

Antimicrobial resistance in drinking water systems: a systematic review

Resistencia antimicrobiana en los sistemas de agua potable: una revisión sistemática

Arianna Lilibeth Molina Salcedo¹  , Andrés Francisco Orbea Fernández¹  

¹Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ambato, Ecuador.

Received: 20-01-2024

Revised: 14-05-2024

Accepted: 25-12-2024

Published: 26-12-2024

How to Cite: Molina Salcedo AL, Orbea Fernández AF. Antimicrobial resistance in drinking water systems: a systematic review. Interamerican Journal of Health Sciences. 2024; 4:183. <https://doi.org/10.59471/ijhsc2024183>

ABSTRACT

A comprehensive study was conducted on the presence of antibiotic-resistant bacteria (ARB) and antibiotic resistance genes (ARGs) in drinking water, considering their impact on global public health. A systematic literature search (Following the PRISMA guidelines) from 2019 to 2024 was employed using the PICO strategy in meta-search engines such as PubMed and Web of Science. Ten studies meeting the inclusion criteria were identified, addressing antimicrobial resistance (AMR) in drinking water samples in various countries. The results highlighted the presence of ARB and ARGs in drinking water systems, influenced by factors such as disinfection, fecal contamination, and wastewater discharge. High diversity of resistant bacteria and a direct connection between wastewater treatment plants and the presence of antibiotic residues in water were observed. It was concluded that proper management of drinking water quality is crucial to prevent the spread of antimicrobial resistance, emphasizing the importance of understanding the impact of disinfection processes and addressing fecal contamination in antibiotic resistance prevention.

KEYWORDS

Drinking Water; Water Supply; Drug Resistance; Bacterial.

RESUMEN

Se realizó un estudio exhaustivo sobre la presencia de bacterias resistentes a los antibióticos (ARB) y genes de resistencia a los antibióticos (ARGs) en el agua potable, considerando su impacto en la salud pública global. Se empleó una búsqueda sistemática de literatura (siguiendo las directrices PRISMA) desde 2019 hasta 2024, utilizando la estrategia PICO en metabuscadores como PubMed y Web of Science. Se identificaron 10 estudios que cumplían los criterios de inclusión, los cuales abordaron la resistencia antimicrobiana (RAM) en muestras de agua potable en diversos países. Los resultados destacaron la presencia de ARB y ARGs en sistemas de agua potable, influenciados por factores como la desinfección, la contaminación fecal y la descarga de aguas residuales. Se observó una alta diversidad de bacterias resistentes y una conexión directa entre las plantas de tratamiento de aguas residuales y la presencia de residuos de antibióticos en el agua. Se concluyó que la gestión adecuada de la calidad del agua potable es crucial para prevenir la propagación de la resistencia antimicrobiana, destacando la importancia de comprender el impacto de los procesos de desinfección y abordar la contaminación fecal en la prevención de la resistencia a los antibióticos.

PALABRAS CLAVE

Agua Potable; Suministro de Agua; Resistencia Bacteriana a los Medicamentos.

INTRODUCCIÓN

Los antibióticos, al ser potentes medicamentos utilizados para tratar enfermedades graves, pueden causar una variedad de efectos secundarios, como cualquier otro medicamento. A pesar de ello, su uso adecuado conlleva beneficios significativos que superan los riesgos. Sin embargo, cuando se emplean de forma innecesaria, los pacientes no obtienen ningún beneficio y siguen expuestos a los posibles efectos secundarios. El uso inadecuado de antibióticos en un paciente puede provocar el desarrollo de una cepa resistente que puede propagarse a otros pacientes que no han utilizado antibióticos.⁽¹⁾ La resistencia antimicrobiana es uno de los problemas de salud pública globales más comunes. La aparición de la resistencia antimicrobiana tiene múltiples factores, y abordar su desarrollo supone un desafío.⁽²⁾ La resistencia antimicrobiana (RAM) ocurre cuando los microorganismos desarrollan mecanismos para defenderse de los efectos de los antimicrobianos. Por otro lado, la resistencia a los antibióticos (AR) se refiere a la capacidad de las bacterias para sobrevivir tras la exposición a antibióticos. Los microorganismos resistentes representan un desafío en el tratamiento, ya que pueden necesitar dosis más elevadas de medicamentos o requerir el uso de alternativas que podrían ser menos seguras y más costosas.⁽³⁾

La aparición de bacterias resistentes a múltiples antibióticos (MAR) en el medio ambiente es un fenómeno bien conocido. Muchos investigadores creen que estos organismos resistentes a los medicamentos se han vuelto más comunes recientemente debido al uso extensivo de antibióticos en la medicina y la agricultura en todo el mundo.

