

Ciencia & Sociedad

El hallazgo fue difundido

a través de la revista Veterinary Microbiology en un artículo en el que participaron investigadores de diversas instituciones sudamericanas.

Diario Concepción
 contacto@diarioconcepcion.cl

DE LA UNIVERSIDAD DE CONCEPCIÓN

Estudio revela presencia de bacterias resistentes a antibióticos críticos en cóndores de la Región Metropolitana

Un estudio en animales silvestres de distintas ecorregiones de Chile, conducido desde la Universidad de Concepción, detectó la presencia de bacterias resistentes a antibióticos de última línea en cóndores andinos (*Vultur gryphus*) que habitan en áreas cercanas a la Cordillera de Los Andes en la Región Metropolitana.

El académico de la Facultad de Ciencias Veterinarias, Dr. Danny Fuentes Castillo, lideró la investigación que alerta sobre el impacto humano en los ecosistemas, ya que los cóndores colonizados por estas "superbacterias" forman parte de una población que suele alimentarse en un relleno sanitario de Huechún (Til Til).

El hallazgo fue difundido a través de la revista Veterinary Microbiology en un artículo en el que participaron investigadores de diversas instituciones sudamericanas.

La publicación indica que cinco muestras de cóndores que se alimentaban en ese relleno sanitario contenían *Escherichia coli* con genes de resistencia a diversos antimicrobianos, incluyendo carbapenémicos.

También se encontraron genes que confieren resistencia a desinfectantes utilizados en hospitales y hogares, así como a metales pesados.

"Los carbapenémicos son antibióticos de última línea en medicina humana, por lo que detectar bacterias resistentes a ellos en animales silvestres tiene una relevancia sanitaria y ambiental importante", señaló el Dr. Fuentes.

Los fármacos con esta nominación constituyen la última línea terapéutica para tratar infecciones bacterianas graves causadas por patógenos multiresistentes, explicó el académico de la Facultad de Ciencias Biológicas, Gerardo González Rocha, quien tiene amplia experiencia en investigación sobre resistencia antimicrobiana.

Esta resistencia reduce drásticamente las opciones clínicas de tratamiento frente a patógenos críticos, "con consecuencias directas sobre la mortalidad asociada a estas infecciones y sobre la capacidad de respuesta de los sistemas sanitarios", agregó el especialista.

El estudio ofrece evidencia de que la resistencia antimicrobiana crítica, que normalmente se asocia a entornos hospitalarios, también está alcanzando a la fauna

Cinco muestras contenían genes de *Escherichia coli* con resistencia a diversos antimicrobianos, incluyendo carbapenémicos, que son fármacos de última línea para el tratamiento de enfermedades infecciosas graves.

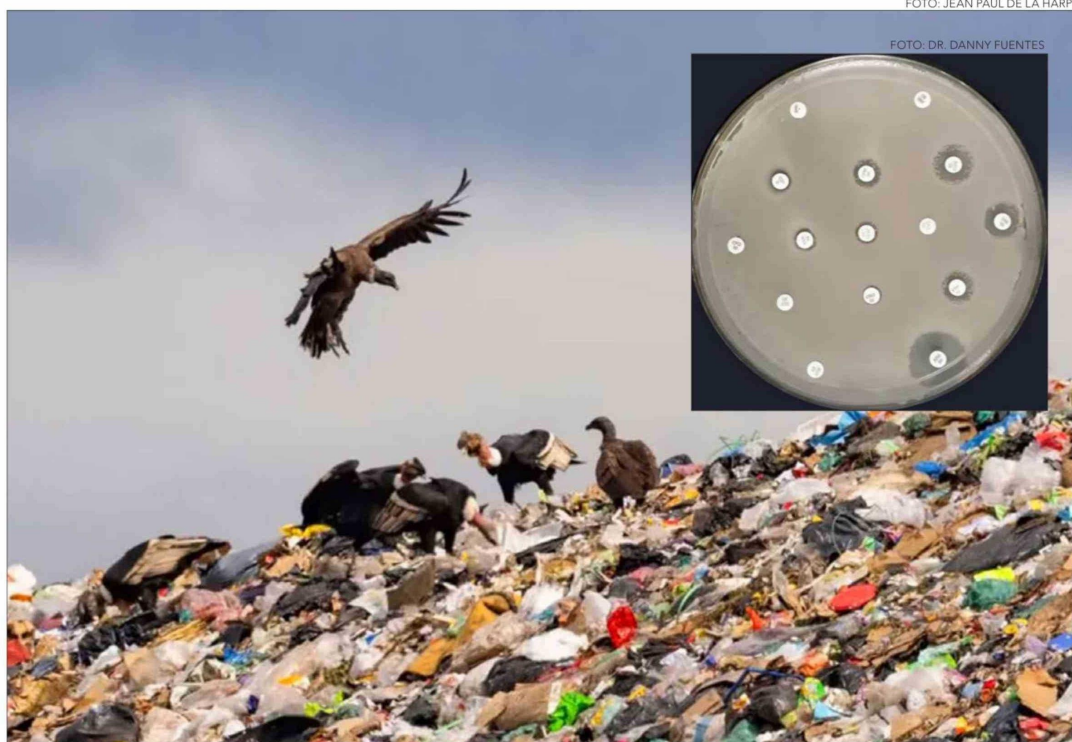


FOTO: JEAN PAUL DE LA HARPE

FOTO: DR. DANNY FUENTES

silvestre y a ecosistemas aparentemente alejados de la actividad humana.

