Manglar

Manglar 23(3): 353-364 (2026)

Bacterias resistentes a antibióticos en el rio Vilcanota (Perú): Un riesgo sanitario y ambiental bajo enfoque One Health

Antibiotic-resistant bacteria in the Vilcanota River (Peru): A health and environmental risk under the One Health approach

Angela F. Sota Cano[1*]; Toribio Tapia Molina[†1]; Ana I. Cáceres Vizarreta[1]; Yuliza F. Anchari Oblitas[2]; Edgar A. Valdeiglesias Tárraga[1]; Maria T. Huallpa Maldonado[3]

1 Facultad de Ingeniería, Universidad Tecnológica de los Andes, Abancay, Perú.
2 Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de los Andes, Abancay, Perú.
3 facultad de Ingeniería, Universidad Continental, San Jerónimo, Cusco, Perú.

* Autor corresponsal: fsotacano@gmail.com (A. F. Sota Cano).

ORCID de los autores:
A. F. Sota Cano: https://orcid.org/0000-0003-2757-7259
A. I. Cáceres Vizarreta: https://orcid.org/0000-0003-3216-6083
E. A. Valdeiglesias Tárraga: https://orcid.org/0009-0009-5858-7450
T. Tapia Molina: https://orcid.org/0000-0002-6569-3691
Y. F. Anchari Oblitas: https://orcid.org/0000-0002-4886-2457
M. T. Huallpa Maldonado: https://orcid.org/0009-0008-5297-5287

RESUMEN

La investigación se orientó a determinar la existencia de bacterias con resistencia antibióticos en el río Vilcanota (tramo Urcos–Pisac), Cusco, como agentes de riesgo sanitario y ambiental. Se realizaron dos campañas de muestreo en épocas de estiaje y lluvias, de acuerdo con el Protocolo Nacional para el Monitoreo de la Calidad de los Recursos Hídricos Superficiales. Las muestras recolectadas se cultivaron in vitro y se evaluó la resistencia a 13 antibióticos en 19 cepas bacterianas. Se identificaron Enterobacterias (*Escherichia* y *Klebsiella*), además de *Enterococcus* y *Staphylococcus*. Los puntos con mayor prevalencia y porcentaje de resistencia bacteriana resistentes fueron Huambutio (51,00%,) y Urcos (38,50%). En época de estiaje se hallaron diferencias significativas en la resistencia bacteriana entre los puntos Caycay–Huambutio y Pisac–Huambutio, mientras que en época de lluvias no se evidenciaron diferencias. Se detectó *Escherichia coli* resistente a 10 antibióticos y *Klebsiella pneumoniae subsp. pneumoniae* resistente a tres. En relación con la multirresistencia antimicrobiana, se identificó al menos una cepa de *Escherichia coli* aislada en Huambutío (P3) durante la época de estiaje, que presentó resistencia a ocho antibióticos: ampicilina, cefalotina, cefazolina, ceftazidima, ceftriaxona, gentamicina, ciprofloxacino y norfloxacino. La presencia de estas bacterias representa un problema de salud pública, ya que altera las comunidades microbianas naturales, afecta a organismos acuáticos y puede transferirse a los cultivos irrigados con esta agua, elevando el riesgo de infecciones humanas difíciles de tratar. Este trabajo constituye uno de los primeros reportes de bacterias resistentes en el tramo de estudio.

Palabras clave: antibióticos; bacterias resistentes a antibióticos; contaminación del agua; aguas residuales; salud pública y ecosistémica.

ABSTRACT

The study aimed to determine the presence of antibiotic-resistant bacteria in the Vilcanota River (Urcos–Pisac section), Cusco, assessing them as potential risks to public health and the environment. Two sampling campaigns were conducted, one during the dry season and one during the rainy season, following the National Protocol for Surface Water Quality Monitoring. Collected samples were cultured *in vitro*, and resistance to 13 antibiotics was evaluated across 19 bacterial strains. Identified bacteria included Enterobacteriaceae (*Escherichia* and *Klebsiella*) *Enterococcus* and *Staphylococcus*. The sites with the highest prevalence and percentage of bacterial resistance were Huambutio (51.00%) y Urcos (38.50%). During the dry season, significant differences in bacterial resistance were found between the Caycay–Huambutio and Pisac–Huambutio sites, whereas no such differences were observed during the rainy season. Strains of *Escherichia coli* resistant to 10 antibiotics and *Klebsiella pneumoniae subsp. pneumoniae* resistant to three were detected. Regarding multidrug resistance, at least one *Escherichia coli* strain isolated in Huambutio (P3) during the dry season showed resistance to eight antibiotics: ampicillin, cephalothin, cefazolin, ceftazidime, ceftriaxone, gentamicin, ciprofloxacin, and norfloxacin. The presence of these bacteria poses a public health issue, as it alters natural microbial communities, affects aquatic organisms, and can be transferred to crops irrigated with this water, thereby increasing the risk of difficult-to-treat human infections. This study constitutes one of the first reports of antibiotic-resistant bacteria in the study area.

Keywords: antibiotics; antibiotic-resistant bacteria; water pollution; wastewater; public and ecosystem health.

Nota: † falleció antes de la publicación

Recibido: 13-07-2026.
Aceptado: 29-09-2026.

Esta obra está publicada bajo la licencia CC BY 4.0

DOI: http://doi.org/10.57188/manglar.2026.032

INTRODUCCIÓN

La resistencia bacteriana es un fenómeno global que ha despertado inquietud entre los profesionales de la ciencia y la salud pública. A nivel internacional, estudios han mostrado un aumento alarmante de cepas bacterianas con resistencia frente a varios antibióticos, especialmente en medios acuáticos contaminados. De acuerdo con lo informado por la Interagency Coordination Group on Antimicrobial Resistance [IACG] (2019), se estima que las infecciones resistentes provocan alrededor de 700,000 decesos anuales en todo el mundo, y se proyecta que este número podría ascender a 10 millones en 2050 si no se aplican estrategias de control adecuadas. Investigaciones en ríos de países como Estados Unidos y la India han demostrado que la contaminación por desechos humanos y agrícolas están estrechamente relacionados con la proliferación de bacterias resistentes (Antimicrobial Resistance Collaborators, 2022; Ranjan et al., 2020).

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) constituye una amenaza creciente para la salud pública y representa un desafío particularmente relevante para los países de América Latina, donde su vigilancia se desarrolla mediante redes regionales como la Red Latinoamericana de Vigilancia de la Resistencia a los Antimicrobianos (ReLAVRA), integrada al sistema mundial de Vigilancia de la Resistencia a los Antimicrobianos y de su Uso (GLASS) de la Organización Mundial de la Salud. La vigilancia regional ha documentado la circulación de bacterias resistentes entre patógenos de importancia clínica, evidenciando la necesidad de fortalecer la detección y el seguimiento de estos microorganismos en los países de la región (Organización Mundial de la Salud, 2022). Esta problemática trasciende el ámbito hospitalario, debido a que las bacterias resistentes y los determinantes de resistencia pueden circular entre seres humanos, animales y ecosistemas, incluidos los cuerpos de agua, lo que sustenta la necesidad de abordarla desde una perspectiva One Health.

En el contexto nacional, Perú enfrenta retos significativos en la gestión de la resistencia bacteriana. La limitación de recursos en el sistema sanitario y el uso indiscriminado de antibióticos en la medicina y la agricultura han favorecido la aparición de cepas resistentes (Quino & Alvarado, 2021). Un estudio realizado en la ciudad de Lima reveló que un alto porcentaje de infecciones bacterianas se debe a organismos resistentes, situación que compromete la salud pública y agrava la situación en áreas donde el acceso a tratamientos de salud adecuados es poco accesible (Cabrera et al., 2020).

