Resistencia antimicrobiana emergente en entornos no clínicos: mecanismos, impacto y perspectivas futuras

Emerging antimicrobial resistance in non-clinical settings: mechanisms, impact and future prospects

Anderson Avendaño-Mora, *Eliana Urbano-Cáceres*, *Valentina Torres-Occa* y *Diana López-Velandia*
1. Universidad de Boyacá, Tunja, Boyacá

Resumen

La resistencia antimicrobiana se ha convertido en un problema a nivel de salud pública que representa una amenaza creciente en diversos entornos no clínicos como suelos, efluentes, alimentos, animales, agricultura y aire. Por lo tanto, el objetivo del presente estudio fue identificar los microorganismos y los factores responsables de este fenómeno en dichos ambientes. Con ese fin, se realizó una búsqueda bibliográfica en las bases de datos PubMed, Scopus y ScienceDirect empleando las palabras clave "antimicrobial", "atmosphere", "environment", "bacteria", "drug resistance" y "genes", combinadas mediante el operador booleano AND para optimizar los resultados. Se identificaron 50 artículos relevantes; de estos, 20 fueron excluidos por no cumplir con los criterios de inclusión, y 30 se tuvieron en cuenta de acuerdo con el enfoque. Entre los hallazgos más destacados se encuentran genes de resistencia como las carbapenemasas y las betalactamasas de espectro extendido, así como patógenos asociados al género *Streptococcus* sp. La resistencia antimicrobiana en contextos no clínicos constituye una problemática global ya que la liberación de antibióticos no metabolizados en los recursos naturales contribuye a su propagación. Por lo tanto, es fundamental implementar medidas preventivas que mitiguen este riesgo.

Palabras clave: microbiología ambiental; bacterias resistentes a los antibióticos (ARB); genes de resistencia a los antimicrobianos (ARG); objetivos de Desarrollo Sostenible

Abstract

Antimicrobial resistance (AMR) has become a major public health issue and represents a growing threat in various non-clinical environments such as soils, effluents, food, livestock, agriculture, and the atmosphere. The objective of this study was to identify the microorganisms and factors contributing to this phenomenon in these settings. To this end, a literature search was conducted in PubMed, Scopus, and ScienceDirect using the keywords antimicrobial, atmosphere, environment, bacteria, drug resistance, and genes, combined with the Boolean operator AND to optimize retrieval. A total of 50 relevant articles were identified; of these, 20 were excluded for not meeting the inclusion criteria, and 30 were retained for analysis. The most significant findings included resistance genes such as carbapenemases and extended-spectrum β-lactamases, as well as resistant pathogens associated with the genus *Streptococcus*. AMR in non-clinical environments constitutes a global challenge, as the release of unmetabolized antibiotics into natural resources facilitates its persistence and dissemination. Therefore, the implementation of preventive measures is essential to mitigate this risk.

Key words: environmental microbiology; Antibiotic-resistant bacteria (ARB); Antimicrobial resistance genes (ARG); Sustainable Development Goals

***Autor de correspondencia:** dplopez@uniboyaca.edu.co
Editor: Juan Carlos Narváez
Recibido 17 de septiembre de 2024
Aceptado: 29 de julio de 2025
Publicación en línea: 29 de julio 2025
Citar como: Avendaño-Mora, A., Urbano-Cáceres, E., Torres-Occa, V., and López-Velandia, D. (2025). Resistencia antimicrobiana emergente en entornos no clínicos: mecanismos, impacto y perspectivas futuras. Intropica, 20(1),.65-78.

Introducción

La resistencia antimicrobiana se define como la capacidad de los microorganismos para dejar de responder a los fármacos diseñados para su eliminación o control, lo que complica el tratamiento de numerosas infecciones y aumenta de manera significativa el riesgo de propagación de enfermedades graves e incluso la mortalidad. Esta propiedad puede ser una característica natural del microorganismo o adquirirse durante un proceso infeccioso o en distintos entornos no clínicos (Fernández *et al.*, 2020).

Los antibacterianos, un grupo de compuestos farmacéuticos utilizados ampliamente en humanos y animales con fines preventivos y terapéuticos, han contribuido a este fenómeno debido a su uso masivo. Según Kovalakova *et al.* (2020), el consumo mundial de estos fármacos aumentó un 39 % entre 2000 y 2015, alcanzando 42,300 millones de dosis diarias definidas (DDD). Por su parte, Tiseo *et al.* (2020) estimaron un consumo de 93,309 toneladas en el ganado en 2017, con una proyección de 104,079 toneladas para 2030. Además, el uso intensivo de antibióticos en la salud humana, la medicina veterinaria, la producción ganadera y la acuicultura, junto con su baja absorción por los organismos y la limitada eficiencia de las plantas de tratamiento de aguas residuales (EDAR) para eliminarlos, facilita su liberación en diversos ecosistemas acuáticos, lo que agrava aún más la problemática de la resistencia antimicrobiana (Fernández *et al.*, 2022; 2024; Yagui, 2018).

Entre los antimicrobianos se incluyen antibióticos, antivirales, antifúngicos y antiparasitarios, fármacos empleados en diferentes ámbitos para prevenir y tratar diversas enfermedades e infecciones en seres humanos, ganado, acuicultura y agricultura (Cuba *et al.*, 2014; Fernández *et al.*, 2021; Labarca y Araos, 2009). En las dos últimas décadas se ha observado un aumento significativo en la prevalencia de patógenos bacterianos cada vez más difíciles de tratar con antibióticos; una de las posibles causas de esta resistencia es la presencia de antibióticos en el medio ambiente como consecuencia de actividades antropogénicas (Elder *et al.*, 2020; Petrie *et al.*, 2015).

La Organización de las Naciones Unidas (ONU) señala que la resistencia bacteriana constituye una de las principales amenazas para la salud mundial (Giono-Cerezo *et al.*, 2020). Los microorganismos poseen una gran capacidad de adaptación que les permite sobrevivir en condiciones ambientales extremas, como variaciones de temperatura y salinidad, en ambientes con ausencia total de oxígeno, y tanto en presencia como en ausencia de luz, entre otras circunstancias adversas (González *et al.*, 2013). Los antibióticos, reconocidos desde hace décadas como una de las soluciones más eficaces para combatir infecciones causadas por bacterias patógenas en humanos, también desempeñan un papel relevante en sectores como la ganadería y la agricultura. Sin embargo, su uso prolongado y generalizado en diversos contextos, incluyendo la atención sanitaria, la agricultura, la ganadería y la acuicultura, ha suscitado una creciente preocupación debido a la presencia de residuos de antibióticos en entornos donde no deberían encontrarse, como el agua, el suelo y el aire (Polianciuc *et al.*, 2020). Esta problemática se agrava por el hecho de que la mayoría de los antibióticos consumidos no se metabolizan completamente en humanos o animales, lo que facilita su liberación al medio ambiente a través de la excreción, la cría intensiva, las aguas residuales urbanas, las prácticas agrícolas y la inadecuada gestión hospitalaria, tanto por parte del personal como de los pacientes. A ello se suma el uso imprudente de estos fármacos, que potencia aún más su diseminación (Barathe *et al.*, 2024).

La resistencia a los antibióticos se produce a través de uno o más mecanismos específicos, y distintos estudios han identificado genes que confieren resistencia en bacterias ambientales (Elder *et al.*, 2020; Fernández Rodríguez *et al.*, 2020; Polianciuc *et al.*, 2020). Sin embargo, es importante destacar que casi todos los antibióticos son productos naturales o derivados de ellos y que han estado presentes en el medio ambiente, donde pueden actuar como pequeñas moléculas de señalización en la detección de quórum, la formación de biopelículas, la producción de factores de virulencia y en las interacciones huésped-parásito (Sengupta *et al.*, 2013).

El enfoque terapéutico de los antibióticos y la importancia clínica de los genes de resistencia suelen eclipsar el hecho de que estos genes han evolucionado conjuntamente durante miles de millones de años y ya existían mucho antes de la utilización de antibióticos a escala industrial (Manyi-Loh *et al.*, 2018). Esto indica que los genes que confieren resistencia han estado presentes desde mucho antes del primer uso terapéutico de los antibióticos, conformando una reserva natural de genes conocida como "resistoma" (Rossi *et al.*, 2024).

El resistoma tiene un impacto considerable, ya que su diseminación contribuye a la propagación de la resistencia en distintos sectores, con implicaciones negativas para la salud y

efectos en diferentes niveles tróficos (Petrie *et al.*, 2015). En este contexto, el objetivo del presente estudio es identificar los microorganismos y factores asociados con la resistencia antimicrobiana en diversos ambientes no clínicos, incluidos el aire, el agua, los suelos, los animales y los alimentos.

Materiales y métodos

Se llevó a cabo una revisión bibliográfica de artículos que fueron publicados en revistas científicas, se identificó el desarrollo de resistencias a los antibióticos en distintos entornos no clínicos como lo son el agua, aire, suelo, ganadería y agricultura.

Se realizó una búsqueda bibliográfica en las bases de datos siguientes: Pubmed, SCOPUS y Sciencedirect, empleando las palabras clave: «Antimicrobial», «Atmosphere», «Bacteria», «Drug resistance», «Genes», utilizando el operador booleano (AND); para combinar los términos de búsqueda de manera efectiva. La estrategia de búsqueda se diseñó utilizando términos controlados (MeSH - DeCS) en inglés o español. La búsqueda se limitó empleando filtros propios de cada base de datos para estudios primarios y secundarios dentro de la cual se tuvo en cuenta un límite de fecha de publicación desde el 2019 hasta el 2024, artículos en idiomas inglés y español, disponibilidad de texto completo y gratuito y el tipo de artículo encaminado a revisiones sistemáticas, artículos originales y metaanálisis.

