas, utilizando hojas de cálculo pertenecientes al sistema operativo Microsoft Excel 365.

RESULTADOS

En la tabla 1 se detallan las mediciones realizadas en cada estación, abarcando la altitud, la temperatura del ambiente y del agua, el pH, así como los productos agrícolas cultivados en las áreas cercanas al río. Se observa que en los puntos 4, 5 y 6, caracterizados por una altitud más elevada, entre 3720 y 3800 msnm, la temperatura ambiente osciló entre 8 y 19 °C y la del agua de 6 a 8 °C y un pH de 7 a 8.

Tabla 1. Altitud, temperatura (ambiente y del agua) y pH de las muestras de agua tomadas del río Chanchán y los productos agrícolas, según los puntos de muestreo seleccionados						
Puntos	Lugar	Altitud (msnm)	Temp. ambiente	pH	Productos agrícolas	
1	Puente Rumichaca Alausí	2 300	20	7	Lechuga crespa, lechuga repollada y culantro	
2	Puente Illibuchi	2 400	19	8	Frutillas y papas	
3	Estación de Tixán	2 860	20	7	Zanahorias y habas	
4	Totoras Vía Cocan	3 760	8	7	Ocas, papa y mashua	
5	El Cortijo	3.720	10	6	Culantro y rábano	
6	Entrada a Palmira	3 800	19	8	Habas	

En la tabla 2 se detalla el perfil de susceptibilidad de las bacterias aisladas de diferentes puntos del río Chachán. La cepa 1 de *P. mirabilis* mostró resistencia a 5 de los 12 antibióticos evaluados (CT, TE, CIP, AN, SXT, ATM). La cepa 3 de *C. diversus* fue resistente a 3 antibióticos (TE, SXT, AX), al igual que la cepa 2 de *P. vulgaris* (CT, CIP, AX).

Tabla 2. Perfiles de susceptibilidad a los antibióticos de las bacterias aisladas de las muestras de agua en diferentes puntos del río Chachán

Antibióticos	CN	K	CT	TE	CIP	AN	SXT	CRO	CAZ	IPM	ATM	AX
Punto 1 Puente Rumichaca Alausi												
Proteus mirabilis (cepa 1)	S	S	R	R	R	R	R	S	S	S	S	S
Proteus vulgaris (cepa 2)	S	S	R	S	R	S	S	S	S	S	S	R
Punto 2 Puente Illibuchi en la vía Panchipal												
Citrobacter diversus (cepa 3)	S	S	S	R	S	S	R	S	S	S	S	R

En los productos agrícolas procesados de la cuenca del río Chanchán se revela una variedad de bacterias presentes en las muestras analizadas. La lechuga crespa presentó la mayor cantidad de cepas bacterianas aisladas (9 cepas), seguida por la lechuga repollada (4 cepas). *E. faecalis* fue la bacteria más frecuente, aislada de diversos productos como zanahoria, haba, oca, papa, mashua, culantro y rábano (tabla 3).

Tabla 3. Aislamiento bacteriano según el producto agrícola de cada punto muestreado de la cuenca del río Chanchán

Puntos de muestreo	Producto	Bacterias	Número de cepas
Punto 1	Lechuga crespa	<i>St. maltophilia</i> <i>K. pneumoniae</i> <i>C. diversus</i>	9
	Lechuga repollada	<i>C. diversus</i> <i>E. aerogenes</i> <i>Aeromonas hydrophila</i> <i>P. shigelloides</i>	
	Culantro	<i>K. oxytoca</i> <i>Y. enterocolitica</i>	
Punto 2	Frutilla	<i>K. oxytoca</i> <i>P. aeruginosa</i>	4
	Papa	<i>C. diversus</i> <i>E. faecalis</i>	
Punto 3	Zanahoria	<i>E. faecalis</i> <i>C. amalonaticus</i>	3
	Habas	<i>E. faecalis</i>	
Punto 4	Ocas	<i>E. faecalis</i>	4
	Papa	<i>E. faecalis</i>	
	Mashua	<i>E. cloacae</i> <i>E. faecalis</i>	
Punto 5	Culantro	<i>E. faecalis</i>	3
	Rábano	<i>E. cloacae</i> <i>E. faecalis</i>	
Punto 6	Habas	<i>K. pneumoniae</i>	1
Total			24

La tabla 4 presenta el patrón de susceptibilidad de las bacterias aisladas. Bacterias de importancia clínica, como *Y. enterocolitica*, mostró resistencia a la amoxicilina, mientras que *P. shigelloides* fue resistente a la kanamicina, tetraciclina y ciprofloxacina. *P. aeruginosa* y *St. maltophilia* presentaron resistencia al aztreonam, y *A. hydrophila* a trimetoprim-sulfametoxazol y amoxicilina. De las ocho cepas de *E. faecalis*, una presentó resistencia a la tetraciclina y ciprofloxacina, y las demás a la ciprofloxacina.