Esta problemática también se evidencia en el ámbito ambiental, particularmente en fuentes de agua vinculadas con actividades agrícolas. En este sentido, Huamán Iturrizaga et al. (2024) investigaron la resistencia antimicrobiana de *Escherichia coli* aislada de agua de riego proveniente del río Rímac, en Lima Este. El estudio comprendió el análisis de 24 muestras de agua, de las cuales se obtuvieron 94 aislamientos de *E. coli*, evaluándose su susceptibilidad frente a cefalosporinas y quinolonas, así como la presencia de genes relacionados con mecanismos de resistencia. Los resultados mostraron que el 72,3% de los aislamientos presentó resistencia al menos a un antibiótico, mientras que el 24,5% evidenció un patrón de multirresistencia. Asimismo, se identificaron cepas productoras de betalactamasas de espectro extendido y la presencia de determinantes genéticos asociados con resistencia antimicrobiana. Estos hallazgos ponen de manifiesto que los ambientes acuáticos sometidos a actividades antrópicas pueden favorecer la presencia y circulación de bacterias resistentes, constituyendo un potencial riesgo para la salud pública y ambiental. En este sentido, el estudio constituye un antecedente relevante para investigaciones orientadas a determinar la presencia de bacterias resistentes a antibióticos en ecosistemas acuáticos del Perú, como el río Vilcanota.

La elección del tramo Urcos–Pisac resulta relevante debido a la interacción entre las actividades humanas y las condiciones ambientales que caracterizan este sector de la cuenca del río Vilcanota. A lo largo de este recorrido se localizan centros poblados y zonas destinadas a actividades agrícolas que mantienen una relación directa con el recurso hídrico, generando potenciales vías de contacto de la población y de los sistemas productivos con la calidad microbiológica del río. Asimismo, el tramo incorpora sectores sometidos a diferentes presiones antrópicas, entre ellas el aporte de aguas residuales; particularmente, en el sector de Huambutío se ha señalado la recepción de descargas provenientes del río Huatanay, lo que constituye una fuente potencial de incorporación de microorganismos al sistema acuático. Esta condición adquiere especial importancia considerando que, durante la época de estiaje, el presente estudio identificó diferencias estadísticamente significativas en la resistencia bacteriana entre Huambutío y los sectores de Caycay y Pisac, lo que evidencia una distribución espacial heterogénea de la resistencia dentro del tramo evaluado. En consecuencia, la combinación de población potencialmente expuesta, uso agrícola del agua y aportes de aguas residuales convierte al tramo Urcos–Pisac en un escenario pertinente para caracterizar la presencia y distribución de bacterias resistentes a antibióticos y valorar sus posibles implicancias ambientales y sanitarias bajo el enfoque One Health.

La investigación sobre el análisis de bacterias resistentes en el agua del río Vilcanota tramo Urcos-Pisac es esencial para comprender su influencia en la salud y el entorno ambiental. Este estudio no solo permite identificar las cepas presentes y su resistencia, sino que también contribuye a diseñar estrategias de mitigación y prevención. La resistencia bacteriana en cuerpos de agua puede tener consecuencias graves, incluyendo infecciones en la población local y efectos adversos en la biodiversidad acuática, condición que enfatiza la urgencia de tratar este problema de forma urgente (WHO, 2019).

Esta problemática adquiere particular relevancia en el río Vilcanota, debido a la presencia de poblaciones asentadas a lo largo del tramo Urcos–Pisac, el desarrollo de actividades agrícolas que dependen del recurso hídrico y la influencia de posibles fuentes de contaminación, entre ellas las descargas de aguas residuales. Estas condiciones pueden favorecer el ingreso, establecimiento y dispersión de bacterias resistentes en el ambiente acuático, cuya presencia y distribución podría variar de acuerdo con las características de cada sector y con las condiciones hidrológicas. En consecuencia, resulta necesario evaluar la presencia de bacterias resistentes en este tramo del río para generar información que permita caracterizar esta problemática en el ámbito local. Por ello, el presente estudio tuvo como objetivo general determinar la presencia de bacterias resistentes a antibióticos en el agua del río Vilcanota, en el tramo Urcos–Pisac, Cusco, mediante la identificación de las cepas bacterianas aisladas y la evaluación de su resistencia frente a 13 antibióticos durante las épocas de estiaje y lluvias.

METODOLOGÍA

Ámbito temporal y espacial

La presente investigación se desarrolló en el tramo del río Vilcanota que recorre los territorios de las provincias de Quispicanchi (Distritos de Urcos, Andahuaylillas y Lucre), Paucartambo (Distrito de Caycay) y Calca (Distrito de San Salvador y Pisac) en la ciudad del Cusco, Perú. En la Figura 1 se muestra el procedimiento seguido.

Muestreo

La recolección se realizó en frascos estériles de tapa rosca tomando la muestra a una profundidad aproximada de 15 – 20 cm bajo la superficie del agua, orientando la abertura del frasco en posición horizontal y en dirección opuesta a la corriente natural. Se realizó con el frasco un movimiento semicircular de derecha hacia izquierda dejando aproximadamente un tercio del frasco vacío con el fin de facilitar la aireación y homogeneización. Las muestras se colocaron en un equipo portátil de refrigeración (cooler) a 4 °C, hasta la llegada al laboratorio, siguiendo las recomendaciones de la APHA (2012).

Se realizaron dos campañas de muestreo, correspondientes a las épocas de estiaje y lluvias. En cada campaña se recolectó una muestra de agua en cada uno de los cinco puntos de muestreo: P1 (Urcos), P2 (Andahuaylillas), P3 (Huambutío), P4 (Caycay) y P5 (Pisac). Por tanto, se obtuvieron cinco muestras por campaña y un total de 10 muestras de agua durante el estudio.

Preparación de diluciones

Se preparó agua de dilución amortiguada para efectuar el análisis microbiológico correspondiente a las muestras de agua, añadiendo 1,25 mL en cada litro de una solución stock de fosfato monopotásico 1M y 5 mL por litro de una solución concentrada de sulfato de magnesio 1M. La combinación obtenida se distribuyó dentro de frascos de 90 ± 2 mL y posteriormente fue esterilizada. A partir de las muestras de agua recolectadas, se llevaron a cabo diluciones seriadas en concentraciones de 0,1; 0,01; 0,0001 y 0,00001, de acuerdo con el nivel de contaminación observado.

Prueba presuntiva para coliformes

A partir de las diluciones seriadas previamente preparadas y homogenizadas, se adicionó 1 mL de cada dilución en tubos con caldo lauril sulfato, que contenían tubos de Durham invertidos, en triplicado para cada concentración. Los tubos se incubaron a 35 °C durante 48 horas. Al concluir el periodo de incubación, se analizó la formación de gas en el medio como indicador de un análisis presuntivo positivo para coliformes (APHA, 2012). Posteriormente, se procedió a la confirmación de los tubos con resultado positivo. Para ello, se homogenizó cuidadosamente el contenido del tubo con fermentación activa mediante agitación suave y movimientos circulares antes de realizar la transferencia hacia el medio confirmativo.

Prueba confirmativa, para determinación de coliformes totales y termotolerantes

Tomando como referencia los tubos positivos en caldo lauril sulfato, se realizaron siembras utilizando un asa de inoculación estéril 22 o 24, inoculando en medios selectivos de caldo Brillant Green Bile (Brilla) y caldo EC. El caldo Brilla fue incubado a 35 °C para la detección de coliformes totales, mientras que el caldo EC fue sometido a incubación en baño maría a 44,5 °C durante un lapso de 24 a 48 horas para la detección de coliformes termotolerantes. Finalizada la incubación, los tubos fueron agitados suavemente para observar la producción de gas; su presencia en cualquier cantidad se interpretó como resultado positivo.

Se estimó el número más probable (NMP) de coliformes totales y termotolerantes a partir de las combinaciones de tubos que mostraron resultado positivo o negativo según la dilución, expresando los resultados en NMP por 100 mL. Los valores se obtuvieron utilizando las tablas estándar con intervalos de confianza del 95%.

Adicionalmente, se realizó el aislamiento en medio agar EMB, incubado a 35 °C por 24 horas. Las colonias típicas de color rosa oscuro con centro definido, que pueden presentar brillo verde metálico, así como las colonias mucoides opacas carentes de núcleo fueron consideradas coliformes. Estas colonias fueron posteriormente aisladas en agar TSA para conservación y posterior identificación. La numeración de enterococos se llevó a cabo mediante la técnica de tubos múltiples, conforme al método 9230B del APHA (2012), incluyendo su identificación.

Prueba presuntiva para *Enterococcus faecalis*

A partir de las diluciones iniciales se realizaron inoculaciones en tubos que contenían caldo Azida Dextrosa ajustado a pH 7,2. Estos fueron incubados a 35 °C ± 0,5 °C durante 24 ± 2 horas.

