REVISTA MÉDICA UNIVERSITARIA FCM UNCUYO

Resumen extenso

Vigilancia basada en aguas residuales de enterobacterias resistentes a β-lactámicos en Mendoza

Giraud-Billoud, Maximiliano[1,2,3]; Masiokas, Sol[4]; Pizarro, Marcela[1]; Espul, Carlos[5]; Aguirre, Carolina[6]; Falaschi, Andrea[6]; Vega, Israel[1,2,4]

[1] Universidad Nacional de Cuyo, Facultad de Ciencias Médicas, Instituto de Fisiología.
[2] Instituto de Histología y Embriología de Mendoza (IHEM), CONICET-Universidad Nacional de Cuyo.
[3] Universidad Nacional de Villa Mercedes, Escuela de Medicina.
[4] Universidad Nacional de Cuyo, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales.
[5] Gobierno de Mendoza, Ministerio de Salud y Deportes, Departamento de Laboratorio de Salud Pública.
[6] Gobierno de Mendoza, Ministerio de Salud y Deportes, Dirección General de Epidemiología y Gestión Integral de la Calidad en Salud.
Correo electrónico de contacto: mgiraudbilloud@gmail.com
Recibido: 2 de octubre de 2026 – Aceptado: 2 de octubre de 2026

Introducción

La diseminación de bacterias resistentes a antibióticos, particularmente aquellas productoras de β-lactamasas de espectro extendido (BLEE), representa un problema crítico en salud pública debido a su capacidad de inactivar cefalosporinas de amplio espectro (1). Las aguas residuales constituyen un ambiente propicio para la persistencia y transferencia horizontal de genes de resistencia, actuando como el nexo entre la actividad humana, hospitalaria e industrial (2). En este contexto, la vigilancia ambiental basada en aguas residuales permite estimar la circulación poblacional de bacterias resistentes, incluso en ausencia de datos clínicos sistemáticos (3). En Mendoza, este enfoque adquiere relevancia para complementar la vigilancia epidemiológica tradicional. El presente estudio tuvo como objetivo central conocer la abundancia y variación temporal de *Escherichia coli* productoras de BLEE en efluentes cloacales de la región metropolitana de Mendoza, así como identificar molecularmente los principales genes asociados a este mecanismo de resistencia. Como hipótesis de nuestro estudio postulamos que la abundancia relativa de estas enterobacterias y la diversidad de genes de resistencia presentan variaciones estacionales. Este fenómeno podría estar directamente vinculado a aumentos estacionales en el consumo de antibióticos por automedicación ante infecciones respiratorias, por ejemplo, lo que elevaría la presión de selección y la descarga de residuos farmacológicos en el sistema cloacal, alterando cíclicamente el perfil de resistencia antimicrobiano del microbioma en aguas residuales.

Metodología

Se realizó un estudio descriptivo y longitudinal, basado en el análisis de 11 muestras de aguas residuales colectadas mensualmente en la planta de tratamiento Campo Espejo (noviembre 2024 - septiembre 2025). El aislamiento de enterobacterias BLEE positivas se efectuó mediante siembra de diluciones seriadas en medio selectivo CHROMagar con suplemento ESBL, y luego se estimó el número de unidades formadoras de colonias en 100 mL (UFC/100mL). Cada colonia BLEE positiva fue crecida en medio líquido y luego se extrajo ADN por método de ebullición. El ADN total se utilizó como molde en

una reacción de PCR múltiple para la detección de genes *bla*CTX-M y *bla*PER. El análisis de datos incluyó estadística descriptiva y evaluación cuantitativa de la variabilidad temporal de los genes de resistencia.

Resultados

Se observó una presencia sostenida de *E. coli* BLEE positivas en todas las muestras de aguas residuales, con marcada variabilidad temporal, oscilando los recuentos entre un valor mínimo de 320.000 UFC/100mL (marzo de 2025) y un valor máximo de 2.280.000 UFC/100 mL (junio de 2025), seguido de una disminución posterior. En términos relativos, el porcentaje de aislamientos de cepas de *E. coli* BLEE varió entre 0,8% y 6,2%, y los picos se observaron en diciembre de 2024 (4,2%), enero (6,2%), febrero (5,1%) y julio (4,3%) de 2025. El análisis conjunto con coliformes totales mostró que la abundancia de bacterias BLEE no se asoció directamente con la carga bacteriana global (NMP), sugiriendo la influencia de factores específicos como podrían ser descargas puntuales o presión antibiótica (Tabla 1).