Se incluyó criterios de inclusión, estudios e investigaciones que aborden la resistencia antimicrobiana en entornos no clínicos; así como, artículos que evalúen el impacto de la resistencia antimicrobiana en los escenarios de: agua, aire, suelo, animales y alimentos, y que discutieran perspectivas futuras y estrategias para abordar la resistencia antimicrobiana en estos entornos. Como criterios de exclusión estudios e investigaciones que no estén disponibles dentro de una fecha de publicación inferior a 2019 y que no se encuentren en la base de datos consultadas.

Resultados

Se identificaron 30 artículos que lograron cumplir con los criterios de inclusión para el desarrollo de la revisión bibliográfica junto con las características de los estudios incluidos (figura 1).

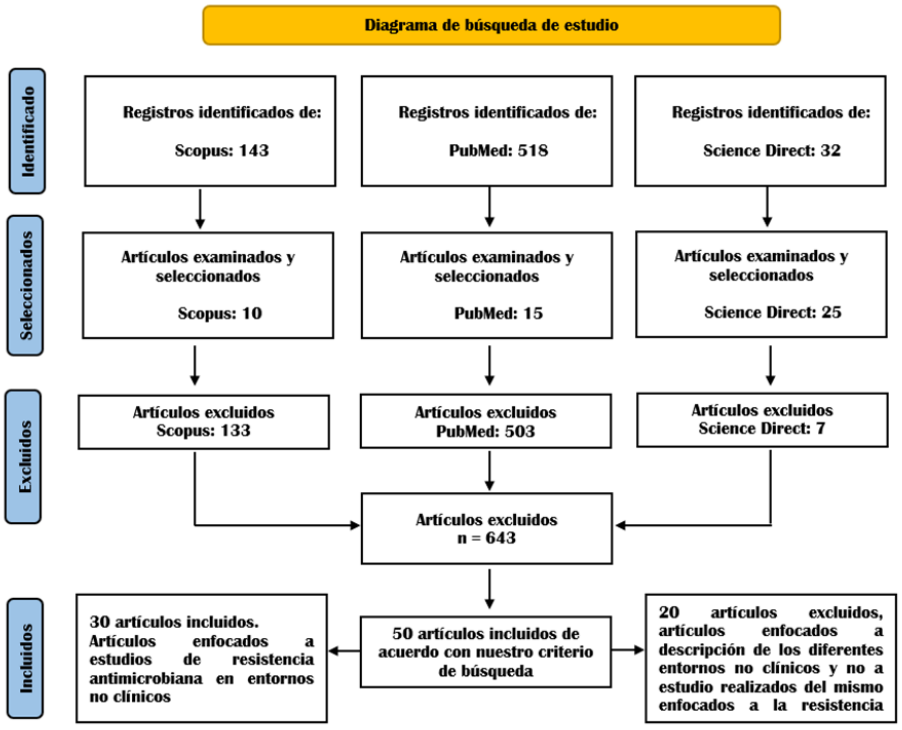

Figura 1. Diagrama de búsqueda de estudios basado en Modelo PRISMA (Urrútia *et al.*, 2010).

Se elaboró un mapa de red bibliométrica en la aplicación VOSviewer para visualizar las palabras predominantes identificadas en las bases de datos Scopus y PubMed, y compararlas con las palabras clave empleadas en la revisión (figuras 2 y 3).

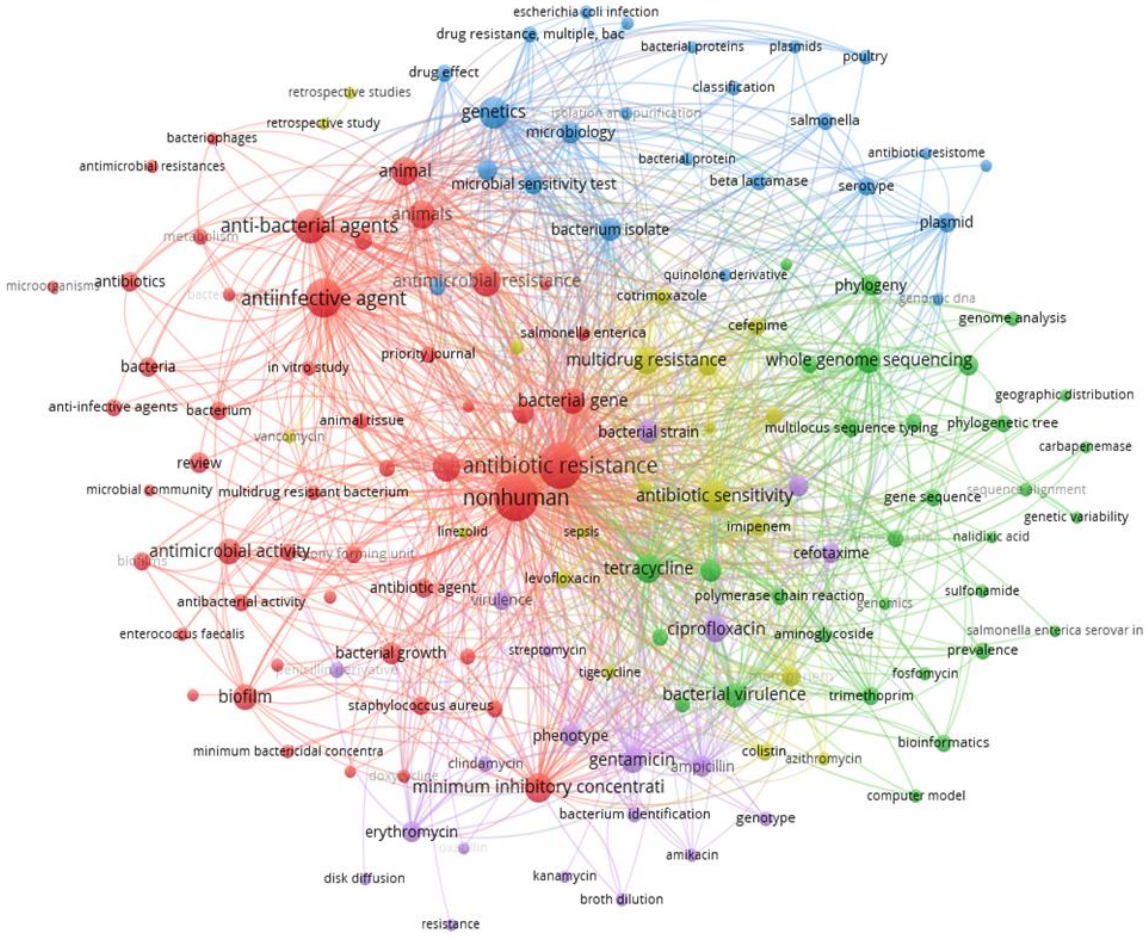

Figura 2. Mapa de Red Bibliométrica de Scopus.

En la base de datos *Scopus* se identificaron 143 artículos relacionados con las palabras clave Antimicrobial, Atmosphere, Bacteria, Drug resistance y Genes. Con estos registros se elaboró un mapa de red bibliométrica que permitió determinar las palabras más predominantes: non-human, antibiotic resistance, microbial sensitivity test, antibacterial agents y antiinfective agent. Los artículos duplicados fueron eliminados manualmente.

La figura 3 presenta un esquema de red bibliométrica de la base de datos de PubMed asociando la búsqueda de palabras con mayor predominancia.

En la base de datos de PubMed se encontraron 518 artículos relacionados con las palabras claves "Antimicrobial, Atmosphere, Bacteria, Drug resistance and Genes", sin embargo, se realizó un mapa de red bibliométrica y de acuerdo con la gráfica las palabras más predominantes de dichos artículos fueron: antibacterial agents, microbial sensitivity agents, Resistance, Bacterial and Drug resistance.

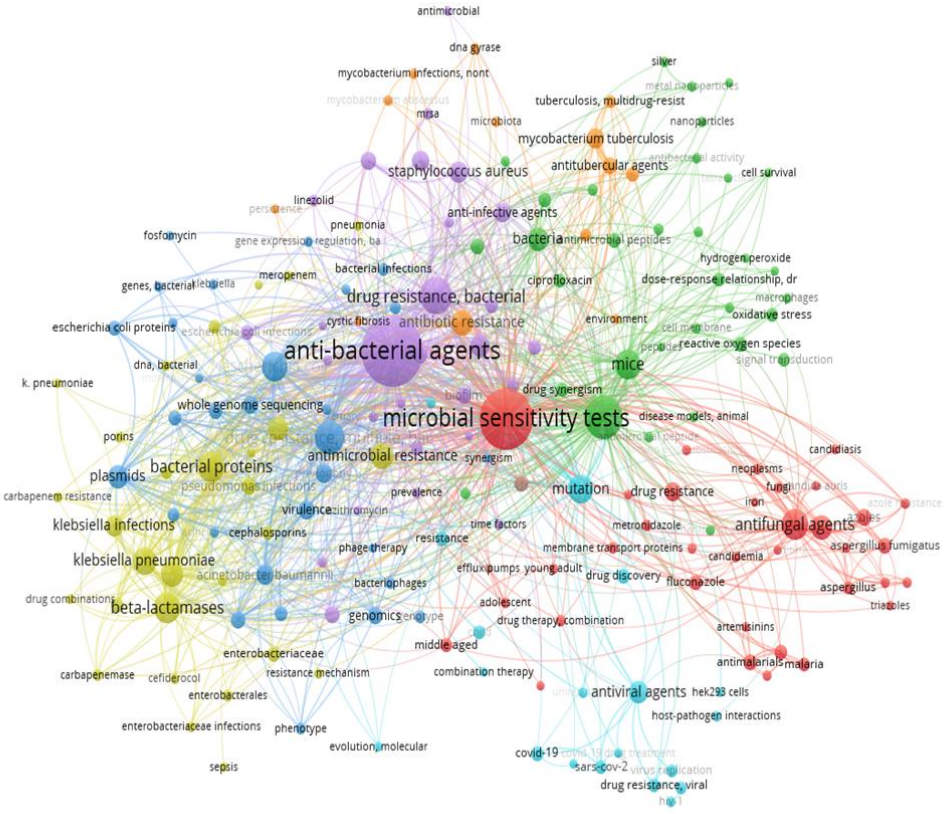

Figura 3. Mapa de Red Bibliométrica de PubMed.