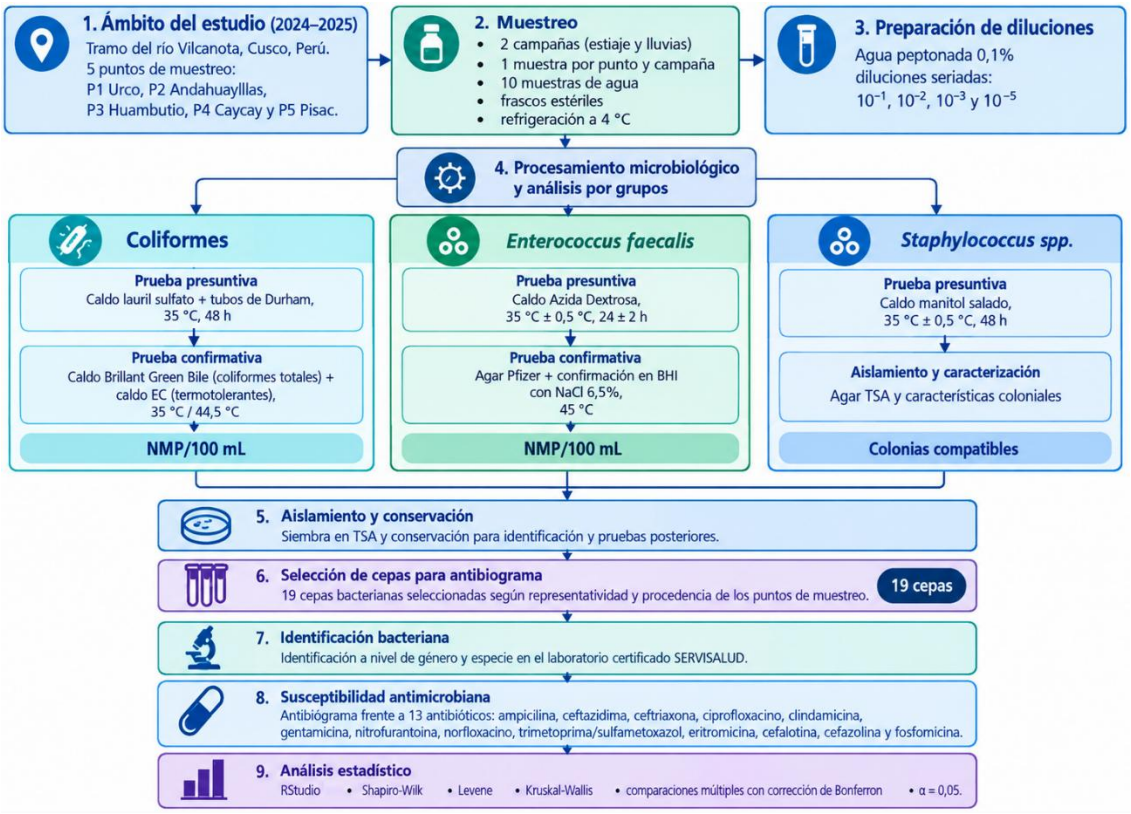


Figura 1. Diagrama de Flujo de diseño experimental y trazabilidad de las muestras.

Transcurrido este periodo, se examinó la presencia de turbidez visible en los tubos, como indicativo de crecimiento bacteriano. En los casos donde no se observó turbidez, los tubos fueron reincubados hasta completar 48 ± 3 horas, para asegurar una posible detección tardía.

Prueba confirmativa para *Enterococcus faecalis*

A partir de los tubos con caldo Azida Dextrosa que presentaron turbidez, se realizaron siembras en agar Pfizer, incubando las placas a 35 °C ± 0,5 °C urante 24 ± 2 horas, la presencia de colonias pardo-negruzcas con halos marrones indicó la existencia de *Enterococcus faecalis*. Estas colonias fueron posteriormente transferidas a caldo BHI (Brain Heart Infusion) con NaCl al 6,5% e incubadas a 45 °C, lo cual permitió confirmar la presencia de enterococos. Las cepas confirmadas se aislaron en agar TSA inclinado para su conservación en cepario. El número más probable (NMP) de enterococos se determinó a partir de los tubos correspondientes a las diluciones que presentaron crecimiento en NaCl al 6,5%, utilizando la tabla estándar de NMP para su determinación.

Prueba presuntiva para *Staphylococcus* spp.

Para la numeración e identificación de *Staphylococcus* spp., se realizaron inoculaciones a partir de las diluciones en agar manitol salado, incubando a 35 °C durante 24 a 48 horas. Los estafilococos coagulasa positivos fermentaron el manitol, presentándose como colonias amarillas con un halo del mismo color, mientras que los estafilococos no fermentadores de manitol formaron colonias con pigmentación roja, acompañadas de un área circundante del mismo color o púrpura. Las colonias amarillas fueron aisladas en agar TSA inclinado para su posterior conservación y análisis.

Selección de cepas para el antibiograma

Las cepas bacterianas aisladas y confirmadas mediante los procedimientos microbiológicos descritos fueron cultivadas en medios nutritivos y posteriormente seleccionadas considerando su representatividad respecto de los aislamientos obtenidos durante las campañas de muestreo. Para ello, se consideraron las características de los aislamientos y su procedencia, con el propósito de incluir cepas que reflejaran la diversidad bacteriana identificada en los diferentes puntos y periodos de muestreo. En total, se incluyeron 19 cepas bacterianas para la evaluación de su susceptibilidad antimicrobiana mediante antibiograma.

Análisis con antibiograma e identificación de cepas

El antibiograma es una técnica utilizada para determinar la susceptibilidad o sensibilidad de microorganismos, como bacterias, a diferentes antibióticos. Las cepas bacterianas previamente aisladas y seleccionadas fueron remitidas al laboratorio certificado SERVISALUD para la evaluación de su susceptibilidad antimicrobiana mediante esta técnica. Se evaluó la respuesta de las cepas frente a 13 antibióticos: ampicilina, ceftazidima, ceftriaxona, ciprofloxacino, clindamicina, gentamicina, nitrofurantoína, norfloxacino, trimetoprima/sulfametoxazol, eritromicina, cefalotina, cefazolina y fosfomicina. Asimismo, la identificación de las cepas bacterianas a nivel de género y especie fue realizada por el mismo

laboratorio certificado, siguiendo los procedimientos microbiológicos correspondientes.

Análisis estadístico

Los datos fueron procesados mediante el software SPSS Statistics 32.0.0.0. La distribución de los datos de resistencia bacteriana se evaluó mediante las pruebas de Kolmogorov-Smirnov, con corrección de significación de Lilliefors, y Shapiro-Wilk. Debido al incumplimiento del supuesto de normalidad, se emplearon pruebas estadísticas no paramétricas. Para determinar si existían diferencias en los niveles de resistencia bacteriana entre los diferentes puntos de muestreo del río Vilcanota, se aplicó la prueba de Kruskal-Wallis para muestras independientes. Cuando se identificaron diferencias estadísticamente significativas, se realizaron comparaciones múltiples post hoc con ajuste de Bonferroni para determinar los pares de puntos de muestreo que presentaban diferencias. En todos los análisis se estableció un nivel de significancia de $\alpha = 0,05$.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Bacterias aisladas y perfiles de resistencia antimicrobiana

Con el propósito de determinar el tipo de bacterias resistentes a diferentes antibióticos presentes en las aguas del río Vilcanota, específicamente en el tramo Urcos–Pisac, se llevó a cabo la identificación bacteriana (Tabla 1), seguida de una prueba específica para determinar su grado de resistencia frente a los antibióticos seleccionados (Tabla 2). Los resultados muestran que, durante la época de estiaje, se detectaron bacterias resistentes en todos los puntos de muestreo, evidenciando una mayor carga microbiana en este periodo. Por el contrario, durante la época de lluvias, la presencia de bacterias resistentes fue menor, registrándose incluso dos puntos sin detección de cepas resistentes a los antibióticos evaluados. Esta diferencia entre ambas estaciones sugiere una posible relación entre el caudal del río y la concentración de contaminantes.