⁽⁴⁾ En el transcurso de los años recientes, se ha avivado un creciente interés en torno a la emergencia y propagación de bacterias resistentes a los antibióticos (BRA), así como de genes resistentes a los antibióticos (ARG), dentro del suministro de agua, tanto en su versión tratada como no tratada.⁽⁵⁾

Debido al uso frecuente y en ocasiones incorrecto de antibióticos, los microorganismos resistentes han proliferado. Más del 70 % de las bacterias son resistentes a al menos uno de los antibióticos comúnmente utilizados. La terapia empírica inadecuada o insuficiente, así como la administración prolongada de antibióticos, son las dos principales razones detrás del aumento de la resistencia a los antibióticos.⁽⁶⁾ En todo el mundo, se registran alrededor de 700 000 muertes cada año a causa de infecciones provocadas por bacterias que han desarrollado resistencia a los antibióticos. Se proyecta que para el año 2050, esta cifra podría aumentar significativamente, alcanzando los 10 millones de casos anuales si no se implementan medidas preventivas a nivel global.⁽⁷⁾

A pesar de que la RAM es un fenómeno natural, pero debido a su propagación descontrolada, que se debe al uso excesivo o inapropiado de antibióticos,⁽²⁾ plantea una seria amenaza para la salud pública global, que ha captado la atención de la comunidad científica y de los profesionales de la salud. La presencia de BRA y ARG en el agua potable representa un desafío significativo para la efectividad de los tratamientos médicos y la seguridad de la población en general, lo que exige un análisis más profundo y una acción inmediata por parte de los responsables de la política sanitaria y los organismos reguladores.

MÉTODO

Se llevará a cabo una evaluación exhaustiva y sistemática a de la literatura académica, que abarcará tanto artículos originales en inglés como en español, centrados en estudios en seres humanos desde el año 2019 hasta el 2024. La búsqueda sistemática se llevó a cabo utilizando la estrategia PICO en los metabuscadores PubMed y Web of Science, lo que asegurará la obtención de datos válidos y fiables.

Las primeras búsquedas se realizaron en marzo de 2024 combinando los términos Medical Subject Headings (MeSH): Drinking Water, Water Supply, Drug Resistance, Bacterial, Drug Resistance, Multiple, Bacterial.

La estrategia de búsqueda que arrojó los mejores resultados fue: (((Drinking water) OR water supply) OR water reservoirs) OR impoundments) AND ((drug resistance, bacterial) OR drug resistance, multiple, bacterial)

Para la clasificación y evaluación de la evidencia, se empleará la guía de declaración Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analysis Protocols (PRISMA), diseñada con el propósito de simplificar la redacción de informes claros y completos de revisiones sistemáticas. Además, se realizó una revisión por pares para reducir sesgos durante la ejecución la declaración PRISMA.

Criterios de inclusión

Se incluyeron estudios observacionales en los que se tomen muestras de agua potable, que incluyan cualquier bacteria, en cualquier medio de cultivo y cualquier método de detección de perfiles de resistencia bacteriana publicados desde el año 2019 hasta la actualidad.

Criterios de exclusión

Se excluyeron estudios que utilicen muestras en humanos, o en fuentes de agua no potables o de drenaje. Además, se excluyeron tesis, artículos de opinión o revisiones bibliográficas.

RESULTADOS

Se identificaron 2 496 artículos destacados en las bases de datos y un registro adicional mediante otros medios; tras la eliminación de los artículos duplicados, se excluyeron 395 registros. Posteriormente se evaluaron los títulos y resúmenes de los artículos, descartando 1 901 por el título y 179 registros por la lectura del resumen; mientras que 21 registros de texto completo fueron relevantes para revisión, de los cuales no se pudieron recuperar seis. Cinco estudios fueron excluidos por diversas razones. Por lo que, 10 estudios fueron incluidos tras cumplir los criterios de inclusión. En la figura 1 se ilustra el flujograma PRISMA de los resultados obtenidos de la búsqueda. Se describe en forma concreta los principales hallazgos de la investigación. Se podrán presentar datos de medición o cuantificación para complementar la información.

