

DIAGNÓSTICO DE LA CALIDAD SANITARIA DEL AGUA DE POZO EN COMUNIDADES DEL SUR DE SONORA, MÉXICO

Anduro Jordan Julio Armando ¹, Cantú Soto Ernesto Uriel ^{2*}, Campas Baypoli Olga Nydia ², López Cervantes Jaime ², Sánchez Machado Dalia Isabel ², Félix Fuentes Anacleto ²

¹ Doctorado en Ciencias en Especialidad en Biotecnología, Instituto Tecnológico de Sonora ² Departamento de Biotecnología y Ciencias Alimentarias, Instituto Tecnológico de Sonora

RESUMEN

Introducción: El problema más común del consumo de agua insalubre son las enfermedades gastrointestinales, el agua subterránea es una de las principales fuentes de abastecimiento y puede tener contaminación bacteriana y de sustancias químicas. **Objetivo:** Determinar la prevalencia y el grado de contaminación por bacterias Mesofílicas aerobias (BMA), coliformes totales (CT), coliformes fecales (CF), Escherichia coli (E coli) y Salmonella spp. como indicadores de calidad sanitaria de agua de pozo para uso y consumo humano en el sur de Sonora, México. **Métodos:** De junio de 2013 a mayo de 2014 en 10 comunidades asentadas en la cuenca del río Yaqui se obtuvieron 106 muestras de agua y se analizaron en base a los procedimientos establecidos en las NOM. **Resultados:** El total de muestras presentaron contaminación microbiana y ausencia de cloro residual. El 21.7% tuvieron ≥ 200 UFC mL⁻¹ para BMA y el 50.9% y 39.6% contaminación por CT y CF; el 8.5% de las muestras tuvieron presencia de E coli; el patógeno Salmonella spp., estuvo ausente. **Conclusiones:** El estudio puede sentar las bases microbiológicas para que las autoridades estatales puedan definir las estrategias para la potabilización del agua en esta región del país.

Palabras Clave: Calidad sanitaria de agua, agua de pozo, contaminación.

ABSTRACT

Introduction: The most common problem of unhealthy water consumption is gastrointestinal diseases, groundwater is a major source of supply and may have bacterial and chemical contamination. **Objective:** The aim of the study was to determine the prevalence and pollution levels caused by mesophilic aerobic bacteria (MAB), total coliform (TC), fecal coliform (FC), Escherichia coli (E coli) and Salmonella spp., as indicators of sanitary quality in water well used by humans in the south region of Sonora, Mexico. **Methods:** We analyzed 106 samples from 10 different communities in the Yaqui River source between June 2013 and May 2014. **Results:** All the samples had microbial contamination and absence of residual chlorine. In 21.7% of sample exhibit more than 200 UFC mL⁻¹ of MAB, while 50.9% of TC and FC in 39.6% in 8.5 % of samples E coli was found, Salmonella spp., was absent in the samples. **Conclusions:** This study suggest the microbial basis to guide the government authorities to develop in this region some water purification techniques.

Key words: Sanitary quality of water, well water, pollution.

Citation: Anduro Jordan JA, Cantú Soto EJ, Campas Baypoli ON, López Cervantes J, Sánchez Machado DI, Félix Fuentes A (2017) Diagnóstico de la calidad sanitaria del agua de pozo en comunidades del Sur de Sonora, México. Revista de Salud Pública y Nutrición, 16(1), 1-8

Editor: Esteban G. Ramos Peña, Dr. CS., Universidad Autónoma de Nuevo León, Facultad de Salud Pública, Monterrey Nuevo León, México

Copyright: ©2017 Anduro Jordan et al. This is an open-access article distributed under the terms of Creative Commons Attribution license [CC BY-ND 4.0], which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original author and source are credited.

DOI: <https://doi.org/10.29105/respyn16.1-1>

Competing interests: The authors have declared that no competing interests exist.