Tabla 1

Bacterias y enterobacterias aisladas según puntos de muestreo en el río Vilcanota (tramo Urcos-Pisac) Cusco

Puntos de muestreo	Bacterias	Enterobacterias		
	Staphylococcus	***Enterococcus***	***Escherichia***	***Klebsiella***
Punto 1 Urcos		*Enterococcus faecium* *Enterococcus faecalis*	*Escherichia coli*	
Punto 2 Andahuaylillas			*Escherichia coli*	
Punto 3 Huambutío	*Staphylococcus lentus*	*Enterococcus hirae*	*Escherichia coli*	*Klebsiella pneumoniae* spp.
Punto 4 Caycay	*Staphylococcus xylosus*			
Punto 5 Pisac	*Staphylococcus xylosus*	*Enterococcus faecalis*	*Escherichia coli*	*Klebsiella pneumoniae* spp.

Tabla 2

Resistencia a antibióticos de Bacterias y enterobacterias aisladas según época de muestreo y puntos de muestreo en el río Vilcanota (tramo Urcos-Pisac) Cusco

Época de muestreo	P1: Urcos	P2: Andahuaylillas	P3: Huambutío	P4: Caycay	P5: Pisac
Época de Estiaje	*Escherichia coli* Ampicilina (I) Ciprofloxacino (I) Trimetoprima/ Sulfametoxazol (R) *Enterococcus faecium* Eritromicina (I) Nitrofurantoína (I) *Enterococcus faecalis* Eritromicina (I)	*Escherichia coli* Ampicilina (I) Ciprofloxacino (I)	*Enterococcus hirae* Nitrofurantoína (I) *Staphylococcus lentus* Clindamicina (R) *Klebsiella pneumoniae subsp pneumoniae* Nitrofurantoína (I) *Escherichia coli* Ampicilina (R) Cefalotina (R) Cefazolina (R) Ceftazidima (R) Ceftriaxona (R) Gentamicina (R) Ciprofloxacino (R) Norfloxacino (R)	*Staphylococcus xylosus* Sin resistencia	*Escherichia coli* Fosfomicina (R) *Enterococcus faecalis* Sin resistencia *Staphylococcus xylosus* Eritromicina (I) Trimetoprima/ Sulfametoxazol (R)
Época de Lluvias	*Escherichia coli* Sin resistencia	*Escherichia coli* Ampicilina (I) Ciprofloxacino (I)	*Klebsiella pneumoniae ssp pneumoniae* Fosfomicina (I) *Klebsiella pneumoniae* Ampicilina (R) Ciprofloxacino (R) *Escherichia coli* Ampicilina (R) Cefalotina (R)	*Escherichia coli* Ampicilina (I)	*Klebsiella pneumoniae subsp pneumoniae* Sin resistencia

Leyenda: (I): Resistencia Intermedio a Antibiótico / (R): Resistencia a Antibiótico.

La presencia de bacterias resistentes a diferentes antimicrobianos en el río Vilcanota evidencia la ocurrencia de resistencia fenotípica en este ecosistema acuático. Los perfiles observados incluyeron resistencia principalmente frente a ampicilina, trimetoprima/sulfametoxazol, ciprofloxacino y cefalosporinas. Estos resultados son comparables con los reportados por Huamán et al. (2024) en aguas de riego del río Rímac, Lima, donde *Escherichia coli* presentó resistencia principalmente a ampicilina-sulbactam (57,1%), ácido nalidíxico (50,0%), trimetoprima/sulfametoxazol (35,5%) y ciprofloxacino (20,4%); además, el 24,5% de los aislamientos fueron multirresistentes. La coincidencia de algunos antimicrobianos afectados sugiere patrones de resistencia presentes en distintos ambientes acuáticos peruanos, aunque las frecuencias no son directamente comparables debido a las diferencias en diseño, número de aislamientos y antibióticos evaluados.

En Arequipa, Yanqui-Morales et al. (2025) reportaron resistencia antimicrobiana en *E. coli* aislada de la PTAR Escalerilla, incluyendo perfiles de multirresistencia. Si bien este estudio corresponde a aguas residuales y no a agua superficial, sus resultados respaldan la presencia de bacterias resistentes en ambientes acuáticos del sur del Perú. Asimismo, en la bahía interior de Puno, Ferro et al. (2025) detectaron genes asociados con resistencia antimicrobiana, entre ellos *intI1* y *qacEΔ1*. Estos resultados deben interpretarse de manera complementaria, debido a que corresponden a evidencia molecular y no a resistencia fenotípica determinada mediante antibiograma.

Variación espacial y estacional de la resistencia bacteriana

Con el fin de determinar la prevalencia de bacterias resistentes a diferentes antibióticos en el río Vilcanota, tramo Urcos–Pisac, se evaluó la presencia de cepas resistentes en diversos puntos de muestreo durante la época de estiaje. Para este análisis se utilizaron 13 antibióticos, lo que permitió obtener una visión más detallada sobre los niveles de resistencia. Previamente al análisis estadístico, se evaluó si los datos obtenidos presentaban una distribución normal mediante el uso del software SPSS y la prueba de Kolmogorov – Smirnov (Tabla 3).

Prueba Kruskal-Wallis

La prueba de Kruskal-Wallis es un método estadístico no paramétrico empleado para identificar diferencias significativas entre tres o más grupos independientes, a diferencia de las pruebas paramétricas, no exige que los datos tengan distribución normal, constituye una extensión de la prueba U de Mann-Whitney. En el presente análisis, se plantea la hipótesis nula (H_0), la cual establece que no existen diferencias significativas en la presencia de bacterias resistentes a antibióticos entre los sectores muestreados del río Vilcanota durante la época de estiaje. Por su parte, la hipótesis alternativa (H_1) indica que al menos uno de los sectores presenta diferencias significativas en comparación con los demás (Tabla 4). Se observa que el valor de p es menor a 0,05, por lo que se rechaza la hipótesis nula, lo que indica que la resistencia bacteriana a los antibióticos no es homogénea en todos los sectores evaluados del río Vilcanota durante la época de estiaje. Esta variación sugiere diferencias significativas entre los puntos de muestreo, posiblemente asociadas a condiciones ambientales particulares.

Factores como la proximidad a fuentes de descarga de aguas residuales, así como la actividad agrícola o urbana, podrían influir directamente en la presencia de contaminantes y en los niveles de resistencia bacteriana detectados. Con el fin de identificar específicamente en qué sectores se presentan estas diferencias estadísticas, se aplicó una prueba de comparaciones múltiples.

En la Tabla 5 se presentan los resultados de la resistencia bacteriana a los antibióticos en varios sectores del río Vilcanota. Dado que el p-valor es inferior a 0,05, se evidencia una diferencia importante en la resistencia de las bacterias entre Caycay y Huambutío, y entre Pisac y Huambutío. Esto sugiere posibles variaciones en las condiciones ambientales o una mayor influencia de fuentes de contaminación en estas zonas específicas. No obstante, al comparar otros sectores entre sí, no se identificaron diferencias estadísticamente significativas. A continuación, se muestra una figura que representa estas diferencias en la resistencia bacteriana por sector, ofreciendo una visualización de cómo cambia la resistencia a los antibióticos a lo largo del tramo del río estudiado.

Tabla 3
Prueba de distribución normal para datos obtenidos en la época de estiaje

	Kolmogorov Smirnov[a]			Shapiro-Wilk		
	Estadístico	gl	Sig.	Estadístico	gl	Sig.
Resistencia a la bacteria *Escherichia coli*	0,496	75	0,000	0,475	75	0,000

a. Corrección de significación de Lilliefors.

Tabla 4
Resultado de prueba de Kruskal-Wallis época de estiaje

	Hipótesis nula	Prueba	Sig.	Decisión
1	La distribución de resistencia a la bacteria *Escherichia coli* es la misma entre las categorías de ubicación	Prueba de Kruskal- Wallis para muestras independientes	0,002	Rechazar la hipótesis nula

El nivel de significación es de 0,05.