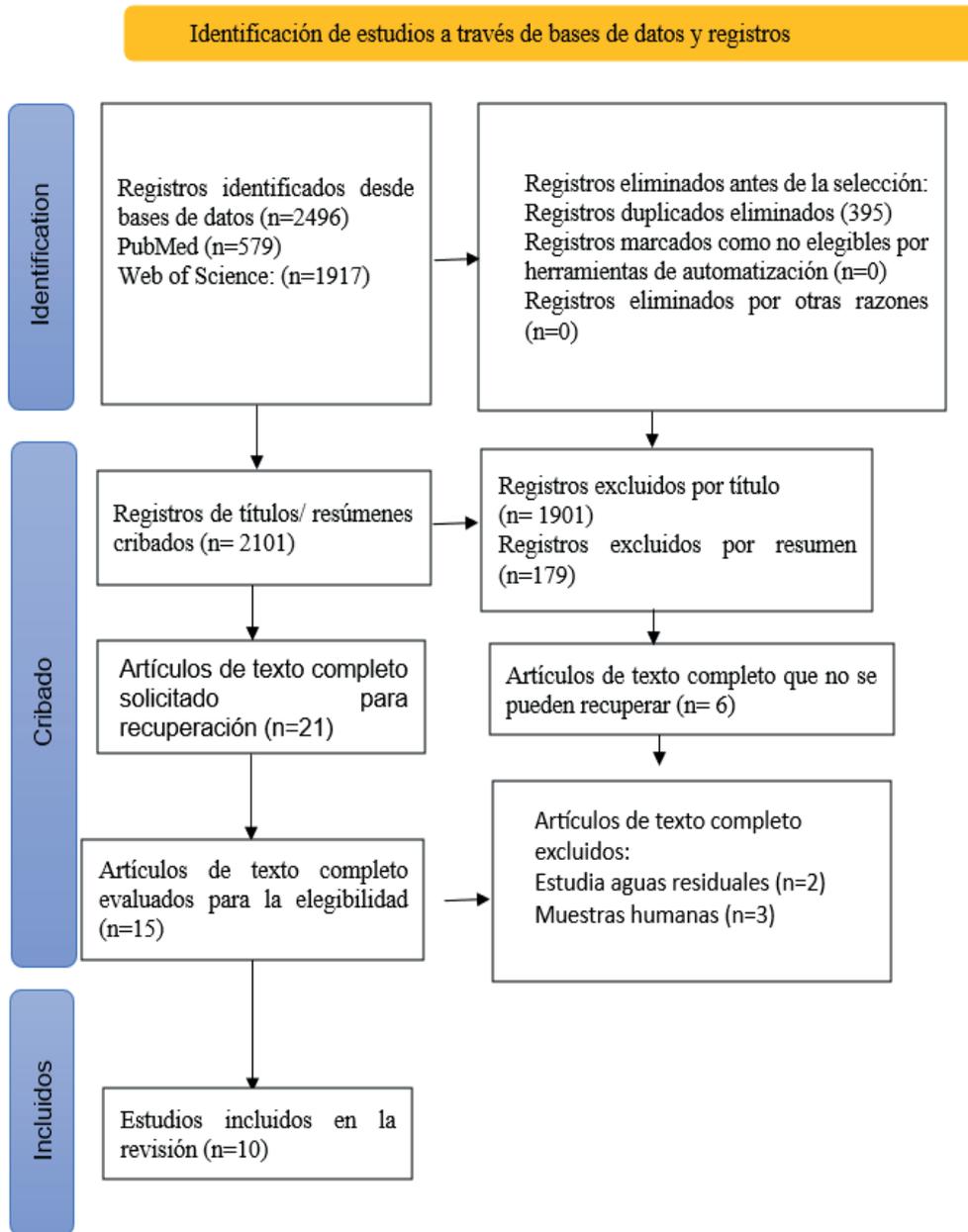


Figura 1. Flujograma PRISMA

En total se incluyeron 10 estudios exploratorios de campo:

Ferro y colaboradores, escogieron treinta y siete aislamientos de *Ralstonia pickettii* disponibles en la colección de cultivos del grupo: seis procedentes de aguas residuales hospitalarias, catorce de agua mineral embotellada y diecisiete de agua del grifo tratada. y constató que las 37 cepas obtenidas de aguas residuales, agua del grifo y agua mineral, mostraban resistencia a los antibióticos estreptomina y sulfauro, pero eran susceptibles a tetraciclina,

sulfametoxazol, sulfatooxazolotrimetoprim, ciprofloxacino y cefalometina. Además 33 de las 36 cepas eran resistentes a gentamicina.⁽⁸⁾