Tabla 4. Perfiles de susceptibilidad a los antibióticos de las bacterias aisladas de los productos agrícolas recolectados en diferentes puntos del río Chachán

Puntos de muestreo	Producto	Bacterias	GN	K	TE	CIP	AN	SXT	CRO	CAZ	IPM	ATM	AX	CT	VA	P		
Punto 1	Lechuga crespa	<i>St. maltophilia</i>	S	S	-	S	-	-	-	S	S	R	-	S	-	-		
		<i>K. pneumoniae</i>	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	R	-	-	-	-	
		<i>C. diversus</i>	R	R	S	R	S	S	S	S	S	S	S	-	-	-	-	
	Lechuga repollada	Culantro	<i>C. diversu</i>	S	R	S	R	S	S	S	S	S	S	R	-	-	-	-
			<i>E. aerogenes</i>	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	R	-	-	-	-
			<i>Aeromona hydrophila</i>	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	R	-	-	-	-
			<i>P. shigelloides</i>	S	R	R	R	S	S	S	S	S	S	S	-	-	-	-
			<i>K. oxytoca</i>	S	R	S	R	S	S	S	S	S	S	S	-	-	-	-
Punto 2	Frutilla	<i>Y. enterocolitica</i>	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	-	-	-	-	
		<i>K. oxytoca</i>	S	R	R	S	S	S	S	S	S	S	S	R	-	-	-	
Punto 3	Zanahoria	<i>P. aeruginosa</i>	S	S	-	S	-	-	-	S	S	R	-	S	-	-	-	
		<i>E. faecalis</i>	-	-	S	R	-	-	-	-	-	-	S	-	S	S	S	
		<i>E. faecalis</i>	-	-	S	R	-	-	-	-	-	-	S	-	S	S	S	
Punto 4	Mashua	<i>C. amalonaticus</i>	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	-	-	-	-	
		<i>E. faecalis</i>	-	-	S	R	-	-	-	-	-	-	S	-	S	S	S	
Punto 4	Ocas	<i>E. cloacae</i>	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	-	-	-	-	
		<i>E. faecalis</i>	-	-	R	R	-	-	-	-	-	-	S	-	S	S	S	
Punto 5	Culantro	<i>E. faecalis</i>	-	-	S	R	-	-	-	-	-	-	S	-	S	S	S	
		<i>E. cloacae</i>	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	R	-	-	-	-	
Punto 6	Habas	<i>E. faecalis</i>	-	-	S	R	-	-	-	-	-	-	S	-	S	S	S	
		<i>K. pneumoniae</i>	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	-	-	-	

Leyenda: Tetraciclina (TE), Sulfamethoxazol/Timetropin (SXT), Ceftriaxona (CRO), Azithromycina(AZM), Aztreonam (ATM), Imipenem (IPM). Kanamycina (K), Gentamicina (CN), Cef tazidima (CAZ), Amoxicillina (AX), Ciprofloxacina (CIP), Ácido Nalidíxico (AN), Colistina (CT), Vancomicina (VA), Penicilina (P).

Para identificar las bacterias seleccionadas, se realizó la amplificación y secuenciación de su región 16S rRNA. Los aislados presentaron fragmentos amplificados por PCR de aproximadamente 1500 pb (figura 1). La alineación de las secuencias del gen 16S rRNA de estos aislados con las secuencias obtenidas mediante la búsqueda BLAST reveló una identidad de hasta el 100 %.

