

**UNIVERSIDAD NACIONAL INTERCULTURAL FABIOLA
SALAZAR LEGUÍA DE BAGUA**



**FACULTAD DE CIENCIAS NATURALES Y APLICADAS
ESCUELA PROFESIONAL DE BIOTECNOLOGÍA**

***INFORME DE TESIS PARA OPTAR EL TÍTULO PROFESIONAL DE
BIOTECNÓLOGO***

TÍTULO DEL INFORME DE TESIS

**Determinación de genes de resistencia a antibióticos en agua de consumo humano de la
comunidad awajún de Tsuntsunsa.**

Autor: Juan Carlos Segura Cabanillas

Asesor: Ph. D. Félix Pompeyo Ferro Mayhua

Co- Asesor: M.Sc. Eli Morales Rojas

Registro:001-2025-FCNA

BAGUA – PERÚ

2025

DEDICATORIA

A mis queridos padres, **Salomón Segura Vásquez** y **Teresa Cabanillas Monsón**: Su amor inquebrantable y su arduo trabajo en mi educación, son la base de todo lo que soy. Les agradezco de corazón cada sacrificio y cada lección.

A mi hermano **César Salomón Segura Cabanillas**: Eres una inspiración constante y un verdadero modelo para seguir. Tu fortaleza me impulsa a dar lo mejor de mí cada día.

A mi cuñada **Esthefany** y a mis adorables sobrinas **Alessia** y **Adelyse**: Su alegría ilumina mis días y llena mi vida de felicidad.

A **Andree Segura** mi sobrinito recién llegado. Llegaste como un susurro de luz que ilumina nuestras vidas y nos recuerda que el futuro es un lugar hermoso por descubrir. Cada página de este trabajo lleva tu nombre en silencio, como una promesa de que el mañana que yo estudio será el mundo que tú heredarás.

Y con especial cariño y gratitud, dedico estas palabras a quien en vida fue **Jorge Chávez Mori**, mi querido padrino: Siempre recordaré su guía y el trato tan especial que me brindó desde niño. Su memoria perdura en mi corazón.

AGRADECIMIENTO

A mi asesor de tesis, **Ph.D. Pompeyo Ferro**, y a mi coasesor, **Eli Morales**: Les extiendo mi más sincero agradecimiento por su invaluable guía y apoyo en la elaboración de mi trabajo de tesis. Su experiencia y dedicación fueron fundamentales para el éxito de este proyecto.

A mis compañeros de trabajo, **Marilin Yanina** y **Daivis Daniel**: Les agradezco su paciencia y comprensión durante las largas horas de trabajo. Su tolerancia hizo más llevadero este proceso.

Finalmente, un agradecimiento especial a la **Universidad Nacional Intercultural Fabiola Salazar Leguía de Bagua** por haber financiado mi proyecto de tesis, brindándome la oportunidad de llevar a cabo esta investigación.

RESUMEN

El uso extendido de antimicrobianos en contextos clínicos ha contribuido a la emergencia de microorganismos capaces de sobrevivir a tratamientos convencionales. Esta situación ha generado un escenario de alerta sanitaria, donde la presencia de genes que confieren resistencia a fármacos se ha vuelto cada vez más común en ecosistemas acuáticos, incluidas las fuentes de abastecimiento humano. En este estudio, se evaluó la presencia de genes de resistencia a antibióticos y los parámetros fisicoquímicos en muestras de agua provenientes de diferentes puntos en la comunidad Awajún de Tsuntsunsa. Se seleccionaron cinco puntos estratégicos a lo largo de la red de distribución de agua, desde el ingreso al pozo de tratamiento hasta la última vivienda abastecida. A través de técnicas de extracción de ADN y PCR, se detectó la presencia de cinco genes de resistencia: *marA*, *emrC*, *AMPC*, *QEP* y *qEmar*.

Los resultados obtenidos evidencian la falta de cloro residual y una preocupante contaminación por genes de resistencia en las muestras analizadas, debido a que la totalidad de las muestras han resultado positivas en la detección de los genes de resistencia a los antibióticos, la detección de múltiples genes de resistencia en una misma muestra sugiere la presencia de bacterias con perfiles de resistencia complejos, capaces de resistir a una amplia gama de antibióticos como ampicilina, eritromicina y quinolonas. Estos hallazgos resaltan la necesidad de implementar medidas urgentes para mitigar la propagación de bacterias multirresistentes en esta comunidad y proteger la salud pública.

Palabras clave: Genes de resistencia a los antibióticos, aguas de consumo humano.

ABSTRACT

The widespread use of antimicrobials in clinical contexts has contributed to the emergence of microorganisms capable of surviving conventional treatments. This situation has generated a health alert scenario, where the presence of genes conferring drug resistance has become increasingly common in aquatic ecosystems, including sources of human supply. In this study, the presence of antibiotic resistance genes and physicochemical parameters in water samples from different points in the Awajún community of Tsuntsuntsa was evaluated. Five strategic points were selected along the water distribution network, from the entrance to the treatment well to the last house supplied. Through DNA extraction and PCR techniques, the presence of five resistance genes was detected: *marA*, *emrC*, AMPC, QEP and *qEmar*.

The results obtained show a lack of residual chlorine and a worrying contamination by resistance genes in the samples analyzed, since all the samples were positive in the detection of antibiotic resistance genes. The detection of multiple resistance genes in the same sample suggests the presence of bacteria with complex resistance profiles, capable of resisting a wide range of antibiotics such as ampicillin, erythromycin and quinolones. These findings highlight the need to implement urgent measures to mitigate the spread of multidrug-resistant bacteria in this community and protect public health.

Key words: Antibiotic resistance genes, drinking water.

ÍNDICE

I. INTRODUCCIÓN	8
1.2. Formulación del problema	11
1.3.1. Objetivo general	11
1.3.2. Objetivos específicos	11
1.4. Importancia y alcance de la investigación.....	11
1.5. Limitaciones de la investigación	12
1.5.1. Diversidad microbiana y genética:	12
1.5.2. Métodos de detección y cuantificación:	12
1.5.3. Aspectos socioeconómicos:.....	13
1.5.4. Implicaciones para futuras investigaciones	13
II. MARCO TEÓRICO	14
2.1. Antecedentes del estudio.....	14
2.2. Bases teóricas de la primera y segunda variable	15
2.2.1. Antibióticos.....	16
2.2.2. Clasificación de los antibióticos.....	16
2.2.3. Resistencia a los antibióticos.....	17
2.2.4. Mecanismos generales de la resistencia	17
2.2.5. Bases genéticas de la resistencia a los antibióticos	18
2.2.6. La calidad del agua según la normativa peruana.....	18
2.2.7. Parámetros microbiológicos evaluados en el ECA	18
2.3. Definición de términos básicos	19
III. HIPÓTESIS Y VARIABLES	20
3.1. Hipótesis.....	20
3.1.1. Hipótesis general	20
3.1.2. Hipótesis específicas.....	20
3.2. Variables.....	20
3.2.1. Variable 1	20
3.2.2. Variable 2	20
3.3. Operacionalización de variables.....	21
IV. METODOLOGÍA	22
4.1. Enfoque de investigación.....	22
4.1.1. Enfoque Cuantitativo:.....	22
4.1.2. Enfoque Cualitativo:	22
4.2. Tipo de investigación.....	22

4.2.1.	Investigación descriptiva:	22
4.2.2.	Investigación de campo:	22
4.2.3.	Investigación básica:	23
4.2.4.	Investigación epidemiológica ambiental:	23
4.3.	Diseño de investigación	23
4.3.1.	Diseño de muestreo:	23
4.3.2.	Análisis de laboratorio:.....	23
4.3.3.	Análisis de datos:.....	26
4.4.	Método.....	27
4.4.1.	Acceso a la Comunidad Awajún de Tsuntsuntsa	27
4.5	Población y Muestra	28
4.6.	Técnicas e instrumentos de recolección de datos.....	29
4.6.1.	Técnicas e instrumentos para extraer las muestras de agua	29
4.6.3.	Instrumentos para el análisis fisicoquímico de las muestras de agua	29
4.6.4.	Técnicas e instrumentos para extraer ADN de las muestras de agua.....	29
4.6.5.	Técnicas e instrumentos para determinar genes de resistencia a los antibióticos en las muestras de agua	30
4.6.6.	Técnicas de análisis de datos.....	32
4.7.	Validez y confiabilidad de instrumentos	32
4.7.1.	Validez y confiabilidad del muestreo de los puntos del agua.....	32
4.7.2.	Validez y confiabilidad de la extracción del ADN en las muestras de agua.	32
4.7.3.	Validez y confiabilidad de la expresión de bandas en gel agarosa	33
4.7.4.	Validez y confiabilidad de análisis de datos.....	33
4.8.	Contrastación de hipótesis	33
V.	RESULTADO	33
5.1.	Presentación y análisis de los resultados	33
5.2.	Parámetros fisicoquímicos.....	34
5.3.	Parámetros cualitativos.....	37
5.4.	Análisis estadístico	37
5.5.	Gráficos de los resultados fisicoquímicos	38
5.5.1.	Caracterización Fisicoquímica del Agua en Puntos Seleccionados	38
5.8.	Discusión de los resultados.....	43
VI.	CONCLUSIONES	46
VII.	RECOMENDACIONES.....	47
VIII.	REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	48

I. INTRODUCCIÓN

En los últimos años, la capacidad de ciertos microorganismos para evadir los efectos de los antimicrobianos ha escalado hasta convertirse en una de las amenazas más relevantes para la salud colectiva, afectando tanto a sistemas de atención médica como a comunidades vulnerables (Mithuna et al., 2024). La aparición y diseminación de genes de resistencia a antibióticos (ARG) en el medio ambiente, y particularmente en fuentes de agua, representa una amenaza significativa para la salud humana (Tan et al., 2025). Estos genes, que confieren a las bacterias la capacidad de sobrevivir en presencia de antibióticos, pueden transferirse entre diferentes especies bacterianas, propagando así la resistencia a través de diversas comunidades microbianas (Yan et al., 2025).

Esto representa una preocupación sanitaria a nivel global, ya que pone en riesgo la efectividad de los tratamientos médicos actuales y futuros, comprometiendo así la salud pública y los avances terapéuticos (Lu et al., 2024). Dentro de Perú en los distritos de Chilca, El Tambo y Huamancaca las muestras de agua y las biopelículas de los grifos de chico en la región Junín albergan *Helicobacter pylori* las cuales presentan genes de resistencia los antibióticos (Custodio et al, 2025). En Bagua, Región Amazonas se evaluó la calidad del agua para consumo humano en donde el análisis fisicoquímico indicó que la mayoría de los parámetros estaban dentro del rango normal, excepto el cloro residual, que estaba predominantemente ausente. El análisis microbiológico reveló la presencia de coliformes totales y *Escherichia coli*. La caracterización fenotípica de los aislamientos de *E. coli* mostró resistencia a varios antibióticos, incluidos ácido nalidíxico, gentamicina, amoxicilina más ácido clavulánico, norfloxacino y ciprofloxacino (Ferro et al, 2024).

La presencia de los ARG en el agua de consumo plantea un serio riesgo para la salud pública (Wang et al., 2024). La exposición a estos genes puede aumentar la probabilidad de infecciones resistentes a los antibióticos, lo que dificulta el tratamiento y puede llevar a complicaciones médicas. Además, la comprensión de los factores que influyen en la presencia de ARG en el agua es fundamental para desarrollar estrategias efectivas para prevenir y controlar la resistencia por antibióticos.

Esta investigación se centra en analizar el agua que beben los habitantes de Tsuntsuntsa, una comunidad Awajún alejada de la ciudad, para saber si contiene genes que hacen a las bacterias resistentes a los medicamentos. Saber qué hay

en el agua nos ayudará a entender qué tan expuestos están a enfermedades difíciles de tratar y a buscar maneras de cuidar sus pozos y quebradas. En lugares como éste, el líquido suele contaminarse por desagües sin depurar, aguas sucias de los campos o residuos de animales; cuando esas bacterias llegan al cuerpo sin pasar por una desinfección, la probabilidad de infecciones que no responden a los antibióticos se hace más alta.

En el contexto de la comunidad Awajún de Tsuntsuntsa, ubicada en la Amazonía peruana, la calidad del agua de consumo humano es un factor crítico para la salud y el bienestar de sus habitantes (Martínez-Oviedo et al., 2024). Esta comunidad, como muchas otras en la región, enfrenta desafíos particulares relacionados con el acceso a agua potable segura y la gestión de residuos. Cuando esos genes de resistencia se cuegan en las quebradas y pozos, la naturaleza empieza a desarmarse: desaparecen variedades de plantas y animales, los alimentos se ensucian de punta a punta, el agua clara escasea, brotan enfermedades y, en los más pequeños, la vida se apaga (Zhao et al., 2024).

Por lo tanto, el objetivo principal de este estudio es determinar la presencia de genes de resistencia a antibióticos en muestras de agua de consumo humano en la comunidad Awajún de Tsuntsuntsa, con el fin de evaluar los posibles riesgos para la salud pública.

1.1. Determinación del problema de investigación

En ríos, lagos y mares de todo el planeta, los genes que hacen a las bacterias resistentes se están volviendo más comunes cada año. Esta amenaza cruza fronteras: la medicina cada vez pierde efectividad, los tratamientos cuestan más y las familias y los presupuestos nacionales terminan pagando el precio (Cedeño-Muñoz et al., 2024). La Organización Mundial de la Salud (OMS) ha identificado la propagación de bacterias resistentes a los antimicrobianos como una de las mayores amenazas para la salud pública y el medio ambiente en el siglo XXI (World Health Organization, 2020). La mayoría de los estudios retrospectivos y prospectivos muestran que después de la introducción de un antibiótico al agua de consumo humano no solo aumenta el nivel de resistencia de las bacterias patógenas, sino también de las bacterias comensales (Zhong et al., 2022). Teniendo en cuenta que los métodos de desinfección convencionales no son efectivos para eliminar simultáneamente las bacterias resistentes a los antibióticos y ARG (Fang et al., 2022), muchas bacterias patógenas se han adaptado para vivir en hábitats acuáticos, lo que

hace que los ríos, lagunas y lagos sean vías de propagación de la resistencia a los antibióticos porque suelen recibir efluentes de las plantas de tratamiento de aguas residuales, que pueden contener residuos de antibióticos y bacterias resistentes a los antibióticos (Reichert et al., 2021), además, el abuso de antibióticos ha empeorado la aparición y la propagación de la resistencia a los antibióticos mediante la transferencia horizontal de los ARG en el medio ambiente acuático. Un efecto secundario inevitable del uso de antibióticos es la aparición y diseminación de bacterias resistentes (Deng et al., 2024).

En la región amazónica del Perú, se encuentra la comunidad Awajún de Tsuntsunsa. A lo largo de generaciones, esta comunidad indígena ha mantenido una estrecha relación con su entorno natural. Para sobrevivir, realizan actividades como la pesca, la agricultura y el consumo directo del agua. La comunidad está compuesta por aproximadamente 1668 personas, quienes viven en viviendas tradicionales y mantienen sus costumbres ancestrales (SICNA., 2016). La salud y el bienestar de la población están íntimamente ligados a la calidad del agua que consumen, lo que convierte este tema en una prioridad para la comunidad.

En la comunidad Awajun de Tsuntsunsa, la presencia de ARG en el agua de consumo podrían tener un impacto significativo en la salud de la población porque limita la eficacia de los tratamientos médicos y aumenta la vulnerabilidad en la comunidad a enfermedades infecciosas. Es fundamental comprender la dinámica de estos genes en el agua con el fin de implementar estrategias adecuadas de gestión y protección a las personas que consuman esas aguas.

La automedicación es una razón por la cual las bacterias con genes de resistencia a antibióticos se propagan, esto ocurre porque las personas consumen medicamentos sin necesidad de estar enfermas como para que requieran esos fármacos (Ripanda et al., 2025). La forma en donde se presenta de una manera abundante la propagación horizontal de genes es cuando las bacterias que son resistentes a antibióticos interactúan con bacterias que no presentan esta resistencia, de tal forma que las bacterias que no presentan resistencia se vuelven resistentes, al integrar factores biológicos y abióticos, se revelaron los factores que impulsan la dinámica de los ARG y se identificaron los riesgos potenciales de que los ARG se transfieran a patógenos (Zhang et al., 2024). Incluso en presencia de antibióticos, estas moléculas genéticas pueden dar a las bacterias la

capacidad de sobrevivir y proliferar, lo que representa un riesgo significativo para la salud pública.

Nos preguntamos si la comunidad de Tsuntsuntsa consume agua con genes de resistencia a los antibióticos debido a todos los motivos mencionados.

1.2. Formulación del problema

¿Qué genes de resistencia a antibióticos están presentes en el agua de consumo humano en la comunidad Awajún de Tsuntsuntsa y cuál es su posible implicancia para la salud pública de la población?