Tabla 5
Análisis de la diferencia significativa sobre resistencia de antibióticos en los sectores del río Vilcanota

Muestra 1 - Muestra 2	Estadístico de contraste	Error	Desv. Estadístico de contraste	Sig.	Sig. ajust.
Caycay - Pisac	-2,500	5,371	-0,465	0,642	1,000
Caycay - Andahuaylillas	5,000	5,371	0,931	0,352	1,000
Caycay - Urcos	7,500	5,371	1,396	0,163	1,000
Caycay - Huambutío	20,000	5,371	3,723	0,000	0,002
Pisac - Andahuaylillas	2,500	5,371	0,465	0,642	1,000
Pisac - Urcos	5,000	5,371	0,931	0,352	1,000
Pisac - Huambutío	17,500	5,371	3,258	0,001	0,011
Andahuaylillas - Urcos	2.500	5,371	0,465	0,642	1,000
Andahuaylillas - Huambutío	-15,000	5,371	-2,793	0,005	0,052
Urcos - Huambutío	-12,500	5,371	-2,327	0,020	0,200

Cada fila prueba la hipótesis nula de que las distribuciones de la Muestra 1 y la Muestra 2 son las mismas. Se muestran las significaciones asintóticas (pruebas bilaterales). El nivel significativo es 0,05. Los valores de significación se han ajustado mediante la corrección de Bonferroni para varias pruebas.

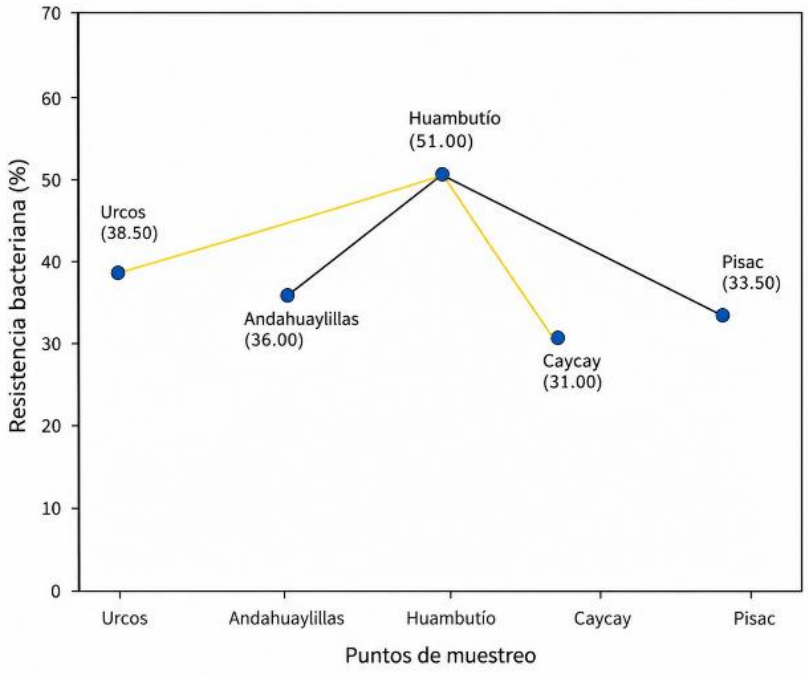


Figura 2. Comparación del porcentaje de resistencia bacteriana entre puntos de muestreo. Nota: El eje X representa los puntos de muestreo (Urcos, Andahuaylillas, Huambutío, Caycay y Pisac) y el eje Y representa el porcentaje de resistencia bacteriana (%). Los colores diferencian las campañas de muestreo: azul, época de estiaje; amarillo, época de lluvias. Los porcentajes se calcularon con base en las cepas bacterianas analizadas en cada punto de muestreo y campaña. Las líneas representan las comparaciones entre pares de ubicaciones.

Durante la época de estiaje, la prueba de Kolmogorov-Smirnov mostró que los datos no presentaron una distribución normal ($p < 0,001$), por lo que se emplearon pruebas no paramétricas. La prueba de Kruskal-Wallis evidenció diferencias estadísticamente significativas en la resistencia bacteriana entre los puntos de muestreo ($p = 0,002$). Las comparaciones múltiples con corrección de Bonferroni identificaron diferencias significativas entre Caycay y Huambutío (p ajustado = 0,002) y entre Pisac y Huambutío (p ajustado = 0,011), mientras que las demás comparaciones no fueron significativas (p ajustado > 0,05).

Las diferencias se concentraron entre Caycay y Huambutío y entre Pisac y Huambutío, mientras que las demás comparaciones no fueron significativas. Este comportamiento es consistente con estudios realizados en otros sistemas fluviales. En el río Kshipra, India, Diwan et al. (2018) encontraron variaciones estacionales significativas en la resistencia de *E. coli*, particularmente frente a ampicilina, gentamicina y otros antimicrobianos, así como variaciones en la multirresistencia.

Durante la época de lluvias, los datos tampoco presentaron una distribución normal ($p < 0,001$). En este periodo, la prueba de Kruskal-Wallis no evidenció diferencias estadísticamente significativas en la resistencia bacteriana entre los puntos de muestreo ($p = 0,052$), por lo que no se rechazó la hipótesis nula. Este resultado difiere parcialmente de lo observado en el río Kshipra, donde la resistencia presentó variaciones estacionales significativas. La diferencia podría estar relacionada con las particularidades hidrológicas y ambientales de cada sistema; sin embargo, el presente estudio no incluyó variables fisicoquímicas ni concentraciones de antimicrobianos que permitan establecer los factores responsables de la variación observada.

En conjunto, los resultados muestran que el río Vilcanota presenta bacterias con resistencia fenotípica a diversos antimicrobianos y que su distribución varía espacialmente durante el estiaje. La coincidencia de determinados perfiles con estudios realizados en Lima, Arequipa, Puno y otros sistemas fluviales respalda la importancia de incorporar los ambientes acuáticos a la vigilancia de la resistencia antimicrobiana bajo un enfoque One Health. No obstante, la demostración de genes de resistencia, mecanismos de transferencia o fuentes específicas de contaminación requiere estudios moleculares y ambientales complementarios.

Presencia de bacterias resistentes a múltiples antibióticos en el río Vilcanota

Los resultados evidencian la presencia de enterobacterias (*Escherichia coli*, Klebsiella), Enterococcus, y Staphylococcus en las aguas del río Vilcanota, organismos que presentan resistencia frente a diversos antibióticos ampliamente utilizados, como azitromicina, amoxicilina, ciprofloxacino, tetraciclina y cefalosporinas. Esta resistencia representa una amenaza tanto ecológica como sanitaria, reflejando el mal manejo de aguas residuales y la creciente presión antropogénica sobre el ecosistema. Las fuentes principales de estas bacterias incluyen efluentes urbanos, escorrentía agrícola con fertilizantes y estiércol, y residuos hospitalarios, que favorecen la persistencia y diseminación de genes de resistencia (Martínez, 2009; Singer et al., 2016).

Coincidiendo con lo reportado por Hammad et al. (2021), donde se identificaron residuos de antibióticos como ceftriaxona, eritromicina y ciprofloxacino en cuerpos de agua. En el caso de las betalactámicos, como la ampicilina y las cefalosporinas, la resistencia suele deberse a la producción de betalactamasas. Para la eritromicina y ciprofloxacino, se identificaron mecanismos de modificación de sitios diana y sobreexpresión de bombas de eflujo, mientras que la resistencia a nitrofurantoína y fosfomicina se asocia a mutaciones en transportadores bacterianos (Bush & Bradford, 2020; Hooper & Jacoby, 2015). Estos hallazgos evidencian que el río Vilcanota actúa como un reservorio de genes de resistencia, con riesgos para la salud pública, la biodiversidad y la seguridad alimentaria debido a su uso en actividades agrícolas (Leclercq & Courvalin, 2002).

Resistencia bacteriana por sector en época de estiaje del río Vilcanota

Durante la época de estiaje, se observaron diferencias significativas en la resistencia bacteriana entre los sectores muestreados del río Vilcanota. Según los análisis estadísticos, destacan los contrastes entre Caycay y Huambutio, así como entre Pisac y Huambutio, lo cual sugiere una influencia diferencial de fuentes de contaminación en cada punto. La zona de Huambutio recibe descargas sin tratamiento del río Huatanay, lo que explicaría la mayor carga bacteriana resistente detectada. En contraste, en Caycay, más alejado de centros urbanos, la resistencia bacteriana fue menor.

Estas diferencias coinciden con lo reportado en estudios similares, donde se observa una fuerte correlación entre la cercanía a fuentes de efluentes y el incremento de bacterias resistentes (González et al., 2021). Las descargas domésticas, la actividad agrícola intensiva y el mal manejo de antibióticos en zonas urbanas como Pisac y Huambutio representan factores críticos. Frente a este escenario, se hace indispensable implementar sistemas eficaces de tratamiento de aguas residuales y políticas ambientales orientadas a reducir la carga de antibióticos y bacterias resistentes en el ambiente (Salazar, 2022).