Email: ernesto.cantu@itsn.edu.mx

Introducción

El agua subterránea constituye una de las principales fuentes de abastecimiento; en diferentes épocas del año la precipitación pluvial afecta a los mantos freáticos con el movimiento de contaminantes a través del suelo, afectando su uso futuro como fuente de consumo humano. Aún sin la intervención humana, el agua de lluvia se infiltra al suelo, fluye en la superficie o se evapora de acuerdo a los patrones naturales. El agua subterránea incluye tanto la contaminación microbiana, como de sustancias químicas; estos contaminantes se dispersan a través del acuífero por el movimiento natural del fluido (Orozco, 2008).

El problema más común del consumo de agua insalubre son las enfermedades gastrointestinales; algunos padecimientos asociados al consumo de este tipo de agua se manifiestan como malestar general en el cuerpo tales como fiebre, náuseas, vómitos, diarrea y deshidratación que en determinados casos puede llegar a causar hasta la muerte. Así mismo, los patógenos que más incidencia presentan en la población y que atacan principalmente a niños y a personas mayores de 50 años son *Escherichia coli*, *Salmonella* y *Vibrio cholerae*, por ello, la potabilización del agua es la medida de salud pública más importante (Torres-Vitela, 2010).

Escherichia coli es una bacteria que normalmente vive en el intestino de los seres humanos y los animales de sangre caliente y como enterobacteria forma parte predominante de la microbiota aerobia normal y es anaerobia facultativa en la mayoría de los mamíferos; se excreta abundantemente en las heces y generalmente sobrevive durante largos períodos de tiempo, por ello es posible su presencia en el medio ambiente, siendo por lo tanto su aislamiento un indicador de contaminación fecal (Farré, 2012; Michanie, 2003). Existen más de 150 tipos diferentes de *E. coli* que producen infección causada por toxina Shiga (STEC por sus siglas en inglés); provoca principalmente diarrea con o sin sangre, colitis hemorrágica y síndrome urémico hemolítico (SUH). Los serotipos O26:H11, O103:H2, O111:NM, O113:H21 y O145:NM han sido reconocidos por la Organización Mundial de la Salud por su potencial patógeno (Leotta, 2005; Frank, 2011).

El principal reservorio de *E. coli* patogénica son los rumiantes, particularmente el ganado vacuno; las infecciones humanas por *E. coli* productora de toxina shiga pueden ser adquiridas a través de la ingesta indirecta de materia fecal, por ejemplo a través de comida o agua contaminada que ha estado en contacto con animales (Kulasekara, 2009).

El género *Salmonella* puede originar algunas enfermedades entre las que destaca la diarrea y fiebre tifoidea (Jurado, 2010); pertenece a la familia Enterobacteriaceae y son bacilos Gram negativos, no formadores de esporas, anaerobios facultativos, que fermentan la glucosa pero no la sacarosa ni lactosa, son provistos de flagelos, y móviles; su temperatura óptima de crecimiento es de alrededor de 37°C. Es una bacteria primariamente parásita intestinal de los animales, incluido el hombre, siendo este su hábitat natural; se libera al medio ambiente al ser expulsada por las heces. El patógeno muestra cierta capacidad de supervivencia en los materiales que contacta, y bajo condiciones favorables también para multiplicarse en ellos; los alimentos no son una excepción (Fernández-Escartín, 2008).

La OMS estima que cada año mueren 1.8 millones de personas (90% son niños menores de 5 años) debido a enfermedades diarreicas por un deficiente saneamiento del agua, donde enterobacterias principalmente *Salmonella* spp., y cólera son las causas principales (OMS, 2004).

Debido a que estas bacterias son consideradas las principales indicadoras de calidad microbiológica para detectar contaminación fecal se han realizado diversos ensayos enfocados a su detección, entre estos métodos se han probado ensayos de Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) que han demostrado su efectividad como complemento o sustituto a los métodos tradicionales de cultivo (Maheux, 2009).

