

**Aguas residuales
hospitalarias y su papel en la
conexión entre las bacterias
ESKAPE resistentes a
antibióticos y bacterias
acuáticas: el caso de
Aeromonas**

Lic. Auria del Carmen López Hernández

Lic. en Ingeniería en Tecnologías Ambientales, Sección de Estudios de Posgrado e Investigación, Escuela Superior de Medicina, Instituto Politécnico Nacional, Unidad de Medicina Familiar No. 28 "Gabriel Mancera", Instituto Mexicano del Seguro Social, Hospital Juárez de México, Ciudad de México

Dra. María de la Luz Sevilla González

Sección de Estudios de Posgrado e Investigación, Escuela Superior de Medicina, Instituto Politécnico Nacional

Dr. Juan Manuel Bello López

Hospital Juárez de México, Ciudad de México

Abstract

Antimicrobial resistance (AMR) is a growing threat with a direct impact on human health. This phenomenon is associated with the excessive and irrational use of antibiotics, with hospitals standing out as major consumers and, consequently, key contributors to the generation of selective pressure driving the development of AMR. However, the problem does not end within this setting, as microorganisms carrying AMR can reach the environment and eventually communities through everyday exposure. In this context, hospital wastewater (HWW) serves as a vehicle for a variety of biological-infectious contaminants, including bacteria from the ESKAPE group, recognized for their ability to cause infections and harbor AMR genes. In parallel, in recent years, a bacterial genus known as *Aeromonas*, ubiquitous in the environment, particularly in aquatic systems has gained relevance as an emerging opportunistic human pathogen capable of causing infections and exhibiting AMR similar to that observed in ESKAPE bacteria. The detection of *Aeromonas* strains carrying ESKAPE-type AMR suggests potential interactions between ESKAPE bacteria and *Aeromonas*, raising concern because these bacteria also have the capacity to disseminate AMR genes, acting as a “vehicle” between environmental settings and hospitals. In Mexico, the discharge of hospital wastewater into public sewer systems and subsequently into receiving water bodies may facilitate the spread of AMR bacteria to agricultural irrigation systems or recreational waters, where community exposure can occur through contaminated water and food. This work explains how the “hospital-environment-community” interaction occurs through hospital

wastewater, highlighting its role as a key point for AMR surveillance and mitigation, and how interactions between ESKAPE bacteria and *Aeromonas* may contribute to the global increase of antimicrobial resistance.

Keywords: antimicrobial resistance; hospital wastewater; ESKAPE bacteria; *Aeromonas*.

Resumen

La resistencia antimicrobiana (RAM) es una amenaza que continua en ascenso con impacto directo en la salud humana. Este fenómeno se asocia con el uso desmedido e irracional de los antibióticos, donde destacan los hospitales por ser uno de los principales por su alto consumo, lo que genera presión de selección para el desarrollo de RAM. Sin embargo, el problema no termina en este entorno, ya que los microorganismos con RAM pueden llegar al medio ambiente y, eventualmente a las comunidades mediante exposición cotidiana. En este contexto, las aguas residuales hospitalarias (ARH) son el vehículo de diversos contaminantes biológico-infecciosos, donde destacan las bacterias del grupo ESKAPE, reconocidas por su capacidad de causar infecciones y poseer genes de RAM. Paralelamente, en los últimos años ha cobrado relevancia un género bacteriano denominado *Aeromonas*, ubicuo del medio ambiente principalmente acuático y que ha emergido como patógeno oportunista humano capaz de causar infecciones y que ha presentado RAM igual que las bacterias ESKAPE. El hallazgo de *Aeromonas* con RAM tipo ESKAPE, permite especular la interacción entre bacterias ESKAPE y *Aeromonas*, lo que genera preocupación ya que estas bacterias, tienen también el potencial para distribuir genes de RAM, actuando como “vehículo” entre

el medio ambiente y los hospitales. En México, la liberación de ARH al sistema de alcantarillado público hacia cuerpos receptores de agua puede facilitar la dispersión de bacterias con RAM hacia sistemas de riego agrícola o recreación, donde la exposición comunitaria ocurre a través de agua y alimentos contaminados. Este trabajo explica como la interacción “hospital-ambiente-comunidad” se da a través de las ARH, por lo que deben considerarse como un punto clave para vigilar y mitigar la RAM y cómo la interacción entre bacterias ESKAPE y *Aeromonas* podría contribuir al incremento de la RAM a nivel mundial.

