ASCE MAGAZINE ISSN: 3073-1178

Revista ASCE Magazine, Periodicidad: Trimestral, Volumen: 5, Número: 3, Año: 2026 páginas 3219-3237

Doi: https://doi.org/10.70577/asce.v5i3.1112

Recibido: 2026-09-01

Aceptado: 2026-09-15

Publicado: 2026-09-29

Contaminantes emergentes y resistencia antimicrobiana en sistemas acuáticos: revisión sistemática de los mecanismos químicos y microbiológicos involucrados

Emerging contaminants and antimicrobial resistance in aquatic systems: a systematic review of the chemical and microbiological mechanisms involved

Autor(s)

José Gabriel Téllez Romero[1]
josegabriel.tellez@uttt.edu.mx
https://orcid.org/0000-0001-5962-4764
Universidad Tecnológica de Tula -Tepeji
Tula de Allende, Hidalgo - México

Mayerli García Saavedra[2]
mayerligarciasaavedra@gmail.com
https://orcid.org/0000-0003-1443-8225
Corporación Unificada Nacional de Educación Superior - CUN
Bogotá - Colombia

Carlos Alberto Osorio Martínez[3]
carlos.osorio01@ustabuca.edu.co
https://orcid.org/0000-0002-7630-8867
Universidad Santo Tomás (Bucaramanga)
Bucaramanga - Colombia

María Teresa Torres-Mancera[4]
teresa@tesco.edu.mx
https://orcid.org/0000-0002-4517-4456
TecNM - Tecnológico de Estudios Superiores de Coacalco
Estado de México - México

Abrahan Isaac Velasquez Ferrin[5]
avelasquez289@hotmail.com
https://orcid.org/0000-0002-0010-4729
Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí
Manta - Ecuador

Cómo citar

Téllez Romero, J. G., García Saavedra, M., Osorio Martínez, C. A., Torres Mancera, M. T., & Velasquez Ferrin, A. I. (2026). Contaminantes emergentes y resistencia antimicrobiana en sistemas acuáticos: revisión sistemática de los mecanismos químicos y microbiológicos involucrados. *ASCE MAGAZINE*, *5*(3), 3219–3237. https://doi.org/10.70577/asce.v5i3.1112

Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional

Resumen

La resistencia antimicrobiana, ha evolucionado de un problema, asociado principalmente al ámbito clínico, hacia una amenaza ambiental, pues, los ecosistemas acuáticos, reciben de forma continua diversos contaminantes emergentes, que modifican las comunidades microbianas, y favorecen la resistencia antimicrobiana; esta situación ha convertido a ríos, lagos, efluentes hospitalarios, y plantas de tratamiento, en reservorios donde interactúan procesos químicos, y microbiológicos, que contribuyen a la expansión del resistoma ambiental. Por ello, el objetivo fue; analizar la evidencia científica publicada durante los últimos cinco años, sobre la influencia de los contaminantes emergentes, en la resistencia antimicrobiana en sistemas acuáticos, con énfasis en los mecanismos químicos, y microbiológicos involucrados. Se realizó una revisión sistemática de literatura, siguiendo los lineamientos PRISMA 2020, la búsqueda se efectuó en Scopus, Web of Science, y PubMed, considerando artículos publicados entre 2021 y 2025, la selección incluyó procesos de identificación, depuración, cribado, y elegibilidad, mientras que la información recopilada, abarcó contaminantes, genes de resistencia, microorganismos, metodologías, y mecanismos asociados. Los estudios identificaron, a las aguas residuales, y efluentes hospitalarios, como los principales reservorios de resistencia antimicrobiana; los antibióticos residuales, microplásticos, metales pesados, y PFAS, destacaron entre los contaminantes más relevantes; los genes sul, tet, bla, erm, qnr, y mcr, presentaron amplia distribución ambiental; la co-selección, la resistencia cruzada, y la transferencia horizontal de genes, emergieron como los principales mecanismos responsables de la persistencia, y dispersión de la resistencia. La resistencia antimicrobiana en sistemas acuáticos resulta de una interacción compleja, entre contaminantes emergentes, comunidades microbianas, y elementos genéticos móviles.

Palabras clave: Contaminación, Eliminación de desechos, Medio ambiente acuático, Microbiología, Procesos químicos

Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional

Abstract

Antimicrobial resistance has evolved from a problem primarily associated with clinical settings into an environmental threat; aquatic ecosystems continuously receive various emerging contaminants that alter microbial communities and foster antimicrobial resistance. This situation has transformed rivers, lakes, hospital effluents, and treatment plants into reservoirs where chemical and microbiological processes interact, contributing to the expansion of the environmental resistome. Therefore, the objective was to analyze scientific evidence published over the last five years regarding the influence of emerging contaminants on antimicrobial resistance in aquatic systems, with an emphasis on the chemical and microbiological mechanisms involved. A systematic literature review was conducted following PRISMA 2020 guidelines; searches were performed in Scopus, Web of Science, and PubMed, covering articles published between 2021 and 2025. The selection process included identification, refinement, screening, and eligibility assessment, while the data collected encompassed contaminants, resistance genes, microorganisms, methodologies, and associated mechanisms. Studies identified wastewater, and hospital effluents as the primary reservoirs of antimicrobial resistance; residual antibiotics, microplastics, heavy metals, and PFAS stood out among the most significant contaminants; sul, tet, bla, erm, qnr, and mcr genes showed widespread environmental distribution; and co-selection, cross-resistance, and horizontal gene transfer emerged as the key mechanisms driving the persistence, and dissemination of resistance. Antimicrobial resistance in aquatic systems results from a complex interaction between emerging contaminants, microbial communities, and mobile genetic elements.