Debido a la importancia sanitaria de estas bacterias su estudio en aquellas matrices que estarán en contacto con la población resultan relevantes; en el caso específico de este estudio en las comunidades rurales y urbanas del Sur de Sonora, México, ubicadas en la cuenca del Río Yaqui es importante estudiarlas desde la óptica sanitaria ya que la actividad ganadera informal en esta zona es una práctica común, así como la falta de sistemas de

conducción de aguas negras obligando al uso de letrinas pudiendo ser el principal aporte de *E. coli* y *Salmonella* hacia los pozos, además de que los procesos de potabilización del agua son deficientes o inexistentes en muchos casos.

Por lo anterior, el objetivo de este trabajo fue determinar la prevalencia y el grado de contaminación por Bacteria Mesofilicas Aerobias (BMA), Coliformes Totales (CT), Coliformes Fecales (CF), *E. coli* y *Salmonella* spp., como indicadores de calidad sanitaria de agua de pozo para uso humano en el sur de Sonora, México.

Material y Métodos

Zona de estudio. Diez comunidades rurales del Sur de Sonora, México fueron estratégicamente seleccionadas entre junio de 2013 y mayo de 2014; el criterio de inclusión fue la influencia de la cuenca del Río Yaqui sobre el pozo de abastecimiento; las comunidades incluidas fueron Vicam Estación, Torim, Loma de Bacum, Bacum, Juvani, San José de Bacum, La Noria, Javier Mina, campo 77 y San Ignacio Río Muerto (figura 1), colectando en total 106 muestras.

Figura 1. Distribución de la zona de estudio en la cuenca del Río Yaqui, Sonora, México.

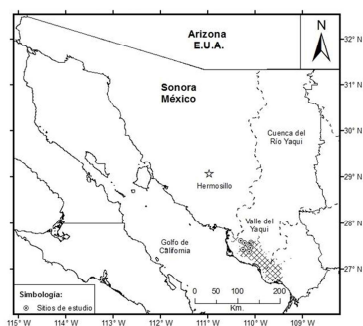


Figura 1. Distribución de la zona de estudio en la cuenca del río Yaqui, Sonora, México.

Toma y preparación de muestras. Las muestras fueron colectadas acorde a la NOM 230 (NOM-230-SSA1-2002), directo del grifo del pozo previamente desinfectado con gasa estéril impregnada con hipoclorito de sodio (100 mg L⁻¹); 200 mL de la

muestra fueron colectadas en frascos de vidrio estériles de 250 mL sin tiosulfato de sodio y mantenidas en refrigeración entre 4 y 10 °C; los ensayos microbiológicos fueron realizados en un tiempo máximo de 6 horas a partir de la toma de muestra. Se determinó cloro residual in situ mediante un kit de prueba para pH y cloro (Pentair cat. R151676). En el laboratorio, las muestras se prepararon mediante el método de diluciones en agua destilada estéril siguiendo las recomendaciones de la NOM 110 (NOM-110-SSA1-1994).

Análisis microbianos. La Cuenta Total Viable de BMA fue analizada acorde a la NOM 092 (NOM-092-SSA1-1994) utilizando la técnica por vaciado en placa; el método consistió en el conteo de colonias que se desarrollaron en el agar para métodos estándar (BBL cat. 133 211638) después de 48 h de incubación a 35±2 °C, suponiendo que cada colonia proviene de un microorganismo de la muestra bajo estudio; los resultados se reportaron como UFC mL⁻¹ de muestra.