Scherer y colaboradores recolectaron muestras mensualmente durante un período de seis meses, desde noviembre de 2017 hasta abril de 2018, tanto en el punto de entrada del agua al sistema de tratamiento (RW) como en el punto de salida del embalse o entrada al sistema de distribución (TW). En total, se obtuvieron 52 aislados bacterianos de las muestras de agua (RW y TW), de los cuales 33 pertenecían a la familia Enterobacteriaceae. De estos, nueve se identificaron como *E. coli*. Se observó un alto porcentaje de resistencia a los antibióticos entre los aislados de *E. coli* en las muestras de WTP 171 y 172. Además, el 20 % de los aislados mostró resistencia tanto al imipenem como al meropenem. *Enterococcus* spp. fue aislado en diez muestras, dos de las cuales provenían de TW destinada al consumo humano. Los principales aislados de enterococos fueron *Enterococcus faecalis*. (50,0 %) El perfil de resistencia de estos aislados reveló que el 90 % eran resistentes a la clindamicina, y uno de ellos también mostró resistencia al trimetoprim-sulfametoxazol. Además, un aislado de *E. faecalis* exhibió resistencia a cuatro agentes antimicrobianos.⁽⁹⁾

Sevillano y colaboradores recopilaron 39 muestras de 11 sistemas de agua potable, algunos con residuos de desinfectante (Dis) en el Reino Unido (21 muestras) y otros sin residuos (NonDis) en los Países Bajos (18 muestras) en 2013 y 2015, respectivamente. Se examinó la resistencia antimicrobiana (AMR) en ambos tipos de sistemas, observando que la presencia de desinfectante afecta significativamente la prevalencia, composición y abundancia de la AMR. Aunque ambos sistemas mostraron diversidad en la distribución de AMR, aquellos con desinfectante presentaron mayor abundancia relativa de estos rasgos. Además, se encontró una asociación entre la presencia de cloro y la distribución de AMR, aunque parte de la variación no se explicó solo por la química del agua. Los rasgos de AMR variaron entre sistemas, sugiriendo que no están necesariamente bajo selección en el agua potable, mientras que la estructura de la comunidad bacteriana fue un determinante clave de la presencia de AMR. Este estudio resalta la importancia de entender el impacto de la desinfección en la resistencia antimicrobiana en sistemas de agua potable y señala áreas cruciales para investigaciones futuras. Los datos adicionales están disponibles en línea.⁽¹⁰⁾

Rayasam y colaboradores, el período de junio a julio de 2016, llevaron a cabo un análisis de los aislamientos de *Escherichia coli* presentes en el agua doméstica del sistema de distribución en Alibag, un pequeño pueblo de la India. Se realizaron pruebas de resistencia a fármacos y genotipificación de los aislamientos mediante la técnica de secuenciación multilocus. De un total de 147 muestras de agua analizadas, 51 mostraron la presencia de coliformes, de las cuales 19 (37 %) fueron confirmadas bioquímicamente como portadoras de *E. coli*. Estas muestras albergaban un total de 104 aislamientos de *E. coli*, todos los cuales mostraron resistencia a la ampicilina. Se observó resistencia a ceftazidima en 52 aislamientos, (50 %) cefotaxime en 59, (57 %) sulfatooxazolotrimetoprim en 46, (44 %) ciprofloxacino en 30 (29 %) y gentamicina en dos. (2 %) De estos, 38 (36 %) fueron identificados como tipos de secuencia asociados a *E. coli* patógena extraintestinal (ExPEC), de los cuales 19 (50 %) correspondían a linajes previamente reconocidos de *E. coli*.⁽¹¹⁾

En un estudio realizado en Bayou Lafourche, sureste de Luisiana, se llevó a cabo un análisis exhaustivo de la calidad del agua y la presencia de contaminantes microbiológicos, con un enfoque especial en bacterias resistentes a los antibióticos (ARB) y genes de resistencia a los antibióticos (ARG). Se observó que, a pesar de cumplir con los estándares del Departamento de Calidad Ambiental de Luisiana en cuanto a la química del agua, los niveles de coliformes fecales superaban consistentemente los umbrales establecidos, indicando una contaminación significativa de origen fecal. De particular preocupación fue la alta prevalencia de ARB en las muestras analizadas, con porcentajes significativos de resistencia a antibióticos como la tetraciclina, sulfametoxazol/trimetoprim y cefoxitina. Además, se confirmó la presencia de genes de resistencia tet(A) o Sull1 en varios aislados, lo que sugiere la posible transmisión de resistencia a los antibióticos en el medio ambiente acuático. Estos hallazgos destacan la importancia de abordar la contaminación fecal en Bayou Lafourche y resaltan la necesidad de implementar medidas para prevenir la propagación de ARB y ARG en los sistemas de agua potable.⁽¹²⁾