Resistencia en la superficie: Suelo

El sector agrícola desempeña un papel importante en la contaminación por antibióticos, ya que el suelo los recibe principalmente a través de la aplicación de estiércol y del riego con aguas residuales (Hou *et al.*, 2024). Un informe sobre la acumulación de antibióticos en suelos agrícolas de Asia Oriental identificó la presencia de 56 compuestos antibióticos pertenecientes a cinco categorías terapéuticas: tetraciclinas, macrólidos, sulfonamidas, quinolonas y cloranfenicoles (Alekshun *et al.*, 2007). Estos estudios evidencian que las prácticas inadecuadas en el uso de antibióticos, sin considerar sus consecuencias, generan un problema de salud pública.

Como resultado, se observa la aparición de nuevos genes de resistencia antimicrobiana (ARG) y la propagación de bacterias resistentes a los antibióticos (ARB) hacia otros entornos, tanto humanos como animales, como se ilustra en la figura 4, donde se representa el movimiento de la resistencia y su impacto final en la población (Pillay *et al.*, 2022). Debido a la diversidad de los distintos entornos no clínicos, que se encuentran interconectados, la propagación de genes resistentes puede intensificarse (Malagón-Rojas *et al.*, 2020).

Asimismo, algunos estudios han sugerido una asociación entre el uso de pesticidas y la resistencia a los antimicrobianos. Se ha demostrado que ciertas cepas de bacterias degradadoras de pesticidas, aisladas de suelos expuestos a estos compuestos, eran resistentes a cinco antibióticos de uso común (Díaz-Gavidia *et al.*, 2021; Hou *et al.*, 2024; Li *et al.*, 2022). En el caso de bacterias multirresistentes, la presencia de plásmidos favorece con frecuencia el desarrollo de resistencia a múltiples fármacos (Malagón-Rojas *et al.*, 2020).

La figura 4 presenta la ruta de dispersión de la resistencia de los antibióticos en entornos no clínicos. La resistencia en entornos no clínicos ha llevado a la contaminación de suelos que indirectamente contribuyen a la resistencia antimicrobiana (Varma *et al.*, 2009). Los efectos de los pesticidas combinados con otros contaminantes emergentes pueden inducir resistencia y deben considerarse como problema de salud pública (Malagón-Rojas *et al.*, 2020; Hou *et al.*, 2024).

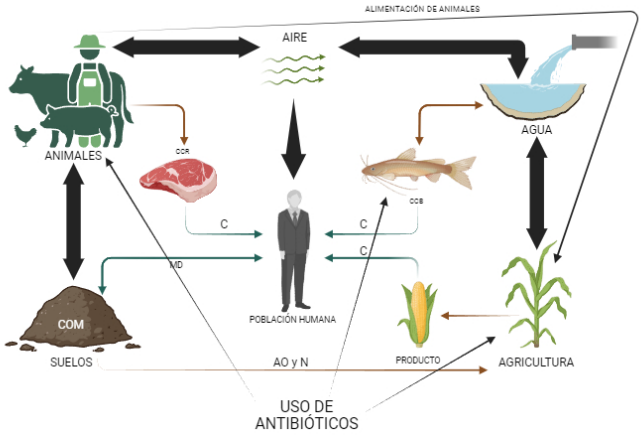

Figura 4. Ruta de dispersión de la resistencia de los antibióticos en entornos no clínicos.

Resistencia en la atmósfera: aire

A pesar de que es una amenaza a nivel global, la resistencia a los antibióticos que se encuentran en el aire no ha logrado recibir mucha atención. Las bacterias que se encuentran en hospitales o granjas ganaderas y son resistentes a los antibióticos por medio de genes, podrían transmitirse a las distintas instalaciones de tratamiento de aguas residuales o ambientes, e incluso podrían emitirse desde estos entornos hacia el aire y quedar los humanos expuestos al inhalarlo (Walsh, 2000).

Se reconoce que el aire es una vía directa y un medio clave para la difusión de la resistencia a los antibióticos. Se han encontrado componentes resistentes a los antibióticos, como los genes de resistencia, en materia particulada (PM) del aire que representan una amenaza potencial para los seres humanos y los animales a través de la inhalación, el aire contiene diversas bacterias resistentes a los antibióticos y genes de resistencia que se transfieren entre ambientes (Barathe *et al.*, 2024). Las PM también podrían de cierta manera dañar a la membrana celular para así mejorar la transferencia horizontal de los genes de resistencia, permitiendo acelerar el intercambio de los elementos de resistencia a los patógenos (Sengupta *et al.*, 2013). Los elementos resistentes a los antibióticos en las PM pueden hallarse en diferentes entornos tales como, granjas e instalaciones de tratamiento de aguas residuales, la evaporación del agua, el transporte de polvo y los asentamientos húmedos o secos repartidos a lo largo de períodos, distancias y regiones pueden trasladar esta forma de resistencia provocando una alta diseminación (Chow *et al.*, 2021).

En el aire las PM han descubierto resultados abrumadores que documentan nuevos genes complejos de integrones de clase 1, OXA-54, QnrS y OXA-55 en aerosoles que confieren resistencia a β-lactámicos, otros genes de resistencia; tet, vanA, vanB, nrS y qnrA en granja de animales que confieren resistencia a β-lactámicos, macrólidos, tetraciclinas, sulfonamidas, aminoglucósidos y vancomicina en el aire de PM lo que proporciona conceptos básicos para una mejor comprensión de la diseminación y aparición de ARG en el aire (Barathe *et al.*, 2024).

Los genes de resistencia a los antimicrobianos pueden propagarse rápidamente por medio del aire, así mismo estos se pueden hallar a amplias altitudes dentro de la región inferior de la atmósfera libre y con pronunciadas variaciones temporales (Chow *et al.*, 2021). La atmósfera es un entorno complejo en el que se mezclan constantemente grandes cantidades de partículas de distintos orígenes, de modo que la difusión de antimicrobianos procedente de la actividad humana probablemente se diluye (Rossi *et al.*, 2024).

La resistencia antimicrobiana en animales se ha dado a través del consumo de carne y demás derivados de animales como la leche, lana de oveja, entre otros ya que estos son de los más grandes productos comerciales. En un estudio realizado en el 2020, se han estudiado factores de resistencia en *Staphylococcus aureus* y *Streptococcus agalactiae* aislados de leche de vacas con mastitis. En donde a través del método de Mastitis Test California (MTC) y un antibiograma a través del método Kirby-Bauer se logró determinar que hay resistencia por malas prácticas agrícolas en este tipo de productos comerciales

como lo son la leche para el consumo humano (Quispe *et al.*, 2021).

El uso indiscriminado de antibióticos en animales de granja se ha convertido en prácticas habituales para los agricultores y ganaderos de varios sectores del país, en donde por sus malas prácticas en la aplicación de varios productos químicos a sus animales, han contribuido a la errónea dosificación en animales y por ende a la resistencia a múltiples microorganismos causantes de varias patologías en animales de este sector (Sun *et al.*, 2022). En un estudio que se realizó en el año 2023 donde se compara algunos factores predisponentes de la resistencia entre animales de cría en granjas y animales poco empleados para la cría, se evidencia una alta tasa de resistencia en estos, que son dispuestos a carne y al uso de químicos para adelantar sus propósitos económicos (Ardakani *et al.*, 2023).

Por otra parte, de acuerdo con estas prácticas habituales en el sector agrícola, la Organización Mundial de la Salud (OMS) hace llamados de atención a todo el personal que se encuentra involucrado en la cría y levante de animales; ya que para dar enfoque a esta problemática ha sido y sigue siendo el uso indiscriminado de medicamentos y/o peor aún, el suministro de productos químicos sin fórmula del Médico Veterinario (Barathe et al., 2024). En relación con la vigilancia de la resistencia antimicrobiana (RAM) en animales, en 2015 el Servicio Nacional de Sanidad y Calidad Agroalimentaria (SENASA) puso en marcha el Programa Nacional de Vigilancia de RAM en animales de producción, centrado en frigoríficos y en sistemas de producción intensiva (Calvinho, 2021). Su objetivo es determinar y monitorear de forma sostenida en el tiempo la prevalencia de la RAM en bacterias comensales y zoonóticas; sin embargo, existe la norma en Colombia de regulación, pero no se hace la verificación del cumplimiento (Dominguez *et al.*, 2017).