Keywords: Pollution, Waste disposal, Aquatic environment, Microbiology, Chemical processes

Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional

Introducción

La resistencia antimicrobiana, ha dejado de ser un problema circunscrito al ámbito clínico, para convertirse en un fenómeno ambiental, de alcance global (Larsson & Flach, 2022). Durante los últimos años, la evidencia científica ha demostrado que, los ecosistemas acuáticos desempeñan un papel decisivo, en la emergencia, persistencia, y dispersión de bacterias resistentes, y genes de resistencia antimicrobiana (ARGs) (Sassi et al., 2025). Ríos, lagos, estuarios, aguas residuales urbanas, y efluentes hospitalarios, reciben de manera continua una mezcla compleja de sustancias químicas, capaces de alterar las dinámicas microbianas, y favorecer procesos de selección, que incrementan la resistencia en el ambiente (O'Dwyer et al., 2026).

Esta realidad, ha impulsado una transformación, en la manera de comprender la resistencia antimicrobiana. Ya no resulta suficiente, analizar el uso excesivo de antibióticos, como único detonante del problema (Muteeb et al., 2023). Investigaciones recientes sugieren que, diversos contaminantes emergentes, entre ellos residuos farmacéuticos, microplásticos, metales pesados, pesticidas, y compuestos químicos, de uso industrial, pueden ejercer presiones selectivas, capaces de favorecer la supervivencia de microorganismos resistentes, incluso en condiciones donde la presencia de antibióticos es limitada (Choi et al., 2013; Raju et al., 2025). En consecuencia, los cuerpos de agua, han comenzado a reconocerse como reservorios dinámicos de resistencia, donde factores químicos, y microbiológicos interactúan de forma simultánea (Sole et al., 2025). Esta exposición continua, puede inducir mecanismos adaptativos, que favorecen la proliferación de genes resistentes, y su transferencia entre distintas especies bacterianas (Galgano et al., 2025).

Diversos estudios han documentado que, las aguas residuales, constituyen uno de los principales, puntos de convergencia entre contaminantes emergentes, y resistencia antimicrobiana, especialmente debido a la coexistencia de antibióticos, microplásticos, y metales pesados, en un mismo entorno (Balta et al., 2025; Piergiacomo et al., 2022).

Desde una perspectiva microbiológica, la complejidad del fenómeno, radica en la capacidad de los microorganismos, para intercambiar material genético, a través de mecanismos de transferencia horizontal (Emamalipour et al., 2020). Plásmidos, integrones, transposones, y otros elementos genéticos móviles, facilitan la movilización de genes de resistencia, dentro de las comunidades bacterianas, presentes en ambientes acuáticos (Ali et al., 2024). La formación de biopelículas, añade otro nivel de complejidad, ya que crea microhábitats, que favorecen el intercambio genético,

Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional

y aumentan la tolerancia, frente a distintos agentes químicos (Wang et al., 2023). Este escenario explica, por qué determinados ecosistemas acuáticos funcionan como puntos críticos, para la evolución, y propagación de la resistencia antimicrobiana (Alfahl et al., 2024; Olivares-Pacheco et al., 2023).

Paralelamente, la literatura reciente, ha comenzado a prestar atención a los mecanismos de co-selección y resistencia cruzada, estos procesos ocurren cuando, sustancias distintas a los antibióticos, generan respuestas adaptativas, que terminan favoreciendo la persistencia de genes resistentes (Sánchez-Corona et al., 2025). En particular, la interacción entre contaminantes químicos, y microorganismos, ha revelado relaciones, más estrechas de lo que se pensaba hace apenas una década (Meyer-Dombard et al., 2020). La exposición simultánea a metales pesados, microplásticos, y residuos farmacéuticos, puede incrementar la abundancia de ARGs, y reforzar la estructura del resistoma ambiental, incluso en ecosistemas alejados de fuentes directas de contaminación clínica (Du et al., 2026).

A pesar, del notable crecimiento de las investigaciones, sobre esta temática, el conocimiento permanece fragmentado. Una parte importante de los estudios, se concentra en contaminantes específicos, o en determinados ecosistemas acuáticos, mientras que, otros analizan únicamente componentes microbiológicos, o aspectos químicos aislados (Sehnal et al., 2021). Esta dispersión, dificulta la comprensión integral de los procesos, que vinculan los contaminantes emergentes con la selección, mantenimiento, y dispersión de la resistencia antimicrobiana. Además, las diferencias metodológicas, entre investigaciones limitan la posibilidad, de establecer conclusiones generales acerca de los factores, que ejercen una influencia más significativa sobre estos fenómenos (Singh et al., 2024).

Frente a este contexto, resulta pertinente desarrollar, una revisión sistemática de la literatura científica publicada, durante los últimos cinco años, que sintetice la evidencia disponible sobre la relación, entre contaminantes emergentes, y resistencia antimicrobiana en sistemas acuáticos. Ya que, un análisis integrador, permite no solo identificar los contaminantes, más frecuentemente asociados con la proliferación de ARGs, sino también comprender los mecanismos químicos, y microbiológicos que, explican dicha asociación (Wu et al., 2025).

Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional

Material y métodos

La investigación se desarrolló, mediante una revisión sistemática de la literatura, siguiendo los lineamientos establecidos, por la declaración PRISMA 2020, con el propósito de analizar, la evidencia científica reciente, sobre la relación, entre los contaminantes emergentes, y la resistencia antimicrobiana, en sistemas acuáticos. Este enfoque permitió identificar, seleccionar, y sintetizar de manera rigurosa los estudios, más relevantes publicados durante los últimos cinco años, garantizando transparencia, y reproducibilidad en el proceso de revisión.

La búsqueda bibliográfica, se realizó en las bases de datos Scopus, Web of Science, y PubMed. Se consideraron únicamente artículos publicados, entre 2021 y 2025, escritos en inglés o español, con DOI verificable, y acceso al texto completo. La estrategia de búsqueda combinó términos relacionados con; contaminantes emergentes, resistencia antimicrobiana, y ecosistemas acuáticos, mediante operadores booleanos.

El proceso de selección siguió las cuatro etapas propuestas por PRISMA: identificación, depuración, cribado, y elegibilidad. En una primera fase, se recuperaron todos los registros potencialmente relevantes. Posteriormente, se eliminaron los documentos duplicados, y se revisaron títulos, y resúmenes, para verificar su pertinencia. Finalmente, los artículos seleccionados, fueron evaluados a texto completo, según criterios previamente definidos de inclusión, y exclusión, priorizando investigaciones centradas en contaminantes emergentes, genes de resistencia antimicrobiana, y ambientes acuáticos.

La información extraída de cada estudio incluyó datos sobre autores, año de publicación, ecosistema analizado, contaminantes identificados, microorganismos estudiados, genes de resistencia reportados, metodologías empleadas, y principales hallazgos. Además, se registraron los mecanismos químicos, y microbiológicos, descritos por los autores, para explicar la selección, y propagación de la resistencia antimicrobiana.

La calidad metodológica, de los estudios fue evaluada, mediante criterios relacionados con la claridad de los objetivos, la consistencia de los métodos de muestreo, la validez de las técnicas analíticas, y la solidez de los resultados.

Finalmente, la evidencia recopilada, fue analizada mediante una síntesis narrativa temática, se examinaron los mecanismos químicos, asociados a procesos de co-selección, y resistencia cruzada,

Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional

junto con mecanismos microbiológicos, como la transferencia horizontal de genes, la conjugación bacteriana, y la formación de biopelículas.

Resultados

La aplicación del protocolo PRISMA 2020, permitió identificar una producción científica creciente, sobre la interacción entre contaminantes emergentes, y resistencia antimicrobiana, en ambientes acuáticos (Tabla 1). La mayor parte de los estudios seleccionados se concentró en aguas residuales municipales, efluentes hospitalarios, ríos receptores, y plantas de tratamiento de aguas residuales, considerados actualmente como, los principales reservorios ambientales de ARGs, y bacterias resistentes. Los trabajos analizados, coinciden en señalar que estos sistemas, reciben mezclas complejas de antibióticos, metales pesados, microplásticos, y otros contaminantes, capaces de modificar la estructura de las comunidades microbianas, y favorecer la selección, de microorganismos resistentes.

Desde una perspectiva metodológica, predominó el uso de técnicas moleculares avanzadas, pues, la qPCR, la secuenciación metagenómica, y los estudios del resistoma ambiental, fueron las herramientas, más empleadas para detectar ARGs, y caracterizar los mecanismos de transferencia genética. Esta tendencia refleja, una transición desde los métodos exclusivamente basados en cultivo, hacia enfoques, capaces de identificar microorganismos no cultivables, y comunidades microbianas complejas, presentes en matrices ambientales.

Tabla 1.

Caracterización general de la evidencia científica.

Variable analizada	Resultado predominante
Periodo analizado	2021-2025
Ecosistemas estudiados	Aguas residuales, efluentes hospitalarios, ríos, lagos, y estuarios
Métodos más utilizados	qPCR, PCR, metagenómica, y secuenciación de nueva generación
Organismos más reportados	*Escherichia coli, Pseudomonas* spp., y *Enterococcus spp*.
Enfoque principal	Detección de ARGs, y evaluación de contaminantes emergentes
Regiones con mayor producción científica	Asia, Europa, y Norteamérica

Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional

La evidencia recopilada (Tabla 2), muestra que los antibióticos residuales, continúan siendo los contaminantes, más frecuentemente asociados con procesos de resistencia antimicrobiana, sin embargo, la literatura reciente, revela una ampliación notable del foco de investigación. Los microplásticos, los metales pesados, las sustancias perfluoroalquiladas (PFAS), los pesticidas, y diversos compuestos farmacéuticos, comenzaron a recibir una atención creciente, debido a su capacidad para actuar, como agentes de selección indirecta.

Los microplásticos, destacaron como uno de los contaminantes, con mayor incremento de interés científico, numerosos estudios, describieron la denominada “plastisfera”, una comunidad microbiana, que se desarrolla sobre la superficie de partículas plásticas suspendidas en el agua. Estas estructuras, proporcionan refugio a bacterias resistentes, y facilitan la acumulación, de elementos genéticos móviles. En consecuencia, los microplásticos, no solo transportan microorganismos a largas distancias, sino que también, crean condiciones favorables para el intercambio de genes de resistencia.

Por otro lado, los metales pesados, aparecieron como uno de los factores, más consistentemente relacionados con procesos de co-selección; la exposición a cobre, zinc, mercurio, cadmio, y cromo puede favorecer poblaciones bacterianas, portadoras de genes de resistencia, debido a que muchos de estos genes, comparten elementos genéticos, con determinantes de resistencia antimicrobiana, esta interacción, genera una ventaja adaptativa, incluso cuando no existen, concentraciones elevadas de antibióticos en el ambiente.