CT y CF se realizaron acorde a la NOM 112 (NOM-112-SSA1-1994); para ello se utilizó la técnica de tubos de fermentación múltiple (dilución en tubo) del número más probable (NMP), el cual proporciona una estimación estadística de la densidad microbiana presente con base a que la probabilidad de obtener tubos con crecimiento positivo disminuye conforme es menor el volumen de muestra inoculado. El método se basa en que las bacterias coliformes fermentan la lactosa a 35±1 °C (CT) o 44.5 °C (CF) durante 24 a 48 h, resultando en la producción de ácidos y gas el cual se observa en las campanas de Durham. Se inocularon 10 mL de muestra de agua de pozo en 5 tubos con 10 mL de caldo lactosado (BD Difco cat. 211835) concentración doble y dos tubos con 10 mL de caldo lactosado concentración simple y se adicionó 1.0 y 0.1 mL de muestra, respectivamente para la prueba presuntiva; para las pruebas confirmativas se utilizó caldo bilis verde brillante 2% (BD Difco cat. 274000) para CT y caldo EC (BD Difco cat. 231430) para CF.

El aislamiento e identificación bioquímica de *Escherichia coli* se realizó acorde a la NOM 210 apéndice H Normativo (NOM-210-SSA1-2014). Se tomó una asada de cada uno de los tubos positivos de caldo EC y se sembró por estría cruzada en agar EMB-lactosa-sacarosa (Merck cat. 40164) se

incubaron las placas invertidas a 35 ± 1 °C por 18 a 24h. Se seleccionan dos colonias de cada placa con la morfología colonial típica (colonias con centro negro, planas con o sin brillo metálico) y posteriormente se sembraron en agar cuenta estándar. A las colonias aisladas se realizaron las pruebas de morfología microscópica (tinción de Gram) y pruebas bioquímicas IMViC (indol, rojo de metilo, Voges-Proskauer, citrato de Simmons) (Macfaddin 2004).

Para la Identificación molecular de *E. coli* se realizó extracción de ADN genómico mediante el sistema DNeasy Blood and Tissue kit (Qiagen cat. 69504). El ADN fue evaluado en concentración y pureza utilizando un espectrofotómetro (Thermo Scientific modelo Nanodrop 2000C), y mediante gel de electroforesis evaluada la integridad del mismo.

La identificación del género y especie de los aislados se confirmó mediante la secuenciación del gen 16S del ADN ribosomal. Para la amplificación se utilizaron oligonucleótidos diseñados en base a secuencias conservadas del gen que codifica para la subunidad ribosomal del gen 16S. Los oligonucleótidos utilizados fueron F₂C (5'-AGAGTTTGATCATGGCTC-3') y C (5'-ACGGGCGGTGTGTAC-3') sintetizados por IDT-DNA (<https://www.idtdna.com/site>); el tamaño del fragmento fue de 1400 pb. La mezcla de reacción se realizó en tubos Eppendorf de 0.2mL en un volumen total de 25µL (agua ultrapura (Invitrogen cat. 10977-015) 17.25µL, Taq DNA polimerase recombinant 5 U/µL 0.25µL, buffer 10X 2.5µL, MgCl₂ 50 µM 0.75µL (Invitrogen cat. 11615-010), oligonucleótidos F₂C y C 10 µM 1µL de cada uno, dNTP's 10 µM (Invitrogen cat. 18427-013) 1.25µL, templado ADN 1µL 1-10 ng. Para la reacción se utilizó un termociclador (SimpliAmp Thermalcycler, Applied Biosystem) con el siguiente programa: desnaturalización inicial a 95 °C por 4 min, 32 ciclos de 95°C por 1 min, 60°C por 1 min para el anillamiento, 72°C por 2 min para la extensión, y una elongación final de 5 min a 72°C (Cordero-Ramírez, 2008). Los fragmentos amplificados se visualizaron, incluyendo un marcador de peso molecular (1Kb plus DNA Ladder Invitrogen cat. 10787-018) en un gel de agarosa al 1%, teñido con bromuro de etidio y buffer TAE 0.5X bajo luz UV utilizando un fotodocumentador (MiniBis Pro, DNR Bio-Imaging Systems). Los productos de PCR fueron purificados

