

SUMARIO

PRESENTACIÓN

- 1 **José Vela Ríos** (Presidente del Comité Organizador), **Carolina Sánchez Peña** (Presidenta de la SESA), **M. Luisa González Márquez** (Presidenta del Comité Científico)

INFORME

- 3 **Informe** de las comunicaciones presentadas en el XVII Congreso Español y VII Iberoamericano de Salud Ambiental

PONENCIAS

- 8 **Ponencias** presentadas en los talleres previos al XVII Congreso Español y VII Iberoamericano de Salud Ambiental y V Jornada de la Asociación Española de Aerobiología
43 **Ponencias** presentadas en el XVII Congreso Español y VII Iberoamericano de Salud Ambiental y V Jornada de la Asociación Española de Aerobiología

COMUNICACIONES

- 92 **Comunicaciones** orales presentadas en el XVII Congreso Español y VII Iberoamericano de Salud Ambiental
188 **Comunicaciones** cortas presentadas en el XVII Congreso Español y VII Iberoamericano de Salud Ambiental
290 **Comunicaciones** orales presentadas en la V Jornada de la Asociación Española de Aerobiología
294 **Comunicaciones** cortas presentadas en la V Jornada de la Asociación Española de Aerobiología

CO-22

Monitoreo de la diversidad bacteriana en las aguas residuales de dos EDARs urbanas. Detección de mecanismos emergentes de resistencia a los antibióticos

Pino-Hurtado MS, Fernández-Fernández R, González-Azcona C, Lozano C, Zarazaga M, Torres C

Área de Bioquímica y Biología Molecular, Grupo de Investigación OneHealth-UR, Universidad de La Rioja
 mario-sergio.pino@unirioja.es

INTRODUCCIÓN

Las estaciones depuradoras de aguas residuales (EDARs) y sus efluentes contienen bacterias y genes de resistencia que son importantes focos en la diseminación de la resistencia a los antimicrobianos (RAM) en el medio ambiente.

OBJETIVOS

Monitorear la diversidad bacteriana y los mecanismos emergentes de resistencia en los efluentes de dos EDARs urbanas para estimar la contaminación generada.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron 10 muestras de efluentes durante un año. Estas se sembraron en medios selectivos suplementados/no-suplementados con antibióticos para estudiar la diversidad bacteriana con fenotipos de resistencia interesantes: *Enterobacteriaceae* productoras de β -lactamasas de espectro-extendido (E-BLEEs) y/o resistentes a carbapenémicos (CRE), *Escherichia coli* resistentes a colistina (E. coli-COLR), *Enterococcus faecium/faecalis* resistentes a vancomicina (ERV) y *Staphylococcus aureus* resistentes a metilicina (SARM). Los aislados se identificaron mediante MALDI-TOF y el análisis de sensibilidad antimicrobiana se realizó mediante la técnica de difusión en disco (EUCAST 2023 y CLSI 2023). Se analizaron 8 genes de resistencia mediante PCR/secuenciación.

RESULTADOS

Se aislaron un total de 218 bacterias (Gram- 82 % y Gram+ 18 %), correspondientes a 26 géneros y 60 especies: *Escherichia* (27,5 %), *Aeromonas* (16,1 %), *Staphylococcus* (12,8 %), *Klebsiella* (7,3 %), *Citrobacter* (6,4 %), *Enterococcus* (3,7 %), *Enterobacter* (3,2 %), *Pseudomonas* (3 %) y minoritarios (<20 %). Del total de aislados 60 fueron *E. coli* y de estos el 62 % (n=37) fueron *E. coli*-BLEEs portando blaCTX-M14/15/27/32/38/55 y blaSHV12 (1,6x100-6x101 UFC/mL), además el 38 % de

ellos (n=23) fueron multirresistentes (MDR). Se detectó una *Klebsiella pneumoniae*-BLEEs y MDR portadora tanto de blaCTX-M-1 como de blaSHV-27 (1,3x101 UFC/mL); *E. coli*-COLR mediada por mcr-1 (3,8x100 UFC/mL y 4,7x101 UFC/mL), ambas MDR y una de ellas portadora conjuntamente de blaCTX-M-15. Del total de bacterias se detectaron 4 CRE (1,8 %) todas MDR: *Enterobacter absuriae* portadoras de blaKPC-2/3 (1,5x103 UFC/mL y 3,2x100 UFC/mL respectivamente), *Citrobacter braakii* y *Enterobacter kobei* portadoras de blaKPC-2 (1,06 x101 UFC/mL). Se destaca el aislamiento de una cepa de *S. aureus* SARM con el linaje emergente CC398 (1,06 x101 UFC/mL). No se detectaron aislados ERV.

CONCLUSIONES

Los efluentes de las EDARs estudiadas contenían bacterias con fenotipos de interés clínico, las cuales se diseminan en las aguas superficiales y constituyen un riesgo de salud pública. Este estudio refleja la importancia de la vigilancia de esta importante fuente de bacterias multirresistentes.

REFERENCIAS

1. Sambaza SS, Naicker N. Contribution of wastewater to antimicrobial resistance: A review article. *J. Glob. Antim. Resist.* 2023; 34: 23–9.
2. Manaia CM, Rocha J, Scaccia N, Marano R, Radu E, Biancullo F et al. Antibiotic resistance in wastewater treatment plants: Tackling the black box. *Environ. Internat.* 2018; 115: 312–24.
3. Samreen Ahmad I, Malak HA, Abulreesh HH. Environmental antimicrobial resistance and its drivers: a potential threat to public health. *J. Glob. Antim. Resist.* 2021; 27: 101–11.

Palabras clave: aguas residuales; BLEEs; CRE; COLR; EDARs; efluentes.