Palabras clave: resistencia antimicrobiana; aguas residuales hospitalarias; bacterias ESKAPE; *Aeromonas*.

Introducción

Históricamente la resistencia antimicrobiana (RAM) se ha reconocido como un problema que aquejaba solo a los hospitales ya que ahí es donde aparecen bacterias con RAM y donde se usa la mayor cantidad de antibióticos. Esa idea hoy resulta incompleta ya que los hospitales son escenarios clave, pero la RAM no respeta límites. Las bacterias y sus genes de RAM pueden salir del entorno hospitalario y entrar al medio ambiente donde interactúan con bacterias ambientales, y ahí es donde surge la preocupación (Al *et al.*, 2020). Una manera fácil de entenderlo es imaginar que los hospitales fungen como un “punto de salida” y el ambiente acuático como un “punto de entrada” donde bacterias de distintos orígenes coinciden, intercambian material genético y se dispersan. El punto de unión entre ambos puntos son las aguas residuales hospitalarias (ARH). A diferencia de otras aguas residuales, las ARH se distinguen por ser altamente complejas

ya que contienen grandes cantidades de contaminantes tales como antibióticos, compuestos químicos, desinfectantes, metales pesados y microorganismos con RAM provenientes de pacientes, y procesos hospitalarios (Nolasco-Rojas *et al.*, 2025). En ese “caldo de cultivo ecológico” ocurre algo sorprendente: “el intercambio de genes de RAM”. Por ejemplo, si una bacteria tiene una ventaja para resistir un antibiótico, aumentan sus probabilidades de persistir y esta ventaja puede “pasarse” a otras bacterias mediante transferencia de genes, entonces la RAM se multiplica, incluso en bacterias que originalmente no eran problemáticas. Aquí entra *Aeromonas*, un género bacteriano autóctono del medio acuático (Bello-López *et al.*, 2019). Sin embargo, cuando se identifican *Aeromonas* resistente a antibióticos críticos (como cefalosporinas y carbapenémicos) en ARH, uno se pregunta ¿cómo adquirió esa RAM y qué impacto tiene para la comunidad? La respuesta probable y por hallazgos científicos, apunta a que las ARH son un ambiente ideal para que bacterias hospitalarias con RAM, tales como las del grupo ESKAPE, interactúan con bacterias ambientales y transfieran sus genes de RAM.

¿Qué es la resistencia antimicrobiana y por qué importa tanto?

La RAM se genera cuando un microorganismo, principalmente bacterias, desarrollan la capacidad de sobrevivir a un antibiótico que fue diseñado para eliminarlo. Este fenómeno puede surgir por mutaciones, pero con frecuencia se acelera por mecanismos de transferencia: bacterias que transfieren genes de RAM entre sí por contacto directo (conjugación), por incorporación de ADN libre (transformación) o por virus bacterianos (transducción) (Bello-López *et al.*, 2019). En términos

simples: la bacteria no tiene que “inventar” la RAM desde cero; puede adquirirla de una bacteria que tenga RAM. En la Figura 1 se ilustran los tres principales mecanismos descritos para la adquisición de RAM en bacterias. El costo de la RAM tiene impactos directos en la salud humana tales como infecciones difíciles de tratar, estancias hospitalarias más largas, más complicaciones y mayor mortalidad. El costo económico en los hospitales y en las comunidades también crece ya que se requieren antibióticos más costosos, más tóxicos, entre otros. Pero la RAM

también tiene impactos importantes en el medio ambiente. En ecosistemas acuáticos, incluso concentraciones bajas de antibióticos pueden ejercer presión de selección, y pueden favorecer a que bacterias con RAM transfieran genes a bacterias de origen acuático (Piotrowska & Popowska, 2015). En ese sentido, los ambientes acuáticos y las ARH no son “sitios de paso”, sino que son espacios donde la RAM puede mantenerse, amplificarse y redistribuirse a otros sitios.