Tabla 2.

Contaminantes emergentes identificados, y mecanismos asociados.

Contaminante emergente	Frecuencia de reporte	Mecanismo predominante	Consecuencia observada
Antibióticos residuales	Muy alta	Presión selectiva directa	Incremento de ARGs
Microplásticos	Alta	Formación de biopelículas, y transporte microbiano	Dispersión de bacterias resistentes
Metales pesados	Alta	Co-selección genética	Persistencia del resistoma
PFAS	Moderada	Alteración de comunidades microbianas	Adaptación bacteriana
Pesticidas	Moderada	Estrés ambiental crónico	Selección indirecta

Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional

Fármacos no antibióticos	Moderada	Exposición subletal continua	Mantenimiento de ARGs

Uno de los hallazgos, más consistentes de la revisión, corresponde a la elevada diversidad genética, detectada en los ambientes acuáticos. Aunque se identificaron numerosos ARGs, ciertas familias génicas, aparecieron de forma recurrente, independientemente de la región geográfica, o del ecosistema estudiado.

En la tabla 3, los genes sul1, y sul2, relacionados con resistencia a sulfonamidas, fueron los más frecuentes en aguas residuales, y plantas de tratamiento. De manera similar, los genes tetA, tetM, y otros representantes de la familia tet, presentaron una amplia distribución en ríos, lagos, y efluentes urbanos, su abundancia refleja, la persistencia ambiental de compuestos antibióticos, ampliamente utilizados tanto en medicina humana, como veterinaria.

La familia bla, especialmente blaTEM, y blaCTX-M, estuvo asociada con resistencia a betalactámicos, y constituyó uno de los hallazgos de mayor preocupación, debido a su relevancia clínica, asimismo, los genes ermB, qnrS, y mcr-1, mostraron una presencia significativa. Este último, reviste especial interés porque confiere resistencia a la colistina, considerada uno de los antibióticos, de último recurso disponibles, para el tratamiento de infecciones graves.

Tabla 3.

Principales genes de resistencia antimicrobiana identificados en el estudio.

Gen	Grupo antimicrobiano asociado	Importancia ambiental
sul1, sul2	Sulfonamidas	Muy alta
tetA, tetM	Tetraciclinas	Muy alta
blaTEM, blaCTX-M	Betalactámicos	Alta
ermB	Macrólidos	Moderada
qnrS	Fluoroquinolonas	Moderada
mcr-1	Colistina	Alta relevancia sanitaria

La síntesis de la evidencia indica que, los mecanismos químicos asociados a la resistencia antimicrobiana resultan considerablemente, más complejos que la simple exposición a antibióticos, los trabajos analizados, señalan tres procesos principales: co-selección, resistencia cruzada, y adaptación inducida, por estrés ambiental (Figura 1).

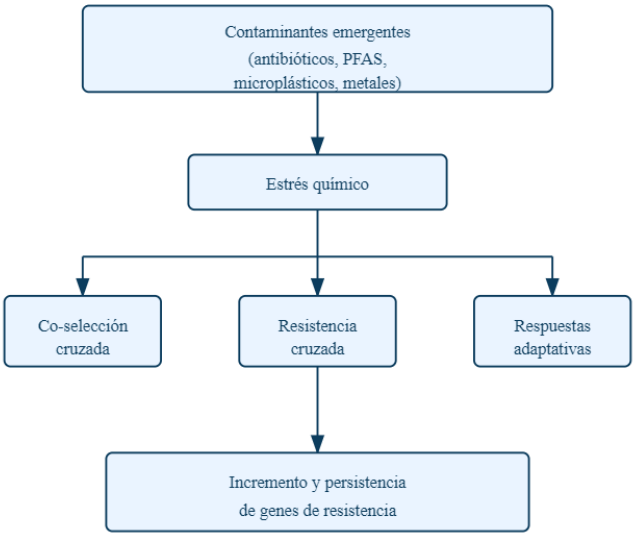
Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional

La co-selección, emergió como el mecanismo dominante, este fenómeno ocurre cuando diferentes genes adaptativos, se encuentran físicamente asociados, dentro de un mismo plásmido, integrón, o transposón, en consecuencia, la exposición a contaminantes, como metales pesados, o microplásticos puede favorecer simultáneamente, genes de resistencia antimicrobiana, aun en ausencia de antibióticos, diversos estudios identificaron este patrón, en sistemas acuáticos sometidos a descargas industriales, y urbanas.

La resistencia cruzada, también apareció de forma recurrente. Las bacterias expuestas a determinadas sustancias químicas desarrollan mecanismos fisiológicos, que les permiten tolerar compuestos distintos. Entre ellos, destacan las bombas de eflujo, la modificación de membranas celulares, y las respuestas oxidativas adaptativas. Estos sistemas de defensa terminan proporcionando protección, frente a varios contaminantes, y antibióticos de manera simultánea.

Figura 1.

Mecanismos químicos asociados a la selección de resistencia.



Los resultados muestran que, la transferencia horizontal de genes (Figura 2), constituye el principal mecanismo responsable de la expansión, de la resistencia antimicrobiana en los sistemas acuáticos. A diferencia de la herencia vertical, este proceso permite que, microorganismos pertenecientes a especies distintas, intercambien información genética, bajo condiciones ambientales favorables.