1.3. Objetivos: General y específicos

1.3.1. Objetivo general

Determinar la presencia de genes de resistencia a antibióticos en muestras de agua de consumo humano en la comunidad Awajún de Tsuntsuntsa.

1.3.2. Objetivos específicos

- a. Determinar parámetros fisicoquímicos en las muestras de agua de consumo humano en diferentes puntos de la comunidad Awajún de Tsuntsuntsa.
- b. Detectar genes de resistencia a antibióticos presentes en las muestras de agua.

1.4. Importancia y alcance de la investigación

Los antibióticos han permitido avances sociales y médicos sin precedentes. En la actualidad, estos antibióticos son imprescindibles en todos los sistemas de atención médica, pero también son fuentes de desarrollo de ARG debido a su rápida difusión y uso creciente (Li et al., 2023), la OMS prevé un aumento de las muertes por infecciones resistentes a los antibióticos (Nava et al., 2022). Es crucial evaluar la diseminación de genes resistentes a los antibióticos de fuentes antropogénicas porque las bacterias pueden obtener ARG a través de la transmisión horizontal.

Los ARG son un gran problema para la sociedad actual, debido al hecho que es una de las causas por las cuales los médicos deben seguir aumentando la dosis en los antibióticos para hacer un efecto positivo en los seres humanos, debido a esto resulta necesario determinar si estos genes de resistencia se encuentran en nuestro medio, como en el agua que consumimos para evitar una propagación masiva (Pham et al., 2024).

Los procesos de tratamiento de agua como la filtración y la adsorción no pueden matar bacterias resistentes a los antibióticos. La cloración, especialmente a bajas concentraciones, puede aumentar la proliferación de ARG y bacterias resistentes a los antibióticos. (Gwenzi et al., 2022).

La comunidad Awajún Tsuntsunsa no cuenta con un tratamiento de aguas eficiente, dado que no optan por utilizar cloro u ozono, pese a que cuentan con los instrumentos necesarios para realizar una cloración eficiente. Teniendo en cuenta que el descuido del tratamiento de este servicio proporciona un entorno importante para estudiar el transporte de ARG con una amplia gama de nichos que incluyen comunidades bacterianas, plantas acuáticas y animales (Chen et al., 2020), las deposiciones fecales no cuentan con un establecimiento designado como las letrinas, debido a esto las bacterias pueden acceder a las fuentes de agua por la diseminación del aire. Actualmente, la resistencia a los antibióticos se propaga en aguas sin tratamiento, y la contaminación fecal puede propagar los genes de resistencia en gran medida (Liu et al., 2025).

1.5. Limitaciones de la investigación

1.5.1. Diversidad microbiana y genética:

- a. Amplio espectro de bacterias: La variedad de bacterias presentes en el agua es inmensa, cada una con su propio perfil genético y mecanismos de resistencia (Kang et al., 2024). Esto dificulta el desarrollo de métodos de detección y cuantificación universales.
- b. Plásmidos y genes móviles: Los genes de resistencia a los antibióticos se pueden transmitir horizontalmente entre bacterias a través de plásmidos y otros elementos genéticos móviles, lo que complica aún más el seguimiento de su propagación (Son et al., 2025).

1.5.2. Métodos de detección y cuantificación:

- a. Sensibilidad y especificidad: Los métodos de detección actuales, como el cultivo en medios selectivos y las técnicas moleculares de PCR, pueden tener limitaciones en términos de sensibilidad y especificidad, lo que puede subestimar o sobreestimar la presencia de bacterias resistentes (Sun et al., 2025).

1.5.3. Aspectos socioeconómicos:

- a. Acceso a agua potable: En muchas regiones del mundo, el acceso a agua potable segura es limitado, lo que dificulta la implementación de medidas de control y vigilancia (Perveen & Amar-UI-Haque, 2023).
- b. Costos de tratamiento: Los tratamientos para eliminar bacterias resistentes del agua pueden ser costosos y no siempre son económicamente viables para las comunidades más vulnerables (Flach et al., 2024).

1.5.4. Implicaciones para futuras investigaciones

Para superar estas limitaciones, se necesitan esfuerzos multidisciplinarios que involucren a microbiólogos, genetistas, ingenieros ambientales y expertos en salud pública. Algunas áreas de investigación prioritarias incluyen:

- a. Desarrollo de nuevas herramientas moleculares: El desarrollo de técnicas de secuenciación de próxima generación y metagenómica permitirá una caracterización más detallada de la diversidad microbiana y la detección de genes de resistencia (Yaghoobizadeh, 2025).
- b. Estandarización de protocolos: Es necesario establecer protocolos estandarizados para el muestreo, enriquecimiento y detección de bacterias resistentes en el agua (Shahab et al., 2025).
- c. Estudios epidemiológicos: Los estudios epidemiológicos a largo plazo son fundamentales para comprender la dinámica de la resistencia a los antibióticos en los ecosistemas acuáticos y su impacto en la salud humana (Peter et al., 2025).
- d. Desarrollo de estrategias de mitigación: Se deben desarrollar estrategias integrales para reducir la propagación de bacterias resistentes en el medio ambiente, incluyendo el control del uso de antibióticos en la agricultura y la medicina humana (Fan et al., 2025).

II. MARCO TEÓRICO

2.1. Antecedentes del estudio

Un estudio sobre "Antibiotics and antibiotic resistance genes in water sources of the Wuhan section of the Yangtze River". Tuvo como objetivo analizar las características de distribución de 15 antibióticos y 10 ARG de cuatro categorías (sulfonamidas; quinolonas; tetraciclinas y macrólidos; con 16 S rDNA como gen de referencia para bacterias) en fuentes de agua alrededor del tramo de Wuhan del río Yangtze. La extracción en fase sólida, la cromatografía líquida de ultra rendimiento, la tecnología de espectrometría de masas (*SPE-UPLC-MS/MS*) y la reacción en cadena de la polimerasa constituyeron la base de la metodología. Los principales hallazgos indicaron que los antibióticos y los ARG están presentes en las fuentes de agua de Wuhan y pueden poner en peligro el bienestar humano y ecológico. Por lo tanto, es esencial controlar la propagación y diseminación ambiental de ARG y antibióticos (Jiang et al., 2023).

En un estudio referido a "Characterization of urban sources of antibiotics and antibiotic resistance genes in a Dutch sewage basin". Se buscó identificar varias fuentes urbanas de antibióticos ARG en aguas residuales dentro de una sola cuenca de alcantarillado. La técnica se basó en la determinación de la prevalencia de los genes *erm B*, *tet (W)*, *sul 1*, *sul 2*, *intl 1* y *16S rRNA* en diez ubicaciones dentro de la ciudad. Los lugares de muestreo incluyeron una residencia de ancianos, una residencia de estudiantes, un hospital y una zona industrial, entre otros. Se midieron las concentraciones de 23 antibióticos en aguas residuales mediante muestreo pasivo. Además, se estimaron las cargas excretadas de 22 antibióticos basándose en la prescripción ambulatoria y los datos de uso clínico. Los genes *sul 1* e *intl 1* fueron los más abundantes en la mayoría de las ubicaciones. Los resultados principales demostraron que incluso los cambios a corto plazo en los protocolos de tratamiento prescritos en los hospitales pueden afectar los patrones de abundancia de ARG en las aguas residuales hospitalarias. Los métodos aplicados presentan una oportunidad para identificar puntos críticos de emisión y priorizar opciones de intervención para limitar la propagación de ARG desde las aguas residuales urbanas al medio ambiente (Duarte et al., 2023).

Se realizó un estudio exhaustivo para evaluar la calidad microbiológica de las aguas residuales tratadas en una planta de tratamiento de Lima.

Mediante el análisis metagenómico de muestras recolectadas a lo largo de un año, los investigadores identificaron una amplia variedad de genes de resistencia a antibióticos en las aguas efluentes. Estos resultados sugieren que las plantas de tratamiento de aguas residuales pueden actuar como reservorios de bacterias resistentes, representando un potencial riesgo para la salud pública y los ecosistemas acuáticos (Gilman et al. 2019).

Un estudio reveló una alta prevalencia de resistencia a múltiples antibióticos en cepas de *E. coli* aisladas de cerdos con diarrea en Lima. Mediante la detección de genes de resistencia específicos, los investigadores demostraron que las bacterias presentes en estos animales podrían transmitirse a humanos, poniendo en riesgo la salud pública (Escalante et al. 2022).

2.2. Bases teóricas de la primera y segunda variable

Actualmente, el crecimiento de bacterias que no responden a varios medicamentos es una gran amenaza para la salud de las personas en el mundo entero (He et al., 2025). Descubrimos que la mayoría de las bacterias clínicas son resistentes a múltiples fármacos al probar la resistencia a diversas clases de antibióticos (Mishu et al., 2025). Estas especies bacterianas multirresistentes en la práctica tienen plásmidos con genes resistentes a los antibióticos que se pueden transferir horizontalmente a varias especies bacterianas ambientales susceptibles a los antibióticos, lo que da como resultado transconjugados resistentes a los antibióticos (Zhuang et al., 2024).

Las bacterias comensales resistentes de los animales destinados al consumo humano pueden contaminar la carne (productos), incluidas las bacterias zoonóticas, y llegar al tracto intestinal humano (Thabit et al., 2025). El seguimiento de la prevalencia de la resistencia en bacterias indicadoras como *Escherichia coli* y *enterococos* fecales en varios grupos de animales, pacientes y personas sanas permite comparar la prevalencia de la resistencia e identificar la transferencia de bacterias o genes resistentes de animales a humanos o viceversa (Nulty et al., 2016).

La propagación de la resistencia tiene lugar de diferentes maneras con respecto a la propagación clonal de las cepas de resistencia mediante la propagación de plásmidos de amplia gama de huéspedes y elementos translocables (Witte, 2000). Los antibióticos que demostraron ser armas definitivas contra las enfermedades infecciosas ahora están perdiendo su

eficacia (Twomey, 2000), se identificaron portadores cruciales de ARG, específicamente *Acinetobacter*, *Pseudomonas* y *Mycobacterium*, en depósitos de agua potable (Wang et al., 2024).

Para prevenir y controlar los genes de resistencia en la industria de la acuicultura y reducir los riesgos potenciales de los ARG para la salud pública y la seguridad alimentaria, resulta necesario implementar medidas de intervención tempranas contra los ARG en fuentes de agua (Su et al., 2023).

2.2.1. Antibióticos

Los antibióticos, agentes antimicrobianos capaces de combatir infecciones bacterianas, han revolucionado la medicina moderna. Según estudios como el de Lorenzo et al. (2015), estos fármacos no solo son efectivos contra enfermedades infecciosas como la tuberculosis, sino que también contribuyen a prevenir otras patologías asociadas a condiciones de vida precarias. De esta manera, los antibióticos han ejercido un impacto positivo en la esperanza de vida y la calidad de vida de millones de personas a nivel mundial. Como señalan Manyi-Loh y Sampson (2018), los antibióticos han demostrado ser herramientas terapéuticas indispensables, especialmente en el contexto de países en desarrollo, donde las enfermedades infecciosas representan una importante carga de morbilidad.

2.2.2. Clasificación de los antibióticos

Los antibióticos se agrupan según su **estructura química** y por el rango de bacterias contra las que actúan, conocido como su **espectro de acción**. Las principales familias de antibióticos incluyen los betalactámicos (penicilinas, cefalosporinas), tetraciclinas, quinolonas, aminoglucósidos, sulfamidas y trimetoprimas (Brooks et al., 2023). Estos fármacos ejercen su efecto antibacteriano al inhibir procesos celulares esenciales, como la síntesis de la pared celular (betalactámicos), la síntesis de proteínas (tetraciclinas, aminoglucósidos) o la replicación del ADN (quinolonas) (Qiao et al., 2025). El espectro de acción de un antibiótico se define por el rango de bacterias sensibles a su acción y puede variar desde amplio, cuando es activo frente a un gran número de especies bacterianas, hasta limitado, cuando su

actividad se restringe a un grupo específico de microorganismos (Lohan et al., 2024).

2.2.3. Resistencia a los antibióticos

La resistencia antimicrobiana es un mecanismo adaptativo que ha evolucionado en respuesta a la presión selectiva ejercida por los antibióticos (Tang et al., 2025). Este fenómeno, prevalente en procariotas, se manifiesta a través de diversos mecanismos genéticos y fenotípicos, permitiendo a las bacterias resistir los efectos letales de los agentes antimicrobianos (Darko & Mills-Robertson, 2025). La resistencia a los antibióticos ha sido documentada tanto en bacterias comensales, que colonizan el organismo sin causar enfermedad, como en patógenos, responsables de infecciones (Chetri, 2025).

2.2.4. Mecanismos generales de la resistencia

Las bacterias han evolucionado diversos mecanismos para contrarrestar la acción de los antibióticos (Alav et al., 2018). Estos mecanismos de resistencia se basan principalmente en cuatro estrategias:

- **Inactivación enzimática:** Las bacterias producen enzimas que modifican químicamente los antibióticos, reduciendo su eficacia (Eghbalpoor et al., 2024). Un ejemplo clásico son las betalactamasas, que hidrolizan el anillo β -lactámico de los penicilinas y cefalosporinas (Zhang et al., 2025).
- **Disminución de la permeabilidad:** Alteraciones en la estructura de la membrana externa y de las porinas limitan el ingreso de los antibióticos a la célula bacteriana (Rowaiye et al., 2025).
- **Expulsión activa:** Las bacterias poseen sistemas de bombeo de eflujo que expulsan los antibióticos del interior celular antes de que puedan ejercer su acción (J. Sun et al., 2014).
- **Modificación del blanco:** Las bacterias modifican las dianas moleculares de los antibióticos, reduciendo su afinidad por el fármaco y, por ende, su efectividad (Vivekanandan et al., 2025).

2.2.5. Bases genéticas de la resistencia a los antibióticos

Estos genes, frecuentemente asociados a elementos genéticos móviles, como plásmidos y transposones, se transmiten horizontalmente entre bacterias de manera eficiente (Lucey, 2022). La co-selección ejercida por múltiples agentes antimicrobianos y contaminantes ambientales favorece la adquisición de perfiles de resistencia multirresistente en bacterias patógenas y comensales (Díaz-García et al., 2025). El intercambio de genes de resistencia entre bacterias Gram-positivas y Gram-negativas —un proceso conocido como transferencia horizontal de genes— aumenta la cantidad de genes resistentes disponibles en el ambiente (Wang et al., 2024).

La transformación, conjugación y transducción constituyen los principales mecanismos de transferencia horizontal de genes en bacterias, confiriendo una notable plasticidad genómica a estos microorganismos (Munita & Arias, 2016). La transformación implica la captación pasiva de ADN exógeno del medio ambiente, mientras que la conjugación es un proceso activo mediado por plásmidos conjugativos que requiere contacto célula-célula (Zhu et al., 2024). La transducción, por su parte, se basa en la transferencia de fragmentos de ADN bacteriano a través de bacteriófagos, estos mecanismos facilitan la rápida diseminación de genes de resistencia a antibióticos entre diversas especies bacterianas, representando un desafío crucial en la salud pública (Bergman et al., 2019).

2.2.6. La calidad del agua según la normativa peruana

El Estándar de Calidad Ambiental para agua constituye una herramienta esencial en la gestión ambiental del recurso hídrico. Al establecer límites máximos para una variedad de parámetros, este instrumento permite evaluar la calidad del agua y tomar decisiones informadas para su protección. Los ECA son de particular relevancia para la gestión de cuencas hidrográficas y la planificación de usos del agua (Aloui et al., 2025).

2.2.7. Parámetros microbiológicos evaluados en el ECA

La normativa peruana establece el uso de indicadores microbiológicos como coliformes totales, termotolerantes y

Escherichia coli para evaluar la calidad sanitaria del agua. Estos indicadores, pertenecientes a la familia *Enterobacteriaceae*, se caracterizan por su capacidad de fermentar lactosa y producir gas a partir de esta. Si bien la presencia de coliformes totales indica una contaminación fecal potencial, la detección de coliformes termotolerantes y, más específicamente, de *E. coli*, se considera un indicador más específico de contaminación fecal reciente (Dirección General de Salud Ambiental, 2011). No obstante, es fundamental reconocer que la correlación entre la presencia de estos indicadores y la presencia de patógenos entéricos puede variar en función de las condiciones ambientales y de la composición del microbiota fecal de las fuentes de contaminación (Devane et al., 2020).

2.3. Definición de términos básicos

Genes Resistentes a los Antibióticos (ARG): Estos son reducidos fragmentos de material genético que pueden moverse de un microorganismo a otro, como de una bacteria a otra y que además codifican para proteínas que confieren o favorecen la resistencia a los antibióticos (Matoh et al., 2019).

Bacterias Resistentes a los Antibióticos (ARB): Es la habilidad de una bacteria para sobrevivir en niveles de antibióticos que detienen o matan a otras bacterias de la misma especie (Alós, 2015).

Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR): Es una técnica que permite crear millones de copias de un fragmento de ADN específico en un laboratorio. Esta herramienta, simple pero ingeniosa, ha revolucionado la forma en que se analiza y manipula el material genético debido a su alta especificidad y sensibilidad (Pedrosa Amado, 1999).