Entre agosto de 2018 y junio de 2019, se realizó un estudio en un sistema fluvial en Alemania que abastece un embalse de agua potable y recibe aguas residuales de dos plantas de tratamiento. Se investigaron residuos de antibióticos, genes de resistencia a antibióticos y bacterias resistentes en el agua mediante diferentes técnicas analíticas. Se encontraron residuos de claritromicina, sulfametoxazol y trimetoprima aguas abajo de las plantas de tratamiento, pero no aguas arriba. Además, se detectaron genes de resistencia a antibióticos en varias muestras, siendo blaOXA-58 y mcr los más comunes. A pesar de no encontrarse bacterias altamente resistentes, se observó resistencia en especies como *E. coli* y *Enterococcus faecium*. En resumen, se encontró una conexión directa entre las plantas de tratamiento de aguas residuales y la presencia de residuos de antibióticos y bacterias resistentes en el agua del río. Aunque no se detectaron efectos significativos aguas abajo del embalse de agua potable, estos hallazgos resaltan la importancia de controlar y gestionar adecuadamente la descarga de aguas residuales para prevenir la propagación de resistencia a antibióticos en el medio ambiente acuático.⁽¹³⁾

Según Santos y colaboradores, de las 468 muestras recolectadas de agua potable de 15 fuentes públicas ubicadas en

cuatro parques urbanos de la ciudad de Sao Paulo (Brasil), aproximadamente el 83,9 % cumplía con los estándares brasileños para los niveles de *Escherichia coli* y bacterias aerobias mesófilas, así como para el cloro libre, según lo establecido por el Ministerio de Salud de Brasil en 2011. Sin embargo, alrededor del 16 % de las muestras no alcanzaron el valor estándar de cloro libre. Se encontró la presencia del género *Staphylococcus* en 104 muestras (aproximadamente el 22,2 %), principalmente en aquellas con una falta de cloro residual libre. Entre los grupos de bacterias aisladas, alrededor del 16 % mostraba resistencia a múltiples antibióticos, especialmente *Escherichia coli* y *Enterococcus faecium*. Se identificaron varias especies de *Staphylococcus*, siendo *Staphylococcus epidermidis* la más común (aproximadamente el 40,6 % de los aislados), seguida de *Staphylococcus sciuri* y *Staphylococcus warneri*. La mayoría de los aislados mostraron una diversidad filogenética significativa. Respecto a la susceptibilidad a los antibióticos, todos los aislados fueron sensibles a vancomicina, pero alrededor del 3,1 % mostró resistencia a múltiples antibióticos, incluyendo clindamicina, eritromicina, oxacilina, penicilina, tetraciclina, cefoxitina y sulfazotrina. En resumen, este estudio reveló una alta diversidad de *Staphylococcus* en el agua potable, con un porcentaje significativo de aislados mostrando resistencia a los antibióticos. Estos hallazgos resaltan la importancia de monitorear y gestionar adecuadamente la calidad del agua potable para prevenir la propagación de bacterias resistentes a los antibióticos.⁽¹⁴⁾

Un estudio que tenía como objetivo investigar los niveles de resistencia antimicrobiana en muestras de agua obtenidas de la cuenca del Gran Río en el suroeste de Ontario, Canadá. Se llevaron a cabo recolecciones de muestras de agua de corriente semanalmente en varios puntos dentro de la cuenca del río. Estas muestras fueron analizadas para determinar la presencia y susceptibilidad antimicrobiana de *Salmonella* spp. (entre 2005 y 2013) y *Escherichia coli* genérica (entre 2012 y 2013). Se encontró que aproximadamente el 16 % de las cepas de *Salmonella* y el 22 % de los aislamientos de *E. coli* eran resistentes a al menos un antimicrobiano. Esto incluía algunos aislamientos que mostraron resistencia a antimicrobianos clasificados como de gran importancia para el tratamiento de infecciones bacterianas graves en humanos. La mayor proporción de aislamientos resistentes de *E. coli* se encontró aguas arriba del punto de captación de agua potable, mientras que la mayoría de los aislamientos de *Salmonella* resistentes provinieron de sitios aguas arriba en la cuenca y de un área de recreación acuática. A lo largo del período estudiado, las tendencias de resistencia a la salmonela se mantuvieron relativamente estables, aunque hubo aumentos en la resistencia a ciertos antimicrobianos como la estreptomycinina y la tetraciclina en 2010 y 2013. Este estudio destaca la importancia de monitorear de cerca los patrones de resistencia antimicrobiana en el medio acuático y explorar los factores de riesgo asociados para comprender mejor la propagación de la resistencia en este entorno.⁽¹⁵⁾