La resistencia no solo se basa en la actividad agrícola y ganadera de algunos sectores, sino también en la actividad pecuaria como por ejemplo en las abejas ya que el uso de químicos y productos a base de radicales libres han ocasionado una disminución de esta población debido a las altas tasas de mortalidad. La varroa es uno de los ácaros más prevalentes y perjudiciales en las abejas, y para su control, muchos pequeños productores recurren al uso de productos químicos como el Perizin® o el Apitol ® sin la debida prescripción veterinaria. Este uso indiscriminado promueve la aparición de resistencia, ya que en las abejas el traspaso de genes de resistencia entre individuos es más frecuente que en otros animales de producción. Además, la miel podría actuar como un complejo medio de diseminación activa de dichos genes. Esta situación se agrava con la presencia de bacterias ambientales resistentes a antibióticos y sus genes asociados (ARG), que pueden transferirse entre bacterias ambientales e intestinales, facilitando su propagación a nuevos sitios de polinización durante los viajes de alimentación. En el caso de *Apis mellifera*, el uso de tetraciclinas para el tratamiento de la loque americana provocada por *Paenibacillus larvae* ha llevado a una acumulación significativa de genes de resistencia en su microbioma intestinal, incluyendo los genes tetR, estrechamente asociados a elementos genéticos móviles similares a los hallados en patógenos humanos y animales domésticos, lo que sugiere un papel intermediario de las abejas en la transmisión ambiental de ARG. También se ha detectado el gen sul2 vinculado a plásmidos IncQ, que poseen un amplio rango de hospedadores y un mecanismo único de replicación, lo que refuerza su potencial para mediar la transferencia de resistencia en el intestino de las abejas. Por otro lado, Apis cerana, importante polinizador en Asia, presenta un resistoma intestinal poco estudiado, a pesar de compartir con *Apis mellifera* una comunidad bacteriana intestinal simple y dominada por pocos géneros como *Gilliamella*, *Snodgrassella*, *Bartonella*, *Bifidobacterium* y *Lactobacillus* que representan más del 95 % del microbioma. Sin embargo, se ha observado que las bacterias de este filotipo se agrupan de forma diferente según la especie hospedadora, generando composiciones microbianas intestinales variables. Además, se ha comprobado que bacterias del mismo género aisladas de distintas especies de abejas muestran perfiles diferentes de resistencia: por ejemplo, cepas de abejorros chinos contenían el gen multirresistente emrB, mientras que los genes de resistencia a tetraciclinas estaban restringidos a bacterias intestinales de abejas de EE. UU. A diferencia de *Apis mellifera*, *Apis cerana* es manejada de forma más tradicional en China, sin traslados continuos para polinización, lo que la convierte en un modelo ideal para estudiar la carga local de ARG bajo presiones selectivas prolongadas. Gracias a su microbiota conservada y específica, la abeja melífera se presenta como un ecosistema manejable y representativo para investigar la transferencia y mantenimiento de ARG a través de bacterias intestinales, sirviendo, así como un indicador eficaz de la resistencia ambiental a los antibióticos (Sun *et al.*, 2022).

Resistencia en plantas

La resistencia se propaga a través de alimentos incluso en los más habituales, aunque su investigación es un poco reducida se conoce que por ejemplo en los extractos de plantas, contienen

algunos metabolitos con actividad antimicrobiana y a su vez esto contribuye al deterioro del producto. Sin embargo, en este tipo de productos se ha demostrado que contienen un alto índice de nutrientes y aportes para satisfacer las necesidades del organismo humano y por esta razón estos no se han retirado del mercado (Li *et al.*, 2022).

Los vegetales, son quizás unos de los productos más empleados en la dieta de las personas, pero también los más propensos a estar cerca de químicos debido a su alta producción en poco tiempo. Además, son expuestos a riegos con productos nocivos para el consumidor final (Miłobedzka *et al.*, 2022). En un estudio publicado en septiembre del 2021, donde cuya finalidad fue hacer aislamiento de microorganismos resistentes en productos alimenticios como los vegetales y se concluyó que había bacterias multirresistentes a algunos antibióticos empleados en humanos tales como ciprofloxacina y ceftazidima, ocasionando así un gran auge en la tasa de pérdidas en productos comerciales (Díaz-Gavidia *et al.*, 2021).

Resistencia en afluentes

El agua constituye no solo un hábitat para las bacterias, sino también una ruta y un reservorio clave para la propagación microbiana y la diseminación de resistencia a los antimicrobianos en humanos y animales (Díaz-Gavidia *et al.*, 2021; Miłobedzka *et al.*, 2022).

En el medio marino, las actividades antropogénicas contribuyen en gran medida a la propagación de bacterias multirresistentes, destacando la descarga inadecuada de aguas residuales de comunidades costeras densamente pobladas. Se ha documentado la asociación entre las actividades recreativas en aguas costeras y la propagación de enfermedades relacionadas con altos niveles de contaminación. La translocación de bacterias potencialmente patógenas desde ríos y arroyos urbanos hacia estas aguas resulta preocupante por la elevada prevalencia de infecciones transmitidas por el agua. En consecuencia, se han intensificado los estudios con muestras de playas urbanas para comprender las rutas de transmisión y monitorear los genes de resistencia a los antimicrobianos (Furlan *et al.*, 2021).

Recientemente, se describieron a *Escherichia coli* y *Enterococcus* spp. resistentes a los antimicrobianos en playas de todo el mundo, por otro lado, la aparición de bla KPC, bla CTX-M que codifican para resistencia a carbapenemasas y β-lactamasas de espectro extendido respectivamente, y altos niveles de coliformes fecales en las playas, mostraron que los ambientes marinos se vieron fuertemente afectados por las actividades humanas, lo que podría indicar la presencia de estas bacterias con los genes de resistencia a los antimicrobianos (Furlan *et al.*, 2021).

Las aguas residuales hospitalarias constituyen una importante reserva de bacterias resistentes a los antibióticos y de genes de resistencia a los antimicrobianos, incluidos aquellos que codifican β-lactamasas de espectro extendido y carbapenemasas producidas por enterobacterias (Calero-Cáceres *et al.*, 2022). Las aguas residuales que sirven como fuente de agua para fines domésticos, agrícolas y recreativos podrían actuar como un posible esparcidor de genes de resistencia, incluidos genes de carbapenemasas emergentes como bla NDM-5, estos albergan una amplia plétora de genes de resistencia y factores de virulencia, lo que demuestra que los efluentes de plantas de tratamiento de aguas residuales podrían actuar como un vector de diseminación de microorganismos multirresistentes (Calero-Cáceres *et al.*, 2022).

Asimismo, la liberación de antibióticos en los ecosistemas acuáticos genera problemas para la salud humana. Esto ocurre porque dichos compuestos no son completamente metabolizados por humanos o animales, y una fracción significativa se excreta a través de la orina y las heces, llegando al medio ambiente, donde persisten en los efluentes de las plantas de tratamiento de aguas residuales y contribuyen a la contaminación de los ríos urbanos (Ajibola *et al.*, 2022).

En Rumania, un estudio que se realizó describe la transmisión del clon ST101 de *Klebsiella pneumoniae* resistente a múltiples fármacos desde el hospital a las aguas residuales y su persistencia después del tratamiento con cloro. Este estudio destaca el riesgo de la disposición inadecuada de aguas residuales hospitalarias en las aguas superficiales y sus posibles implicaciones en la cadena trófica (Popa *et al.,* 2021).

El agua, es uno de los principales entornos no clínicos a los cuales se encuentra en relación con los ambientes contaminados, debido a que en la mayoría de los casos es de vital importancia para la supervivencia de los entornos. Sin embargo, un estudio reciente comenta que en este líquido se encuentran múltiples microorganismos multirresistentes los cuales sirven como transporte para contribuir a la resistencia en otros ambientes, como la agricultura, animales, suelos, entre

otros. En un estudio realizado en el año 2024, donde identifican como las bacterias típicas de las aguas residuales han obtenido resistencia hereditaria a los antibióticos bajo la exposición a diferentes cefalosporinas, la resistencia puede observarse en casos como *Escherichia coli*, un patógeno presente en este entorno, cuyas diferentes mutaciones, a través de procesos de conjugación, contribuyen a la diseminación de la resistencia (Yu *et al.,* 2024).

De acuerdo con esto, no solamente *Escherichia coli,* es el patógeno más involucrado, sino que se han indagado nuevas especies con multirresistencia como, por ejemplo: *Enterobacter* spp. multirresistente en aguas residuales y superficiales, en estos ambientes como aguas residuales sin tratar y tratadas donde a través de estudios moleculares y determinación de genes analizados, expresaron múltiples resistencias a B-lactámicos (Zagui *et al*., 2023).

La calidad de muchas fuentes de agua se ha visto muy afectada por patógenos fecales provenientes de actividades antropogénicas, en general, la contaminación fecal del agua podría atribuirse principalmente a actividades humanas, como la mala gestión de los desechos fecales en las granjas, lo que provoca escorrentías contaminadas hacia el agua; el uso excesivo de fertilizantes en la agricultura, y el vertido de plantas potabilizadoras de agua, ya que muchos microorganismos pueden colonizar la infraestructura y resistir el tratamiento (Yu *et al*., 2024). En un estudio realizado se observaron altos niveles de aportes de coliformes fecales (más de 10^8 coliformes fecales/hectárea) en descargas de áreas con grandes rebaños de ganado durante eventos de precipitación (Díaz-Gavidia et al., 2021). De la misma manera, podemos ver involucrados los diferentes usos de la tierra; ya que estos conducen diferentes cantidades de materia fecal a los ríos dependiendo de factores como las actividades humanas, ganaderas y agrícola; estos pueden llevar a los ríos ya sea por contacto directo con él o de manera indirecta como arrastrados por la lluvia (Manaia *et al*., 2018).