La conjugación apareció, como el mecanismo predominante. Numerosos estudios, reportaron la transferencia de plásmidos portadores de múltiples ARGs, entre bacterias presentes en aguas

Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional

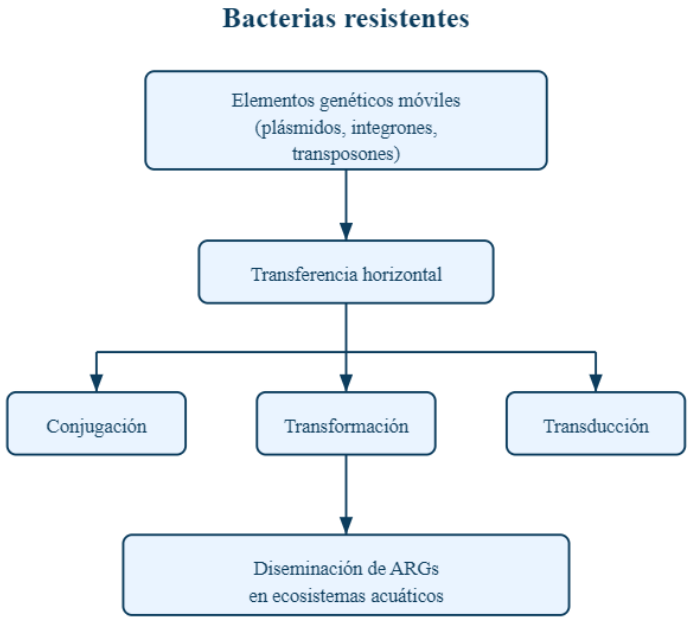
residuales, y cuerpos de agua receptores. La transformación, y la transducción, también fueron registradas, aunque con menor frecuencia. Estas rutas complementarias, contribuyen a incrementar la diversidad genética, de las poblaciones bacterianas, y favorecen la rápida propagación, de determinantes de resistencia.

Además, los integrones, y transposones, desempeñaron un papel central, en la reorganización, y movilización de genes adaptativos. Los estudios coinciden, en señalar que estos elementos funcionan como plataformas genéticas, capaces de capturar, almacenar, y transferir ARGs, entre microorganismos ambientalmente relevantes.

Las biopelículas, merecen una consideración especial. La evidencia indica que, estas estructuras incrementan la proximidad física, entre bacterias, favorecen el intercambio genético, y ofrecen protección frente a los factores ambientales adversos. Los microplásticos, sobresalen como sustratos ideales, para la formación de estas comunidades complejas, lo que incrementa su papel en la diseminación de la resistencia (Tabla 4).

Figura 2.

Dinámica microbiológica de propagación de ARGs.



Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional

Tabla 4.

Mecanismos microbiológicos identificados.

Mecanismo	Función principal	Relevancia
Conjugación	Transferencia directa de plásmidos	Muy alta
Transformación	Incorporación de ADN ambiental	Moderada
Transducción	Transferencia mediante bacteriófagos	Moderada
Integrones	Captura de genes adaptativos	Alta
Transposones	Movilización genética	Alta
Biopelículas	Facilitan intercambio de ARGs	Muy alta

La revisión reveló, importantes brechas científicas. La primera corresponde a la limitada disponibilidad, de estudios realizados en América Latina, África y regiones tropicales. Esta situación reduce la representatividad global, de la evidencia disponible, y dificulta comprender la dinámica de la resistencia antimicrobiana, en ecosistemas con características ambientales diferentes.

También se identificó, una considerable heterogeneidad metodológica. Las diferencias en protocolos de muestreo, cuantificación de genes, y análisis del resistoma limitan la comparabilidad entre estudios. Esta variabilidad representa, uno de los principales obstáculos, para desarrollar marcos predictivos robustos, acerca de la evolución de la resistencia antimicrobiana en el ambiente.

Discusión

Los resultados obtenidos confirman que, la resistencia antimicrobiana en sistemas acuáticos constituye un fenómeno, mucho más complejo que la simple presencia de residuos de antibióticos. La evidencia recopilada, mostró que distintos contaminantes emergentes, participan de manera simultánea en procesos de selección, mantenimiento, y dispersión de genes, de resistencia antimicrobiana. Esta tendencia coincide con lo señalado por Harirchi et al. (2026), quienes argumentan que, las plantas de tratamiento de aguas residuales, funcionan como puntos de

Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional

convergencia entre antibióticos, metales pesados, y microplásticos, lo que favorece fenómenos de co-selección, y resistencia cruzada. Asimismo, Gomes (2024) sostiene que, las matrices acuáticas contaminadas, generan condiciones propicias para la persistencia de bacterias resistentes, incluso cuando las concentraciones de antibióticos, resultan relativamente bajas. En conjunto, estas observaciones, respaldan la idea de que la presión selectiva ambiental, responde a la interacción de múltiples factores químicos, y microbiológicos, más que a una única fuente de contaminación.

Uno de los hallazgos, más relevantes de esta revisión fue la elevada frecuencia con la que los microplásticos, aparecen asociados a mecanismos de propagación, de la resistencia antimicrobiana. Los estudios analizados sugieren que, estas partículas no solo actúan como contaminantes físicos, sino que también constituyen, hábitats favorables para el desarrollo de biopelículas, y el establecimiento de comunidades bacterianas complejas. Esta interpretación, coincide con los planteamientos de Thin et al. (2025), quienes observaron alteraciones significativas, en la composición microbiana, y en diversas rutas metabólicas, tras la exposición a microplásticos, además de cambios en microorganismos, con capacidad adaptativa frente al estrés ambiental. De forma similar, Tu et al. (2023) identificaron modificaciones en la estructura, y funcionalidad del microbioma, asociadas a la exposición de partículas plásticas, lo que sugiere que estas superficies, pueden desempeñar un papel relevante, en la circulación de genes resistentes a través de distintos ecosistemas acuáticos. Las evidencias disponibles, permiten considerar a los microplásticos, como uno de los contaminantes emergentes, con mayor potencial, para influir en la dinámica futura del resistoma ambiental.