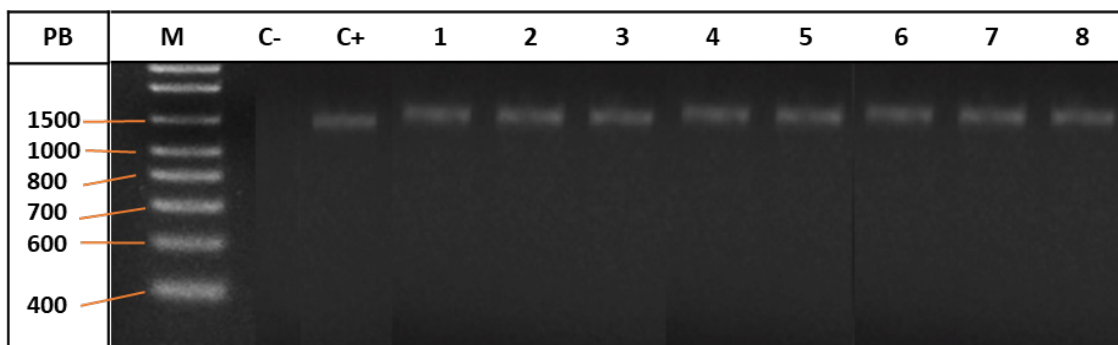


Figura 1. ADN amplificado del gen 16S rRNA para los aislamientos de *E. faecalis*. Carril M: marcador de ADN; C -: control negativo; C+: control +; Carril 1 al 8: cepas de *E. faecalis*

DISCUSIÓN

La cuenca del Río Chanchán se encuentra en la región Andina del centro de Ecuador, en la Sierra Occidental. Se forma por la unión de los ríos Alausí y Guasuntos, entre las montañas de Cruzpungo, en la provincia de Chimborazo.⁽¹⁴⁾ Este estudio analizó los factores ambientales que influyen en el crecimiento bacteriano en esta región.

Los factores ambientales, tanto físicos como químicos, son fundamentales en la dinámica del crecimiento bacteriano. En general, temperaturas más altas y un pH neutro a ligeramente alcalino (7-8), como se observó en esta investigación, son condiciones que pueden favorecer el desarrollo bacteriano, son óptimas para muchas especies de bacterias. Estos resultados concuerdan con los hallazgos de Shao K et al.⁽²³⁾ quienes también

encontraron que las temperaturas elevadas y un pH neutro favorecen el crecimiento bacteriano en cuerpos de agua similares.

En el presente estudio, el 94,0 % de las bacterias aisladas del río Chanchán pertenecían a Enterobacterales, lo que reafirma la presencia generalizada de este grupo de microorganismos como indicadores de contaminación fecal en los ríos de la región. Estos resultados coinciden con investigaciones anteriores realizadas en muestras de los ríos Chambo, Guano y Guamote, donde también se evidenció contaminación por Enterobacterales y *E. faecalis*.^(17,18,19)

Las similitudes entre los estudios resaltan una tendencia preocupante en la calidad microbiológica de las fuentes hídricas de la región. Las actividades agrícolas y ganaderas, junto con la disposición inadecuada de aguas residuales, se identifican como las principales causas de esta contaminación.⁽²⁴⁾ Los resultados de este estudio no solo corroboran hallazgos previos, sino que también subrayan la necesidad urgente de implementar estrategias de gestión y monitoreo de la calidad del agua para mitigar la contaminación microbiológica en los ríos de la zona.

En relación con las bacterias aisladas de los productos agrícolas regados con las aguas de este río, se identificaron cepas de *A. hydrophila*, *P. shigelloides* y *Y. enterocolitica*. La presencia de estas especies representa un riesgo significativo para la salud pública, ya que son patógenas y pueden causar infecciones gastrointestinales, especialmente en individuos con sistemas inmunodeprimidos, así como en niños pequeños y ancianos. La presencia de estas bacterias puede estar relacionadas con las descargas fecales del ganado y el uso de estiércol animal y de aves de corral que se encuentran en los alrededores del río, así como residuos generados por las comunidades aledañas al cauce del río, situación similar a lo observado en otras partes del mundo.⁽²⁵⁾

El principal problema abordado en este estudio fue la presencia de multirresistencia en las bacterias aisladas del agua del río Chanchán, así como en los productos agrícolas irrigados con sus aguas. En los últimos años, el aumento de bacterias resistentes y multirresistentes a antibióticos de uso humano y veterinario en ambientes acuáticos ha puesto de relieve la necesidad de un enfoque integral para el control y la vigilancia epidemiológica. Esto implica considerar el ambiente como un componente crucial de la salud pública, lo que ha dado lugar a la perspectiva de “Una Salud” o “One Health”.⁽²⁶⁾

Las bacterias resistentes a los antibióticos ingresan a los hábitats acuáticos a través de fuentes humanas y animales, de esta manera, pueden transmitir sus genes de resistencia a microorganismos presentes en esas fuentes hídricas,⁽²⁷⁾ se sabe que, es así como se ha propagado a nivel mundial la resistencia, representando una amenaza multidimensional. Los antibióticos y otros, como los metales pesados, tienen orígenes y rutas de viaje comparables; por lo tanto, eventualmente coexistirán en los hábitats acuáticos. Además, a pesar de los avances, las tecnologías de tratamiento existentes no están diseñadas para eliminarlos, y no existen regulaciones sanitarias publicadas que proporcionen orientación sobre cómo manejarlos.⁽²⁸⁾