Además, la amplia presencia de antibióticos en entornos no clínicos favorece la aparición y diseminación de genes de resistencia múltiple, ya que las bacterias en estos ambientes suelen estar expuestas a dosis subletales que facilitan su adaptación, supervivencia y proliferación (Adachi *et al*., 2013). Esta exposición a concentraciones reducidas promueve la ocurrencia de mutaciones genéticas, consideradas uno de los principales factores que contribuyen al desarrollo de resistencia a los antimicrobianos. Incluso frente a dosis no letales, las bacterias pueden generar mutaciones específicas que, al acumularse con el tiempo, dan lugar a cepas resistentes, lo que representa un desafío para su tratamiento (Manaia *et al*., 2018).

Discusión

La contaminación por antibióticos se ha convertido en una preocupación mundial de gran relevancia, ya que afecta diversos entornos como el suelo, el agua y el aire, y requiere atención urgente para controlar su propagación y establecer estrategias eficaces de eliminación (Chow *et al*., 2021). La liberación de antibióticos en el medio ambiente ocurre a través de múltiples fuentes, entre ellas las plantas de tratamiento de aguas residuales, la acuicultura, las escorrentías agrícolas, la producción ganadera y los efluentes industriales. Este proceso favorece la aparición de diferentes formas de resistencia, dado que el uso indiscriminado de antibióticos en estos contextos facilita que las bacterias adquieran resistencia y, en consecuencia, continúen representando una seria amenaza para la salud pública (Allen *et al*., 2010).

Recientemente se han desarrollado e implementado diversas mejoras tecnológicas en el tratamiento de aguas residuales para combatir la resistencia a los antimicrobianos (RAM) en entornos no clínicos (Alcívar *et al*., 2025). Estas innovaciones no solo se centran en la eliminación de bacterias patógenas, sino también en la remoción de antibióticos residuales y genes de resistencia a los antimicrobianos (ARG). Entre las tecnologías más destacadas se encuentran los procesos avanzados de oxidación (AOPs), capaces de degradar compuestos orgánicos como antibióticos mediante radicales altamente reactivos, a través de técnicas como ozonización (O_3), uso de peróxido de hidrógeno (H_2O_2), luz ultravioleta combinada con oxidantes o fotocatálisis con dióxido de titanio (TiO_2) (Cabañas et al. 2019; Zhang *et al*., 2022). Estos métodos también contribuyen a la degradación de material genético, incluidos los ARG (Alcívar *et al*., 2025).

Las membranas de filtración avanzada, como la nanofiltración (NF), la ósmosis inversa (RO) y la ultrafiltración (UF), eliminan bacterias resistentes, antibióticos y plásmidos con genes de resistencia. Los biorreactores con membrana (MBR), que combinan procesos biológicos con filtración, mejoran la eliminación de microorganismos resistentes y reducen tanto la carga orgánica como los contaminantes farmacéuticos. Otras tecnologías emergentes, como la electrooxidación y la electrocoagulación, emplean corriente eléctrica para oxidar

contaminantes como antibióticos y ARG, con alta eficiencia y sin necesidad de químicos adicionales.

Asimismo, se promueven soluciones naturales y sostenibles como los humedales construidos, que imitan ecosistemas naturales para filtrar contaminantes; el biochar, que adsorbe antibióticos y limita la movilidad de ARG; y el uso de microalgas y hongos capaces de degradar antibióticos, destacándose por su bajo costo y adaptabilidad en zonas rurales. Finalmente, herramientas de detección y monitoreo molecular, como la qPCR, la metagenómica y los biosensores avanzados, permiten detectar y cuantificar genes de resistencia en aguas tratadas en tiempo real, lo que facilita el control y la evaluación de la eficacia de estas tecnologías (Ortega Ramírez *et al.*, 2021).

En Colombia, la problemática de la RAM en entornos no clínicos ha comenzado a abordarse dentro de una estrategia nacional más amplia que integra los sectores de salud humana, salud animal y medio ambiente, bajo el enfoque de Una Salud (One Health). En 2018, el país adoptó la Política Nacional de Resistencia a los Antimicrobianos (PNRA), liderada por el Ministerio de Salud y Protección Social en coordinación con el ICA, el Ministerio de Ambiente y el INVIMA. Esta política reconoce la amenaza de la RAM no solo en contextos clínicos, sino también en entornos como el agua, el suelo y los alimentos (Rodríguez et al., 2025).

Aunque la vigilancia ambiental aún se encuentra en fases iniciales, se han desarrollado estudios piloto e investigaciones sobre la presencia de residuos antimicrobianos en aguas residuales y suelos agrícolas, especialmente en zonas con alta actividad ganadera y agrícola. El ICA ha asumido un rol regulador en el uso de antimicrobianos en animales de producción, promoviendo buenas prácticas veterinarias y agrícolas, mientras que el INVIMA ha reforzado los controles sobre medicamentos veterinarios que contienen estos compuestos (Instituto Colombiano Agropecuario (ICA)2023; 2024).

El enfoque de Una Salud ha favorecido la implementación de estrategias intersectoriales y la vinculación con iniciativas internacionales lideradas por la OPS y la OMS. Sin embargo, persisten desafíos como la escasez de datos sistemáticos sobre la RAM en el ambiente, la necesidad de fortalecer la infraestructura y las capacidades técnicas de los laboratorios para la detección de ARG en matrices ambientales, y la urgencia de mejorar la articulación interinstitucional para consolidar una vigilancia verdaderamente integrada (Nacional de Salud *et al.*, 2022).

En la actualidad, los distintos entornos no clínicos actúan como fuentes y receptores principales de antimicrobianos, bacterias resistentes y genes de resistencia a antibióticos, todos ellos derivados de actividades antropogénicas. Estos ambientes desempeñan un papel crucial en la diseminación y amplificación de la resistencia antimicrobiana, lo cual tiene serias implicaciones para la salud pública.

Las bacterias resistentes emergentes no solo pueden transmitir enfermedades, sino también genes de resistencia a antibióticos, genes relacionados con metales pesados y elementos genéticos móviles (Ajibola *et al.*, 2022). La transferencia horizontal de genes es un mecanismo clave que contribuye a esta resistencia, al permitir la expresión de diversos mecanismos como la formación de biopelículas, la alteración de la permeabilidad de la membrana, la detección de quórum y el uso de bombas de expulsión, los cuales agravan la problemática de la resistencia a los antimicrobianos (Arun *et al.*, 2022).

La presión selectiva ejercida por los antibióticos en entornos no clínicos constituye uno de los principales factores que impulsan la emergencia y propagación de la resistencia a los antimicrobianos (RAM) fuera de hospitales o centros de salud. Esta presión se genera cuando los antibióticos presentes en el suelo, el agua, los alimentos o los animales eliminan a las bacterias sensibles y permiten la supervivencia, multiplicación y diseminación de aquellas que portan genes de resistencia (Oromí Durich, 2000).

En escenarios como plantaciones agrícolas, explotaciones ganaderas, cuerpos de agua o suelos contaminados, el uso prolongado e indiscriminado de antibióticos, junto con una inadecuada gestión de residuos, crea condiciones propicias para este fenómeno. Como consecuencia, aumenta la presencia de bacterias resistentes en el ambiente, se facilita la transferencia de genes de resistencia antimicrobiana (ARG) mediante plásmidos y otros elementos genéticos móviles entre bacterias incluso de diferentes especies, se altera la biodiversidad microbiana y se compromete el equilibrio ecológico de los ecosistemas. Todo ello incrementa el riesgo de transmisión de bacterias resistentes al ser humano a través del contacto directo, el consumo de alimentos contaminados, el agua o los animales, representando una seria amenaza para la salud pública (Oromí Durich, 2000).

En el medio ambiente existen diversos ejemplos del vínculo y la movilización de genes de resistencia entre bacterias ambientales y patógenos humanos. Uno de los casos más relevantes corresponde al origen del gen que codifica la betalactamasa de espectro extendido *bla* $_{CTX-M}$, de gran importancia en bacterias patógenas humanas, cuyo origen se relaciona con especies de *Kluyvera* spp., consideradas bacterias ambientales (Marshall y Levy, 2011). Asimismo, los genes de resistencia a quinolonas *qnrA* y a carbapenémicos *bla* $_{OXA-48}$, localizados en plásmidos y detectados en aislados clínicos de Enterobacteriaceae, tienen su origen descrito en cromosomas de bacterias ambientales como *Shewanella algae* y miembros de la familia Vibrionaceae (Poirel *et al*., 2005).

En esta revisión se incluyen estudios enfocados en la resistencia en entornos no clínicos, como el agua. Un estudio de 2020 investigó la presencia de antibióticos en las Estaciones Depuradoras de Aguas Residuales (EDAR) y su potencial riesgo ecotoxicológico para organismos acuáticos tras su liberación al ambiente. Se detectó que la claritromicina alcanzó la mayor concentración en las aguas entrantes (2850 ng L^{-1}), mientras que la azitromicina predominó en los efluentes tratados (1110 ng L^{-1}) (Martínez-Alcalá *et al*., 2020).