Esta fue una de las premisas desde las que se planteó el trabajo,

pensando en un enfoque One Health; es decir, una mirada integral de la salud considerando a humanos, animales y el ambiente.

Un indicador ambiental

En el contexto de este trabajo, el cóndor andino -una especie emblemática y vulnerable desde el punto de vista de conservación-

FOTOS: DR. DANNY FUENTES



resultó ser un indicador ambiental de la crisis actual de la resistencia antimicrobiana.

"Debido a los cambios en la disponibilidad de alimento para el cóndor, el acercamiento de asentamientos humanos a sus entornos naturales y el fácil acceso que tienen a rellenos sanitarios, algunos grupos se han adaptado a alimentarse de los residuos humanos", explicó el especialista.

De este modo, se genera una interfaz muy clara entre humanos, ambiente y fauna silvestre.

En el marco del estudio, los investigadores desarrollaron una vigilancia exploratoria de bacterias resistentes a carbapenémicos mediante muestras de fauna silvestre recolectadas entre enero de 2018 y 2023.

El muestreo consideró ocho ecorregiones de Chile: el matorral chileno, el bosque templado valdiviano, el desierto de Atacama, la Cordillera de Los Andes, la costa del Pacífico, el archipiélago de Chiloé, la Patagonia y la Antártica.

En total, se reunieron mil muestras, a partir de las cuales se aislaron bacterias que posteriormente fueron sometidas a pruebas de susceptibilidad antimicrobiana frente a más de veinte antibióticos.

Cinco cepas de *Escherichia coli* evidenciaron resistencia a los carbapenémicos, todas vinculadas a individuos de cóndores de la banda de Huechún.

A cada una de estas bacterias se le extrajo el ADN para realizar una secuenciación genómica completa, identificando los linajes específicos a los que correspondían, además de los genes de resistencia presentes en su genoma.

El Dr. Fuentes indicó que, si bien las muestras positivas se vinculan a un relleno sanitario, ello no significa que este sea el origen exacto de las bacterias. "Probablemente exista una cadena epidemiológica que necesitamos comprender mejor", dijo.

De todos modos, agregó que estas muestras permiten plantear que estos lugares son interfaces muy relevantes donde pueden encontrarse residuos humanos, bacterias críticamente resistentes y fauna silvestre.

El cóndor es importante en este contexto porque es una especie carroñera con una función ecológica clave, agregó.

Los asentamientos humanos, con todos sus impactos, están cada vez más cercanos a lugares naturales donde habitan especies

nativas como el cóndor. A su vez, estas aves llegan a zonas cercanas a enclaves humanos en busca de alimento y se exponen a distintos contaminantes y microorganismos.

"No debemos considerarlo 'culpable' de la diseminación de bacterias resistentes; debe entenderse como una especie centinela: un animal que nos permite detectar señales de contaminación microbiológica en el ambiente", afirmó.

El Dr. Fuentes comentó que aún se desconoce el impacto de estos patógenos resistentes en la conservación del cóndor, "donde cada individuo cuenta, pues sabemos que una infección causada por alguna de las cepas detectadas quedaría prácticamente sin alternativas de tratamiento antimicrobiano".

A juicio del investigador, este estudio refuerza la necesidad de incorporar a la fauna silvestre en los programas de vigilancia de resistencia antimicrobiana bajo un enfoque One Health y de estudiar en profundidad los puntos de contacto entre animales silvestres y poblaciones humanas, especialmente vertederos, rellenos sanitarios, aguas residuales, basurales y zonas periurbanas.

Un problema sistémico

El académico UdeC, Dr. Gerardo González Rocha puso de relieve que las cepas encontradas muestran una estrecha relación filogenética con aislamientos de origen clínico humano, "lo que sugiere la transferencia de determinantes de resistencia desde entornos hospitalarios o domésticos hacia la fauna silvestre, mediada por la contaminación ambiental".

Para el Dr. González, los antecedentes de este estudio refuerzan el enfoque One Health, demostrando que la resistencia antimicrobiana trasciende el ámbito clínico y emerge como un problema sistémico, vinculado a la presión antropogénica sobre los ecosistemas y a las deficiencias en la gestión ambiental.

"Por esta razón la OMS enfatiza que la resistencia antimicrobiana constituye ya una emergencia sanitaria global, con proyecciones que estiman hasta diez millones de muertes anuales para 2050 y un desarrollo de nuevos antibióticos claramente insuficiente para enfrentar este escenario", indicó.

Pese a ello, dijo el investigador, los esfuerzos de vigilancia se concentran casi exclusivamente en el área hospitalaria, mientras que

los procesos que ocurren en el ambiente y en la fauna silvestre permanecen en gran medida fuera de los sistemas de monitoreo.

"Invertir en investigación en esta 'zona ciega' no representa un lujo académico, sino una necesidad sanitaria urgente para comprender, anticipar y contener la circulación global de la resistencia", aseveró.

También en Ñuble

Los estudios del Dr. Fuentes sobre este tema continúan en un proyecto Fondecyt en desarrollo, centrado en la vigilancia genómica de patógenos resistentes en animales silvestres, agua ambiental, humanos y animales domésticos en la Región de Ñuble.

Las observaciones preliminares de la investigación permiten constatar que el problema de Til Til, lamentablemente se repite en Ñuble.

"En los resultados obtenidos recientemente, nos percatamos de que aves silvestres como jotes y gaviotas que se alimentan en depósitos de basura humana también están adquiriendo estas superbacterias en esta región", adelantó.

OPINIONES
 X @MediosUdeC
 contacto@diarioconcepcion.cl