Se centró en identificar la presencia de patógenos fecales en el agua potable de hogares rurales andinos en Cajamarca, Perú, y evaluar la resistencia a los antibióticos de *Escherichia coli*. Se llevó a cabo como parte de un ensayo controlado aleatorizado en 102 comunidades de las tierras altas del norte de Cajamarca. De las 314 muestras analizadas, el 55,4 % mostró presencia de coliformes termotolerantes, entre los cuales se aisló *E. coli* en el 37,3 %. Además, se identificaron otros tipos de bacterias como *Klebsiella* spp., *Enterobacter* spp. y *Citrobacter* spp. La resistencia antibiótica de *E. coli* fue significativa, con un 48,7 % mostrando resistencia a al menos un antibiótico. La tetraciclina, la ampicilina, el sulfametoxazol-trimetoprim y el ácido nalidíxico fueron los antibióticos a los que *E. coli* mostró mayor resistencia. Además, aproximadamente el 19,7 % de las cepas de *E. coli* mostraron resistencia a múltiples fármacos. Se detectó el gen CTX-M-3, relacionado con la resistencia a los antibióticos betalactámicos de espectro extendido, en una sola cepa. Estos resultados destacan la importancia de implementar métodos de tratamiento de agua en los hogares y la necesidad de investigaciones adicionales para comprender mejor las fuentes de contaminación y el manejo inadecuado de antibióticos que podrían contribuir a la resistencia bacteriana.⁽¹⁶⁾

En noviembre de 2017, se recogieron muestras de agua de varios puntos, incluyendo aguas arriba y aguas abajo de las Plantas de Tratamiento de Agua Potable (UTE) en Québec, Ste-Foy, Charlesbourg y Desîlets. Se realizaron pruebas de actividad antimicrobiana combinada para comprender las posibles repercusiones de la presencia de los antibióticos Ciprofloxacina (CIP) y Clortetraciclina (CTC) en el agua. Se encontró que la interacción entre CIP y CTC fue antagónica. Además, se detectó crecimiento bacteriano en todas las muestras de agua analizadas, con la presencia de bacterias resistentes a CTC y CIP, lo que sugiere la posibilidad de cepas multirresistentes. Estos hallazgos son preocupantes dada la creciente resistencia a los antibióticos en Canadá, donde se ha observado un aumento en la resistencia a CIP y tetraciclina en bacterias como *Salmonella* y *Campylobacter*. La concentración de CTC en las aguas canadienses es significativamente mayor que la de CIP, lo que podría conducir a una presión selectiva sobre los microorganismos y el desarrollo de resistencia.⁽¹⁷⁾

DISCUSIÓN

Se ha encontrado que la combinación de irradiación UV con procesos oxidativos avanzados, puede mejorar la eliminación de bacterias resistentes a los antibióticos (ARB) y genes de resistencia a los antibióticos (ARGs). Sin

embargo, la desinfección puede aumentar la transferencia horizontal de genes de resistencia entre las bacterias resistentes y los patógenos. Se han identificado posibles riesgos para la salud humana relacionados con las ARB al examinar la exposición a patógenos humanos resistentes a los antibióticos y al analizar brotes de enfermedades transmitidas por el agua. Se sugiere que la integración de análisis de brotes, modelización de la exposición humana y datos clínicos puede proporcionar información crítica para estimar las relaciones dosis-respuestas de las ARB patógenas en el agua potable, lo que es crucial para realizar evaluaciones de riesgo precisas.⁽¹⁸⁾

La resistencia antimicrobiana (AMR), que incluye la multiresistencia y la pan-resistencia, está en aumento y se está propagando rápidamente entre las bacterias, lo que resulta en infecciones graves que no pueden tratarse con los antimicrobianos actuales. Este fenómeno ha recibido menos atención en el medio ambiente en comparación con su propagación en animales y seres humanos. Existen dos tipos de resistencia antimicrobiana en bacterias: adquirida e intrínseca. La liberación de compuestos antimicrobianos en el medio ambiente promueve la evolución microbiana y el desarrollo de cepas más resistentes. La AMR está emergiendo como una amenaza para la salud pública en todo el mundo, aumentando los costos de atención médica y prolongando las estancias hospitalarias. Las bacterias Gram-negativas multiresistentes (MDR-GNB) y Gram-positivas están planteando desafíos en el tratamiento y se prevé que los casos de MDR aumenten significativamente para 2040. Las aguas residuales municipales y el sistema de distribución de agua potable son puntos críticos para la proliferación de bacterias resistentes. La absorción regular de antibióticos a través de diversas fuentes ambientales está cambiando la composición del microbioma intestinal humano y animal, lo que aumenta el riesgo de infecciones resistentes a los antibióticos. Se necesita una investigación intensiva y medidas preventivas urgentes para abordar este creciente problema global de AMR y sus impactos económicos y de salud.⁽¹⁹⁾