III. HIPÓTESIS Y VARIABLES

3.1. Hipótesis

3.1.1. Hipótesis general

En el agua que consumen los pobladores de la comunidad Awajún de Tsuntsuntsa están presentes genes de resistencia a antibiótico.

3.1.2. Hipótesis específicas

Se espera que se identifiquen genes de resistencia a antibióticos en las muestras de agua de la comunidad Awajún de Tsuntsuntsa.

3.2. Variables

3.2.1. Variable 1

Genes de resistencia a antibióticos en las aguas que consume la comunidad Awajún de Tsuntsuntsa.

3.2.2. Variable 2

Calidad del agua que consume la comunidad Awajún de Tsuntsuntsa.

3.3. Operacionalización de variables

Las variables en este estudio permitirán obtener datos cuantitativos y cualitativos que permitirán establecer una relación entre la presencia de genes de resistencia a los antibióticos en el agua y la calidad de la misma en la comunidad Awajún de Tsuntsunsa. Esta información será crucial para que en el futuro podamos diseñar estrategias de prevención y mitigación de los riesgos asociados a la contaminación del agua por antibióticos y genes de resistencia.

Tabla 1. Tabla de operacionalización de variable.

Variables	Definición conceptual	Definición operacional	Dimensiones de la variable	Indicadores	Ítems	Instrumento/ Escala
V1. Presencia de genes de resistencia a antibióticos.	Los genes de resistencia a los antibióticos presentes en las bacterias las equipan para resistir los efectos de los antibióticos (Zhou & Chen, 2024).	Detección de secuencias de ADN específicas, asociadas a mecanismos conocidos de resistencia a antibióticos, a través de técnicas de biología molecular	Tipo de Gen, Distribución Espacial y Temporal	Condiciones que presenta el agua para que sea consumida	1. Expresión de bandas. 2. Pureza de ADN (A260/A280) 3. Concentración de ADN	PCR convencional 0 a 2.5 0 a 50 µg/mL
V2. Calidad del agua de consumo humano.	Se refiere a las propiedades físicas, químicas y biológicas que esta tiene, ya sea en su estado natural o después de haber sido modificada por la actividad humana. (OMS.,2016)	Caracterizar el agua potable con variables fisicoquímicas	Determinación de pH, Temperatura, conductividad eléctrica, salinidad y sólidos totales	Propiedades físicas y compuestos químicos que presenta el agua	1. pH 2. Temperatura 3. Salinidad 4. Conductividad eléctrica 5. Sólidos totales 6. Cloro residual	0 al 14 0°C a 100°C. 0 a 99.9 ppm 0 a 199.9 µS/cm 0 a 99.9 ppm 0 a 5 mg/L.

IV. METODOLOGÍA

4.1. Enfoque de investigación

4.1.1. Enfoque Cuantitativo:

a. Estudios de prevalencia:

Recolección de muestras: Se seleccionaron 3 muestras de agua en 5 puntos diferentes de donde se transporta el agua para su consumo en diferentes fechas.

b. Estudio fisicoquímico

De las muestras colectadas se ejecutó el estudio fisicoquímico para comparar con la normativa del Decreto Supremo N.º 031-2010-SA; la cual es el reglamento de la calidad del agua para el consumo humano.

4.1.2. Enfoque Cualitativo:

Debido a que el énfasis está en comprender los procesos y significados detrás de la presencia de estos genes, y para ello se utilizan datos cualitativos como las expresiones de banda en el PCR convencional.

4.2. Tipo de investigación

4.2.1. Investigación descriptiva:

El estudio busca describir la presencia y distribución de genes de resistencia a antibióticos en el agua de consumo humano en la comunidad awajún de Tsuntsunsa. Se enfoca en determinar cuáles genes están presentes, lo cual implica un análisis descriptivo de la situación.

4.2.2. Investigación de campo:

El estudio se realiza en la comunidad Awajun de Tsuntsunsa, lo que indica que la recolección de muestras y el análisis se llevarán a cabo en el entorno natural.

4.2.3. Investigación básica:

Puede considerarse básica en el sentido de que busca generar conocimiento sobre la presencia de genes de resistencia en un entorno específico.

4.2.4. Investigación epidemiológica ambiental:

Debido a que se estudia la presencia de genes de resistencia a antibióticos en el ambiente, y como esto podría afectar la salud de la población.

4.3. Diseño de investigación

4.3.1. Diseño de muestreo:

a. Muestreo estratificado:

Para tomar las muestras de agua se utilizó la metodología APHA (American Public Health Association, 2017), al llegar a un punto se toma la georreferenciación con el dispositivo GPS marca Garmin modelo Etrex 22x, luego se procede a tomar las muestras de agua con guantes estériles en un envase de 3 L totalmente esterilizado, una vez tomada la muestra se utilizó el multiparamétrico Hanna Modelo HI 98194 para obtener la temperatura de forma triplicada, la cual se escribe en una base de datos, a la vez se utiliza el plumón indeleble para marcar los envases colocando las iniciales del punto para luego colocar las muestras de agua en un cooler para mantener las condiciones necesarias hasta llegar al laboratorio de la Universidad Nacional Intercultural Fabiola Salazar Leguía de Bagua (UNIFSLB).

4.3.2. Análisis de laboratorio:

a. Análisis fisicoquímicos

En el laboratorio de la UNIFSLB se utilizó el multiparamétrico Hanna Modelo HI 98194 para obtener los datos como la conductividad eléctrica en $\mu\text{S}/\text{cm}$, pH, sólidos totales en ppm y salinidad en ppm, adicionalmente se utilizó el test de kit de CLORÍMETRO POCKET II (HACH, EE. UU.) con tabletas de DPD (dietil- *p* -fenildiamina) como reactivo para determinar la concentración de cloro en cada punto, todos los datos obtenidos se procedieron a llenar en hojas estadísticas para su posterior interpretación.

b. Extracción de ADN:

Se realizó de acuerdo al procedimiento del manual Kit de Aislamiento de ADN PowerWater® (Ver el Anexo N°01)

c. Reacción en Cadena de la Polimerasa:

Con las muestras de ADN se procedió a realizar PCR convencional para determinar si estas cuentan con genes de resistencia a antibióticos se utilizaron los primers que se muestran en la tabla 2.

Tabla 2. Cebadores específicos.

Gen	Cebadores	Referencia
<i>marA</i>	5'-CTC CAT ACT AGA (CT) TG GAT (ACT) GA (AG) GA-3' 5'-TGG TGG TAC GTC (AG)AA (AG)TA (AG)TT (CT)TT-3'	(Castiglioni et al., 2008)
<i>ermC</i>	5'-AAT CGT CAA TTC CTG CAT GT-3' 5'-TAA TCG TGG AAT ACG GGT TTG-3'	(Ardic et al., 2005)
<i>AMPC</i>	5'-GGGGCGGTTTCTCATGCAGCCAACG-3' 5'-GAAGCGCTCATGGCACCATCATAGCC-3'	(De Champs et al., 2002)
<i>QEP</i>	5'-TGGTCTACGCCATGGACCTCA-3' 5'-TGAATTCGGACACCGTCTCCG-3'	(Perichon et al., 2007)
<i>qEmar</i>	5'-ACGGAATCGCGCAAAG-3' 5'-CCAGATAGAGTATCGGCTCGTTACTT-3'	(Doerrler & Rietz, 2002)

Elaboración propia.

Para el correcto funcionamiento y la inocuidad de los procesos se utilizó la cabina de flujo laminar, la cual se tuvo que esterilizar activando la luz ultravioleta por 10 minutos, los reactivos deben estar en estado líquido con el fin de emplearse y para cada técnica se utilizará de acuerdo a los primers que se han descrito con anterioridad, también se coloca 16 tubos de microcentrífuga y se marcan con el plumon las iniciales de las muestras, adicionando un tubo para el control y un tubo para centrifuga de 5 mL, se prepara el mix en éste con los reactivos que se menciona en la tabla 3, dado que son 16 reacciones, una por cada muestra y un control negativo en el que sólo se adiciona sólo agua ultra pura.

Tabla 3. Reactivos que se adicionan por cada reacción de acuerdo con los primers.

Reactivos	Gen				
	<i>marA</i>	<i>ermC</i>	<i>AMPC</i>	<i>QEP</i>	<i>qEmar</i>
	μL				
H2O	6.9	6.9	14.4	6.9	6.9
dNTPs	1	1	1	1	1
Buffer (NH)-Mgcl2)	2.0	2	2	2	2
MgCl2	1	1	1	1	1
Taq (stock direct)	0.2	0.2	0.2	0.2	0.2
Cell DNA	1	1	1	1	1
marAF	0.2	0	0	0	0
marAR	0.2	0	0	0	0
ermC (fw)	0	0.2	0	0	0
ermC (rev)	0.0	0.2	0	0	0
AMPC - PAC	0.0	0	0.2	0	0
AMPC - PAD	0.0	0	0.2	0	0
QEPfor(qepA)	0.0	0	0	0.2	0
QEPprev(qepA)	0.0	0	0	0.2	0
qEmarAF	0.0	0	0	0	0.2
qEmarAR	0.0	0	0	0	0.2

Elaboración propia.

Una vez que se colocaron todos los reactivos dentro del tubo de 1.5 mL se utilizó el vórtex para homogenizar, luego se vertieron 19 μL en los 15 tubos de 1,5 mL, mientras que en el tubo N°16 se adicionaron 20 μL de agua ultra pura y en cada uno de los tubos del 1 al 15 se adiciona 1 μL de ADN de cada muestra para pasar al termociclador, en donde se coloca el programa por cada primer, tal como menciona la tabla 4.

Mientras el termociclador está funcionando se ejecutó el gel de agarosa, utilizando una balanza digital se pesa 1 gramo de agarosa y se colocó en un frasco de vidrio estéril de un 1 L, en este mismo se coloca Tris-acetato-EDTA (TAE) al 1% para luego colocarlo en el microondas por 1 minuto, una vez que ha hervido se extrae el frasco del microondas con ayuda de los guantes térmicos y se coloca 3 μL de colorante Syber Green 1 Nucleic gel Stain en el frasco caliente, luego se arma la placa del gel agarosa utilizando el peine para formar los pocillos y se vierte todo el líquido y se deja enfriar por una hora para formar una lámina de gel.

Al finalizar el programa del termociclador se procedió a utilizar el equipo de electroforesis en el cual se coloca el gel de agarosa retirando con cuidado la peñilla y utilizando la micropipeta para extraer 1 μL de perfect DNA 1kbp ladder y se adicionaron a cada uno de los tubos de microcentrífuga de 1,5 mL,

homogenizando con ayuda de la micropipeta, luego se procede a extraer de cada tubo 5 μ L y se coloca en el gel agarosa, en el último pocillo se coloca 5 μ L de 6x DNA gel Loading Buffer, para finalmente cerrar el compartimiento de la electroforesis horizontal, dejando programado 90 voltios por 35 minutos.

Una vez finalizado el programa se utiliza el fotodocumentador para observar la expresión de banda en el gel agarosa y se anotan los resultados.

Tabla 4. Programa que se utiliza en el termociclador de acuerdo a cada primer.

Gen	Número de ciclos	Temperatura (°C)	Tiempo	Fase
<i>marA</i>	1	94	2'	Desnaturalización
	30	94	10"	Desnaturalización
		55	20"	Unión de cebadores
		72	25"	Extención
	1	72	10'	Extención
<i>emrC</i>	1	95	3'	Desnaturalización
	30	95	30"	Desnaturalización
		54	30"	Unión de cebadores
		72	30"	Extención
	1	72	4'	Extención
<i>AMPC</i>	1	94	5'	Desnaturalización
	30	94	1'	Desnaturalización
		50	3'	Unión de cebadores
		72	3'	Extención
	1	72	15'	Extención
<i>QEP</i>	1	94	2'	Desnaturalización
	30	94	10"	Desnaturalización
		55	20"	Unión de cebadores
		72	25"	Extención
	1	72	10'	Extención
<i>qEmar</i>	1	94	2'	Desnaturalización
	30	94	10"	Desnaturalización
		55	20"	Unión de cebadores
		72	25"	Extención
	1	72	10'	Extención

Elaboración propia

4.3.3. Análisis de datos:

Se utilizó el RStudio para obtener las medidas de tendencia central y dispersión, que incluye la medida, los valores mínimos y máximos, así como la desviación estándar y la varianza, para el análisis de los datos. Se desarrollaron gráficos de dispersión y distribución facilitando análisis del comportamiento de los parámetros. Además,

se ejecutó la verificación de la normalidad de los datos. Esta investigación estableció un nivel de significancia del 0.05 (5%).

4.4. Método

4.4.1. Acceso a la Comunidad Awajún de Tsuntsunsa

La comunidad nativa de Tsuntsunsa se encuentra dentro de la región de Amazonas y pertenece al distrito de Aramango, según la base de datos de pueblos indígenas u originarios (BDIP) cuenta con una población de 1668 habitantes, y mantienen arraigadas sus costumbres (SICNA, 2016).

La comunidad se encuentra en la marginal del río Marañón como se aprecia en la Figura 1, es por ello que la única forma de acceder a este pueblo es a través de un teleférico el cual es impulsado por personas, de esta forma tienen un recurso monetario adicional al cobrar a todas las personas que deseen conocer su hermoso pueblo.

Esta comunidad es recurrentemente visitada por muchas culturas cercanas y esto resulta necesario a su atractiva catarata la cual se encuentra en lo profunda enmarañada montaña con la que cuenta, y se considera un verdadero deporte el llegar a ver la majestuosa caída de aguas dentro de la espesa selva.

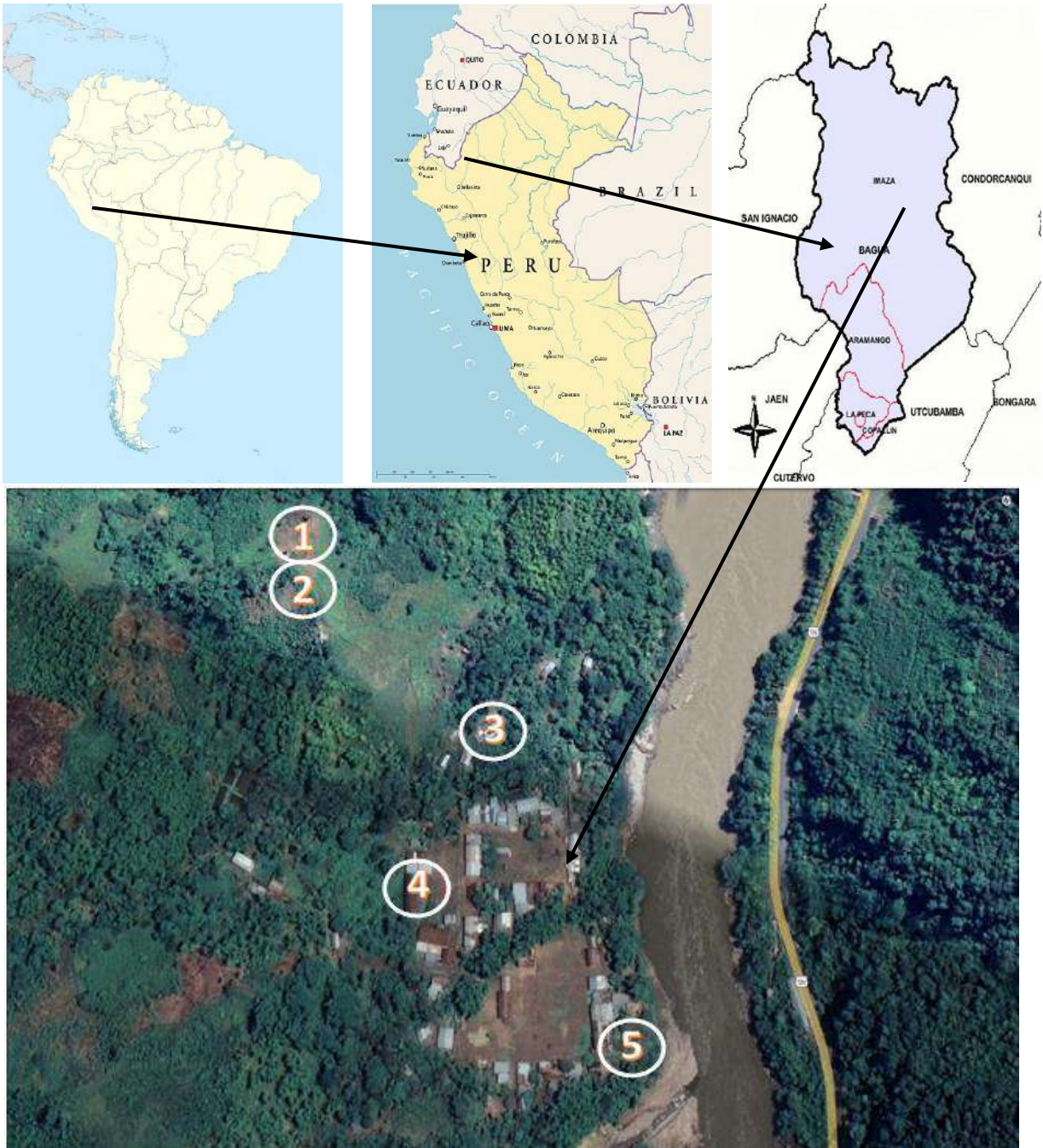


Figura 1. Localización de los puntos de muestreo de agua en la comunidad Awajún de Tsuntsunta (Google earth)

4.5 Población y Muestra

Toda la población nativa de esta localidad dispone de un reservorio para obtener el agua que consumen, éste se encuentra ubicado en la parte superior de la misma comunidad, es por ello por lo que se definió tomar 5 puntos de captación de agua para el muestreo como se muestra en la tabla 4.