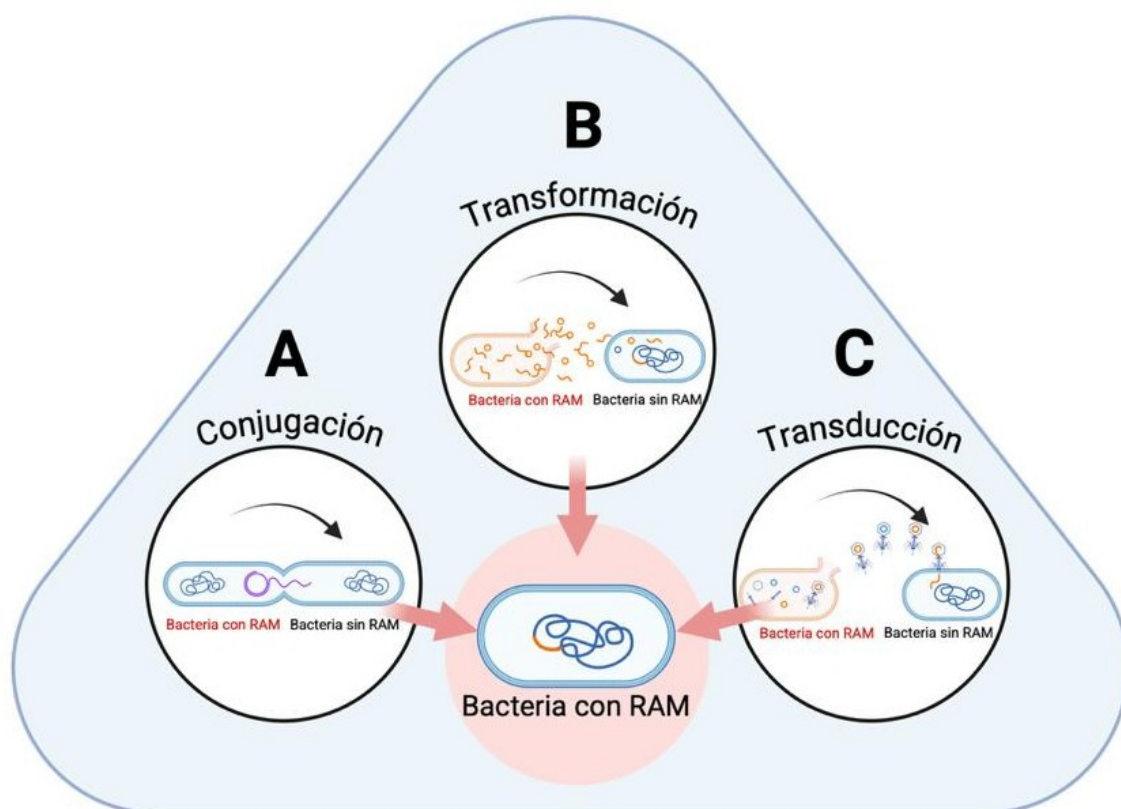


Figura 1: Principales mecanismos descritos para la adquisición de RAM en bacterias. A. Conjugación, B. Transformación y C. Transducción. Created in BioRender. <https://BioRender.com/phr6kun>

Aguas residuales hospitalarias: ¿por qué son diferentes?

Las ARH no son simplemente agua “sucio” liberada al medio ambiente.