Riesgos ecosistémicos y sanitarios asociados a la contaminación bacteriana resistente

La liberación de bacterias que muestran resistencia a antibióticos en ecosistemas acuáticos como el río Vilcanota altera significativamente las comunidades microbianas acuáticas. Estas bacterias, al desplazar a las especies autóctonas, afectan el equilibrio ecológico y favorecen la transferencia horizontal de genes de resistencia, fenómeno acentuado por la presencia continua de antibióticos en el medio (Rodríguez & Jiménez-Quiceno, 2023). Los peces y otros organismos pueden acumular estas bacterias, generando riesgos en la cadena alimentaria, incluso para los humanos (Kümmerer, 2009; Berendonk et al., 2015).

El uso del agua del río para riego también implica un riesgo para los pobladores, ya que facilita el ingreso de bacterias multirresistentes a los alimentos. El contacto directo con aguas contaminadas puede causar infecciones difíciles de tratar, especialmente por patógenos como Staphylococcus ssp. (Rodríguez-Medina et al., 2021) En el caso del río Vilcanota, este microorganismo fue identificado como multirresistente. Asimismo, en el presente estudio se logró aislar *Klebsiella pneumoniae subsp. pneumoniae*, una bacteria encapsulada que coloniza comúnmente el tracto gastrointestinal y la orofaringe, y que puede causar enfermedades como neumonías graves e infecciones del tracto genitourinario. La presencia de antibióticos en el entorno acuático promueve la transferencia de genes de resistencia entre bacterias, lo que puede limitar gravemente las opciones terapéuticas disponibles (Rizzo, L., et al., 2013). Por ello, se requiere una acción integrada entre salud pública, medio ambiente y gestión de residuos para disminuir los riesgos vinculados a la resistencia a los antimicrobianos en cuerpos de agua.

Resistencia antimicrobiana en el río Vilcanota y su implicancia ambiental

Los resultados obtenidos evidencian la presencia de bacterias indicadoras de contaminación fecal, incluyendo enterobacterias como *Escherichia coli* y Klebsiella spp., así como cocos grampositivos como Enterococcus y Staphylococcus, con perfiles de resistencia frente a antibióticos de uso clínico frecuente. Estos hallazgos confirman que el río Vilcanota actúa como un posible reservorio ambiental de bacterias resistentes, fenómeno ampliamente documentado en ecosistemas fluviales sometidos a presión antropogénica.

Diversos estudios han demostrado que los cuerpos de agua que reciben descargas de aguas residuales urbanas, hospitalarias y escorrentía agrícola presentan una mayor prevalencia de bacterias resistentes y genes asociados a resistencia antimicrobiana. En este contexto, los ríos funcionan como matrices ecológicas donde convergen antibióticos residuales, bacterias de origen humano y animal, y elementos genéticos móviles, favoreciendo procesos de selección y transferencia horizontal de genes. Según Grenni (2022), los ecosistemas acuáticos no solo reflejan la contaminación derivada de actividades humanas, sino que también constituyen ambientes dinámicos donde la resistencia puede mantenerse y propagarse incluso en concentraciones subinhibitorias de antimicrobianos.

La resistencia observada frente a antibióticos como ciprofloxacino, amoxicilina, tetraciclina y cefalosporinas coincide con patrones descritos en otros sistemas fluviales impactados por actividad humana, donde se han identificado enterobacterias portadoras de β-lactamasas y otros determinantes genéticos asociados a resistencia múltiple. Esto sugiere que la contaminación del río Vilcanota podría estar relacionada con descargas domésticas insuficientemente tratadas, vertimientos hospitalarios y actividades agropecuarias en su cuenca, factores que incrementan la carga microbiana resistente en el ambiente.

Desde una perspectiva ecológica y sanitaria, la presencia de bacterias resistentes en aguas superficiales representa un riesgo potencial para las poblaciones que utilizan este recurso para actividades recreativas, agrícolas o de abastecimiento indirecto. Además, el ambiente acuático facilita la interacción entre bacterias ambientales y patógenos humanos, promoviendo la diseminación de genes de resistencia en el marco del enfoque One Health. En consecuencia, los resultados del presente estudio no solo evidencian un problema ambiental local, sino que se insertan en una problemática global relacionada con la resistencia antimicrobiana en ecosistemas acuáticos (Grenni, 2022).

Mecanismos moleculares potencialmente asociados a la resistencia

Los perfiles de resistencia observados en *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* pueden estar relacionados con mecanismos como la producción de β-lactamasas, alteraciones de la permeabilidad de la membrana y sistemas de eflujo. En particular, la resistencia del aislamiento de *E. coli* de Huambutío frente a ampicilina, cefalotina, cefazolina, ceftazidima y ceftriaxona es compatible con la posible participación de β-lactamasas de espectro extendido (BLEE) o β-lactamasas tipo AmpC, capaces de inactivar diferentes β-lactámicos. En Enterobacterales, las familias CTX-M, TEM y SHV constituyen importantes determinantes adquiridos de resistencia y pueden estar asociados con elementos genéticos móviles que favorecen su dispersión. (Huamán et al., 2024; Braun et al., 2024; Zheng et al., 2025).

La resistencia simultánea a ciprofloxacino y norfloxacino observada en este aislamiento también puede involucrar modificaciones de las dianas de las fluoroquinolonas, alteraciones de la permeabilidad y aumento del eflujo. En bacterias Gram negativas, el sistema AcrAB-TolC constituye uno de los principales sistemas de eflujo de la familia RND y puede expulsar diferentes clases de antimicrobianos, contribuyendo a fenotipos de resistencia múltiple. Estudios recientes han reforzado su participación en la resistencia de *E. coli* y otros Enterobacterales frente a β-lactámicos y fluoroquinolonas. (Dulanto Chiang y Dekker, 2024; Wright et al., 2025).

En *K. pneumoniae*, estos mecanismos pueden actuar de manera combinada. La producción de β-lactamasas puede coexistir con modificaciones de las porinas de membrana externa, como OmpK35 y OmpK36, y con la sobreexpresión de sistemas de eflujo como AcrAB-TolC y OqxAB, reduciendo la concentración intracelular de los antimicrobianos y ampliando el fenotipo de resistencia. Esta interacción entre inactivación enzimática, disminución de permeabilidad y eflujo constituye uno de los principales mecanismos moleculares descritos para la resistencia múltiple en esta especie. (Braun et al., 2024; Zheng et al., 2025).

Sin embargo, estos mecanismos no fueron determinados molecularmente en el presente estudio. Por ello, los resultados deben interpretarse como evidencia de resistencia fenotípica y no como demostración de genes o mecanismos específicos. La detección mediante PCR o secuenciación de genes como *bla*CTX-M, *bla*TEM y *bla*SHV, junto con la caracterización de porinas y sistemas de eflujo, permitiría determinar los mecanismos responsables de los perfiles observados y establecer su posible contribución a la dispersión de la resistencia antimicrobiana en el río Vilcanota.

Implicancias bajo el enfoque One Health y el marco nacional de RAM

Los hallazgos del presente estudio adquieren relevancia bajo el enfoque Una Salud (One Health), al evidenciar la presencia de bacterias con resistencia fenotípica a antimicrobianos en el río Vilcanota y, por tanto, incorporar el componente ambiental a la problemática de la resistencia antimicrobiana (RAM). La mayor expresión de resistencia durante el estiaje y las diferencias observadas entre Huambutío, Caycay y Pisac sugieren una distribución espacial y temporal heterogénea que podría estar relacionada con las condiciones ambientales y la influencia diferencial de actividades antrópicas a lo largo del tramo evaluado. No obstante, estas asociaciones no permiten establecer causalidad ni determinar las fuentes específicas de los aislamientos.

Esta evidencia es concordante con el marco nacional de respuesta frente a la RAM establecido mediante el D.S. N.° 010-2019-SA y el Plan Multisectorial para enfrentar la Resistencia a los Antimicrobianos, que promueven una respuesta multisectorial bajo el enfoque Una Salud y priorizan la vigilancia y la investigación como

herramientas para fortalecer la base científica de la contención de la RAM. En este contexto, la detección de bacterias resistentes en el río constituye información ambiental que puede complementar la vigilancia desarrollada en los ámbitos de salud humana, sanidad animal e inocuidad alimentaria, particularmente mediante mecanismos de vigilancia integrada como la VIRAM, orientada a generar información para evaluar la diseminación de la RAM y sustentar decisiones de prevención y control.