Respecto a los genes de resistencia antimicrobiana, la predominancia de las familias sul, tet, bla, erm, y qnr, coincide con patrones descritos, previamente en otros contextos ambientales. Raza et al. (2022) reportaron, una elevada abundancia de genes relacionados, con sulfonamidas, y tetraciclinas, en sistemas acuáticos vinculados a aguas residuales, mientras que Davidova-Gerzova et al. (2023) identificaron, una distribución similar en efluentes urbanos, y hospitalarios. Estos hallazgos sugieren que, ciertos genes han alcanzado, una amplia dispersión debido a décadas de presión selectiva, asociada al uso intensivo de antimicrobianos, en medicina humana, producción animal, y actividades agrícolas. Desde esta perspectiva, los ecosistemas acuáticos, no parecen comportarse únicamente, como receptores pasivos de contaminación, sino también, como reservorios activos donde estos determinantes genéticos persisten, y evolucionan.

Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional

La revisión también permitió, reconocer la importancia de la transferencia horizontal de genes, como principal mecanismo microbiológico de propagación. Los resultados obtenidos coinciden, con las observaciones de Domingues et al. (2025), quienes destacan el papel de los plásmidos, integrones, y transposones, en la movilización de genes resistentes, entre bacterias filogenéticamente distintas. Del mismo modo, Mutalipassi et al. (2021) argumentan que, los ambientes acuáticos, favorecen conexiones ecológicas, capaces de facilitar el intercambio genético, entre microorganismos procedentes de diferentes compartimentos ambientales. Esta convergencia de evidencias refuerza la necesidad de considerar la transferencia horizontal, como uno de los procesos centrales, en la expansión global de la resistencia antimicrobiana.

Otro aspecto, que merece atención corresponde a los mecanismos de co-selección, observados en asociación, con metales pesados, y otros contaminantes no antibióticos. Diversos estudios recientes, indican que, los genes responsables de la tolerancia a metales, pueden localizarse junto a ARGs, dentro de los mismos elementos genéticos móviles, lo que incrementa la probabilidad de persistencia simultánea, de ambos rasgos adaptativos (Bharadava et al., 2026; Raju et al., 2025). Esta situación, resulta especialmente preocupante, porque amplía el número de agentes capaces de favorecer la resistencia antimicrobiana. Desde una perspectiva ambiental, la reducción exclusiva, de residuos antibióticos podría resultar insuficiente, si otros contaminantes continúan, ejerciendo presiones selectivas equivalentes sobre las comunidades microbianas.

A pesar de los avances observados, la literatura actual, presenta limitaciones importantes. Una de las más evidentes, corresponde a la escasa representación de ecosistemas acuáticos pertenecientes a América Latina, África, y otras regiones tropicales. La mayoría de las investigaciones continúa concentrándose en Asia, Europa, y Norteamérica, situación que restringe la comprensión integral, del fenómeno a escala global. Además, las diferencias metodológicas, entre estudios dificultan la comparación directa de resultados, y limitan la construcción, de modelos predictivos robustos sobre la evolución del resistoma ambiental. Beltrán De Heredia et al. (2025) señalan que, existe una considerable heterogeneidad, en los métodos de detección de resistencia antimicrobiana, en ambientes acuáticos, aspecto que continúa siendo uno de los principales desafíos, para las investigaciones futuras.

Finalmente, los hallazgos obtenidos, respaldan el enfoque One Health, como marco conceptual apropiado para abordar este problema. La evidencia demuestra que la resistencia antimicrobiana, emerge de la interacción continua, entre actividades humanas, contaminantes ambientales, y

Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional

comunidades microbianas. En consecuencia, cualquier estrategia, orientada a reducir su propagación deberá, integrar acciones de vigilancia ambiental, control de contaminantes emergentes, y monitoreo molecular, de genes resistentes. Desde esta perspectiva, la gestión sostenible de los sistemas acuáticos ya no constituye únicamente un objetivo ambiental, sino una necesidad prioritaria, para la protección de la salud pública a largo plazo.

Conclusiones

La evidencia científica reciente, indica que la resistencia antimicrobiana en sistemas acuáticos responde a la interacción de múltiples factores ambientales, y microbiológicos, más allá de la presencia exclusiva de antibióticos. Contaminantes emergentes, como microplásticos, metales pesados, PFAS, y residuos farmacéuticos, favorecen procesos de selección, y persistencia de genes de resistencia, lo que convierte a los ecosistemas acuáticos, en reservorios relevantes para la diseminación del resistoma ambiental.

Los genes sul, tet, bla, erm, qnrm y mcrm se identificaron, entre los marcadores de resistencia más frecuentes en aguas residuales, efluentes hospitalarios, y cuerpos de agua superficiales. Su amplia distribución, refleja la capacidad de estos ambientes, para actuar como espacios de acumulación, e intercambio genético, especialmente cuando existen elementos móviles, como plásmidos, integrones, y transposones.

Los resultados también evidencian que, la co-selección, la resistencia cruzada, y la transferencia horizontal de genes, constituyen mecanismos clave, en la propagación de la resistencia antimicrobiana. En consecuencia, el fenómeno debe abordarse, desde una perspectiva integrada que relacione química ambiental, microbiología, y salud pública, en concordancia con los principios del enfoque One Health.