utilizando el sistema Qiaquick PCR Purification Kit (Qiagen cat. 28106) y 400 ng se evaporaron en baño seco (Digital Dry Bath, Labnet) a 50°C por 12 horas y se secuenciaron de manera bidireccional (Langebio, CINVESTAV-Unidad Irapuato, México). Las secuencias se editaron utilizando el software DNASTar Lasergen EditSeq ver. 7.0.0 y se compararon con secuencias reportadas en el NCBI (<http://www.ncbi.nlm.gov/>) utilizando el algoritmo BLAST-N y como criterio mínimo de identificación una identidad del 99% (Zheng, 2000). La actividad antimicrobiana se realizó por el método Kirby-Bauer sobre agar Mueller Hinton (MCD cat. 7131); los ajustes se realizaron por comparación visual en caldo Mueller Hinton (Difco cat. 275730) al tubo 0.5 del nefelómetro de McFarland. Se probaron los antibióticos tetraciclina 30 µg (Oxoid cat. CT0054B) trimetoprima con sulfametoxazol 25 µg (Oxoid cat. CT0052B) acorde al Clinical Laboratory Standard Institute (CLSI), ambos reportados para enterobacterias. Adicionalmente se probaron los antibióticos claritromicina 15 µg (Oxoid cat. CT0693B), oxacilina 1 µg (Oxoid cat. CT0159B), penicilina G 10 U (Oxoid cat. CT0043B) y se utilizó la ATCC 25922 como control de la prueba. Los ensayos se realizaron por triplicado y la evaluación se determinó por medición del diámetro de las zonas de inhibición de crecimiento alrededor de los discos (mm) (Pérez-cordero, 2014).

El aislamiento e identificación bioquímica de *Salmonella* spp., fue en base a la NOM 114 (NOM-114-SSA1-1994). Se realizó un pre-enriquecimiento, a 125 mL de caldo selenito cistina y caldo tetracionato inoculando 15 mL de la muestra de agua en cada matraz, incubando en baño maría a 44.5°C de 18 a 24 horas, posteriormente se resembró en medios selectivos (agar *Salmonella-Shigella*, MacConkey, Xilosa-Lisina-Desoxicolato); las colonias típicas se identificaron realizando pruebas de la oxidasa, catalasa, fermentación de glucosa, lactosa, manitol y sacarosa, producción de indol, prueba del rojo de metilo, Voges-Proskauer, hidrólisis de la urea, hidrólisis de la gelatina, aprovechamiento del citrato, reacción oxidativa fermentativa (OF), movilidad, producción de H₂S, descarboxilación y desaminación de la lisina y ornitina (Macfaddin 2004).

Resultados

La tabla 1 muestra los resultados de los análisis microbianos en 106 muestras de agua, donde para el indicador BMA, el 21.7% de las muestras (n = 23) excedieron los criterios establecidos para México. El 50.9% (n=54) de las muestras presentaron incidencia del grupo CT, mientras que el 39.6% (n=42) tuvo presencia de CF. Es importante resaltar que el 100% de las muestras tuvieron ausencia de cloro residual, sin embargo el patógeno *Salmonella* spp., estuvo ausente en el total de muestras analizadas (n=106).

Tabla 1. Calidad microbiológica del agua subterránea de las comunidades bajo estudio

| Indicador microbiológico | Número de muestras positivas agua de pozo ^a (n=106) | Límite máximo permisible en suministros de aguas municipales | Norma Oficial Mexicana o criterio |
|--|--|--|-----------------------------------|
| ^b CTV(UFC mL ⁻¹) ^c | | | |
| 0-200 | 83 | | |
| >200 | 23 | / 200 | Fernández-Escartín (1981) |
| Intervalo | 0-69600 | | |
| Media | 1717 | | |
| Coliformes Totales ^d | 54 (50.9%) | 0 | NOM-127-SSAI-1994 (modificación) |
| Coliformes Fecales ^e | 42 (39.6%) | 0 | NOM-127-SSAI-1994 (modificación) |
| <i>Escherichia coli</i> | 9 (8.5%) | ---- | |
| <i>Salmonella</i> spp. | 0 | ---- | |

^aAgua de pozo fuente principal de agua de consumo humano

^bCuenta Total Viable

^cUnidades Formadoras de Colonias mL⁻¹

^dNúmero Más Probable 100mL⁻¹

Nueve aislados de *E. coli* fueron obtenidos a partir de igual número de muestras. El total de las clonas mostraron una identidad del 99% con la secuencia NC_011751.1 (Touchon, 2009) reportada en el NCBI.