Asimismo, la identificación de resistencia en un recurso hídrico de importancia regional plantea la necesidad de fortalecer medidas preventivas sobre los factores ambientales que podrían favorecer su presencia y dispersión. En este sentido, el D.S. N.° 007-2023-SA, aunque está dirigido a la prevención, mitigación y atención de los efectos sanitarios asociados a la contaminación por metales pesados y otras sustancias químicas y no constituye una norma específica sobre RAM, proporciona un marco complementario de gestión de riesgos ambientales y sanitarios que resulta pertinente para la protección de poblaciones expuestas a ambientes contaminados. Su articulación con las estrategias nacionales de RAM resulta consistente con una gestión preventiva e intersectorial de los riesgos que afectan simultáneamente al ambiente y a la salud.

Por consiguiente, los resultados aportan una línea de evidencia ambiental que puede contribuir al fortalecimiento de la vigilancia de la RAM en la cuenca del Vilcanota. Sin embargo, la resistencia fenotípica observada no permite demostrar la presencia de genes específicos, transferencia horizontal ni rutas de transmisión entre el ambiente, los animales y las personas. Futuras investigaciones deberían integrar vigilancia microbiológica y fisicoquímica, identificación molecular de determinantes de resistencia y evaluación de posibles fuentes de contaminación, de manera que la información ambiental pueda articularse con los componentes de salud humana y animal dentro de una estrategia territorial de One Health.

Limitaciones del estudio e investigaciones futuras

Se realizaron dos campañas de muestreo, correspondientes a las épocas de estiaje y lluvias, en cinco puntos del tramo Urcos–Pisac. Por ello, los resultados reflejan las condiciones observadas durante estos periodos, pero no permiten conocer cómo varía la resistencia a lo largo de todo el año. De igual manera, las diferencias encontradas entre algunos puntos durante el estiaje, particularmente entre Huambutío–Caycay y Huambutío–Pisac, muestran que la distribución de la resistencia no fue uniforme a lo largo del tramo estudiado; sin embargo, con la información disponible no es posible determinar si estas diferencias están relacionadas con una fuente específica de contaminación.

Otra consideración importante está relacionada con el tipo de caracterización microbiológica realizada. La resistencia se determinó mediante antibiograma y las bacterias fueron identificadas a nivel de género y especie. Por ello, los resultados permiten describir los perfiles de susceptibilidad antimicrobiana de las bacterias aisladas, pero no identificar los genes o mecanismos responsables de dicha resistencia, ni determinar la presencia de elementos genéticos móviles o la posible transferencia horizontal de genes. En este sentido, la posible participación del río como reservorio o medio de dispersión de genes de resistencia debe considerarse una posibilidad que requiere estudios moleculares adicionales y no una conclusión directa de este trabajo.

Asimismo, durante el estudio no se cuantificaron residuos de antimicrobianos ni se evaluaron de manera simultánea parámetros fisicoquímicos del agua o posibles fuentes específicas de contaminación microbiológica. Por esta razón, la mayor presencia de resistencia observada durante el estiaje no puede atribuirse únicamente a una mayor concentración de contaminantes asociada con la disminución del caudal.

Del mismo modo, las diferencias encontradas entre los puntos de muestreo no pueden explicarse de manera causal por la presencia de descargas domésticas, urbanas o agropecuarias sin contar con mediciones que permitan comprobar estas relaciones. La menor detección de bacterias resistentes durante la época de lluvias constituye, por tanto, un patrón observado en las campañas realizadas, cuya consistencia deberá evaluarse mediante un seguimiento más prolongado.

Futuras investigaciones deberían ampliar la frecuencia y duración del monitoreo, manteniendo los puntos evaluados e incorporando sitios ubicados aguas arriba y aguas abajo de posibles fuentes de descarga. Esto permitiría conocer con mayor claridad la persistencia de las bacterias resistentes y determinar si los patrones observados en este estudio se mantienen bajo diferentes condiciones hidrológicas. También sería conveniente incorporar el análisis de sedimentos y, cuando sea posible, la evaluación directa de efluentes o descargas que puedan constituir fuentes potenciales de contaminación.

La caracterización microbiológica podría complementarse, además, con métodos moleculares orientados a detectar genes asociados con resistencia a β-lactámicos, quinolonas y otros grupos de antimicrobianos identificados en los perfiles obtenidos, así como elementos genéticos móviles.

Esto permitiría establecer si los fenotipos de resistencia observados están asociados con determinantes genéticos específicos y aportar una mejor comprensión de su importancia ambiental. De manera complementaria, la medición de residuos de antimicrobianos y de variables como caudal, temperatura, pH, conductividad, oxígeno disuelto y carga orgánica permitiría evaluar qué condiciones ambientales podrían estar relacionadas con la distribución de las bacterias resistentes en el tramo Urcos–Pisac.

CONCLUSIONES

La existencia de bacterias con resistencia a antibióticos en el río Vilcanota es relevante tanto para la salud humana como para el balance del ecosistema acuático. Durante esta investigación se identificaron especies como *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Enterococcus faecalis* y *Staphylococcus*, que mostraron resistencia a varios antibióticos comúnmente utilizados, como ampicilina, ciprofloxacino y cefalosporinas. Esta resistencia fue más evidente en la época de estiaje, cuando el caudal del río disminuye y los contaminantes se concentran más fácilmente. En cambio, en la época de lluvias, se observó una menor presencia de bacterias resistentes, probablemente por el efecto de dilución que genera el aumento del caudal.

Los análisis estadísticos confirmaron diferencias en los niveles de resistencia entre varios sectores del río, destacando los puntos de Huambutio y Pisac, donde se reciben descargas de aguas residuales sin tratamiento y hay mayor actividad urbana y agraria. En zonas más alejadas como Caycay, la resistencia bacteriana fue más baja, lo que podría relacionarse con una menor exposición a fuentes de contaminación directa. Estas diferencias muestran cómo el entorno local y las actividades humanas influyen en la distribución de bacterias resistentes.

Además, los resultados evidencian la presencia de bacterias resistentes a múltiples antibióticos en el río Vilcanota, lo que constituye un indicador de la ocurrencia de resistencia antimicrobiana en el sistema acuático. Esta situación representa un riesgo potencial, ya que estas bacterias podrían contribuir a la dispersión de la resistencia en el ambiente y tener implicancias para la salud humana, especialmente cuando el agua con contaminación se destina al riego de cultivos u otras actividades de contacto directo. Sin embargo, debido a que en este estudio no se realizaron análisis moleculares, no fue posible determinar los genes específicos asociados con la resistencia ni confirmar mecanismos de transferencia entre bacterias.

Entre las limitaciones del presente estudio se encuentra la ausencia de análisis moleculares, lo que impidió identificar los genes específicos asociados con la resistencia antimicrobiana y determinar los mecanismos genéticos involucrados, incluida la posible transferencia de genes entre bacterias. Asimismo, no se realizó la cuantificación de residuos de antibióticos en el agua, por lo que no fue posible establecer una relación directa entre las concentraciones de estos compuestos y los perfiles de resistencia bacteriana observados. Por ello, se recomienda que futuras investigaciones incorporen técnicas de biología molecular, como la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y la secuenciación genética, así como métodos analíticos para detectar y cuantificar residuos de antibióticos en el agua. Estas herramientas permitirán profundizar en la caracterización de los mecanismos de resistencia y comprender mejor los posibles factores que contribuyen a su presencia y distribución en el río Vilcanota. Asimismo, se recomienda mejorar la gestión de las aguas residuales, especialmente en las áreas donde se identificaron mayores niveles de resistencia bacteriana, y promover el uso adecuado de antibióticos tanto en el ámbito médico como en las prácticas agrarias. Finalmente, es fundamental continuar con estudios que permitan identificar con mayor precisión los factores que favorecen la presencia y distribución de la resistencia antimicrobiana, contribuyendo así a la toma de decisiones orientadas a la protección de la salud pública y el medio ambiente.