Son una mezcla compleja generada por múltiples áreas de los hospitales: sanitarios, laboratorios, quirófanos, lavandería, servicios de limpieza,

servicios hospitalarios entre otros. Ese origen tan heterogéneo explica por qué concentran contaminantes químico-biológicos como: antibióticos, analgésicos, antisépticos, desinfectantes bacterias, virus, parásitos, hongos y hongos entre otros. Lo relevante de su liberación no es solo que “estén presentes en las ARH”, sino que coexisten e interaccionan entre ellos. Y esa coexistencia e interacción genera un fenómeno muy interesante, que los antibióticos pueden seleccionar bacterias con RAM, por lo que las resistencias a antibióticos pueden migrar hacia otros lugares como el ambiente y la comunidad.

Bacterias ESKAPE: el problema de los hospitales

Hemos mencionado el término “bacterias ESKAPE” pero no hemos definido quienes son. Este término se usa para referirse a un grupo de bacterias hospitalarias que destacan por dos razones: su capacidad para causar infecciones en pacientes hospitalizados y su habilidad para “escapar” de la acción de antibióticos por que presentan RAM (Loyola-Cruz *et al.*, 2023). Las bacterias ESKAPE están constituidas por diversos géneros y especies bacterianas donde destacan: *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Enterobacter spp.* En los hospitales, este grupo se asocia con infecciones respiratorias, urinarias, de heridas, del torrente sanguíneo y otras, especialmente en pacientes vulnerables. Estas bacterias son relevantes porque representan una fuente de genes RAM y además pueden transferirse a otras bacterias. Por ejemplo, si las bacterias ESKAPE llegan a las ARH, evento que es real, entonces las ARH se convierten en un punto de contacto entre resistencia

clínica y bacterias ambientales. Este vínculo está dado por que el problema no es solo que las bacterias ESKAPE “salgan” del hospital. El problema es que, al salir, pueden “tener contacto” con bacterias ambientales y transferir la RAM que ellas poseen (Cruz-Cruz *et al.*, 2025).

***Aeromonas* de bacteria acuática a patógeno oportunista emergente**

Aeromonas es un género bacteriano ubicuo, pero también ampliamente distribuido en el agua: puede encontrarse en aguas superficiales, profundas, residuales, de mar, y también asociada a fauna acuática. Su presencia en el ambiente no es “extraña”; es parte de los microorganismos del medio acuático (Bello-López *et al.*, 2010). Lo que ha cambiado en los últimos años es su relevancia por su impacto en la salud humana. Se reconoce como un patógeno oportunista capaz de producir infecciones intestinales y también infecciones extraintestinales como piel y tejidos blandos, heridas expuestas al agua, infecciones respiratorias, e incluso bacteriemias en personas con factores de riesgo (Calvo *et al.*, 2025). El punto crítico, para este microorganismo acuático es su capacidad para adquirir genes de RAM. Si *Aeromonas* está expuesta de forma repetida a bacterias resistentes, aumenta la probabilidad de que incorpore genes de RAM y los mantenga. Cuando se han reportado cepas de *Aeromonas* con RAM como cefalosporinas y carbapenémicos en ARH, la preocupación sube de nivel porque hablamos de antibióticos muy utilizados en los hospitales como último recurso terapéutico (Zhang *et al.*, 2024).

Las ARH como “zona de intercambio de RAM” entre ESKAPE y *Aeromonas*

En este contexto, la hipótesis central

sobre el intercambio de RAM plantea que las ARH funcionan como sitio donde convergen bacterias ESKAPE con RAM y bacterias ambientales. Esta convergencia favorece el intercambio de genes de RAM (Rizzo *et al.*, 2013). En el entorno hospitalario, el uso intensivo de antibióticos como los carbapenémicos, cefalosporinas y otros antimicrobianos de amplio espectro generan presión de selección que favorece la supervivencia y acumulación de bacterias con RAM, particularmente aquellas pertenecientes al grupo ESKAPE, las cuales pueden liberarse al sistema de alcantarillado municipal a través de las ARH. Las ARH son un ambiente caracterizado por su alta densidad y coexistencia microbiana y concentraciones variables de antimicrobianos, condiciones que favorecen procesos de transferencia de genes de RAM. En este contexto, las bacterias ESKAPE, pueden transferir sus genes de RAM a bacterias ambientales presentes naturalmente en sistemas acuáticos, entre ellas