Tabla 4. Puntos de muestreo y su georreferenciación.

Punto de muestreo	Designación del punto de muestreo	Abreviatura de los puntos	Georreferencias UTM		
			Sur	Oeste	Altitud
Punto 1	Íngreso pozo	IP	05°23.262	078°27.317	402m
Punto 2	Salida del pozo	SP	05°23.266	078°27.308	402m
Punto 3	Primera vivienda	PV	05°23.268	078°27.223	354m
Punto 4	Casa comunal	CC	05°23.332	078°27.232	353m
Punto 5	Última vivienda	UV	05°23.362	078°27.186	352m

Elaboración propia.

4.6. Técnicas e instrumentos de recolección de datos

4.6.1. Técnicas e instrumentos para extraer las muestras de agua

a. Manual APHA

Para tomar las muestras de agua se utilizó la metodología APHA (American Public Health Association., 2017), al llegar a un punto se toma la georreferenciación con el dispositivo GPS marca Garmin modelo Etrex 22x, luego se procede a tomar las muestras de agua con guantes estériles en un envase de 3 L totalmente esterilizado, una vez tomada la muestra se utilizó el multiparamétrico Hanna Modelo HI 98194 para obtener la temperatura, la cual se escribe en una base de datos, a la vez se utiliza el plumón indeleble para marcar los envases colocando las iniciales del punto para luego colocar las muestras de agua en un cooler para mantener las condiciones necesarias hasta llegar al laboratorio de la UNIFSLB.

4.6.2. Instrumentos

- GPS GARMIN Modelo Etrex 22x
- Cooler de 50 litros

4.6.3. Instrumentos para el análisis fisicoquímico de las muestras de agua

- Multiparamétrico HANNA Modelo HI 98194
- CLORÍMETRO POCKET II (HACH, EE. UU.) con tabletas de DPD (dietil- p -fenildiamina) como reactivo.

4.6.4. Técnicas e instrumentos para extraer ADN de las muestras de agua

- Kit de Aislamiento de ADN PowerWater ®

a. Instrumentos para extraer ADN de las muestras de agua

- Sistema de filtración de microbiología MERCK

- Filtros desechables de 45 μm
 - Kit de aislamiento ADN PowerWater [®]
 - ✓ Solución PW1
 - ✓ Solución PW2
 - ✓ Solución PW3
 - ✓ Solución PW4
 - ✓ Solución PW5
 - ✓ Solución PW6
 - ✓ Tubos para centrifuga de 5 mL
 - ✓ Tubos para centrifuga de 5 mL con canastilla
 - ✓ Tubo de perlas
 - Vórtex velp
 - Pinzas estériles
 - Micropipeta de 100 μL – 1000 μL
 - Tubo para centrifuga de 5 mL
 - Centrifuga Eppendorf 5804 Benchtop
 - ThermoMixer Eppendorf Modelo Thermomix
 - Refrigeradora Samsung Side by Side FlexZone 602 L
 - Espectrofotómetro Eppendorf Modelo biospectrometer
- 4.6.5. Técnicas e instrumentos para determinar genes de resistencia a los antibióticos en las muestras de agua
- Método: Gel de electroforesis agarosa
 - Técnica para determinar genes de multiresistencia a los antibióticos (*marA*)
 - Técnica para determinar genes de resistencia a eritromicina (*ermC*)
 - Técnica para determinar genes de resistencia a ampicilina (*AMPC*)

- Técnica para determinar genes de resistencia a quinolonas (*QEP*)
- Técnica para determinar genes de multiresistencia a los antibióticos en *Escherichia coli* (*qEmar*)
- Cabina de flujo laminar BIOBASE Modelo PBS-H1300
- Micropipetas (0.5µ - 10µ; 10µ - 100 µ; 100µ - 1000µ)
- 16 tubos para Microcentrifuga de 1.5 mL
- 1 tubo para Centrifuga de 5 mL
- 1 porta tubos de microcentrifuga
- 1 mL de agua ultra pura
- dNTPs
- Buffer
- MgCl₂
- Taq (stock direct)
- Primers
 - ✓ *marAF*
 - ✓ *marAR*
 - ✓ *ermC (fw)*
 - ✓ *ermC (rev)*
 - ✓ *AMPC – PAC*
 - ✓ *AMPC – PAD*
 - ✓ *QEPfor(qepA)*
 - ✓ *QEPprev(qepA)*
 - ✓ *qEmarAF*
 - ✓ *qEmarAR*
- Termociclador Eppendorf Modelo Mastercycler X50p
- Balanza digital

- Microondas
- 1 gramo de gel agarosa
- 100 mL de Tris-Acetate-EDTA (TAE) al 1%
- 3 µL de Syber Green 1 Nucleic gel Stain
- Guantes térmicos
- Equipo de electroforesis horizontal PWR
- 1 µL de perfect DNA 1kbp ladder
- 5 µL 6x DNA gel Loading Buffer
- Fotodocumentador MERCK

4.6.6. Técnicas de análisis de datos

- El paquete estadístico Minitab V.19

4.7. Validez y confiabilidad de instrumentos

4.7.1. Validez y confiabilidad del muestreo de los puntos del agua.

Se ha utilizado los métodos normalizados para el análisis de aguas potables residuales del manual APHA.

Se ha calibrado el GPS GARMIN Modelo Etrex 22x con el fin de tener las coordenadas exactas de los puntos de muestreo.

Se ha calibrado el Multiparamétrico HANNA Modelo HI 98194 para obtener la temperatura en el punto de muestreo.

Se ha utilizado el Test de Kit CLORÍMETRO POCKET II (HACH, EE. UU.) con tabletas de DPD (dietil- p -fenildiamina) como reactivo para determinar si en las muestras de agua se encontraba el cloro residual

4.7.2. Validez y confiabilidad de la extracción del ADN en las muestras de agua.

Se ha utilizado el Sistema de filtración de microbiología MERCK para que las bacterias que se encontraban en las muestras de agua se queden atrapadas en los filtros.

Se ha seguido los procedimientos de Kit de Aislamiento de ADN PowerWater®.

4.7.3. Validez y confiabilidad de la expresión de bandas en gel agarosa

Se ha seguido las instrucciones del método de gel agarosa y luego se ha procedido a realizar las técnicas para determinar genes de multiresistencia a los antibióticos (*marA*), genes de resistencia a eritromicina (*ermC*), genes de resistencia a ampicilina (*AMPC*), genes de resistencia a quinolonas (*QEP*) y genes de multiresistencia a los antibióticos en *E. coli* (*qEmar*). Finalmente se ha utilizado el fotodocumentador MERK para observar la expresión de bandas.

4.7.4. Validez y confiabilidad de análisis de datos

Se ha utilizado el paquete estadístico Minitab V.19 para analizar todos los estadísticos que se ha recabado en el proyecto.

4.8. Contrastación de hipótesis

Se toma la hipótesis alternativa como correcta puesto que según los datos obtenidos

V. RESULTADO

5.1. Presentación y análisis de los resultados

La calidad del agua es un factor determinante para la salud pública. En la comunidad Awajún de Tsuntsunsa, la dependencia de fuentes de agua naturales hace que la evaluación de los parámetros fisicoquímicos sea de vital importancia. La evaluación de parámetros de este estudio nos brinda información valiosa sobre las condiciones del agua de consumo y su posible impacto en la salud de la población. Además, estos resultados sirven como base para comprender la presencia de genes de resistencia a los antibióticos identificados en las muestras.

Los resultados de este estudio indican una alta prevalencia de genes de resistencia a antibióticos en el agua de consumo de la comunidad Awajún de Tsuntsunsa. Estos hallazgos son preocupantes y sugieren que la contaminación por antibióticos representa una problemática significativa en esta región. Nuestros resultados son consistentes con otros estudios que han reportado una alta prevalencia de genes de resistencia en ambientes acuáticos.

5.2. Parámetros fisicoquímicos

Antes de analizar la presencia de genes de resistencia a antibióticos en las muestras de agua, se ejecutó un análisis exhaustivo de los parámetros fisicoquímicos. Esta evaluación inicial resulta crucial para comprender las condiciones ambientales del agua y su posible influencia en la supervivencia y propagación de microorganismos, incluyendo aquellos que portan genes de resistencia.

Los resultados de los análisis fisicoquímicos se presentan en la tabla 4.

Tabla 4 Resultados de los análisis fisicoquímicos que se han realizado a las muestras de agua.

Datos	Puntos	Temperatura (°C)	pH	Sólidos totales (ppm)	Conductividad eléctrica (µS/cm)	Salinidad (ppm)	Cloro (%)	Pureza de ADN (A260/A280)	Concentración de ADN (ug/mL)
Primer muestreo	IP	24	6.58	56.2	80.7	38.8	0%	1.87	36.4
		24.2	6.6	56.1	80.4	38.5	0%	1.87	36.4
		23.5	6.57	56.3	80.3	38.5	0%	1.87	36.4
	SP	21	6.57	56.3	79.5	38.1	0%	1.87	31.7
		22.5	6.57	56.2	80.1	38.6	0%	1.87	31.7
		21.5	6.56	56.2	80.4	38.3	0%	1.87	31.7
	PV	24.7	6.58	56.2	80.1	38.5	0%	1.94	28.6
		24.2	6.57	56.5	79.9	38.5	0%	1.94	28.6
		24.6	6.57	56.3	79.8	38.5	0%	1.94	28.6
	CC	26.4	6.61	56	79.9	38.7	0%	1.88	24.3
		25.8	6.58	56.3	80	38.6	0%	1.88	24.3
		26	6.6	56.4	80.1	38.6	0%	1.88	24.3
	UV	25.1	6.6	56.5	80.5	38.8	0%	1.85	25.7
		24.9	6.58	56.1	80.3	38.5	0%	1.85	25.7
		25	6.57	56.5	80.4	38.7	0%	1.85	25.7
Segundo muestreo	IP	23.6	6.59	56.2	80.2	38.5	0%	1.85	37.5
		23.1	6.56	56.2	79.9	38.8	0%	1.85	37.5
		23.8	6.56	56.1	79.8	38.2	0%	1.85	37.5
	SP	23.5	6.57	56.3	79.6	38.5	0%	1.85	34.6
		23.4	6.56	56	80.1	38.4	0%	1.85	34.6
		23.6	6.56	56.2	79.6	38.6	0%	1.85	34.6
	PV	24.2	6.58	56.2	79.8	38.5	0%	1.92	29.8
		24.8	6.56	56.2	79.9	38.5	0%	1.92	29.8
		24	6.58	56.1	80.2	38.9	0%	1.92	29.8
	CC	25.1	6.6	56.3	80	38.4	0%	1.88	21.9
		25.3	6.59	56.1	80	38.6	0%	1.88	21.9
		24.8	6.58	55.9	79.9	38.5	0%	1.88	21.9

Tercer muestreo	UV	24.8	6.56	56.4	79.8	38.6	0%	1.81	22.5
		24.6	6.57	56.1	80.1	38.4	0%	1.81	22.5
		24.6	6.59	56.2	80.4	38.8	0%	1.81	22.5
	IP	23.5	6.59	56.3	79.7	38.4	0%	1.87	34.6
		23	6.57	56.1	80.2	38.7	0%	1.87	34.6
		22.4	6.59	56	80.5	38.4	0%	1.87	34.6
	SP	23.1	6.58	56	79.9	38.7	0%	1.94	31.2
		21.9	6.59	56.2	80.6	38.7	0%	1.94	31.2
		22.4	6.6	56	79.9	38.6	0%	1.94	31.2
	PV	23	6.59	56.1	80.1	38.7	0%	1.92	31
		22.8	6.6	56.3	79.9	38.6	0%	1.92	31
		23.4	6.59	56.1	79.5	38.8	0%	1.92	31
	CC	23.5	6.58	56.4	80.2	38.5	0%	1.88	28.4
		23.4	6.6	56.2	80.1	38.6	0%	1.88	28.4
		23.5	6.6	56.5	79.9	38.5	0%	1.88	28.4
	UV	25	6.56	56.5	80.5	38.7	0%	1.86	23.7
		24.8	6.58	56.4	80.6	38.9	0%	1.86	23.7
		24.6	6.59	56.3	80.1	38.2	0%	1.86	23.7

Elaboración propia

5.3. Parámetros cualitativos

En la Reacción en Cadena Polimerasa se determinó los parámetros cualitativos de la expresión de banda, de tal forma que todas las muestras que han se han iluminado las bandas teniendo un efecto positivo, se utilizará el signo (+), en cambio en las bandas en donde no se ha percibido la activación de las bandas se colocará el signo (-).

Los resultados obtenidos de la determinación de los genes que portan resistencia de los siguientes antibióticos *marA*, *ermC*, *AMPC*, *qEmaA* y *QEP* se muestran en la tabla 5.

Tabla 5. Resultados de los genes de resistencia a los antibióticos en cada punto muestreado.

Muestreo	Ubicación	Genes de Resistencia				
		<i>marA</i>	<i>ermC</i>	<i>AMPC</i>	<i>QEP</i>	<i>qEmaA</i>
IP	Ingreso al pozo	+	+	+	+	+
SP	Salida al pozo	+	+	+	+	+
PV	Primera vivienda	+	+	+	+	+
CC	Casa comunal	+	+	+	+	+
UV	Última vivienda	+	+	+	+	+

Elaboración propia

5.4. Análisis estadístico

Se puede utilizar los datos fisicoquímicos para elaborar las pruebas estadísticas como la obtención del mínimo valor, primer cuartil, mediana, media, tercer cuartil, máximo valor obtenido y la moda.

De tal forma que en la tabla 6 se presentan los resúmenes estadísticos.

Tabla 6. Resúmenes estadísticos de la caracterización fisicoquímica del agua de consumo humano de la comunidad awajún de Tsuntsunsa.