La resistencia antimicrobiana constituye uno de los fenómenos más graves a nivel global, y los entornos no clínicos no son la excepción. En 2002, un estudio sobre *Salmonella* sp. transmitida por alimentos y agua reveló la presencia de resistencia antimicrobiana tanto en países desarrollados como en vías de desarrollo, destacando el papel de la agricultura y la ganadería como pilares de la transmisión zoonótica a través de la cadena alimentaria (Threlfall *et al*., 2002). De manera complementaria, una investigación realizada en 2018 subrayó la proliferación de la resistencia en el ámbito agrícola, especialmente vinculada al consumo de carne animal, con repercusiones directas sobre la población humana (Xiong *et al*., 2018). En consonancia, Oloso *et al*. (2018) analizaron de manera integral la historia y las tendencias del uso de antimicrobianos en animales destinados al consumo humano, así como la aparición y propagación de la resistencia.

La ganadería contemporánea enfrenta el doble desafío de incrementar la producción y controlar la RAM, en respuesta a la creciente demanda global de productos de origen animal (de Mesquita Souza Saraiva *et al*., 2021). La globalización y el comercio internacional han facilitado la diseminación de enfermedades infecciosas transmitidas por los alimentos, al abrir nuevos mercados para animales de granja (Frost *et al*., 2019). Adicionalmente, la movilidad global de personas desempeña un papel relevante en la diseminación de bacterias resistentes; se estima que aproximadamente el 30 % de los viajeros internacionales estuvo expuesto a estas bacterias en la última década (Sridhar *et al*., 2021).

Actualmente no existen regulaciones ni límites ambientales que controlen la contaminación por antibióticos, lo cual genera un daño persistente. Sería necesario establecer estándares de referencia, implementar protocolos de monitoreo y desarrollar tratamientos específicos (Ajala *et al*., 2023). Aunque los efluentes hospitalarios suelen presentar altas concentraciones de antibióticos, en la mayoría de los países se clasifican como desechos "domésticos" y son vertidos al alcantarillado municipal (Wise, 2002). En consecuencia, resulta crucial tratar adecuadamente las aguas residuales humanas y los desechos de origen animal para evitar la liberación masiva de antibióticos al medio ambiente (Tolls, 2001). Además, los metabolitos de antibióticos también pueden conservar actividad antimicrobiana, y su eliminación mediante tratamientos químicos es poco frecuente (Wise, 2002).

La prevención y el control de la RAM no solo deben centrarse en un uso racional de los antimicrobianos y en el tratamiento adecuado de los desechos, sino también en el diseño de nuevas estrategias que inactiven estos compuestos en el ambiente (Tolls, 2001). Entre las prácticas más eficaces para reducir el consumo de antibióticos destacan la vacunación y la implementación de sistemas de higiene mejorados (Nandi *et al*., 2017). Asimismo, el control de la resistencia requiere acciones integrales como la prescripción adecuada, la educación comunitaria, la vigilancia epidemiológica y el cumplimiento de la legislación sobre uso y dispensación de antimicrobianos. Sin el cumplimiento del plan de acción mundial de la OMS, los nuevos antimicrobianos perderán rápidamente su eficacia, repitiendo el patrón de resistencia observado con los fármacos actuales (Stevenson *et al*., 2017).

La resistencia antimicrobiana representa una amenaza significativa para la salud pública, al comprometer la eficacia de los tratamientos contra infecciones y aumentar la morbilidad y mortalidad a nivel global (Wernli *et al*., 2017). Este problema no se limita al ámbito clínico: muchos antibióticos y bacterias resistentes alcanzan cuerpos de agua y suelos a través de residuos agrícolas, ganaderos y urbanos, sin ser eliminados completamente en plantas de tratamiento. Su persistencia

ambiental altera la biodiversidad microbiana y genera desequilibrios ecológicos, contribuyendo a la expansión de la resistencia en contextos no clínicos. Afrontar esta problemática implica articular esfuerzos en línea con los Objetivos de Desarrollo Sostenible, particularmente Salud y bienestar (ODS 3), Agua limpia y saneamiento (ODS 6) y Vida de ecosistemas terrestres (ODS 15) (Aslam *et al*., 2024).

Conclusiones

Los antimicrobianos se han utilizado en casi todos los campos y entornos, y han constituido la primera línea de acción frente a infecciones y enfermedades. No obstante, el uso inadecuado de antibióticos en la medicina humana, la veterinaria, la acuicultura y la agricultura (tanto con fines terapéuticos como de promoción del crecimiento) ha generado una descarga considerable de compuestos no metabolizados en aguas residuales, ríos, suelos y otros recursos naturales.

Esta revisión permitió evidenciar cómo las concentraciones de antibióticos presentes en distintos ecosistemas favorecen la aparición de microorganismos que desarrollan mecanismos de resistencia y, a la vez, tolerancia a dichos fármacos. Entre los genes de resistencia más relevantes se destacan las carbapenemasas y las betalactamasas de espectro extendido (bla KPC y bla CTX-M), los cuales representan una seria amenaza para la salud pública y contribuyen a la propagación de la resistencia antimicrobiana.

Para controlar el avance de las bacterias multirresistentes se requieren medidas multidisciplinarias, entre ellas un fortalecimiento del Plan de Acción Mundial de la Organización Mundial de la Salud, orientado a combatir y mitigar este problema a nivel global. De esta manera, las acciones propuestas e implementadas podrán mejorar los conocimientos, actitudes y prácticas mediante la comunicación y la educación, corrigiendo así el uso inadecuado de antimicrobianos tanto en la salud humana como en el medio ambiente. Cabe resaltar que la presencia de antibióticos en los ecosistemas se debe, en gran medida, a actividades antropogénicas.

Conflicto de intereses

Los autores declaran que no existen conflictos de interés.

Contribución de los autores

Anderson Avendaño Mora: Conceptualización, desarrollo del diseño metodológico, toma de datos, análisis de datos, administración del proyecto, supervisión, escritura, revisión y edición.

Valeria Valentina Torres Occa: Conceptualización, desarrollo del diseño metodológico, toma de datos, análisis de datos, administración del proyecto, supervisión, escritura, revisión y edición.

Eliana Ximena Urbano Cáceres: Conceptualización, supervisión, revisión.

Diana Paola López Velandia: Conceptualización, desarrollo del diseño metodológico, administración del proyecto, supervisión, revisión y edición.

Agradecimientos

Los autores expresan su agradecimiento a las profesoras que, mediante sus orientaciones y comentarios, brindaron el apoyo necesario para la culminación de este artículo de revisión. Sus aportes fueron esenciales para la obtención de información relevante, el desarrollo de un análisis riguroso y el logro de los objetivos propuestos.

Referencias

Adachi, F., Yamamoto, A., Takakura, K. I., y Kawahara, R. (2013). Occurrence of fluoroquinolones and fluoroquinolone-resistance genes in the aquatic environment. *Science of The Total Environment*, 444, 508–514. https://doi.org/10.1016/J.SCITOTENV.2012.11.077

Ajala, O. A., Akinnawo, S. O., Bamisaye, A., Adedipe, D. T., Adesina, M. O., Okon-Akan, O. A., Adebusuyi, T. A., Ojedokun, A. T., Adegoke, K. A., y Bello, O. S. (2023). Adsorptive removal of antibiotic pollutants from wastewater using biomass/biochar-based adsorbents. *RSC Advances*, 13(7), 4678–4712. https://doi.org/10.1039/D2RA06436G

Ajibola, A. S., Awoyemi, T. E., Fasogbon, O. T., y Adewuyi, G. O. (2022). QuEChERS-based analysis and ecotoxicological risk of select antibiotics in dumpsite leachates, hospital wastewater and effluent receiving water in Ibadan, Nigeria. *Journal of Environmental Science and Health*, Part A, 57(8), 709–722. https://doi.org/10.1080/10934529.2022.2104064

Alcívar, M., Bravo, G., y Banchón, C. (2025). Coagulation and advanced oxidation in the removal of contaminants and antibiotic resistance in domestic wastewater. *Research, Society and Development*, 14(3), e48570. https://doi.org/10.33448/rsd-v14i3.48570

Alekshun, M. N., y Levy, S. B. (2007). Molecular Mechanisms of Antibacterial Multidrug Resistance. *Cell*, 128(6), 1037–1050. https://doi.org/10.1016/j.cell.2007.03.004

Allen, H. K., Donato, J., Wang, H. H., Cloud-Hansen, K. A., Davies, J., y Handelsman, J. (2010). Call of the wild: antibiotic resistance genes in natural environments. *Nature Reviews Microbiology* 8:4, 8(4), 251–259. https://doi.org/10.1038/nrmicro2312

Ardakani, Z., Canali, M., Aragrande, M., Tomassone, L., Simoes, M., Balzani, A., y Beber, C. L. (2023). Evaluating the contribution of antimicrobial use in farmed animals to global antimicrobial resistance in humans. *One Health*, 17, 100647. https://doi.org/10.1016/J.ONEHLT.2023.100647

Arun, S., Xin, L., Gaonkar, O., Neppolian, B., Zhang, G., y Chakraborty, P. (2022). Antibiotics in sewage treatment plants, receiving water bodies and groundwater of Chennai city and the suburb, South India: Occurrence, removal efficiencies, and risk assessment. *Science of The Total Environment*, 851, 158195. https://doi.org/10.1016/J.SCITOTENV.2022.158195

Aslam, B., Asghar, R., Muzammil, S., Shafique, M., Siddique, A. B., Khurshid, M., Ijaz, M., Rasool, M. H., Chaudhry, T. H., Aamir, A., y Baloch, Z. (2024). AMR and Sustainable Development Goals: At a crossroads. *Globalization and Health*, 20, 73. https://doi.org/10.1186/s12992-024-01193-0

Barathe, P., Kaur, K., Reddy, S., Shriram, V., y Kumar, V. (2024). Antibiotic pollution and associated antimicrobial resistance in the environment. *Journal of Hazardous Materials Letters*, 5, 100105. https://doi.org/10.1016/J.HAZL.2024.100105

Cabañas Vargas, D. D., Mota Poot, V. y Ruiz Espinoza, J. E. (2019). Solar light and TiO_2 to eliminate pathogens contained in well water: Behavior of photocatalysis. *Ingeniería*, 23(1), 1–10.