El hallazgo en este estudio de cepas de *A. hydrophila*, *P. shigelloides* y *Y. enterocolitica* resistentes a diferentes familias de antibióticos, como betalactámicos, sulfametoxazol/trimetoprima, aminoglucósidos, tetraciclinas y quinolonas, representa un riesgo significativo para la salud pública. Estas bacterias pueden causar infecciones difíciles de tratar, especialmente en poblaciones vulnerables. Además, su presencia en productos agrícolas afecta la seguridad alimentaria y expone a la población a riesgos sanitarios.

De manera similar, otros estudios han informado la presencia de cepas del género *Aeromonas* en productos agrícolas regados con aguas del río Guano, con una resistencia del 100 % a la amoxicilina y una sensibilidad disminuida del 66,66 % al imipenem.⁽¹⁷⁾ Asimismo, en las aguas de riego del río Chibunga, se ha reportado cepas de *P. shigelloides* resistentes a ceftazidima, aztreonam, ciprofloxacino, ácido nalidixico y trimetoprima-sulfametoxazol.⁽²⁰⁾

Es importante señalar que la mayoría de las cepas de *E. faecalis* aisladas de productos agrícolas mostraron resistencia a las quinolonas. Este hallazgo coincide con investigaciones previas que documentan la presencia de estas cepas en entornos acuáticos, resistentes a esta familia de antibióticos.⁽³⁰⁾ La relevancia de esta bacteria en cuerpos hídricos se destaca por varios factores críticos: actúa como indicador de contaminación, posee la capacidad de transferir genes de resistencia, representa riesgos para la salud pública, afecta la biodiversidad y es fundamental en programas de monitoreo y gestión ambiental.

Las bacterias aisladas en este estudio fueron identificadas mediante la secuenciación del gen del ARN ribosómico 16S, una herramienta importante para determinar las relaciones filogenéticas entre bacterias.⁽³¹⁾

CONCLUSIONES

Esta investigación confirma la presencia de bacterias multirresistentes en el río Chanchán y en productos agrícolas regados con estas aguas, lo que representa un riesgo significativo para la salud pública y la seguridad alimentaria.

REFERENCIAS

1. Zhu X, Wang L, Zhang X, He M, Wang D, Ren Y, Pan H. Effects of different types of anthropogenic

disturbances and natural wetlands on water quality and microbial communities in a typical black-odor river. *Ecol Indic.* 2022;136:108613. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2022.108613>

2. Singh G, Vajpayee P, Ram S, Shanker R. Environmental reservoirs for enterotoxigenic *Escherichia coli* in south Asian Gangetic riverine system. *Environ Sci Technol.* 2010;44:6475-80. <https://doi.org/10.1021/es1004208>

3. Calero-Cáceres W, Muniesa M. Persistence of naturally occurring antibiotic resistance genes in the bacteria and bacteriophage fractions of wastewater. *Water Res.* 2016;95:11-18. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2016.03.006>.

4. Grenni P. Antimicrobial resistance in rivers: a review of the genes detected and new challenges. *Environ Toxicol Chem.* 2022;41(3):687-714. <https://doi.org/10.1002/etc.5289>

5. Li W, Zhang G. Detection and various environmental factors of antibiotic resistance gene horizontal transfer. *Environ Res.* 2022;212:113267. <https://doi.org/10.1016/j.envres.2022.113267>

6. Hanna N, Tamhankar AJ, Lundborg CS. Antibiotic concentrations and antibiotic resistance in aquatic environments of the WHO Western Pacific and South-East Asia regions: a systematic review and probabilistic environmental hazard assessment. *Lancet Planet Health.* 2023;7(1) e45-e54. [https://doi.org/10.1016/S2542-5196\(22\)00254-6](https://doi.org/10.1016/S2542-5196(22)00254-6)

7. Kenneth MJ, Koner S, Hsu GJ, Chen JS, Hsu BM. A review on the effects of discharging conventionally treated livestock waste to the environmental resistome. *Environ Pollut.* 2023;122643. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2023.122643>