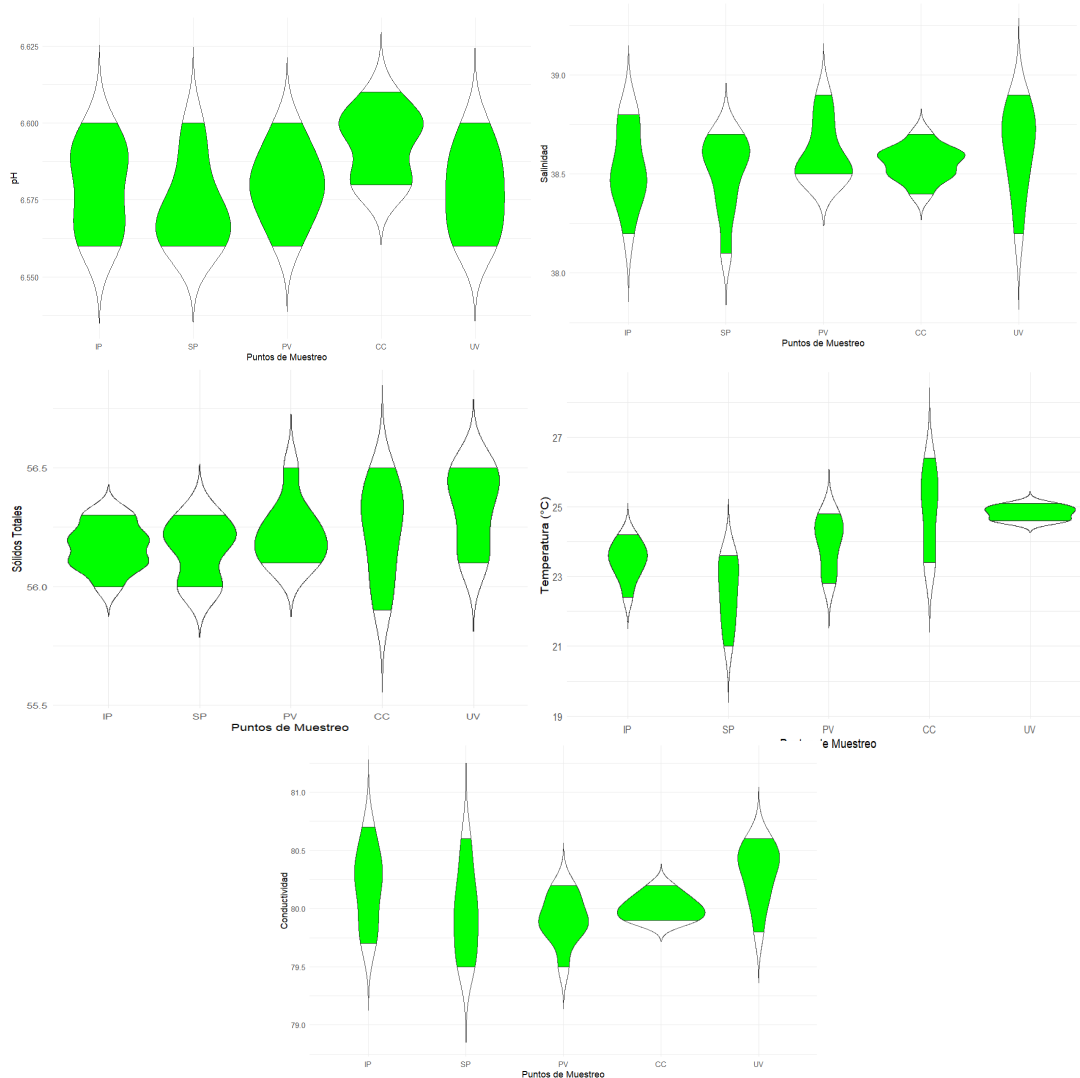
	Temperatura	pH	Sólidos Totales	Conductividad Eléctrica	Salinidad	Pureza de ADN	Concentración de ADN
Mínimo	21.00	6.560	55.90	79.50	38.10	1.810	21.90
Primer cuartil	23.40	6.570	56.10	79.90	38.50	1.850	24.30
Mediana	24.00	6.580	56.20	80.10	38.60	1.870	29.80
Media	23.90	6.581	56.22	80.08	38.56	1.879	29.46
Tercer cuartil	24.80	6.590	56.30	80.30	38.70	1.920	34.60
Máximo	26.40	6.610	56.50	80.70	38.90	1.940	37.50
Moda	23.50	6.580	56.20	79.90	38.50	1.870	34.60

Elaboración propia

5.5. Gráficos de los resultados fisicoquímicos.

5.5.1. Caracterización Fisicoquímica del Agua en Puntos Seleccionados

Se realizó los gráficos de violín con el fin de visualizar de mejor manera los datos que se han obtenido en los muestreos de los diferentes puntos.



Cada gráfico es un diagrama de violín que muestra la distribución de una variable (pH, Conductividad, Salinidad, Sólidos Totales, Temperatura) en diferentes puntos de muestreo (IP, SP, PV, CC, UV). La forma del violín representa la densidad de probabilidad de los datos, con las partes más anchas indicando una mayor concentración de valores. La sección verde dentro de cada violín generalmente indica el rango intercuartílico, que abarca el 50% central de los datos.

A. **pH:**

- Este gráfico muestra la distribución del pH en los cinco puntos de muestreo.
- Los valores de pH para IP, SP, PV y UV se encuentran en un rango muy similar, alrededor de 6.55 a 6.60, lo que sugiere una ligera acidez o neutralidad cercana. Las distribuciones son relativamente simétricas.
- El punto de muestreo CC muestra una distribución más amplia y un rango de pH ligeramente más alto, abarcando desde aproximadamente 6.575 hasta 6.625, con una mayor concentración de datos hacia los valores más altos en comparación con los otros puntos. Esto podría indicar una ligera variación en la acidez/alcalinidad en este punto.

B. **Conductividad:**

- Este gráfico ilustra la distribución de la conductividad eléctrica.
- IP y SP presentan distribuciones de conductividad relativamente altas, con la mayoría de los valores alrededor de 79.75 a 80.75.
- PV y CC muestran conductividades más bajas, con distribuciones más compactas alrededor de 79.5 a 80.0.
- UV se destaca con la conductividad más alta, con un rango que va aproximadamente de 79.75 a 81.0, lo que sugiere una mayor concentración de iones disueltos en este punto.

C. **Salinidad:**

- Este gráfico muestra la distribución de la salinidad.
- IP, SP y CC tienen distribuciones de salinidad similares, principalmente entre 38.0 y 39.0.
- PV y UV muestran valores de salinidad notablemente más altos, con la mayoría de los datos por encima de 38.5 y alcanzando cerca de 39.0. Esto indica que estos puntos tienen una mayor concentración de sales disueltas.

D. **Sólidos totales:**

- Este gráfico presenta la distribución de los sólidos totales.
- IP y SP muestran distribuciones de sólidos totales alrededor de 56.0 a 56.25.
- PV, CC y UV tienen distribuciones de sólidos totales más altas y más dispersas. CC, en particular, presenta un rango amplio que va desde aproximadamente

55.75 hasta 56.5, con una gran concentración de datos en los valores más altos. UV también muestra una distribución con valores altos y un rango considerable. Esto sugiere una mayor cantidad de material disuelto o suspendido en estos puntos.

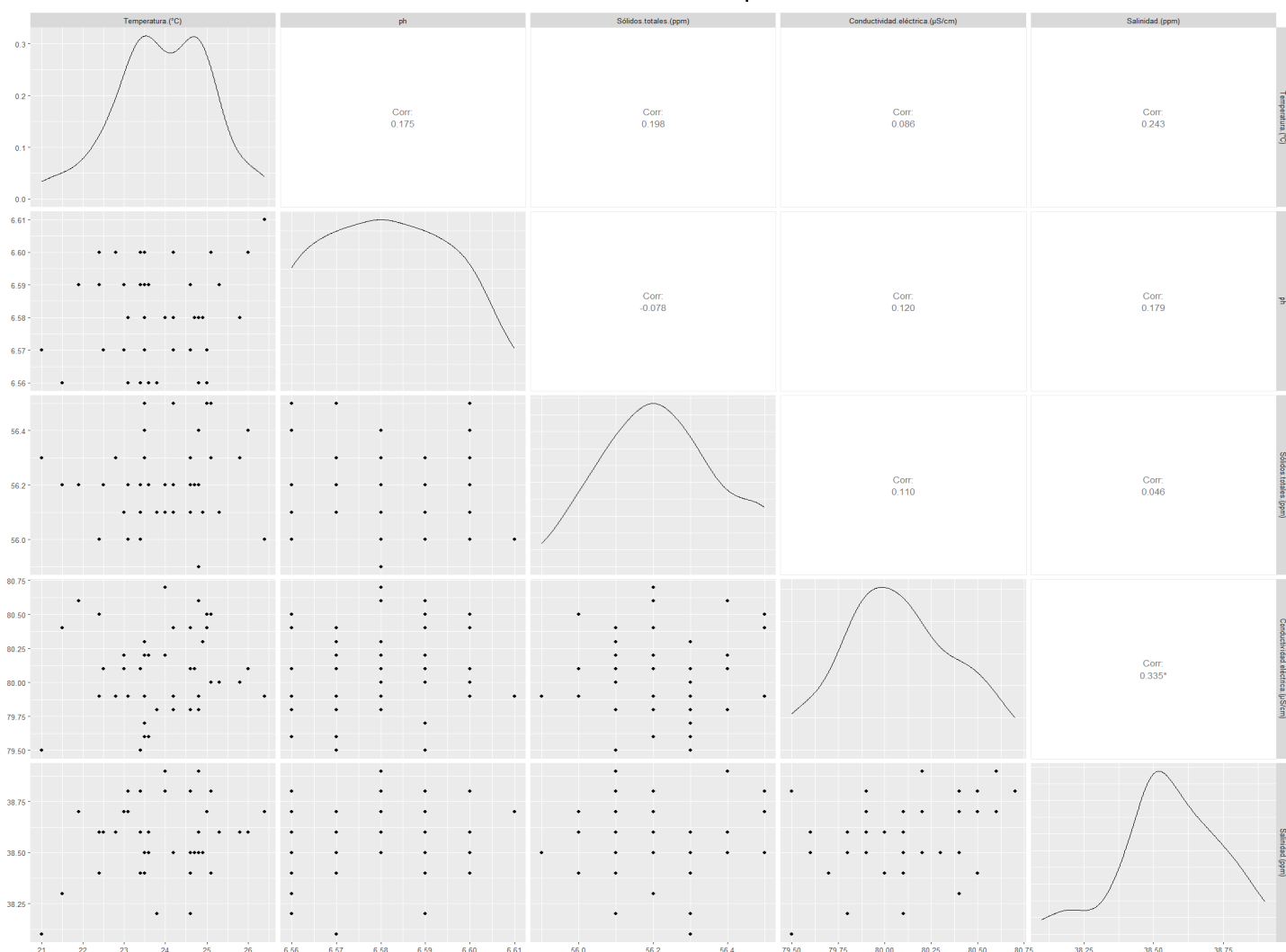
E. **Temperatura:**

- Este gráfico ilustra la distribución de la temperatura en grados Celsius.
- IP y SP muestran temperaturas relativamente bajas, con la mayoría de los valores entre 22.0 y 24.0 °C.
- PV presenta una temperatura ligeramente más alta, con un rango que va de 22.0 a 25.0 °C.
- CC y UV se destacan con las temperaturas más altas. CC tiene la distribución más amplia, desde aproximadamente 22.5 hasta 27.0 °C, mientras que UV muestra una distribución muy compacta y alta, alrededor de 24.5 a 25.0 °C. Esto sugiere que CC y UV son los puntos más cálidos.

En conjunto, estos gráficos revelan variaciones significativas en las características fisicoquímicas del agua entre los diferentes puntos de muestreo, lo que sugiere que cada ubicación tiene condiciones ambientales únicas o está bajo la influencia de distintos factores.

Se utilizó la correlación de Pierson, la dispersión, la distribución y covarianza con el fin de visualizar de mejor manera de los datos fisicoquímicos obtenidos.

Gráfico 2. Distribución de los datos fisicoquímicos.



Elaboración propia

Las variables que se han evaluado son: Temperatura (°C), pH, Sólidos totales (ppm), Conductividad eléctrica (µS/cm) y Salinidad (ppm).

5.5.2. Diagonal principal (gráfico de densidad)

Se muestra la distribución univariada de cada parámetro, con las curvas suaves que permiten visualizar la frecuencia de los valores más comunes.

5.5.3. Debajo de la Diagonal (gráfico de dispersión bivariado)

Se presenta nubes de puntos entre cada par de variables, este gráfico permite evaluar visualmente si hay relaciones lineales, patrones o agrupamientos.

5.5.4. Encima de la Diagonal (correlación de Pearson)

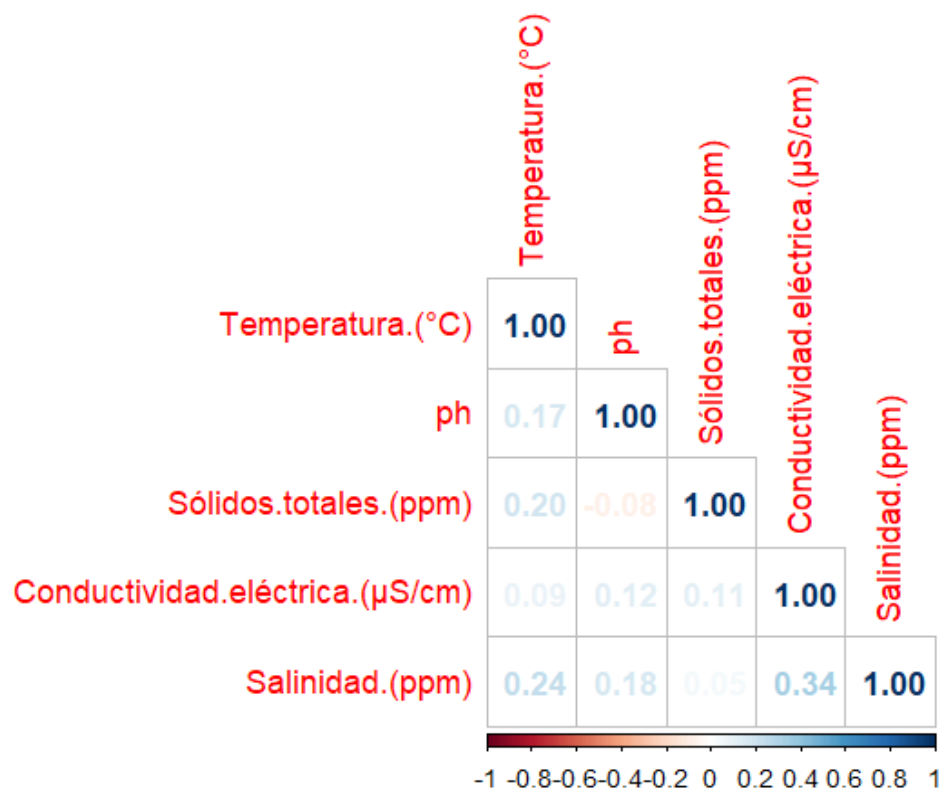
Se presenta los valores de correlación lineal (r) entre las variables, un valor cercano al 0 indica poca o ninguna correlación, y los

valores cercanos a +1 o -1 indican correlación fuerte positiva o negativa, respectivamente.

Se puede observar que la mayor correlación existente es entre la conductividad eléctrica y la salinidad ($r=0.335$), esto puede deberse a que la conductividad se ve influenciada por la concentración de las sales disueltas en el agua, sin embargo, las demás correlaciones son muy bajas.

Para una mayor visualización de los resultados se ha considerado una matriz de correlación de Pearson.

Gráfico 3. Representación de la correlación de los datos fisicoquímicos.



Elaboración propia

Las variables que se han evaluado son: Temperatura (°C), pH, Sólidos totales (ppm), Conductividad eléctrica (µS/cm) y Salinidad (ppm).

+1 (Color azul): Correlación positiva

0 (Color blanco): Sin correlación

-1 (Color rojo): Correlación negativa

Las correlaciones entre los parámetros fisicoquímicos evaluados son débiles a moderados, lo que indica que los cambios en una variable no influyen

fuertemente en otras, la única relación de interés es entre la salinidad y conductividad eléctrica, lo cual es técnicamente coherente debido a la naturaleza del transporte iónico en el agua.

5.6.Reglamento de la Calidad del Agua Para Consumo Humano

Según el Reglamento de la Calidad del Agua Para Consumo Humano en el Perú se debe considerar los que esté dentro del límite máximo permisible como se muestran en la tabla 7.

Tabla 7. Límites máximos permisibles de parámetros organolépticos.

Parámetros	Unidad de medida	Límite máximo permisible
pH	Valor de pH	6.5 a 8.5
Sólidos Totales	mgL ⁻¹	1000
Conductividad eléctrica	µmho/cm	1500
Salinidad	mg Na L ⁻¹	200
Cloro residual	mg Cl/L ⁻¹	0.5

Reglamento de la Calidad del Agua Para Consumo Humano

5.7.Concentración y pureza de las muestras de ADN.

Usando la **espectrofotometría**, se midió la concentración y pureza de las muestras de ADN. Para definir los mejores parámetros de este proceso, se utilizó un **programa de control de calidad** de ADN, cuyos resultados se resumen en la Tabla 8.

Tabla 8. Valores indicativos de pureza en ácidos nucleicos (ADN) por espectrofotometría:

	Calidad óptima	Calidad aceptable	Contaminado
	260/280 ≥ 1.8	260/280 ≥ 1.6	260/280 < 1.6
ADN	260/230 ≥ 1.8	260/230 ≥ 1.6	260/230 < 1.6

Programa de control de calidad de muestras de ADN.

5.8.Discusión de los resultados

Los parámetros fisicoquímicos están dentro de los límites permisibles de acuerdo al reglamento de calidad del agua como se aprecia en la Tabla 7. Sin embargo, llama la atención el cloro cuya ausencia es absoluta, debido a que no se encontró en ningún punto muestreado, Según Barreiro et al., (2012) esto es un problema debido a que el cloro añadido al agua es eficaz para reducir la cantidad de microorganismos. Pese a que la comunidad cuenta con una planta de tratamiento de agua potable y éstas son diseñadas para eliminar contaminantes físicos, químicos y biológicos, esta no funciona y como menciona Calderón-Franco et al., (2023) el suministrar agua no

potable asegura con el tiempo que la concentración de determinantes de resistencia a los antibióticos se extiende.

La ausencia de cloración en el agua de consumo de la comunidad Awajún de Tsuntsunsa podría exacerbar el problema, ya que este proceso es efectivo para eliminar muchos microorganismos, incluyendo algunas bacterias que contienen genes resistentes a los antibióticos (Seymour et al., 2020). Sin embargo, la presencia de genes de resistencia en todas las muestras sugiere que otros factores, como la contaminación fecal y la presencia de reservorios ambientales de bacterias resistentes, podrían estar jugando un papel más importante (Yin et al., 2024).