Calero-Cáceres, W., Marti, E., Olivares-Pacheco, J., y Rodriguez-Rubio, L. (2022). Editorial: Antimicrobial Resistance in Aquatic Environments. *Frontiers in Microbiology*, 13, 866268. https://doi.org/10.3389/FMICB.2022.866268/BIBTEX

Calvinho, L. (2021). Vigilancia de la resistencia antimicrobiana en animales: profundizar las iniciativas y ampliar las capacidades. *Revista Argentina de Microbiología*, 53(2), 87–88. https://doi.org/10.1016/j.ram.2021.05.00

Chow, L. K. M., Ghaly, T. M., y Gillings, M. R. (2021). A survey of sub-inhibitory concentrations of antibiotics in the environment. *Journal of Environmental Sciences*, 99, 21–27. https://doi.org/10.1016/J.JES.2020.05.030

Cuba, P., Peña, Y. P., Espino Hernández, M., y Castillo, V. L. (2014). Resistencia antimicrobiana en Salmonella y *E. coli* aisladas de alimentos: revisión de la literatura. Panorama. *Cuba y Salud*, 6(1), 30–38.

de Mesquita Souza Saraiva, M., Lim, K., do Monte, D. F. M., Givisiez, P. E. N., Alves, L. B. R., de Freitas Neto, O. C., Kariuki, S., Júnior, A. B., de Oliveira, C. J. B., y Gebreyes, W. A. (2021). Antimicrobial resistance in the globalized food chain: a One Health perspective applied to the poultry industry. *Brazilian Journal of Microbiology* 53(1), 465–486. https://doi.org/10.1007/S42770-021-00635-8

Díaz-Gavidia, C., Barría, C., Rivas, L., García, P., Alvarez, F. P., González-Rocha, G., Opazo-Capurro, A., Araos, R., Munita, J. M., Cortes, S., Olivares-Pacheco, J., Adell, A. D., y Moreno-Switt, A. I. (2021). Isolation of ciprofloxacin and ceftazidime-resistant enterobacterales from vegetables and river water is strongly associated with the season and the sample type. *Frontiers in Microbiology*, 12. https://doi.org/10.3389/FMICB.2021.604567

Domínguez, J. E., Figueroa Espinosa, R. A., Redondo, L. M., Cejas, D., Gutkind, G. O., Chacana, P. A., Di Conza, J. A., y Fernández-Miyakawa, M. E. (2017). Plasmid-mediated colistin resistance in Escherichia coli recovered from healthy poultry. *Revista Argentina de Microbiología*, 49(3), 297–298. https://doi.org/10.1016/J.RAM.2017.02.001

Elder, F. C. T., Feil, E. J., Snape, J. N., Gaze, W. H., y Kasprzyk-

Hordern, B. A. (2020). The role of stereochemistry of antibiotic agents in the development of antibiotic resistance in the environment. Environment International, 139, 105681. https://doi.org/10.1016/J.ENVINT.2020.105681

Fernández, R., Colás-Ruiz, N. R., Bolívar-Anillo, H. J., Anfuso, G., y Hampel, M. (2021). Occurrence and effects of antimicrobials drugs in aquatic ecosystems. *Sustainability*, 13(23), 13428. https://doi.org/10.3390/su132313428

Fernandez, R., Colás-Ruiz, N. R., Lara-Martín, P. A., Fernández-Cisnal, R. y Hampel, M. (2024). Proteomic analysis in the brain and liver of sea bream (Sparus aurata) exposed to the antibiotics ciprofloxacin, sulfadiazine, and trimethoprim. *Environmental Pollution*, 356, 124308. https://doi.org/10.1016/j.envpol.2024.124308

Fernández, R., Colás-Ruiz, N. R., Martínez-Rodríguez, G., Lara-Martín, P. A., Mancera, J. M., Trombini, C., Blasco, J., y Hampel, M. (2022). The antibacterials ciprofloxacin, trimethoprim and sulfadiazine modulate gene expression, biomarkers and metabolites associated with stress and growth in gilthead sea bream (Sparus aurata). *Aquatic Toxicology*, 250, 106243. https://doi.org/10.1016/J.AQUATOX.2022.106243

Fernández Rodríguez, R. E., Bolívar-Anillo, H., Hoyos Turcios, C., Carrillo García, L., Serrano Hernández, M., y Abdellah, E., (2020). Resistencia antibiótica: el papel del hombre, los animales y el medio ambiente. *Revista Salud Uninorte*, 36(1), 298–324. https://doi.org/10.14482/SUN.36.1.615

Frost, I., Van Boeckel, T. P., Pires, J., Craig, J., y Laxminarayan, R. (2019). Global geographic trends in antimicrobial resistance: the role of international travel. *Journal of Travel Medicine*, 26(8), 1–13. https://doi.org/10.1093/JTM/TAZ036

Furlan, J. P. R., Ramos, M. S., dos Santos, L. D. R., Gallo, I. F. L., Lopes, R., y Stehling, E. G. (2021). Appearance of mcr-9, blaKPC, cfr and other clinically relevant antimicrobial resistance genes in recreation waters and sands from urban beaches, Brazil. *Marine Pollution Bulletin,* 167, 112334. https://doi.org/10.1016/J.MARPOLBUL.2021.112334

Giono -Cerezo, S., Santos-Preciado, J. I., Del Rayo Morfín-Otero, M., Torres-López, F. J., María, Y., y Alcántar-Curiel, D. (2020). Resistencia antimicrobiana. Importancia y esfuerzos por contenerla. Gaceta Médica de México, 156(2), 172–180. https://doi.org/10.24875/GMM.20005624

Hou, J., Lam, K. L., Chiu, Y. T., Kwong, K. Y., Lau, H. L., Marafa, L. M., Tsui, S. K. W., Mo, I. W. Y. y Chan, P. L. (2024). Urban green waste bulking agent is the major source of antimicrobial resistance genes persisted in home compost, not animal manure. *Environmental Research*, 242, 117713. https://doi.org/10.1016/J.ENVRES.2023.117713

Instituto Colombiano Agropecuario – ICA. (2024, agosto 8). Resolución No. 00010003: Por la cual se prohíbe en el territorio nacional la importación, fabricación, registro, comercialización y uso de polimixina E (colistina) y polimixina B en cualquiera de sus formas químicas en especies animales. Instituto Colombiano Agropecuario.

Labarca L, J., y Araos B, R. (2009). Resistencia antimicrobiana: Problema en aumento y soluciones escasas. Revista Chilena de Infectología, 26, 8–9. https://doi.org/10.4067/S0716-10182009000300001

Li, Y. xin, Erhunmwunsee, F., Liu, M., Yang, K., Zheng, W., y Tian, J. (2022). Antimicrobial mechanisms of spice essential oils and application in food industry. *Food Chemistry*, 382, 132312. https://doi.org/10.1016/J.FOODCHEM.2022.132312

González, M. A. (2013). Resistencia antimicrobiana, una amenaza mundial. *Revista Cubana de Pediatría*, 85(4), 414–417.

Malagón-Rojas, J. N., Parra Barrera, E. L. y Lagos, L. (2020). From environment to clinic: The role of pesticides in antimicrobial resistance. Revista Panamericana de Salud Pública, 44, e44. https://doi.org/10.26633/RPSP.2020.44

Manaia, C. M., Rocha, J., Scaccia, N., Marano, R., Radu, E., Biancullo, F., Cerqueira, F., Fortunato, G., Iakovides, I. C., Zammit, I., Kampouris, I., Vaz-Moreira, I., y Nunes, O. C. (2018). Antibiotic resistance in wastewater treatment plants: Tackling the black box. *Environment International*, 115, 312–324. https://doi.org/10.1016/J.ENVINT.2018.03.044

Manyi-Loh, C., Mamphweli, S., Meyer, E., y Okoh, A. (2018). Antibiotic use in agriculture and its consequential resistance in environmental sources: Potential public health implications. *Molecules*, 23(4), 795. https://doi.org/10.3390/molecules23040795

Marshall, B. M., y Levy, S. B. (2011). Food animals and antimicrobials: Impacts on human health. *Clinical Microbiology Reviews*, 24(4), 718–733. https://doi.org/10.1128

Martínez-Alcalá, I., Soto, J., y Lahora, A. (2020). Antibióticos como contaminantes emergentes. Riesgo ecotoxicológico y control en aguas residuales y depuradas. *Ecosistemas*, 29(3), 2070–2070. https://doi.org/10.7818/ECOS.2070

Miłobedzka, A., Ferreira, C., Vaz-Moreira, I., Calderón-Franco, D., Gorecki, A., Purkrtova, S., Jan Bartacek, Dziewit, L., Singleton, C. M., Nielsen, P. H., Weissbrodt, D. G., y Manaia, C. M. (2022). Monitoring antibiotic resistance genes in wastewater environments: The challenges of filling a gap in the One-Health cycle. *Journal of Hazardous Materials*, 424, 127407. https://doi.org/10.1016/J.JHAZMAT.2021.127407

Nandi, A., Megiddo, I., Ashok, A., Verma, A., y Laxminarayan, R. (2017). Reduced burden of childhood diarrheal diseases through increased access to water and sanitation in India: A modeling analysis. *Social Science y Medicin*e, 180, 181–192. https://doi.org/10.1016/J.SOCSCIMED.2016.08.049

Oloso, N. O., Fagbo, S., Garbati, M., Olonitola, S. O., Awosanya, E. J., Aworh, M. K., Adamu, H., Odetokun, I. A. y Fasina, F. O. (2018). Antimicrobial resistance in food animals and the environment in Nigeria: A review. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 15(6), 1284. https://doi.org/10.3390/ijerph15061284

Oromí Durich, J. (2000). Resistencia bacteriana a los antibióticos. *Medicina Integral*, 36(10), 367–370.