las del género *Aeromonas*, un género ampliamente distribuido en ambientes hídricos y reconocido como patógeno oportunista humano. El resultado potencial de estos procesos de transferencia genera cepas *Aeromonas* resistentes capaces de persistir en sistemas acuáticos, dispersarse hacia cuerpos de agua naturales y alcanzar rutas de exposición comunitaria (Rahman *et al.*, 2009). Estas incluyen el uso de agua para riego agrícola, con posible contaminación de cultivos y alimentos; actividades recreativas que implican contacto directo con agua contaminada; y la infiltración al suelo y acuíferos, que favorece su persistencia ambiental. En la Figura 2 se ilustra la hipótesis de como las ARH funcionan como punto de conexión entre el hospital, el medio ambiente y la comunidad, generando cepas ambientales (*Aeromonas*) con RAM y su impacto a la salud humana.

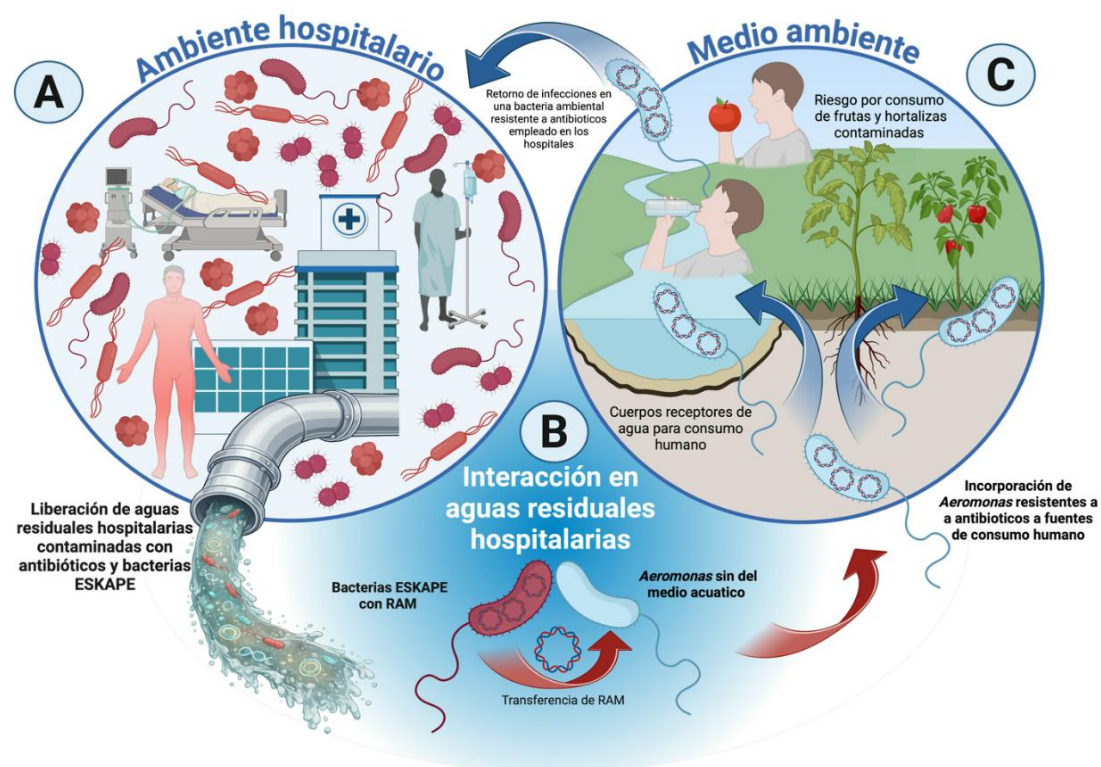


Figura 2: Migración de la resistencia antimicrobiana (RAM) desde las aguas residuales hospitalarias (ARH) y el medio ambiente con impactos en la salud humana. A. El ambiente hospitalario libera antibióticos y bacterias con RAM del grupo ESKAPE. a través de las ARH. B. Las bacterias ESKAPE pueden intercambiar genes con RAM a bacterias acuáticas autóctonas como *Aeromonas* spp. C. Este intercambio favorece el surgimiento de cepas de *Aeromonas* con RAM que pueden dispersarse hacia cuerpos de agua asociados con actividades recreativas, riego agrícola y otras rutas de exposición comunitaria con riesgos a la salud humana. Created in BioRender. <https://BioRender.com/i2sqk88>

Conclusiones

Desde una perspectiva de salud pública y ecológica, estos procesos muestran que la RAM deja de ser un fenómeno restringido al ámbito hospitalario y se convierte en un proceso que conecta los entornos clínico, ambiental y comunitario. Así, las ARH pueden representar un punto crítico en la circulación de genes de RAM, facilitando la interacción entre bacterias clínicas altamente resistentes y microorganismos ambientales capaces de actuar como reservorios y vehículos de dispersión hacia poblaciones humanas.