8. Achak M, Alaoui Bakri S, Chhiti Y, M'hamdi Alaoui FE, Barka N, Boumy W. SARS-CoV-2 in hospital wastewater during outbreak of COVID-19: a review on detection, survival and disinfection technologies. *Sci Total Environ.* 2021;761:143192. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.143192>

9. Yuan T, Pia Y. Hospital wastewater as hotspots for pathogenic microorganisms spread into aquatic environment: a review. *Front Environ Sci.* 2023;10:1734. <https://doi.org/10.3389/fenvs.2022.1091734>

10. Guo J, Li J, Chen H, et al. Metagenomic analysis reveals wastewater treatment plants as hotspots of antibiotic resistance genes and mobile genetic elements. *Water Res.* 2017;123:468-78. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2017.07.002>

11. Rodríguez EA, Jiménez-Quiceno JN. Resistencia bacteriana a antibióticos en ambientes acuáticos: origen e implicaciones para la salud pública. *Rev Fac Nac Salud Pública.* 2023;41(3). http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0120-386X2023000300003&lng=en.

12. Ju F, Li B, Ma L, Wang Y, Huang D, Zhang T. Antibiotic resistance genes and human bacterial pathogens: co-occurrence, removal, and enrichment in municipal sewage sludge digesters. *Water Res.* 2016;91:1-10. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2015.11.071>

13. Ma L, Li AD, Yin XL, Zhang T. The prevalence of integrons as the carrier of antibiotic resistance genes in natural and man-made environments. *Environ Sci Technol.* 2017;51:5721-5728. <https://doi.org/10.1021/acs.est.6b05887>

14. Pino EA. Río Chanchan. [Internet]. 2016 [citado 14 de mayo de 2019]. Disponible en: <https://aplicaciones.senagua.gob.ec/reslotaip2017/rendcuent/DH%20GUAYAS/FASE%201/RESPALDOS/Soportes%20DRYD/Proyectos%20Riego%20y%20Drenaje/9.%20Estudios%20R%20C%20A%20Chanchan.pdf>.

15. CAMAREN.Org. Contaminación de ríos en Chimborazo. [Internet]. 2012 [citado 21 de mayo de 2019]. Disponible en: <https://www.printfriendly.com/p/g/mBZ9Pf>.

16.-Andueza F, González M, Ibáza D, Vásquez P, Viteri F, Villacís L, Araque J, Escobar-Arrieta S, González-Romero AC, Medina-Ramírez G, Álvarez E. Diversity and profiles of resistance to antibiotic in species of the genus *Aeromonas* isolated from the aquatic ecosystems of Ecuador. *An Acad Farm.* 2022;88(4):713-720. <https://doi.org/10.56294/saludcyt20241318>

analesranf.com/articulo/8804_02/.

17. González-Romero AC, Cazares-Silva MR, Cordovez-Martínez MC, RamosCampi YC, Guillén-Ferraro ML. Bacterias aisladas en productos agrícolas provenientes de la cuenca del río Guano. *Kasmera*. 2022; 50: e5037965. <https://doi.org/10.56903/kasmera.5037965>

18. González-Romero AC, Guamán-Chabla MG, Cordovez-Martínez M del C, Martínez-Duran EE. Perfiles de susceptibilidad antimicrobiana en bacterias aisladas en cultivos agrícolas de la cuenca del río Chambo. *Perfiles*. 2022 ;(27):39-48. <https://perfiles.esPOCH.edu.ec/index.php/perfiles/article/view/148>.

19. González Romero AC, Tipán Pillajo IK, Cordovez Martínez M del C, Martínez Durán EE. Perfil de susceptibilidad antimicrobiana de bacterias de relevancia clínica aisladas de un río de la zona agropecuaria de Los Andes ecuatorianos. *Anatomía Digital*. 2023;6(4.3):198-213. <https://doi.org/10.33262/anatomiadigital.v6i4.3.2801>.

20. Guillén-Ferraro ML, Cordovéz-Martínez MC, González-Romero AC, Medina-Ramírez GE, Mur Caicedo L, Marcillo-Valencia KG. Bacterias multirresistentes en aguas de riego del río Chibunga, Chimborazo, Ecuador. *FIGEMPA: Investigación y Desarrollo*. 2024;17(1):16-25. <https://doi.org/10.29166/revfig.v17i1.5793>.

21. CLSI. Performance standards for antimicrobial susceptibility testing. Clinical and Laboratory Standards Institute. Wayne, PA; 2022. 32 edition. USA.