Ortega Ramírez, A. T. y Sánchez Rodríguez, N., (2021). Tratamientos avanzados para la potabilización de aguas residuales. *Ciencia e Ingeniería Neogranadina*, 31(2), 121–134. https://doi.org/10.18359/RCIN.5343

Petrie, B., Barden, R. y Kasprzyk-Hordern, B. (2015). A review on emerging contaminants in wastewaters and the environment: Current knowledge, understudied areas and recommendations for future monitoring. *Water Research*, 72, 3–27. https://doi.org/10.1016/j.watres.2014.08.053

Pillay, S., Calderón-Franco, D., Urhan, A., y Abeel, T. (2022). Metagenomic-based surveillance systems for antibiotic resistance in non-clinical settings. *Frontiers in Microbiology*, 13, 1066995. https://doi.org/10.3389/FMICB.2022.1066995/BIBTEX

Poirel, L., Rodriguez-Martinez, J. M., Mammeri, H., Liard, A., y Nordmann, P. (2005). Origin of plasmid-mediated quinolone resistance determinant *QnrA*. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy*, 49(8), 3523–3525. https://doi.org/10.1128/AAC.49.8.3523-3525.2005

Polianciuc, S. I., Gurzău, A. E., Kiss, B., Georgia Ștefan, M., y Loghin, F. (2020). Antibiotics in the environment: causes and consequences. *Medicine and Pharmacy Reports*, 93(3), 231–240. https://doi.org/10.15386/MPR-1742

Popa, L. I., Gheorghe, I., Barbu, I. C., Surleac, M., Paraschiv, S., Măruțescu, L., Popa, M., Pîrcălăbioru, G. G., Talapan, D., Niță, M., Streinu-Cercel, A., Streinu-Cercel, A., Oțelea, D. y Chifiriuc, M. C. (2021). Multidrug resistant Klebsiella pneumoniae ST101 clone survival chain from inpatients to hospital effluent after chlorine treatment. *Frontiers in Microbiology*, 11, 610296. https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.610296

Quispe, R., Peña, G., y Andía, V. (2021). Resistencia antimicrobiana de *Staphylococcus aureus* y *Streptococcus agalactiae* aislados de leche de vacas con mastitis. Revista Veterinaria, 32(1), 79–83. https://doi.org/10.30972/VET.3215640

Rodríguez, M., Vásquez, G. A., y Cediel-Becerra, N. (2023). Alianzas públicas, privadas y público-privadas para implementar Una Salud como acción contra la resistencia antimicrobiana en Colombia. Revista Panamericana de Salud Pública, 47, e64. https://doi.org/10.26633/RPSP.2023.64

Rossi, F., Duchaine, C., Tignat-Perrier, R., Joly, M., Larose, C., Dommergue, A., Turgeon, N., Veillette, M., Sellegri, K., Baray, J. L., y Amato, P. (2024). Temporal variations of antimicrobial resistance genes in aerosols: A one-year monitoring at the puy de Dôme summit (Central France). Science of The Total Environment, 912, 169567. https://doi.org/10.1016/J.SCITOTENV.2023.169567

Sengupta, S., Chattopadhyay, M. K., y Grossart, H. P. (2013). The multifaceted roles of antibiotics and antibiotic resistance in nature. *Frontiers in Microbiology*, 4(MAR), 38490. https://doi.org/10.3389/FMICB.2013.00047/BIBTEX

Sridhar, S., Turbett, S. E., Harris, J. B., y Larocque, R. C. (2021). Antimicrobial-resistant bacteria in international travelers.

Current Opinion in Infectious *Diseases*, 34(5), 423–431. https://doi.org/10.1097/QCO.0000000000000751

Stevenson, C., Hall, J. P. J., Harrison, E., Wood, A. J., y Brockhurst, M. A. (2017). Gene mobility promotes the spread of resistance in bacterial populations. *The ISME Journal*, 11(8), 1930–1932. https://doi.org/10.1038/ISMEJ.2017.42

Sun, H., Mu, X., Zhang, K., Lang, H., Su, Q., Li, X., Zhou, X., Zhang, X., y Zheng, H. (2022). Geographical resistome profiling in the honeybee microbiome reveals resistance gene transfer conferred by mobilizable plasmids. *Microbiome*, 10(1), 1–14. https://doi.org/10.1186/S40168-022-01268-1/FIGURES/6

Threlfall, E. J. (2002). Antimicrobial drug resistance in Salmonella: problems and perspectives in food- and water-borne infections. FEMS *Microbiology Reviews*, 26(2), 141–148. https://doi.org/10.1111/J.1574-6976.2002.TB00606.X

Tiseo, K., Huber, L., Gilbert, M., Robinson, T. P. y Van Boeckel, T. P. (2020). Global trends in antimicrobial use in food animals from 2017 to 2030. *Antibiotics*, 9(12), 918. https://doi.org/10.3390/antibiotics9120918

Tolls, J. (2001). Sorption of Veterinary Pharmaceuticals in Soils: A Review. *Environmental Science and Techn*ology, 35(17), 3397–3406. https://doi.org/10.1021/ES0003021

Urrútia, G., y Bonfill, X. (2010). Declaración PRISMA: una propuesta para mejorar la publicación de revisiones sistemáticas y metaanálisis. *Medicina Clínica*, 135(11), 507–511. https://doi.org/10.1016/J.MEDCLI.2010.01.015

Varma, S., Evans, A., Wells, C. da S., y Jinapala, K. (2009). Attitudes and actions of participants in multi-stakeholder processes and platforms. *Knowledge Management for Development Journal*, 5(3), 201–214. https://doi.org/10.1080/19474190903451165

Walsh, C. (2000). Molecular mechanisms that confer antibacterial drug resistance. *Nature,* 406:6797, 406(6797), 775–781. https://doi.org/10.1038/35021219

Wernli, D., Jørgensen, P. S., Harbarth, S., Carroll, S. P., Laxminarayan, R., Levrat, N., Eggleston, K., Pedersen, H. B., Pittet, D. (2017). Antimicrobial resistance: The complex challenge of measurement to inform policy and the public. *PLoS Medicine*, 14(8), e1002378. https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1002378

Wise, R. (2002). Antimicrobial resistance: priorities for action. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy*, 49(4), 585–586. https://doi.org/10.1093/JAC/49.4.585

Xiong, W., Sun, Y., y Zeng, Z. (2018). Antimicrobial use and antimicrobial resistance in food animals. *Environmental Science and Pollution Research*, 25(19), 18377–18384. https://doi.org/10.1007/S11356-018-1852-2/TABLES/1

Yagui, M. (2018). Resistencia antimicrobiana: nuevo enfoque y oportunidad. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Publica*, 35(1), 7–8. https://doi.org/10.17843/rpmesp.2018.351.3594

Yu, J. (2024). Mutation-driven resistance development in wastewater E. coli upon low-level cephalosporins: Pharmacophore contribution and novel mechanism. *Water Research*, 252, 121235. https://doi.org/10.1016/J.WATRES.2024.121235

Van Boeckel, T. P., Jørgensen, P. S., Harbarth, S., Carroll, S. P., Laxminarayan, R., Levrat, N., y Ernlund, D. (2017). Antimicrobial resistance: The complex challenge of measurement to inform policy and the public. PLoS Medicine, 14(8), e1002378. https://doi.org/10.1371/journal.pmed.1002378

Zhang, N., Ning, X., Chen, J., Xue, J., Lu, G., Qiu, H. (2022). Mesoporous and microporous materials. *Microporous and Mesoporous Materials*, 338, 111958. https://doi.org/10.1016/j.micromeso.2021.111958

Zagui, G. S., Moreira, N. C., Santos, D. V., Paschoalato, C. F. P. R., Sierra, J., Nadal, M., Domingo, J. L., Darini, A. L. C., Andrade, L. N., y Segura-Muñoz, S. I. (2023). Multidrug-resistant Enterobacter spp. in wastewater and surface water: Molecular characterization of β-lactam resistance and metal tolerance genes. *Environmental Research*, 233, 116443. https://doi.org/10.1016/J.ENVRES.2023.116443

.