La identificación del gen *marA* en todas las muestras de agua analizadas revela una situación crítica debido a que este gen, conocido por conferir resistencia a múltiples clases de antibióticos, indica que las bacterias presentes en el agua de consumo de la comunidad son altamente resistentes a los tratamientos convencionales. Esta situación pone en riesgo la salud de los habitantes, especialmente de aquellos con sistemas inmunológicos debilitados o que padecen enfermedades crónicas (Poole, 2004).

El gen *ermC*, asociado a la resistencia a la eritromicina, un antibiótico de amplio espectro, en todas las muestras de agua, tiene importantes implicaciones para la salud pública y el encontrarlo en cada muestra desata una inminente preocupación debido a que, a partir del trabajo de nos menciona que la eritromicina se utiliza comúnmente para tratar diversas infecciones, desde infecciones respiratorias hasta infecciones de la piel (Lim et al., 2012). La pérdida de eficacia de este antibiótico puede complicar el tratamiento de enfermedades comunes y aumentar el riesgo de complicaciones.

La ampicilina se utiliza comúnmente para tratar infecciones bacterianas, como infecciones del tracto urinario y algunas infecciones respiratorias. La identificación del gen *AMPC*, responsable de la resistencia a la ampicilina, un antibiótico de amplio uso en medicina humana y veterinaria, en todas las muestras de agua, tiene importantes implicaciones clínicas (Tariq et al., 2023). La pérdida de eficacia de este antibiótico limita las opciones terapéuticas disponibles para los profesionales de la salud. La exposición a largo plazo a agua contaminada con genes de resistencia puede aumentar

el riesgo de infecciones resistentes a los antibióticos, lo que dificulta el tratamiento y aumenta la mortalidad. (Zhang, Zuo, et al., 2024)

Según la detección de genes de resistencia en un ambiente aparentemente remoto como Tsuntsuntsa sugiere que la contaminación por antibióticos es un problema global que trasciende las fronteras geográficas y sociales (H. Wang et al., 2024). Este hallazgo es preocupante y subraya la necesidad de implementar medidas urgentes para abordar la contaminación por antibióticos en esta región.

Es importante reconocer que este estudio presenta ciertas limitaciones. Debido a que no se han identificado las especies bacterianas portadoras de los genes de resistencia ni se ha evaluado el potencial de transferencia de estos genes entre diferentes bacterias. Además, el estudio se ha centrado en una sola comunidad, por lo que los resultados obtenidos pueden no ser generalizables a otras regiones del Perú.

VI. CONCLUSIONES

El análisis de muestras de agua potable de la comunidad Awajún de Tsuntsunsa mostró que, aunque las propiedades físicas y químicas del agua estaban dentro de los estándares de seguridad, se pudo aislar material genético en todas las muestras.

Detección de Resistencia a Antibióticos

Utilizando la técnica de PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa), se confirmaron y caracterizaron genes de resistencia a antibióticos en todas las muestras de agua de la comunidad. Este hallazgo, sumado a la falta de cloro en el agua, indica un riesgo serio para la salud pública. La presencia de estos genes sugiere que la población está expuesta a bacterias que podrían no responder a los tratamientos médicos convencionales.

VII. RECOMENDACIONES

En base a los resultados de este estudio, se recomiendan las siguientes acciones para los gobiernos locales y regionales, así como la Autoridad Nacional del Agua a través de la Autoridad Local del Agua, Superintendencia Nacional de Servicios y Saneamiento y al Ministerio de Salud:

- Monitoreo continuo de la calidad del agua: Es fundamental realizar un monitoreo regular de la calidad del agua en la comunidad Awajún para evaluar la evolución de la contaminación por antibióticos y la eficacia de las medidas de mitigación.
- Promoción de prácticas agrícolas sostenibles: Se deben promover prácticas agrícolas que reduzcan el uso de antibióticos y fertilizantes, y que minimicen la contaminación de las fuentes de agua.
- Desinfectar el agua para consumo humano: Es necesario garantizar el acceso a agua potable segura a través de la implementación de sistemas de tratamiento de agua adecuados.
- Se han reportado genes de resistencia a antibióticos específicos de E. coli, por lo que se recomienda realizar un trabajo e investigaciones posterior a fin de realizar el aislamiento de E. coli del agua de consumo humano y realizar una caracterización de la resistencia
- Educación ambiental: Se deben realizar campañas de educación ambiental para sensibilizar a la comunidad sobre la importancia de cuidar el agua y reducir la contaminación.
- Investigaciones adicionales: Se requieren estudios adicionales para identificar las fuentes específicas de contaminación por antibióticos y evaluar la eficacia de diferentes estrategias de intervención.

VIII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aloui, S., Zhibi, A., Mazzoni, A., Abushaikha, A. S., & Elomri, A. (2025). Assessing groundwater quality and suitability in Qatar: Strategic insights for sustainable water management and environmental protection. *Environmental and Sustainability Indicators*, 25(100582), 100582. <https://doi.org/10.1016/j.indic.2025.100582>
- Alós, J.-I. (2015). Bacterial resistance to antibiotics: A global crisis. *Infectious Diseases and Clinical Microbiology*, 33(10), 692-699. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2014.10.004>
- American Public Health Association ® American Water Works Association ® Water Environment Federation ®. (2017). *Standard Methods for the Examination of Water and Wastewater* (Rodger B. Baird Andrew D. Eaton Eugene W. Rice, Ed.). American Public Health Association.
- Ardic, N., Ozyurt, M., Sareyyupoglu, B., & Haznedaroglu, T. (2005). Investigation of erythromycin and tetracycline resistance genes in methicillin-resistant staphylococci. *International Journal of Antimicrobial Agents*, 26(3), 213-218. <https://doi.org/10.1016/j.ijantimicag.2005.06.013>
- Barreiro, F. R., Baraldi-Artioni, S. M., Pinto, F. R., Barbosa, M. M. C., Barbosa, J. C., & Amaral, L. A. (2012). Influence of chlorine added to drinking water during the preslaughter feed withdrawal on microbiology and morphology of the broiler gastrointestinal tract. *Poultry Science*, 91(11), 2778-2784. <https://doi.org/10.3382/ps.2012-02455>
- Bergman, J. M., Fineran, P. C., Petty, N. K., & Salmond, G. P. C. (2019). Transduction: The transfer of host DNA by bacteriophages. En *Reference Module in Biomedical Sciences*. Elsevier.
- Brooks, K., Eze, J., Onalenna, O., & Rahube, T. O. (2023). Analysis of antibiotic resistance from a rural community and wastewater contaminated environment linked to human and animal activities. *Journal of Hazardous Materials Advances*, 9(100232), 100232. <https://doi.org/10.1016/j.hazadv.2023.100232>
- Calderón-Franco, D., Corbera-Rubio, F., Cuesta-Sanz, M., Pieterse, B., de Ridder, D., van Loosdrecht, M. C. M., van Halem, D., Laurenzi, M., & Weissbrodt, D. G. (2023). Microbiome, resistome and mobilome of chlorine-free drinking water treatment systems. *Water Research*, 235, 119905. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2023.119905>
- Cedeño-Muñoz, J. S., Aransiola, S. A., Reddy, K. V., Ranjit, P., Victor-Ekwebelem, M. O., Oyedele, O. J., Pérez-Almeida, I. B., Maddela, N. R., & Rodríguez-Díaz, J. M. (2024). Antibiotic resistant bacteria and antibiotic resistance genes as contaminants of emerging concern: Occurrences, impacts, mitigations and future guidelines. *The*

- Science of the Total Environment, 952(175906), 175906.
<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.175906>
- Chen, H., Li, Y., Sun, W., Song, L., Zuo, R., & Teng, Y. (2020). Characterization and source identification of antibiotic resistance genes in the sediments of an interconnected river-lake system. *Environment International*, 137(105538), 105538.
<https://doi.org/10.1016/j.envint.2020.105538>
- Chetri, S. (2025). *Escherichia coli*: An arduous voyage from commensal to Antibiotic-resistance. *Microbial Pathogenesis*, 198(107173), 107173.
<https://doi.org/10.1016/j.micpath.2024.107173>
- Darko, N. K. O., & Mills-Robertson, F. C. (2025). Probiotic potential and antimicrobial effects of lactic acid bacteria isolated from palm wine against foodborne pathogens in Ghana. *Food Chemistry Advances*, 7(101002), 101002.
<https://doi.org/10.1016/j.focha.2025.101002>
- Deng, J., Zhang, W., Zhang, L., Qin, C., Wang, H., & Ling, W. (2024). Micro-interfacial behavior of antibiotic-resistant bacteria and antibiotic resistance genes in the soil environment: A review. *Environment International*, 191(108972), 108972.
<https://doi.org/10.1016/j.envint.2024.108972>
- Devane, M. L., Moriarty, E., Weaver, L., Cookson, A., & Gilpin, B. (2020). Fecal indicator bacteria from environmental sources; strategies for identification to improve water quality monitoring. *Water Research*, 185(116204), 116204.
<https://doi.org/10.1016/j.watres.2020.116204>
- Díaz-García, C., Sánchez-Osuna, M., Serra-Compte, A., Karakatsanidou, I., Gómez-Sánchez, I., Fidalgo, B., Barbuzana-Armas, C., Fittipaldi, M., Rosselli, R., Vinyoles, J., González, S., Pich, O. Q., Espasa, M., & Yáñez, M. A. (2025). Mapping antimicrobial resistance landscape at a city scale sewage network. *The Science of the Total Environment*, 974(179127), 179127. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2025.179127>
- Dirección General de Salud Ambiental, (2011). *Reglamento de la Calidad del Agua para Consumo Humano* (DIGESA, Ed.). Ministerio de Salud.
- Doerrler, W. T., & Raetz, C. R. H. (2002). ATPase activity of the MsbA lipid flippase of *Escherichia coli*. *The Journal of Biological Chemistry*, 277(39), 36697–36705.
<https://doi.org/10.1074/jbc.M205857200>
- Du, J., Xu, T., Guo, X., & Yin, D. (2022). Characteristics and removal of antibiotics and antibiotic resistance genes in a constructed wetland from a drinking water source in the

- Yangtze River Delta. *Science of The Total Environment*, 813, 152540. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.152540>
- Duarte, D. J., Zillien, C., Kox, M., Oldenkamp, R., van der Zaan, B., Roex, E., & Ragas, A. M. J. (2023). Characterization of urban sources of antibiotics and antibiotic-resistance genes in a Dutch sewer catchment. *Science of The Total Environment*, 905, 167439. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.167439>
- Eghbalpoor, F., Gorji, M., Alavigeh, M. Z., & Moghadam, M. T. (2024). Genetically engineered phages and engineered phage-derived enzymes to destroy biofilms of antibiotics resistance bacteria. *Heliyon*, 10(15), e35666. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e35666>
- Escalante E., D., Montalvo A., K., Alvarez V., L., Surco L., R., Palomino-Farfán., J., Calle E., S., Siuce M., J., Escalante E., D., Montalvo A., K., Alvarez V., L., Surco L., R., Palomino-Farfán., J., Calle E., S., & Siuce M., J. (2022). Detection of antimicrobial resistance genes in *Escherichia coli* isolates from production pigs with diarrhea. *Journal of Veterinary Research from Peru*, 33(5). <https://doi.org/10.15381/rivep.v33i5.23795>
- Fan, L., Chen, C., Zhang, H., Zeng, Y., Li, T., Gao, R., Li, J., Ren, Y., Wu, Z., Bi, F., Chu, Y., Li, H., Hu, J., Xu, J., & Xu, Y. (2025). Atmospheric detection, prevalence, transmission, health and ecological consequences of antibiotic resistance genes and resistant bacteria: A comprehensive review. *Emerging Contaminants*, 11(3), 100514. <https://doi.org/10.1016/j.emcon.2025.100514>
- Fang, H., Liu, Y., Qiu, P., Song, H.-L., Liu, T., Guo, J., & Zhang, S. (2022). Simultaneous removal of antibiotic resistant bacteria and antibiotic resistance genes by molybdenum carbide assisted electrochemical disinfection. *Journal of Hazardous Materials*, 432, 128733. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2022.128733>
- Flach, K. A., Bones, U. A., Wolff, D. B., de Oliveira Silveira, A., da Rosa, G. M., Carissimi, E., & Silvestri, S. (2024). Antibiotic resistant bacteria and genes (ARB and ARG) in water and sewage treatment units: A review. *Environmental Nanotechnology Monitoring & Management*, 21(100941), 100941. <https://doi.org/10.1016/j.enmm.2024.100941>
- Gilman, R. H., Cabrera, L., Basilio, S., Burnham, C. A., Schiaffino Salazar, F., Pehrsson, E. C., Dantas, G., Tsukayama, P., Lescano, A. G., Patel, S., Calderon, M., & Wallace, M. (2019). Microbiomes and Antibiotic Resistance Genes in a Wastewater Treatment Plant in Lima. <https://repositorio.upch.edu.pe/handle/20.500.12866/12723>
- Gwenzi, W., Musiyiwa, K., Mangori, L., Chaukura, N., & Abia, A. L. K. (2022). Chapter 8 - Antibiotic-resistant bacteria and antibiotic resistance genes in aquatic systems: Occurrence, behaviour, and fate. En W. Gwenzi (Ed.), *Emerging Contaminants in the*

- Terrestrial-Aquatic-Atmosphere Continuum: (pp. 121-136). Elsevier.
<https://doi.org/10.1016/B978-0-323-90051-5.00005-5>
- Hassan, W., Hashim, A., & Domany, R. (2012). Quinolone resistance determinants mediated by qnr, aac(6')-Ib-cr and qep plasmids in ESBL-producing *Escherichia coli* clinical isolates from Egypt. *Indian Journal of Medical Microbiology*, 30(4), 442-447.
<https://doi.org/10.4103/0255-0857.103766>
- He, S., He, W., Shi, H., Yu, S., Chen, Y., Chen, L., Zhou, Y., Wang, X., & Deng, Y. (2025). Sono-piezodynamic therapy for drug-resistant bacteria infection. *Cell Reports. Physical Science*, 6(3), 102451. <https://doi.org/10.1016/j.xcrp.2025.102451>
- Jiang, L., Zhai, W., Wang, J., Li, G., Zhou, Z., Li, B., & Zhuo, H. (2023). Antibiotics and antibiotic resistance genes in the water sources of the Wuhan stretch of the Yangtze River: Occurrence, distribution, and ecological risks. *Environmental Research*, 239, 117295.
<https://doi.org/10.1016/j.envres.2023.117295>
- Jones, R. N., Fritsche, T. R., Sader, H. S., & Stilwell, M. G. (2007). Activity of garenoxacin, an investigational des-F(6)-quinolone, tested against pathogens from community-acquired respiratory tract infections, including those with elevated or resistant-level fluoroquinolone MIC values. *Diagnostic Microbiology and Infectious Disease*, 58(1), 9–17. <https://doi.org/10.1016/j.diagmicrobio.2007.01.020>
- Li, H., Yu, H., Liang, Y., Zhang, X., Yang, D., Wang, L., Shi, D., Chen, T., Zhou, S., Yin, J., Yang, Z., Li, J., & Jin, M. (2023). Extended chloramination significantly enriched intracellular antibiotic resistance genes in drinking water treatment plants. *Water Research*, 232, 119689. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2023.119689>
- Lim, K., Hanifah, Y., Yusof, M., & Thong, K. (2012). ermA, ermC, tetM and tetK are essential for erythromycin and tetracycline resistance among methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains isolated from a tertiary hospital in Malaysia. *Indian Journal of Medical Microbiology*, 30(2), 203-207. <https://doi.org/10.4103/0255-0857.96693>
- Li, S., Ondon, B. S., Ho, S.-H., Zhou, Q., & Li, F. (2023). Drinking water sources as hotspots of antibiotic-resistant bacteria (ARB) and antibiotic resistance genes (ARGs): Occurrence, spread, and mitigation strategies. *Journal of Water Process Engineering*, 53, 103907. <https://doi.org/10.1016/j.jwpe.2023.103907>
- Liu, L., Zou, X., Gao, Y., Li, H., Cheng, Y., Zhang, X., & Yuan, Q. (2023). Differential dose-response patterns of intracellular and extracellular antibiotic resistance genes under sub-lethal antibiotic exposure. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 260, 115070. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2023.115070>