A nivel molecular, el 48% de las cepas BLEE positivas presentaron el gen CTX-M-U, indicando la circulación predominante de este determinante genético.

Conclusiones y recomendaciones

Los resultados evidencian una circulación sostenida de *E. coli* productoras de BLEE en aguas residuales urbanas de Mendoza, con alta variabilidad temporal y picos estacionales definidos. La ausencia de asociación directa con la carga bacteriana total sugiere que la dinámica de BLEE está modulada por factores específicos, como descargas de origen sanitario o presión selectiva por uso de antibióticos. La detección del gen *bla*CTX-M en casi la mitad de los aislamientos confirma la relevancia epidemiológica de este mecanismo de resistencia en el ambiente. Ante nuestros hallazgos se recomienda mantener y ampliar la vigilancia ambiental de resistencia a antimicrobianos, integrar estos datos con sistemas de vigilancia clínica, incorporar análisis de mayor resolución genética (secuenciación) y estudiar posibles fuentes puntuales de contaminación.

Relevancia para políticas e intervenciones sanitarias

Este estudio aporta evidencia concreta sobre la circulación ambiental de bacterias BLEE positivas en un sistema urbano de gran escala. La vigilancia basada en aguas residuales permite detectar tempranamente tendencias de resistencia a nivel poblacional, funcionando como sistema de alerta temprana (4).

Los resultados pueden contribuir a (I) optimizar programas de uso racional de antibióticos; (II) fortalecer estrategias de control de infecciones; (III) diseñar políticas de monitoreo ambiental sistemático; (IV) integrar enfoques de salud pública bajo el paradigma “Una Salud”.

En conjunto, la evidencia generada respalda la incorporación de la vigilancia ambiental como componente estratégico en la gestión de la resistencia antimicrobiana en Mendoza.

Palabras clave: Resistencia antimicrobiana - BLEE - Aguas residuales - Vigilancia ambiental - *Escherichia coli*.

Mes/Año	NMP *E. coli* (NMP/100 mL)	BLEE+ (UFC/100 mL)	Nivel de recuento BLEE+
Nov-2024	24.000.000	680.000	Moderado
Dic-2024	21.000.000	880.000	Alto
Ene-2025	11.000.000	680.000	Moderado
Feb-2025	11.000.000	560.000	Moderado
Mar-2025	11.000.000	320.000	Bajo
Abr-2025	75.000.000	600.000	Moderado
May-2025	75.000.000	1.000.000	Alto
Jun-2025	110.000.000	2.280.000	Muy alto
Jul-2025	15.000.000	640.000	Moderado
Ago-2025	75.000.000	560.000	Moderado
Sep-2025	75.000.000	720.000	Moderado

Tabla 1. Variación temporal del número más probable (NMP) de *E. coli* totales y del recuento de cepas productoras de β-lactamasas de espectro extendido, expresadas como unidades formadoras de colonias (UFC/100 mL), en muestras de aguas residuales de la planta de tratamiento Campo Espejo (noviembre 2024 - septiembre 2025). La columna "Nivel de recuento BLEE+" resume cualitativamente los recuentos absolutos de UFC.

Referencias bibliográficas

1. Pitout JD, Laupland KB. Extended-spectrum β-lactamase-producing Enterobacteriaceae: an emerging public-health concern. Lancet Infect Dis. 2008;8(3):159-66.
2. La Rosa MC, Maugeri A, Favara G, La Mastra C, Magnano San Lio R, Barchitta M, et al. The Impact of Wastewater on Antimicrobial Resistance: A Scoping Review of Transmission Pathways and Contributing Factors. Antibiotics (Basel). 2025;14(2):131.
3. Bowes DA. Towards a precision model for environmental public health: wastewater-based epidemiology to assess population-level exposures and related diseases. Curr Epidemiol Rep. 2024;11(3):131-9.
4. O'Keeffe J. Wastewater-based epidemiology: current uses and future opportunities as a public health surveillance tool. Environ Health Rev. 2021;64(3):44-52.