Como proyección futura, resulta conveniente impulsar investigaciones, que integren análisis metagenómicos, monitoreo de contaminantes emergentes, y evaluación del resistoma en regiones aún poco estudiadas, particularmente en América Latina.

Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional

Referencias bibliográficas

Alfahl, Z., Chueiri, A., Carolan, S., Darcy, G., Hussain, N., Cahill, N., & O'Connor, L. (2024). Antimicrobial resistance detection methods in water environments: A scoping review. *Sustainable Microbiology*, *1*(1), qvae034. https://doi.org/10.1093/sumbio/qvae034

Ali, N., Ali, I., Din, A. U., Akhtar, K., He, B., & Wen, R. (2024). Integrons in the Age of Antibiotic Resistance: Evolution, Mechanisms, and Environmental Implications: A Review. *Microorganisms*, *12*(12), 2579. https://doi.org/10.3390/microorganisms12122579

Balta, I., Lemon, J., Gadaj, A., Cretescu, I., Stef, D., Pet, I., Stef, L., McCleery, D., Douglas, A., & Corcionivoschi, N. (2025). The interplay between antimicrobial resistance, heavy metal pollution, and the role of microplastics. *Frontiers in Microbiology*, *16*, 1550587. https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1550587

Beltrán De Heredia, I., Alkorta, I., Garbisu, C., & Ruiz-Romera, E. (2025). A Practical Framework for Environmental Antibiotic Resistance Monitoring in Freshwater Ecosystems. *Antibiotics*, *14*(8), 840. https://doi.org/10.3390/antibiotics14080840

Bharadava, K., Makarani, N., & Kaushal, R. S. (2026). Co-selection of antimicrobial and heavy metal resistance in aquatic microbial communities at the water interface. *Environmental Geochemistry and Health*, *48*(8), 362. https://doi.org/10.1007/s10653-026-03254-0

Choi, Y., Agarwal, S., & Deane, C. M. (2013). How long is a piece of loop? *PeerJ*, *1*, e1. https://doi.org/10.7717/peerj.1

Davidova-Gerzova, L., Lausova, J., Sukkar, I., Nesporova, K., Nechutna, L., Vlkova, K., Chudejova, K., Krutova, M., Palkovicova, J., Kaspar, J., & Dolejska, M. (2023). Hospital and community wastewater as a source of multidrug-resistant ESBL-producing Escherichia coli. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, *13*, 1184081. https://doi.org/10.3389/fcimb.2023.1184081

Domingues, C. P. F., Rebelo, J. S., Dionisio, F., & Nogueira, T. (2025). Plasmid Genomic Dynamics and One Health: Drivers of Antibiotic Resistance and Pathogenicity. *Pathogens*, *14*(10), 1054. https://doi.org/10.3390/pathogens14101054

Du, J., Du, J., Qiu, L., Zhou, Q., Jin, M., Chen, J., & Wu, W. (2026). The vector effect of microplastics and nanoplastics: Co-transport and ecological risks of chemical pollutants

Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional

and antibiotic resistance genes in the soil-water continuum. *Drug and Chemical Toxicology*, 1-26. https://doi.org/10.1080/01480545.2026.2717208

Emamalipour, M., Seidi, K., Zununi Vahed, S., Jahanban-Esfahlan, A., Jaymand, M., Majdi, H., Amoozgar, Z., Chitkushev, L. T., Javaheri, T., Jahanban-Esfahlan, R., & Zare, P. (2020). Horizontal Gene Transfer: From Evolutionary Flexibility to Disease Progression. *Frontiers in Cell and Developmental Biology*, *8*, 229. https://doi.org/10.3389/fcell.2020.00229

Galgano, M., Pellegrini, F., Catalano, E., Capozzi, L., Del Sambro, L., Sposato, A., Lucente, M. S., Vasinioti, V. I., Catella, C., Odigie, A. E., Tempesta, M., Pratelli, A., & Capozza, P. (2025). Acquired Bacterial Resistance to Antibiotics and Resistance Genes: From Past to Future. *Antibiotics*, *14*(3), 222. https://doi.org/10.3390/antibiotics14030222

Gomes, M. P. (2024). The Convergence of Antibiotic Contamination, Resistance, and Climate Dynamics in Freshwater Ecosystems. *Water*, *16*(18), 2606. https://doi.org/10.3390/w16182606

Harirchi, S., Lak, M., Dalkilic, K., Ningsih, L. M., Ozturk, A. B., Akan, A. P., Canh, N. D., Taherzadeh, M. J., & Kumar, G. (2026). Impact of emerging contaminants on inhibited steady-state anaerobic digestion: A review of the fate and degradation characteristics of antibiotics, PFAS, and microplastics. *Reviews in Environmental Science and Bio/Technology*, *25*(2), 32. https://doi.org/10.1007/s11157-026-09779-1

Larsson, D. G. J., & Flach, C.-F. (2022). Antibiotic resistance in the environment. *Nature Reviews Microbiology*, *20*(5), 257-269. https://doi.org/10.1038/s41579-021-00649-x

Meyer-Dombard, D. R., Bogner, J. E., & Malas, J. (2020). A Review of Landfill Microbiology and Ecology: A Call for Modernization With 'Next Generation' Technology. *Frontiers in Microbiology*, *11*, 1127. https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01127