- Liu, S., Lioe, T. S., Sun, L., Adriaenssens, E. M., McCarthy, A. J., & Sekar, R. (2025). Validation of crAssphage microbial source tracking markers and comparison with Bacteroidales markers for detection and quantification of faecal contaminations in surface water. *Environmental Pollution (Barking, Essex: 1987)*, 366(125403), 125403. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2024.125403>
- Lu, N., Du, Z., Chu, F., Xiao, R., Wu, Z., Wang, M., Jia, R., & Chu, W. (2024). Tracking the impact of perfluoroalkyl acid emissions on antibiotic resistance gene profiles in receiving water by metagenomic analysis. *Water Research*, 261, 121931. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2024.121931>
- Kang, Y., Wang, J., Wang, Y., & Li, Z. (2024). Profiles of phage in global hospital wastewater: Association with microbial hosts, antibiotic resistance genes, metal resistance genes, and mobile genetic elements. *The Science of the Total Environment*, 926, 171766. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.171766>
- Kothari, A., Kumar, P., Gaurav, A., Kaushal, K., Pandey, A., Yadav, S. R. M., Jain, N., & Omar, B. J. (2023). Association of antibiotics and heavy metal arsenic to horizontal gene transfer from multidrug-resistant clinical strains to antibiotic-sensitive environmental strains. *Journal of Hazardous Materials*, 443, 130260. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2022.130260>
- Lohan, S., Konshina, A. G., Tiwari, R. K., Efremov, R. G., Maslennikov, I., & Parang, K. (2024). Broad-spectrum activity of membranolytic cationic macrocyclic peptides against multi-drug resistant bacteria and fungi. *European Journal of Pharmaceutical Sciences: Official Journal of the European Federation for Pharmaceutical Sciences*, 197(106776), 106776. <https://doi.org/10.1016/j.ejps.2024.106776>
- Lucey, B. (2022). Detection of genetic elements among clinically relevant bacteria. En *Encyclopedia of Infection and Immunity* (pp. 310–319). Elsevier.
- Matoh, L., Žener, B., Korošec, R. C., & Štangar, U. L. (2019). 27—Photocatalytic water treatment. En F. Pacheco-Torgal, M. V. Diamanti, A. Nazari, C. G. Granqvist, A. Pruna, & S. Amirkhanian (Eds.), *Nanotechnology in Eco-efficient Construction (Second Edition)* (pp. 675-702). Woodhead Publishing. <https://doi.org/10.1016/B978-0-08-102641-0.00027-X>
- Martínez-Oviedo, A., Monterrubio-Martínez, E., & Tuxpan-Vargas, J. (2024). Assessing the water contaminants in San Luis Potosi and its effects on its inhabitants: An interdisciplinary study on environmental contamination and public health. *Journal of Hazardous Materials*, 464(132828), 132828. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2023.132828>

- Mithuna, R., Tharanyalakshmi, R., Jain, I., Singhal, S., Sikarwar, D., Das, S., Ranjitha, J., Ghosh, D., Rahman, M. M., & Das, B. (2024). Emergence of antibiotic resistance due to the excessive use of antibiotics in medicines and feed additives: A global scenario with emphasis on the Indian perspective. *Emerging Contaminants*, 10(4), 100389. <https://doi.org/10.1016/j.emcon.2024.100389>
- Mishu, M. A., Imran, A., Saha, A., Ferdousee, S., Islam, M. R., Abdullah-Al-Shoeb, M., Islam, S., & Azad, M. A. K. (2025). Detection, characterization, and antibiotic resistance profiling of multidrug-resistant bacteria isolated from circulating currency in the Northeastern region of Bangladesh. *IJID Regions (Online)*, 14(100519), 100519. <https://doi.org/10.1016/j.ijregi.2024.100519>
- Monroy, I., Catalá-Gregori, P., & Sevilla-Navarro, S. (2025). Assessment of antibiotic resistance and virulence in *Escherichia coli* strains isolated from poultry in Spain. *Poultry Science*, 104(2), 104838. <https://doi.org/10.1016/j.psj.2025.104838>
- Munita, J. M., & Arias, C. A. (2016). Mechanisms of antibiotic resistance. En *Virulence Mechanisms of Bacterial Pathogens, Fifth Edition* (pp. 481–511). American Society of Microbiology.
- Nava, A. R., Daneshian, L., & Sarma, H. (2022). Antibiotic resistant genes in the environment—exploring surveillance methods and sustainable remediation strategies of antibiotics and ARGs. *Environmental Research*, 215, 114212. <https://doi.org/10.1016/j.envres.2022.114212>
- Nguyen, H. T., Lee, Y. K., Kwon, J.-H., & Hur, J. (2023). Microplastic biofilms in water treatment systems: Fate and risks of pathogenic bacteria, antibiotic-resistant bacteria, and antibiotic resistance genes. *Science of The Total Environment*, 892, 164523. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.164523>
- Nulty, K. M., Soon, J. M., Wallace, C. A., & Nastasijevic, I. (2016). Antimicrobial resistance monitoring and surveillance in the meat chain: A report from five countries in the European Union and European Economic Area. *Trends in Food Science & Technology*, 58, 1–13. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2016.09.010>
- Pedrosa Amado, A. (1999). Reacción en cadena de la polimerasa. *Revista Archivo Médico de Camagüey*, 3(2), 0-0. http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S1025-02551999000200011&lng=es&nrm=iso&tlng=es *Environment*, 892, 164708. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.164708>

- Perveen, S., & Amar-UI-Haque. (2023). Drinking water quality monitoring, assessment and management in Pakistan: A review. *Heliyon*, 9(3), e13872. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e13872>
- Peter, P. O., Bertone, E., & Stewart, R. A. (2025). A systematic literature review of forecasting and predictive models for enterococci intrusion in aquatic ecosystems. *Cleaner Water*, 3(100063), 100063. <https://doi.org/10.1016/j.clwat.2025.100063>
- Pham, M. N., Nishimura, F., Lan, J. C. W., & Khoo, K. S. (2024). Recent advancement of eliminating antibiotic resistance bacteria and antibiotic resistance genes in livestock waste: A review. *Environmental Technology & Innovation*, 36(103751), 103751. <https://doi.org/10.1016/j.eti.2024.103751>
- Pires, J., Santos, R., & Monteiro, S. (2023). Antibiotic resistance genes in bacteriophages from wastewater treatment plant and hospital wastewaters. *Science of The Total Environment*, 847, 157817. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.157817>
- Qiao, W., Wang, L., Luo, Y., & Yang, T. (2025). Synthetic approaches and therapeutic applications of FDA-approved antibacterial agents: A comprehensive review from 2003 to 2023. *European Journal of Medicinal Chemistry*, 285(117267), 117267. <https://doi.org/10.1016/j.ejmech.2025.117267>
- Reichert, G., Hilgert, S., Alexander, J., Rodrigues de Azevedo, J. C., Morck, T., Fuchs, S., & Schwartz, T. (2021). Determination of antibiotic resistance genes in a WWTP-impacted river in surface water, sediment, and biofilm: Influence of seasonality and water quality. *Science of The Total Environment*, 768, 144526. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2020.144526>
- Ripanda, A., Rwiza, M. J., Nyanza, E. C., Hossein, M., Alfred, M. S., El Din Mahmoud, A., Murthy, H. C. A., Bakari, R., Hamad Vuai, S. A., & Machunda, R. L. (2025). Ecological consequences of antibiotics pollution in sub-Saharan Africa: Understanding sources, pathways, and potential implications. *Emerging Contaminants*, 11(2), 100475. <https://doi.org/10.1016/j.emcon.2025.100475>
- Rowaiye, A., Ibeanu, G. C., Bur, D., Nnadi, S., Morikwe, U., Ogugua, A. J., & Chukwudi, C. U. (2025). Phyto-molecules show potentials to combat drug-resistance in bacterial cell membranes. *Microbial Pathogenesis*, 107723. <https://doi.org/10.1016/j.micpath.2025.107723>
- Seymour, I., O'Sullivan, B., Lovera, P., Rohan, J. F., & O'Riordan, A. (2020). Detección electroquímica de cloro libre en muestras de agua facilitada por el control de pH in situ

utilizando microelectrodos entrelazados. *Sensors and Actuators B: Chemical*, 325, 128774. <https://doi.org/10.1016/j.snb.2020.128774>

Shahab, S. N., van Veen, A., Kemper, M. A., Rijfkoogel, A., Vos, M. C., Karuniawati, A., Severin, J. A., Schmitt, H., & SAMPAN Consortium. (2025). Detection methods for carbapenem-resistant *Pseudomonas aeruginosa* in surface water and wastewater. *The Science of the Total Environment*, 961(178086), 178086. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.178086>

SICNA. (2016). DIRECTORIO 2016 COMUNIDADES NATIVAS DEL PERÚ (I. del Bien Común, Ed.). Carla Soria.

Son, H.-S., Yun, K.-W., Seong, M.-J., Lee, S.-M., & Kim, M.-C. (2025). Propidium monoazide-quantitative PCR for antibiotic sensitivity testing and minimum inhibitory concentration testing of antibiotic-resistant bacteria. *Water Biology and Security*, 100406, 100406. <https://doi.org/10.1016/j.watbs.2025.100406>

Su, H., Xia, T., Xu, W., Hu, X., Xu, Y., Wen, G., & Cao, Y. (2023). Temporal variations, distribution, and dissemination of antibiotic resistance genes and changes of bacterial communities in a biofloc-based zero-water-exchange mariculture system. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 256, 114904. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2023.114904>

Sun, H., Levenfors, J. J., Brandt, C., & Schnürer, A. (2025). Assessing phenotypic and genotypic antibiotic resistance in bacillus-related bacteria isolated from biogas digestates. *Ecotoxicology and Environmental Safety*, 291(117859), 117859. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2025.117859>

Sun, J., Deng, Z., & Yan, A. (2014). Bacterial multidrug efflux pumps: mechanisms, physiology and pharmacological exploitations. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 453(2), 254–267. <https://doi.org/10.1016/j.bbrc.2014.05.090>

Tan, R., Jin, M., Li, J. y Yang, D. (2025). Dissemination, health risks, and mitigation strategies of antibiotic resistance genes in the gut microbiome. *Journal of Hazardous Materials Advances*, 17 (100634), 100634. <https://doi.org/10.1016/j.hazadv.2025.100634>

Tang, H., Liu, Z., Hu, B., & Zhu, L. (2025). Hierarchical activation of resistance genes under tetracyclines selective pressure in complex microbial community. *Journal of Hazardous Materials*, 493(138399), 138399. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2025.138399>

Tariq, F. N., Shafiq, M., Khawar, N., Habib, G., Gul, H., Hayat, A., Rehman, M. U., Moussa, I. M., Mahmoud, E. A., & Elansary, H. O. (2023). Functional repertoire of AmpR in the AmpC β -lactamase, high expression and decreased resistance to β -lactamases and

- aminoglycosides in *Citrobacter freundii* ESBL. *Heliyon*, 9(9), e19486. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e19486>
- Teo, C. Y., Jong, J. S. J., Chan, Y. Q., & Oueslati, W. (2022). Carbon-Based Materials as Effective Adsorbents for the Removal of Pharmaceutical Compounds from Aqueous Solution. *Adsorption Science & Technology*, 2022, 3079663. <https://doi.org/10.1155/2022/3079663>
- Thabit, Z. A., AlShaheeb, Z. A., Jaafar, M. R., Al-Qaysi, S. A. S., & Al-Shimmary, S. M. H. (2025). Multidrug resistance and virulence profile of the commensal *Proteus mirabilis* isolated from a native Iraqi frozen chicken carcass. *Journal, Genetic Engineering & Biotechnology*, 23(2), 100490. <https://doi.org/10.1016/j.jgeb.2025.100490>
- Tian, H., Liu, J., Sun, J., Zhang, Y., & Li, T. (2023). Cross-media migration behavior of antibiotic resistance genes (ARGs) from municipal wastewater treatment systems (MWTSS): Fugitive characteristics, sharing mechanisms, and aerosolization behavior. *Science of The Total Environment*, 164710. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.164710>
- Twomey, C. (2000). Antibiotic Resistance—An Alarming Health Care Issue. *AORN Journal*, 72(1), 63-75. [https://doi.org/10.1016/S0001-2092\(06\)62039-5](https://doi.org/10.1016/S0001-2092(06)62039-5)
- Vivekanandan, K. E., Kumar, P. V., Jaysree, R. C., & Rajeshwari, T. (2025). Exploring molecular mechanisms of drug resistance in bacteria and progressions in CRISPR/Cas9-based genome expurgation solutions. *Global Medical Genetics*, 12(2), 100042. <https://doi.org/10.1016/j.gmg.2025.100042>
- Wang, B., Farhan, M. H. R., Yuan, L., Sui, Y., Chu, J., Yang, X., Li, Y., Huang, L., & Cheng, G. (2024). Transfer dynamics of antimicrobial resistance among gram-negative bacteria. *The Science of the Total Environment*, 954(176347), 176347. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.176347>
- Wang, H., Tao, X., Yin, H., Xing, X., & Shi, B. (2024). The perfluorooctanoic acid accumulation and release from pipelines promoted growth of bacterial communities and opportunistic pathogens with different antibiotic resistance genes in drinking water. *Journal of Hazardous Materials*, 135600. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2024.135600>
- Wang, S., Nie, W., Gu, Q., Wang, X., Yang, D., Li, H., Wang, P., Liao, W., Huang, J., Yuan, Q., Zhou, S., Ahmad, I., Kotaro, K., Chen, G., & Zhu, B. (2024a). Spread of antibiotic resistance genes in drinking water reservoirs: Insights from a deep metagenomic study using a curated database. *Water Research*, 256, 121572. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2024.121572>
- Witte, W. (2000). Ecological impact of antibiotic use in animals on different complex microflora: Environment. *International Journal of Antimicrobial Agents*, 14(4), 321-325. [https://doi.org/10.1016/S0924-8579\(00\)00144-8](https://doi.org/10.1016/S0924-8579(00)00144-8)

- Werkneh, A. A., & Islam, M. A. (2023). Post-treatment disinfection technologies for sustainable removal of antibiotic residues and antimicrobial resistance bacteria from hospital wastewater. *Heliyon*, 9(4), e15360. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e15360>
- Witte, W. (2000). Ecological impact of antibiotic use in animals on different complex microflora: Environment. *International Journal of Antimicrobial Agents*, 14(4), 321-325. [https://doi.org/10.1016/S0924-8579\(00\)00144-8](https://doi.org/10.1016/S0924-8579(00)00144-8)
- Wolf-Baca, M., & Siedlecka, A. (2023). Seasonal and spatial variations of antibiotic resistance genes and bacterial biodiversity in biofilms covering the equipment at successive stages of drinking water purification. *Journal of Hazardous Materials*, 456, 131660. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2023.131660>
- Yaghoobzadeh, F. (2025). Sequencing the unseen: long-read metagenomics and the microbial frontier. In *Computational Genomics and Structural Bioinformatics in Microbial Science* (pp. 65–97). Elsevier.
- Yan, J., Zhang, X., Shi, X., Wu, J., Zhou, Z., Tang, Y., Bao, Z., Luo, N., Zhang, D., Chen, J. y Zhang, H. (2025). Metagenomic insights into the mechanisms of rapid prokaryotic community recovery and the spread of antibiotic resistance genes following seawater disinfection. *Water Research*, 271 (122887), 122887. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2024.122887>
- Yin, F., Hao, W., Zhang, H., Miao, J., & Shi, H. (2024). Pollution status and spatial distribution of antibiotic resistance genes in urban surface water and surrounding soil media. *Journal of Environmental Chemical Engineering*, 12(5), 113856. <https://doi.org/10.1016/j.jece.2024.113856>
- Zhang, Y., Wang, M., Zhou, X., Cheng, W., Ren, J., Wan, T., & Liu, X. (2024). Transmission mechanism of antibiotic resistance genes and their differences between water and sediment in the Weihe River Basin. *Environmental Research*, 252, 119057. <https://doi.org/10.1016/j.envres.2024.119057>
- Zhang, Y., Zuo, S., Zheng, Q., Yu, G., & Wang, Y. (2024). Removal of antibiotic resistant bacteria and antibiotic resistance genes by an electrochemically driven UV/chlorine process for decentralized water treatment. *Water Research*, 265, 122298. <https://doi.org/10.1016/j.watres.2024.122298>
- Zhang, Y., Liang, Z., Wang, S., Qiao, R., & Li, C. (2025). Cross-subclass metallo- β -lactamase inhibitors: From structural and catalytic commonalities guiding design. *European Journal of Medicinal Chemistry*, 289(117479), 117479. <https://doi.org/10.1016/j.ejmech.2025.117479>
- Zhao, D., Liu, J., Sun, L., Hubacek, K., Pfister, S., Feng, K., Zheng, H., Peng, X., Wang, D., Yang, H., Shen, L., Lun, F., Zhao, X., Chen, B., Keskinen, M., Zhang, S., Cai, J., &

- Varis, O. (2024). Water consumption and biodiversity: Responses to global emergency events. *Science Bulletin*, 69(16), 2632–2646. <https://doi.org/10.1016/j.scib.2024.03.049>
- Zhong, J., Ahmed, Y., Carvalho, G., Wang, Z., Wang, L., Mueller, J. F., & Guo, J. (2022). Simultaneous removal of micropollutants, antibiotic resistant bacteria, and antibiotic resistance genes using graphitic carbon nitride under simulated solar irradiation. *Chemical Engineering Journal*, 433, 133839. <https://doi.org/10.1016/j.cej.2021.133839>
- Zhou, Z., & Chen, H. (2024). Evaluating human exposure to antibiotic resistance genes. *Biosafety and Health*, 6(2), 98-100. <https://doi.org/10.1016/j.bsheal.2024.02.005>
- Zhu, S., Yang, B., Yu, F., Zhang, J., Wang, Z., & Liu, Y. (2024). Investigation of the impact of widely used pesticides on conjugative transfer of multidrug resistance plasmids. *Journal of Hazardous Materials*, 478(135436), 135436. <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2024.135436>
- Zhuang, M., Yan, W., Xiong, Y., Wu, Z., Cao, Y., Sanganyado, E., Siame, B. A., Chen, L., Kashi, Y., & Leung, K. Y. (2024). Horizontal plasmid transfer promotes antibiotic resistance in selected bacteria in Chinese frog farms. *Environment International*, 190(108905), 108905. <https://doi.org/10.1016/j.envint.2024.108905>

IX. ANEXOS

Anexo 01

Manual Kit de Aislamiento de ADN PowerWater®

Protocol: Experienced User

Important points before starting

- Solution PW1 must be warmed to 55°C for 5–10 min to dissolve precipitates prior to use. Solution PW1 should be used while still warm.
- If Solution PW3 has precipitate, heat to 55°C for 5–10 min to dissolve precipitate.
- Shake to mix Solution PW4 before use.
- Perform all centrifugation steps at room temperature (15–25°C).