22. Hesham A, Alrumman SA, Al-Amari JA. 16S rDNA phylogenetic and RAPD-PCR analyses of petroleum polycyclic aromatic hydrocarbons-degrading bacteria enriched from oil-polluted soils. *Arab J Sci Eng*. 2016;41:2095-2106. <https://doi.org/10.1007/s13369-015-1843-2>.

23. Shao K, Yao X, Wu Z, et al. The bacterial community composition and its environmental drivers in the rivers around eutrophic Chaohu Lake, China. *BMC Microbiol*. 2021;21(1):179. <https://doi.org/10.1186/s12866-021-02252-9>

24. Ríos-Tobón S, Agudelo-Cadavid RM, Gutiérrez-Builes LA. Patógenos e indicadores microbiológicos de calidad del agua para consumo humano. *Rev Fac Nac Salud Pública*. 2017;35(2):236-47. <https://revistas.udea.edu.co/index.php/fnsp/article/view/26353>.

25. Adesiyan IM, Bisi-Johnson MA, Ogunfowokan AO, Okoh AI. Incidence and antimicrobial susceptibility fingerprints of *Plesiomonas shigelloides* isolates in water samples collected from some freshwater resources in Southwest Nigeria. *Sci Total Environ*. 2019;665:632-640. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.02.062>

26. Elnaiem A, Mohamed-Ahmed O, Zumla A, Mecaskey J, Charron N, Abakar MF, Dar O. Global and regional governance of One Health and implications for global health security. *Lancet*. 2023;401(10377):688-704. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(22\)01597-5](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(22)01597-5)

27. Rodríguez EA, Jiménez-Quiceno JN. Resistencia bacteriana a antibióticos en ambientes acuáticos: origen e implicaciones para la salud pública. *Rev Fac Nac Salud Pública*. 2023;41(3): e03. <https://doi.org/10.17533/udea.rfnsp.e351453>.

28. Gogoi A, Mazumder P, Tyagi VK, Chaminda GT, An AK, Kumar M. Occurrence and fate of emerging contaminants in water environment: A review. *Groundwater for Sustainable Dev*. 2018;6:169-180. <https://doi.org/10.1016/j.gsd.2017.12.009>

30. Alipour M, Hajiesmaili R, Talebjannat M, Yahyapour Y. Identification and antimicrobial resistance of *Enterococcus* spp. isolated from the river and coastal waters in northern Iran. *Scientific World Journal*. 2014;(2014):287458. <https://doi.org/10.1155/2014/287458>

31. Mehanni MM, Gadow SI, Alshammari FA, Modafar Y, Ghanem KZ, El-Tahtawi NF, El-Homasy RF, Hesham AE-L. Antibiotic-resistant bacteria in hospital wastewater treatment plant effluent and the possible consequences of its reuse in agricultural irrigation. *Front Microbiol*. 2023;14:1141383. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1141383>

FINANCIACIÓN

Los autores no recibieron financiamiento para el desarrollo de esta investigación

CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran que no existe conflicto de intereses.

CONTRIBUCIÓN DE AUTORÍA

Conceptualización: Ana Carolina González Romero, Morella Lucia Guillén Ferraro, María del Carmen Cordovéz Martínez.

Curación de datos: Ana Carolina González Romero, Morella Lucia Guillén Ferraro, María del Carmen Cordovéz Martínez.

Análisis formal: Ana Carolina González Romero, Morella Lucia Guillén Ferraro, Felix Faconí Ontaneda.

Investigación: Ana Carolina González Romero, Morella Lucia Guillén Ferraro, Felix Faconí Ontaneda.

Metodología: Ana Carolina González Romero, Morella Lucia Guillén Ferraro.

Administración del proyecto: Ana Carolina González Romero, María del Carmen Cordovéz Martínez.

Recursos: Ana Carolina González Romero, Morella Lucia Guillén Ferraro.

Software: Ana Carolina González Romero, Morella Lucia Guillén Ferraro, Felix Faconí Ontaneda.

Supervisión: Ana Carolina González Romero, Morella Lucia Guillén Ferraro, Felix Faconí Ontaneda.

Validación: Ana Carolina González Romero, Morella Lucia Guillén Ferraro, Felix Faconí Ontaneda.

Visualización: Ana Carolina González Romero, Morella Lucia Guillén Ferraro, María del Carmen Cordovéz Martínez.

Redacción - borrador original: Ana Carolina González Romero, Morella Lucia Guillén Ferraro, Felix Faconí Ontaneda.

Redacción - revisión y edición: Ana Carolina González Romero, Morella Lucia Guillén Ferraro, María del Carmen Cordovéz Martínez.