Mutalipassi, M., Riccio, G., Mazzella, V., Galasso, C., Somma, E., Chiarore, A., De Pascale, D., & Zupo, V. (2021). Symbioses of Cyanobacteria in Marine Environments: Ecological Insights and Biotechnological Perspectives. *Marine Drugs*, *19*(4), 227. https://doi.org/10.3390/md19040227

Muteeb, G., Rehman, M. T., Shahwan, M., & Aatif, M. (2023). Origin of Antibiotics and Antibiotic Resistance, and Their Impacts on Drug Development: A Narrative Review. *Pharmaceuticals*, *16*(11), 1615. https://doi.org/10.3390/ph16111615

Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional

O'Dwyer, J., Hynds, P. D., Hooban, B., Ryan, M., & Burke, L. P. (2026). Editorial: Antimicrobial resistance in aquatic environments — Bridging surveillance, ecology, and one health action. *One Health*, *22*, 101421. https://doi.org/10.1016/j.onehlt.2026.101421

Olivares-Pacheco, J., Marti, E., Rodríguez-Rubio, L., & Calero-Cáceres, W. (2023). Editorial: Antimicrobial resistance in aquatic environments, volume II. *Frontiers in Microbiology*, *14*, 1211464. https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1211464

Piergiacomo, F., Brusetti, L., & Pagani, L. (2022). Understanding the Interplay between Antimicrobial Resistance, Microplastics and Xenobiotic Contaminants: A Leap towards One Health? *International Journal of Environmental Research and Public Health*, *20*(1), 42. https://doi.org/10.3390/ijerph20010042

Raju, N. P., Dhanorkar, M., & Singh, P. (2025). The interplay between antimicrobial resistance genes and emerging contaminants in wastewater treatment plants: Key players in One Health. *Annals of Microbiology*, *75*(1), 28. https://doi.org/10.1186/s13213-025-01814-w

Raza, S., Shin, H., Hur, H.-G., & Unno, T. (2022). Higher abundance of core antimicrobial resistant genes in effluent from wastewater treatment plants. *Water Research*, *208*, 117882. https://doi.org/10.1016/j.watres.2021.117882

Sánchez-Corona, C. G., Gonzalez-Avila, L. U., Hernández-Cortez, C., Rojas-Vargas, J., Castro-Escarpulli, G., & Castelán-Sánchez, H. G. (2025). Impact of Heavy Metal and Resistance Genes on Antimicrobial Resistance: Ecological and Public Health Implications. *Genes*, *16*(6), 625. https://doi.org/10.3390/genes16060625

Sassi, A., Basher, N. S., Kirat, H., Meradji, S., Ibrahim, N. A., Idres, T., & Touati, A. (2025). The Role of the Environment (Water, Air, Soil) in the Emergence and Dissemination of Antimicrobial Resistance: A One Health Perspective. *Antibiotics*, *14*(8), 764. https://doi.org/10.3390/antibiotics14080764

Sehnal, L., Brammer-Robbins, E., Wormington, A. M., Blaha, L., Bisesi, J., Larkin, I., Martyniuk, C. J., Simonin, M., & Adamovsky, O. (2021). Microbiome Composition and Function in Aquatic Vertebrates: Small Organisms Making Big Impacts on Aquatic Animal Health. *Frontiers in Microbiology*, *12*, 567408. https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.567408

Singh, A., Pratap, S. G., & Raj, A. (2024). Occurrence and dissemination of antibiotics and antibiotic resistance in aquatic environment and its ecological implications: A review.

Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional

Environmental Science and Pollution Research, *31*(35), 47505-47529. https://doi.org/10.1007/s11356-024-34355-x

Sole, E., Trinchera, M., De Gaetano, S., Midiri, A., Piccolo, G., Mancuso, G., Schepici, G., & Biondo, C. (2025). The Paradox of Healthcare in the 'Superbugs' Era: Current Challenges and Future Directions. *Pathogens*, *14*(12), 1199. https://doi.org/10.3390/pathogens14121199

Thin, Z. S., Chew, J., Ong, T. Y. Y., Raja Ali, R. A., & Gew, L. T. (2025). Impact of microplastics on the human gut microbiome: A systematic review of microbial composition, diversity, and metabolic disruptions. *BMC Gastroenterology*, *25*(1), 583. https://doi.org/10.1186/s12876-025-04140-2

Tu, P., Xue, J., Niu, H., Tang, Q., Mo, Z., Zheng, X., Wu, L., Chen, Z., Cai, Y., & Wang, X. (2023). Deciphering Gut Microbiome Responses upon Microplastic Exposure via Integrating Metagenomics and Activity-Based Metabolomics. *Metabolites*, *13*(4), 530. https://doi.org/10.3390/metabo13040530

Wang, X., Liu, M., Yu, C., Li, J., & Zhou, X. (2023). Biofilm formation: Mechanistic insights and therapeutic targets. *Molecular Biomedicine*, *4*(1), 49. https://doi.org/10.1186/s43556-023-00164-w

Wu, Z., Shao, X., & Wang, Q. (2025). Antibiotics and Antibiotic Resistance Genes in the Environment: Dissemination, Ecological Risks, and Remediation Approaches. *Microorganisms*, *13*(8), 1763. https://doi.org/10.3390/microorganisms13081763

Conflicto de intereses:

Los autores declaran que no existe conflicto de interés posible.

Financiamiento:

No existió asistencia financiera de partes externas al presente artículo.

Agradecimiento:

N/A

Nota:

El artículo no es producto de una publicación anterior.

Esta obra está bajo una Licencia Creative Commons Atribución-No Comercial-Compartir Igual 4.0 Internacional