Procedure

1. Filter water samples using a filter funnel attached to a vacuum source. The volume of water filtered will depend on the microbial load and turbidity of the water sample.
Note: Please see Appendix A: Types of Water .
2. If using a reusable filter funnel, remove the upper portion of the apparatus.
3. Using two sets of sterile forceps, pick up the white filter membrane at opposite edges and roll the filter into a cylinder with the top side facing inward.
Note: Do not tightly roll or fold the filter membrane.
4. Insert the filter into a 5 ml PowerWater Bead Pro Tube.
5. Add 1 ml of Solution PW1 to the PowerWater Bead Pro Tube.
Note: For samples containing organisms that are difficult to lyse (e.g., fungi and algae) an additional heating step can be included. See Alternative Lysis Methods in the Troubleshooting Guide.
6. Secure the tube horizontally to a Vortex Adapter (cat. no. 13000-V1-5 or 13000-V1-15).
7. Vortex at maximum speed for 5 min. Centrifuge the tubes $\leq 4000 \times g$ for 1 min. (This centrifugation step is optional if a centrifuge with a 15 ml tube rotor is not available, but will result in minor loss of supernatant).

8. Transfer the supernatant to a clean 2 ml collection tube (provided). Draw up the supernatant using a 1 ml pipette tip by placing it down into the beads.
Note: Placing the pipette tip down into the beads is required. Pipette until you have removed all the supernatant. Expect to recover 600–650 μ l of supernatant.
9. Centrifuge at 13,000 $\times g$ for 1 min.
10. Avoiding the pellet, transfer the supernatant to a clean 2 ml collection tube (provided).
11. Add 200 μ l of Solution IRS and vortex briefly to mix. Incubate at 2–8°C for 5 min.
12. Centrifuge the tubes at 13,000 $\times g$ for 1 min.
13. Avoiding the pellet, transfer the supernatant to a clean 2 ml collection tube (provided).
14. Add 650 μ l of Solution PW3 and vortex briefly to mix.
15. Load 650 μ l of supernatant onto an MB Spin Column. Centrifuge at 13,000 $\times g$ for 1 min. Discard the flow-through. Repeat until all the supernatant has been processed.
16. Place the MB Spin Column Filter into a clean 2 ml collection tube (provided).
17. Add 650 μ l of Solution PW4 (shake before use). Centrifuge at 13,000 $\times g$ for 1 min.
18. Discard the flow-through and add 650 μ l of ethanol (provided) and centrifuge at 13,000 $\times g$ for 1 min.
19. Discard the flow-through and centrifuge again at 13,000 $\times g$ for 2 min.
20. Place the MB Spin Column into a clean 2 ml collection tube (provided).
21. Add 100 μ l of Solution EB to the center of the white filter membrane.
22. Centrifuge at 13,000 $\times g$ for 1 min.
23. Discard the MB Spin Column. The DNA is now ready for downstream applications.
Note: We recommend storing DNA frozen (–90°C to –15°C) as Solution EB does not contain EDTA. To concentrate DNA, see the Troubleshooting Guide.

CONSTANCIA DE INFORME DE ORIGINALIDAD AVALADO POR EL ASESOR

1. Tesista:

Juan Carlos Segura Cabanillas

DNI:

70889104

Escuela Profesional:

Biotecnología

2. Asesor:

PhD. Felix Pompeyo Ferro Mayhua

3. Grado académico o título profesional:

Bachiller Título profesional

Maestro Doctor

4. Denominación del título profesional:

Biotechnólogo

5. Tipo de Investigación:

Tesis Trabajo de investigación Trabajo de suficiencia profesional

Trabajo académico

6. Título de Trabajo de Investigación:

"Determinación de genes de resistencia a antibióticos en agua de consumo humano de la comunidad awajun de Tsuntsunsa"

7. Fecha de evaluación: 27/06/2025

8. Software antiplagio: TURNITIN

9. Porcentaje de Informe de Similitud: 25%

10. Resultado de la Evaluación de Similitud:

APROBADO PARA LEVANTAMIENTO DE OBSERVACIONES

DESAPROBADO

Fecha Emisión: 04/09/2025

*Firma y/o Sello
Emisor Constancia*



PhD. Felix Pompeyo Ferro Mayhua
DNI: 01282674

Segura Cabanillas

tesis final

 Quick Submit

 Quick Submit

 Universidad Nacional Intercultural Fabiola Salazar Leguía de Bagua

Detalles del documento

Identificador de la entrega

trn:oid:::1:3327515397

Fecha de entrega

2 sep 2025, 12:17 p.m. GMT-5

Fecha de descarga

2 sep 2025, 12:21 p.m. GMT-5

Nombre del archivo

Tesis_Final_Formato_Modificado.docx

Tamaño del archivo

1.5 MB

60 páginas

14.451 palabras

82.925 caracteres




25% Similitud general

El total combinado de todas las coincidencias, incluidas las fuentes superpuestas, para ca...

Filtrado desde el informe

- ▶ Bibliografía

Fuentes principales

- 22%  Fuentes de Internet
- 14%  Publicaciones
- 11%  Trabajos entregados (trabajos del estudiante)

Marcas de integridad

N.º de alertas de integridad para revisión

No se han detectado manipulaciones de texto sospechosas.

Los algoritmos de nuestro sistema analizan un documento en profundidad para buscar inconsistencias que permitirían distinguirlo de una entrega normal. Si advertimos algo extraño, lo marcamos como una alerta para que pueda revisarlo.

Una marca de alerta no es necesariamente un indicador de problemas. Sin embargo, recomendamos que preste atención y la revise.

Fuentes principales

- 22% Fuentes de Internet
- 14% Publicaciones
- 11% Trabajos entregados (trabajos del estudiante)

Fuentes principales

Las fuentes con el mayor número de coincidencias dentro de la entrega. Las fuentes superpuestas no se mostrarán.

1	Trabajos del estudiante	Universidad Nacional Intercultural Fabiola Salazar Leguía de Bagua	1%
2	Internet	repositorio.une.edu.pe	1%
3	Internet	www.coursehero.com	<1%
4	Internet	hdl.handle.net	<1%
5	Publicación	Diego Miguel Dasí Camaró. "Estudio del agua como fuente de entrada y dispersió...	<1%
6	Internet	buleria.unileon.es	<1%
7	Internet	eprints.uanl.mx	<1%
8	Internet	dspace.esoch.edu.ec	<1%
9	Internet	www.terralatinoamericana.org.mx	<1%
10	Internet	www.researchgate.net	<1%
11	Internet	repositorio.unitec.edu	<1%

12	Publicación	Yong-Qiang Li, Chong-Miao Zhang, Hao Ma, Kai-Jie Shao, Pei-Hua Yuan, Hong-Yu Ji...	<1%
13	Internet	pesquisa.bvsalud.org	<1%
14	Trabajos del estudiante	Universidad de Salamanca	<1%
15	Internet	repositorio.unheval.edu.pe	<1%
16	Internet	ouci.dntb.gov.ua	<1%
17	Internet	ijhsc.uai.edu.ar	<1%
18	Trabajos del estudiante	Universidad Ricardo Palma	<1%
19	Internet	www.tdx.cat	<1%
20	Publicación	Milena Roberta Freire da Silva, Karolayne Silva Souza, Francisco Henrique Santan...	<1%
21	Publicación	Stephen H. Gillespie, Leroy L. Voelker, Jane E. Ambler, Chris Traini, Anne Dickens. ...	<1%
22	Trabajos del estudiante	Universidad Nacional de Educacion Enrique Guzman y Valle	<1%
23	Trabajos del estudiante	Universidad Nacional del Centro del Peru	<1%
24	Internet	core.ac.uk	<1%
25	Trabajos del estudiante	University of Oklahoma Health Science Center	<1%

26	Internet	digibuo.uniovi.es	<1%
27	Internet	repositorio.utad.pt	<1%
28	Trabajos del estudiante	Universidad Técnica De Cotopaxi	<1%
29	Trabajos del estudiante	National University College - Online	<1%
30	Trabajos del estudiante	Universidad San Francisco de Quito	<1%
31	Internet	apirepositorio.unh.edu.pe	<1%
32	Publicación	Alejandro Fenollar Penadés. "Estudio de la transmisión de resistencias a antibióti...	<1%
33	Publicación	Fahmi Naznine, Zaryab Shafi, Ushba Aafreen, Mohammad Shahid, Shumaila Parv...	<1%
34	Trabajos del estudiante	University of Florida	<1%
35	Internet	www.cepis.org.pe	<1%
36	Publicación	Irene Hortelano Martín. "Determinación del riesgo para el consumidor de la pres...	<1%
37	Internet	journal.hep.com.cn	<1%
38	Publicación	"Proceedings of the 4th Biotechnology World Symposium", Mexican Journal of Bi...	<1%
39	Trabajos del estudiante	Universidad Tecnológica de los Andes	<1%

40	Internet	repositorio.udh.edu.pe	<1%
41	Internet	repositorio.uta.edu.ec	<1%
42	Internet	www.travimus.com	<1%
43	Publicación	Srishti Srivastava, Akshay Kumar, Rajiv Gupta, Abdul Malik. "Geospatial mapping ...	<1%
44	Internet	es.scribd.com	<1%
45	Internet	ir.uitm.edu.my	<1%
46	Internet	revistasinvestigacion.unmsm.edu.pe	<1%
47	Internet	www.mdpi.com	<1%
48	Internet	cybertesis.unmsm.edu.pe	<1%
49	Internet	www.jove.com	<1%
50	Publicación	Huma Fatima, Amrik Bhattacharya, Sarthak Gupta, Sunil Kumar Khare. "Combati...	<1%
51	Internet	eprints.gouni.edu.ng	<1%
52	Internet	patents.google.com	<1%
53	Internet	doku.pub	<1%

54	Internet	pt.scribd.com	<1%
55	Internet	repositorio.uan.edu.co	<1%
56	Internet	repositorio.uancv.edu.pe	<1%
57	Internet	repositoriocdim.esap.edu.co	<1%
58	Internet	www.oftalmo.com	<1%
59	Internet	repositorio.uisek.edu.ec	<1%
60	Internet	repositorio.unasam.edu.pe	<1%
61	Internet	repositorio.upla.edu.pe	<1%
62	Trabajos del estudiante	Corporación Universitaria Minuto de Dios, UNIMINUTO	<1%
63	Publicación	ECOFLUIDOS INGENIEROS S.A.. "DAAC Fundo Armonía 4-IGA0016374", R.D.G. N° 2...	<1%
64	Trabajos del estudiante	University of California, Los Angeles	<1%
65	Internet	centrosuragraria.com	<1%
66	Internet	repositorio.uladech.edu.pe	<1%
67	Internet	repositorioubasibbi.uba.ar	<1%

68	Trabajos del estudiante	UPAEP: Universidad Popular Autónoma del Estado de Puebla	<1%
69	Trabajos del estudiante	Universidad Nacional Abierta y a Distancia, UNAD, UNAD	<1%
70	Internet	www.earth-science.net	<1%
71	Trabajos del estudiante	Universidad de Málaga - Tii	<1%
72	Internet	fr.slideshare.net	<1%
73	Internet	jms.mabjournal.com	<1%
74	Internet	www.h2owaternetwerk.nl	<1%
75	Publicación	A. Valdés, M. Granda, A. I. Pérez, G. Pina, M. E. Díaz-García. "SISTEMAS AUTOMATI...	<1%
76	Publicación	Daniel J. Duarte, Caterina Zillien, Martine Kox, Rik Oldenkamp, Bas van der Zaan, ...	<1%
77	Internet	aprenderly.com	<1%
78	Internet	caelum.ucv.ve	<1%
79	Internet	link.springer.com	<1%
80	Internet	repositorio.unsaac.edu.pe	<1%
81	Internet	repository.libertadores.edu.co	<1%

82	Internet	revistas.unilibre.edu.co	<1%
83	Publicación	Danyang Shi, Zhongwei Yang, Yijun Wei, Jing Miao et al. "Spatial and temporal an...	<1%
84	Internet	journals.openedition.org	<1%
85	Internet	oa.upm.es	<1%
86	Internet	roderic.uv.es	<1%
87	Internet	unibagua.edu.pe	<1%
88	Internet	www.elsitioavicola.com	<1%
89	Internet	www.isnar.cgiar.org	<1%
90	Trabajos del estudiante	Vaal University of Technology	<1%
91	Internet	allyouneedisbiology.wordpress.com	<1%
92	Internet	carrerasuniversitarias.pe	<1%
93	Internet	clock.uclan.ac.uk	<1%
94	Internet	crislobalarteta1647.wordpress.com	<1%
95	Internet	ia902805.us.archive.org	<1%

96	Internet	mafiadoc.com	<1%
97	Internet	repositorio.unap.edu.pe	<1%
98	Internet	repositorio.unu.edu.pe	<1%
99	Internet	rmf.smf.org.mx	<1%
100	Internet	tesis.ipn.mx	<1%
101	Internet	tesis.usat.edu.pe	<1%
102	Internet	unam.edu.pe	<1%
103	Internet	www.aldaseca.com	<1%
104	Internet	www.colvet.es	<1%
105	Publicación	CLB TECNO LOGICA S.A.C. "PAMA de la Planta de Tejeduría y Tintorería-IGA001228...	<1%
106	Trabajos del estudiante	UNIBA	<1%
107	Trabajos del estudiante	Universidad San Ignacio de Loyola	<1%
108	Internet	duict.upch.edu.pe	<1%
109	Internet	proyecto-justicia.org	<1%

110	Internet	redagua.org	<1%
111	Internet	repositorio.unajma.edu.pe	<1%
112	Internet	repositorio.unc.edu.pe	<1%
113	Internet	repositorio.uncp.edu.pe	<1%
114	Internet	seer.ufrgs.br	<1%
115	Internet	thescienceoftomorrow.blogspot.com	<1%
116	Internet	unipaz.edu.co	<1%
117	Internet	wol.iza.org	<1%
118	Internet	www.ceresis.org	<1%
119	Internet	www.citethisforme.com	<1%
120	Internet	www.munizlaw.com	<1%
121	Internet	www.timetoast.com	<1%
122	Publicación	Jonathan Salerno, Karen Bailey, Andrea E. Gaughan, Forrest R. Stevens et al. "Wild...	<1%
123	Internet	bdigital.unal.edu.co	<1%

124	Internet	cdnsciencepub.com	<1%
125	Internet	consumer.healthday.com	<1%
126	Internet	dspace.ucuenca.edu.ec	<1%
127	Internet	gredos.usal.es	<1%
128	Internet	hardydiagnostics.com	<1%
129	Internet	pt.slideshare.net	<1%
130	Internet	quarterlyreview.net	<1%
131	Internet	repositorio.uca.edu.ni	<1%
132	Internet	repositorio.undac.edu.pe	<1%
133	Internet	repositorio.unh.edu.pe	<1%
134	Internet	revistascientificas.unves.edu.py	<1%
135	Internet	vsip.info	<1%
136	Internet	www.cenamet.org.ar	<1%
137	Internet	www.revistaespacios.com	<1%

138	Internet	www.scribd.com	<1%
139	Internet	www.toeic.cl	<1%
140	Publicación	Deependra Singh, Durgesh Nandini Chauhan, Nagendra Singh Chauhan, Manju R...	<1%
141	Publicación	SERV GEOGRAFICOS Y MEDIO AMBIENTE SAC. "ITS del Proyecto Ampliación del Pr...	<1%
142	Internet	dspace.cvasu.ac.bd	<1%
143	Internet	www.pinterest.com	<1%
144	Publicación	"13th European Congress of Clinical Microbiology and Infectious Diseases", Clinic...	<1%
145	Publicación	Mario F. Lozanía-León, Álvaro Santos-Romo, Jorge Hernández-López, Daniel Eduar...	<1%
146	Internet	www.preprints.org	<1%