AGRADECIMIENTOS

A la Universidad Tecnológica de los Andes (UTEA) por el financiamiento de la presente investigación. Al Dr. Toribio Tapia Molina quien contribuyo significativamente al desarrollo de esta investigación. Lamentablemente falleció antes de la publicación del presente artículo. A la maestra Olga Libia Cjuno Huanca y el Ing Elvis Cris Conza Berrocal, por su colaboración y aporte durante las etapas iniciales de la presente investigación.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

APHA (2012). Standard methods for the examination of water and wastewater (22nd ed.). American Public Health Association. American Water Works Association, & Water Environment Federation.

Antimicrobial Resistance Collaborators. (2022). Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: A systematic analysis. *The Lancet, 399*(10325), 629–655. https://doi.org/10.1016/S0140-6736(21)02724-0

Berendonk, T. U., Manaia, C. M., Merlin, C., Fatta-Kassinos, D., Cytryn, E., Walsh, F., Bürgmann, H., Sørum, H., Norström, M., Pons, M.-N., Kreuzinger, N., Huovinen, P., Stefani, S., Schwartz, T., Kisand, V., Baquero, F., & Martinez, J. L. (2015). Tackling antibiotic resistance: The environmental framework. *Nature Reviews Microbiology, 13*, 310–317. https://doi.org/10.1038/nrmicro3439

Braun, H. G., Perera, S. R., Tremblay, Y. D. N., & Thomassin, J. L. (2024). Antimicrobial resistance in *Klebsiella pneumoniae*: an overview of common mechanisms and a current Canadian perspective. *Canadian Journal of Microbiology*, *70*(12), 507–528. https://doi.org/10.1139/cjm-2024-0032

Bush, K., & Bradford, P. A. (2020). Epidemiology of β-lactamase-producing pathogens. *Clinical Microbiology Reviews, 33*(2), e00047-19. https://doi.org/10.1128/CMR.00047-19

Cabrera, J., Salazar, A., & Villanueva, A. (2020). Prevalencia de bacterias resistentes a antibióticos en Lima, Perú. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública, 37*(2), 345-350. https://doi.org/10.17843/rpmesp.2020.372.5056

Diwan, V., Hanna, N., Purohit, M., Chandran, S., Riggi, E., Parashar, V., Tamhankar, A. J., & Stålsby Lundborg, C. (2018). Seasonal Variations in Water-Quality, Antibiotic Residues, Resistant Bacteria and Antibiotic Resistance Genes of Escherichia coli Isolates from Water and Sediments of the Kshipra River in Central India. *International Journal of Environmental Research and Public Health, 15*(6), 1281. https://doi.org/10.3390/ijerph15061281

Dulanto Chiang, A., & Dekker, J. P. (2024). Efflux pump-mediated resistance to new beta lactam antibiotics in multidrug-resistant gram-negative bacteria. *Communications Medicine*, *4*, 170. https://doi.org/10.1038/s43856-024-00591-y

Ferro, P., Rossel, J., Ferro-Gonzales, A. L., Morales-Rojas, E., Ticona, E., Guevara, R., & Córdova, L. (2025). Determination of antibiotic resistance genes in the interior bay of Puno-Peru, Lake Titicaca. *Scientifica, 2025*, 5571355. https://doi.org/10.1155/SCI5/5571355

Grenni, P. (2022). Antimicrobial resistance in rivers: A review of the genes detected and new challenges. *Environmental Toxicology and Chemistry, 41*(3), 687–714. https://doi.org/10.1002/etc.5289

Hammad, A. M., Watanabe, W., Fujii, T., & Shimamoto, T. (2021). Occurrence and characteristics of methicillin-resistant Staphylococcus aureus in river water in Japan. *Environmental Science and Pollution Research, 28*(9), 11179-11188. https://doi.org/10.1007/s11356-020-11221-4

Huamán Iturrizaga, M., Salvador-Luján, G., Morales, L., Alba Luna, J., Velasquez Garcia, L., Pacheco Perez, J. D., & Pons, M. J. (2024). Resistencia a cefalosporinas y quinolonas en *Escherichia coli* aisladas de agua de riego del río Rímac en Lima Este, Perú. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública, 41*(2). https://doi.org/10.17843/rpmesp.2024.412.13246

Hooper, D. C., & Jacoby, G. A. (2015). Mechanisms of drug resistance: Quinolone resistance. Annals of the New York *Academy of Sciences, 1354*(1), 12–31. https://doi.org/10.1111/nyas.12830

Interagency Coordination Group on Antimicrobial Resistance. (2019). No time to wait: Securing the future from drug-resistant infections. World Health Organization.

Kümmerer, K. (2009). Antibiotics in the aquatic environment — A review — Part I. *Chemosporghere, 75*(4), 417–434. https://doi.org/10.1016/j.chemosphere.2008.11.086

Leclercq, R., & Courvalin, P. (2002). Resistance to macrolides and related antibiotics in Streptococcus pneumoniae. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy, 46*(9), 2727–2734. https://doi.org/10.1128/AAC.46.9.2727-2734.2002

Martínez, J. L. (2009). Environmental pollution by antibiotics and by antibiotic resistance determinants. *Environmental Pollution, 157*(11), 2893–2902. https://doi.org/10.1016/j.envpol.2009.05.051

Quino, W., & Alvarado, J. (2021). La resistencia antimicrobiana en Perú: un problema de salud pública. Revista de Investigación *Científica y Tecnológica Alpha Centauri, 2*(3), 15–22.

Ranjan, R., Kaur, R., & Kumar, R. (2020). Contamination of freshwater bodies with antibiotic-resistant bacteria: A global perspective. *Environmental Science and Pollution Research, 27*(11), 11543-11556. https://doi.org/10.1007/s11356-020-07903-8

Rizzo, L., Manaia, C., Merlin, C., Schwartz, T., Dagot, C., Ploy, M. C., Michael, I., & Fatta-Kassinos, D. (2013). Urban wastewater treatment plants as hotspots for antibiotic resistant bacteria and genes spread into the environment: A review. *Science of the Total Environment, 447*, 345–360. https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2013.01.032

Rodríguez-Medina, N., Barrios-Camacho, H., & Andrade-Villanueva, J. F. (2021). *Staphylococcus aureus* en el ambiente y la salud humana: Una revisión actualizada. *Revista Médica del Instituto Mexicano del Seguro Social, 59*(4), 299-308. https://doi.org/10.24875/RMIMSS.M20000387

Salazar, E. (2022). Gestión de la resistencia a antibióticos en ambientes acuáticos: desafíos y soluciones. *Journal of Environmental Health, 49*(4), 350-365.

Singer, A. C., Shaw, H., Rhodes, V., & Hart, A. (2016). Review of antimicrobial resistance in the environment and its relevance to environmental regulators. *Frontiers in Microbiology, 7*, 1728. https://doi.org/10.3389/fmicb.2016.01728

World Health Organization. (2019). Global report on surveillance of antimicrobial resistance. WHO.

Organización Mundial de la Salud (OMS). (2022). Global antimicrobial resistance and use surveillance system (GLASS) report: 2022. World Health Organization.

Rodríguez, E. A., & Jiménez-Quiceno, J. N. (2023). Resistencia bacteriana a antibióticos en ambientes acuáticos: origen e implicaciones para la salud pública. *Revista Facultad Nacional de Salud Pública, 41*(3), e351453. https://doi.org/10.17533/udea.rfnsp.e351453

Wright, M., Caswell, M. R., & Cox, G. (2025). Methods for investigating functional interplay between efflux pumps in *Escherichia coli*. *Methods in Enzymology*, *724*, 489–502. https://doi.org/10.1016/bs.mie.2025.10.003

Yanqui-Morales, I., León-Vásquez, R., Saqra, K., DelCha, D., & Aguirre, R. (2024). Estado situacional de la resistencia antibiótica de *E. coli* en la PTAR Escalerilla, Arequipa, Perú. *Revista Facultad de Ingeniería Universidad de Antioquia, 117*, 50–58. https://doi.org/10.17533/udea.redin.20241252

Zheng, S., Li, S., Zhang, D., Zhang, X., Zhou, D., Hou, Q., Li, G., & Han, H. (2025). The mechanisms of antibiotic resistance and drug resistance transmission of Klebsiella pneumoniae. *The Journal of Antibiotics, 78*, 704–716. https://doi.org/10.1038/s41429-025-00860-5