CONCLUSIONES

La presencia de desinfectantes en el agua potable, como el cloro, puede influir significativamente en la prevalencia y la resistencia antimicrobiana. Esto sugiere la necesidad de comprender mejor el impacto de los procesos de desinfección en la selección de resistencia antimicrobiana.

La contaminación fecal es una preocupación importante en varios sistemas de agua potable, lo que contribuye a la presencia de bacterias resistentes a los antibióticos. Esto destaca la importancia de abordar la contaminación fecal para prevenir la propagación de resistencia antimicrobiana.

La conexión entre las plantas de tratamiento de aguas residuales y la presencia de residuos de antibióticos y bacterias resistentes en el agua del río resalta la importancia de gestionar adecuadamente la descarga de aguas residuales para prevenir la propagación de resistencia antimicrobiana en el medio ambiente acuático.

La alta diversidad de bacterias resistentes a los antibióticos en el agua potable es una preocupación, especialmente cuando se encuentran en porcentajes significativos. Esto subraya la necesidad de monitorear y gestionar adecuadamente la calidad del agua potable para prevenir la propagación de resistencia a los antibióticos.

REFERENCIAS

- Habboush Y, Guzman N. Antibiotic Resistance. StatPearls [Internet]. 2023 Jun 20 [cited 2024 Apr 9]; Available from: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK513277/>
- Regassa BT, Tosisa W, Eshetu D, Beyene D, Abdeta A, Assefa A, et al. Antimicrobial resistance profiles of bacterial isolates from clinical specimens referred to Ethiopian Public Health Institute: analysis of 5-year data. *BMC Infect Dis* [Internet]. 2023 Dec 1 [cited 2024 Apr 9];23(1). / PMC10647041
- Anning AS, Baah E, Buabeng SD, Baiden BG, Aboagye B, Opoku YK, et al. Prevalence and antimicrobial resistance patterns of microbes isolated from individuals attending private diagnostic centre in Cape Coast Metropolis of Ghana. *Sci Rep* [Internet]. 2022 Dec 1 [cited 2024 Apr 9];12(1):14282. PMC9395395
- Armstrong JL, Shigeno DS, Calomiris JJ, Seidler RJ. Antibiotic-Resistant Bacteria in Drinking Water. *Appl Environ Microbiol*. 1981;277–83.
- Sanganyado E, Gwenzi W. Antibiotic resistance in drinking water systems: Occurrence, removal, and human health risks. *Science of the Total Environment*. 2019 Jun 15;669:785–97.
- Samanipour A, Dashti-Khavidaki S, Abbasi MR, Abdollahi A. Antibiotic resistance patterns of microorganisms isolated from nephrology and kidney transplant wards of a referral academic hospital. *J Res Pharm Pract* [Internet]. 2016 [cited 2024 Apr 9];5(1):43. PMC4776546