Es imperativo tener una reflexión crítica sobre la visión antropocentrista, donde el hombre tenía la visión de someter la naturaleza al beneficio del ser humano. Si partimos de una visión bio-eco-centrista, entenderemos que el planeta es uno solo y que el avance de la ciencia y la tecnología no necesariamente van aparejados de un beneficio humanista (Heckel *et al.* 2016) El presente estudio pone de relieve el Principio de Responsabilidad propuesto por Hans Jonas (1996), donde la acción del ser humano, sin la intención deliberada, ha afectado la naturaleza de los procesos extrahumanos, los cambios producidos en el medio son responsabilidad humana y como tal es necesario participar en el reconocimiento de bacterias y microorganismos resistentes, qué

a mediano o largo plazo, podrían convertirse en un problema de Salud Pública.

Referencias

- [1] Al Salah, D. M. M., Ngweme, G. N., Laffite, A., Otamonga, J. P., Mulaji, C., & Poté, J. (2020). Hospital wastewaters: A reservoir and source of clinically relevant bacteria and antibiotic resistant genes dissemination in urban river under tropical conditions. *Ecotoxicology and environmental safety*, 200, 110767. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2020.110767>
- [2] Nolasco-Rojas, A. E., Cruz-Del-Agua, E., Cruz-Cruz, C., Loyola-Cruz, M. Á., Ayil-Gutiérrez, B. A., Tamayo-Ordóñez, M. C., Tamayo-Ordoñez, Y. J., Rojas-Bernabé, A., Tamayo-Ordoñez, F. A., Durán-Manuel, E. M., Paredes-Mendoza, M., Márquez-Valdelamar, L. M., Jiménez-Zamarripa, C. A., Ocharan-Hernández, E., Zárate-Segura, P. B., García-Hernández, O., Sosa-Hernández, O., Vásquez-Jiménez, E., Calzada-Mendoza, C. C., & Bello-López, J. M. (2025). Microbiological Risks to Health Associated with the Release of