7. Duarte AC, Rodrigues S, Afonso A, Nogueira A, Coutinho P. Antibiotic Resistance in the Drinking Water: Old and New Strategies to Remove Antibiotics, Resistant Bacteria, and Resistance Genes. *Pharmaceuticals* [Internet]. 2022 Apr 1 [cited 2024 Apr 9];15(4). PMC9029892
8. Ferro P, Vaz-Moreira I, Manaia CM. Evolution of gentamicin and arsenite resistance acquisition in *Ralstonia pickettii* water isolates. *Res Microbiol*. 2021 Jan 1;172(1):103790.
9. Scherer GS, Guiguet Leal DA, Goulart JAG, Araújo RS, Beux MR, Moreira NM. Parasitological, microbiological, and antimicrobial resistance profiles of raw and drinking water in a tourist city in the tri-border region of South America. *J Water Health* [Internet]. 2022 Feb 1 [cited 2024 Apr 9];20(2):385–95. Available from: <http://iwaponline.com/jwh/article-pdf/20/2/385/1017663/jwh0200385.pdf>
10. Sevillano M, Dai Z, Calus S, Bautista-de los Santos QM, Eren AM, van der Wielen PWJJ, et al. Differential prevalence and host-association of antimicrobial resistance traits in disinfected and non-disinfected drinking water systems. *Sci Total Environ* [Internet]. 2020 Dec 20 [cited 2024 Apr 9];749. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32836121/>
11. Rayasam SDG, Ray I, Smith KR, Riley LW. Extraintestinal Pathogenic *Escherichia coli* and Antimicrobial Drug Resistance in a Maharashtrian Drinking Water System. *Am J Trop Med Hyg* [Internet]. 2019 [cited 2024 Apr 9];100(5):1101–4. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30834880/>
12. Bird K, Boopathy R, Nathaniel R, LaFleur G. Water pollution and observation of acquired antibiotic resistance in Bayou Lafourche, a major drinking water source in Southeast Louisiana, USA. *Environ Sci Pollut Res Int* [Internet]. 2019 Nov 1 [cited 2024 Apr 9];26(33):34220–32. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30612354/>
13. Voigt AM, Ciorba P, Döhla M, Exner M, Felder C, Lenz-Plet F, et al. The investigation of antibiotic residues, antibiotic resistance genes and antibiotic-resistant organisms in a drinking water reservoir system in Germany. *Int J Hyg Environ Health*. 2020 Mar 1;224:113449.
14. Santos GAC, Dropa M, Martone-Rocha S, Peternella FAS, Veiga DPB, Razzolini MTP. Microbiological monitoring of coagulase-negative *Staphylococcus* in public drinking water fountains: Pathogenicity factors, antimicrobial resistance and potential health risks. *J Water Health* [Internet]. 2023 Mar 1 [cited 2024 Apr 9];21(3):361–71. Available from: <http://iwaponline.com/jwh/article-pdf/21/3/361/1241350/jwh0210361.pdf>
15. Kadykalo S, Thomas J, Parmley EJ, Pintar K, Fleury M. Antimicrobial resistance of *Salmonella* and generic *Escherichia coli* isolated from surface water samples used for recreation and a source of drinking water in southwestern Ontario, Canada. *Zoonoses Public Health* [Internet]. 2020 Aug 1 [cited 2024 Apr 9];67(5):566–75. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32511870/>
16. Larson A, Hartinger SM, Riveros M, Salmon-Mulanovich G, Hattendorf J, Verastegui H, et al. Antibiotic-Resistant *Escherichia coli* in Drinking Water Samples from Rural Andean Households in Cajamarca, Peru. *Am J Trop Med Hyg* [Internet]. 2019 [cited 2024 Apr 9];100(6):1363–8. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/31017079/>
17. Cuprys A, Lecka J, Proulx F, Brar SK, Drogui P. Appearance of ciprofloxacin/chlortetracycline-resistant bacteria in waters of Québec City in Canada. *J Infect Public Health*. 2019 Nov 1;12(6):897–9.
18. Sanganyado E, Gwenzi W. Antibiotic resistance in drinking water systems: Occurrence, removal, and human health risks. *Sci Total Environ* [Internet]. 2019 Jun 15 [cited 2024 Apr 9];669:785–97. Available from: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30897437/>
19. Singh AK, Kaur R, Verma S, Singh S. Antimicrobials and Antibiotic Resistance Genes in Water Bodies: Pollution, Risk, and Control. *Front Environ Sci*. 2022 Apr 28; 10:830861.

FINANCIACIÓN

No se recibió financiación para el desarrollo del presente artículo.

CONFLICTOS DE INTERESES

Los autores declaran que no existen conflictos de intereses.

CONTRIBUCIÓN DE AUTORÍA

Conceptualización: Arianna Lilibeth Molina Salcedo, Andrés Francisco Orbea Fernández.

Supervisión: Arianna Lilibeth Molina Salcedo, Andrés Francisco Orbea Fernández.

Metodología: Arianna Lilibeth Molina Salcedo, Andrés Francisco Orbea Fernández.

Análisis formal: Arianna Lilibeth Molina Salcedo, Andrés Francisco Orbea Fernández.

Recursos: Arianna Lilibeth Molina Salcedo, Andrés Francisco Orbea Fernández.

Curación de datos: Arianna Lilibeth Molina Salcedo, Andrés Francisco Orbea Fernández.

Redacción - borrador original: Arianna Lilibeth Molina Salcedo, Andrés Francisco Orbea Fernández.

Redacción - revisión y edición: Arianna Lilibeth Molina Salcedo, Andrés Francisco Orbea Fernández.