- Antibiotic-Resistant Bacteria and -Lactam Antibiotics Through Hospital Wastewater. *Pathogens* (Basel, Switzerland), 14(5), 402. <https://doi.org/10.3390/pathogens14050402>
- [3] Bello-López, J. M., Cabrero-Martínez, O. A., Ibáñez-Cervantes, G., Hernández-Cortez, C., Pelcastre-Rodríguez, L. I., Gonzalez-Avila, L. U., & Castro-Escarpulli, G. (2019). Horizontal Gene Transfer and Its Association with Antibiotic Resistance in the Genus *Aeromonas* spp. *Microorganisms*, 7(9), 363. <https://doi.org/10.3390/microorganisms7090363>
- [4] Piotrowska, M., & Popowska, M. (2015). Insight into the mobilome of *Aeromonas* strains. *Frontiers in microbiology*, 6, 494. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2015.00494>
- [5] Loyola-Cruz, M. Á., Gonzalez-Avila, L. U., Martínez-Trejo, A., Saldaña-Padilla, A., Hernández-Cortez, C., Bello-López, J. M., & Castro-Escarpulli, G. (2023). ESKAPE and Beyond: The Burden of Coinfections in the COVID-19 Pandemic. *Pathogens* (Basel, Switzerland), 12(5), 743. <https://doi.org/10.3390/pathogens12050743>
- [6] Cruz-Cruz, C., Gaytán-Cervantes, J., González-Torres, C., Nolasco-Rojas, A. E., Loyola-Cruz, M. Á., Delgado-Balbuena, L., Delgado-Balbuena, J., Paredes-Mendoza, M., Tamayo-Ordóñez, M. C., Tamayo-Ordóñez, Y. J., Durán-Manuel, E. M., Rojas-Bernabé, A., Jiménez-Zamarripa, C. A., Sosa-Hernández, O., García-Hernández, O. A., Ocharan-Hernández, E., Zárate-Segura, P. B., González-Terrerros, E., Ramírez-Villanueva, D. A., Calzada-Mendoza, C. C., ... Bello-López, J. M. (2025). Profiling of Bacterial Communities of Hospital Wastewater Reveals Clinically Relevant Genes and Antimicrobial Resistance Genes. *Microorganisms*, 13(6), 1316. <https://doi.org/10.3390/microorganisms13061316>
- [7] Bello-López, J. M., Fernández-Rendón, E., & Curiel-Quesada, E. (2010). In vivo transfer of plasmid pRAS1 between *Aeromonas salmonicida* and *Aeromonas hydrophila* in artificially infected *Cyprinus carpio* L. *Journal of fish diseases*, 33(3), 251–259. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2761.2009.01118.x>
- [8] Calvo Sánchez, N., Sancha Domínguez, L., Cotos Suárez, A., & Muñoz Bellido, J. L. (2025). *Aeromonas* Infections in Humans—Antibiotic Resistance and Treatment Options. *Pathogens*, 14(11), 1161. <https://doi.org/10.3390/pathogens14111161>
- [9] Zhang Q, Zhang S, Xu B, Dong L, Zhao Z, Li B. Molecular Epidemiological Characteristics of Carbapenem Resistant *Aeromonas* from Hospital Wastewater. *Infect Drug Resist.* 2024 Jun 18;17:2439-2448. doi:10.2147/IDR.S460715
- [10] 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. *The Science of the total environment*, 447, 345–360. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2013.01.032>
- [11] Rahman, M., Huys, G., Kühn, I., Rahman, M., & Möllby, R. (2009). Prevalence and transmission of antimicrobial resistance among *Aeromonas* populations from a duckweed aquaculture based hospital sewage water recycling system in Bangladesh. *Antonie van Leeuwenhoek*, 96(3), 313–321. <https://doi.org/10.1007/s10482-009-9348-1>
- [12] Jonas H. *The phenomenon of life: toward a philosophical biology*. New York: Harper and Row; 1966. *Acta bioethica*. vol.22 no.2 Santiago nov. 2016.
- [13] Novoa-Heckel, G., Asbún-Bojalil, J., & Sevilla-González, M. D. L. L. (2016). Responsabilidad profesional aplicada a la farmacovigilancia: un estudio de caso en México. *Acta bioethica*, 22(2), 269-280. <http://dx.doi.org/10.4067/S1726-569X2016000200014>