Los antibiogramas de los aislados de *E. coli* mostraron variabilidad en cuanto a la susceptibilidad o resistencia a tetraciclina 30 µg y trimetoprima con sulfametoxazol 25 µg, siendo resistentes el 55.5% de los aislados. Cinco aislados (12M5.1, 12M3, 12M1.1, 190 2M6, 12M5) mostraron en promedio 12.7 mm de halo de inhibición para claritromicina 15 µg, siendo congruente con lo encontrado para el control positivo de *E. coli* (ATCC 25922). Ninguno de los aislados mostró inhibición con los antibióticos oxacilina 1 µg y penicilina G 10U (tabla 2).

Tabla 2. Resultados de los antibiogramas de los aislados de *Escherichia coli* a partir de agua subterránea del acuífero del Río Yaqui.

| Clave cepa | Trimetoprima con | | | | |
|------------|-------------------------------|---------------------|---------------------------|---------------------|------------------------|
| | Antibiótico/tetraciclina 30µg | sulfametoxazo 125µg | Claritromicina* 15µg (mm) | Oxacilina* 1µg (mm) | Penicilina* G 10U (mm) |
| ATCC 25922 | S | R | 15 | 0 | 12 |
| 12M5.1 | R | R | 15.5 | 0 | 0 |
| 12M5.1 | R | R | 0 | 0 | 0 |
| 2M1 | R | R | 9 | 0 | 0 |
| 12M4 | R | R | 0 | 0 | 0 |
| 12M3 | S | S | 12 | 0 | 0 |
| 12M1.1 | S | S | 12 | 0 | 0 |
| 2M6 | S | S | 13 | 0 | 0 |
| 12M5.1 | R | R | 11 | 0 | 0 |
| 2M4 | S | S | 0 | 0 | 0 |

S=susceptible R=resistente*antibiótico no incluido en el CLSI para enterobacterias. nota: los ensayos se realizaron por triplicado.

La figura 2 presenta la variación temporal de los indicadores CT y CF; donde se observa que la mayor incidencia fue durante el periodo de junio a septiembre de 2013.

Figura 2. Variación temporal de coliformes totales y coliformes fecales en el acuífero del Río Yaqui.

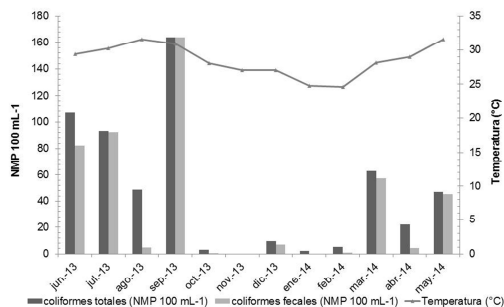


Figura 2. Variación temporal de coliformes totales y coliformes fecales en el acuífero del Río Yaqui. Nov-13, Mar-14: promedio de 7 muestras; Jun-13, Feb-14: promedio de 8 muestras; Oct-13, Dic-13, Ene-14, Abr-14: promedio de 9 muestras; Jul-13, Ago-13, Sep-13, May-14: promedio 10 muestras.

La figura 3 muestra la distribución espacial e incidencia del grupo coliforme en las comunidades bajo estudio; las comunidades con mayor contaminación fueron Vicam Estación y Loma de Bacum ambas asentadas a unos pocos cientos de metros del cauce del Río Yaqui y por tanto donde la actividad ganadera es más intensiva; la comunidad con menor incidencia de coliformes fue Campo 77 mismo que se ubica hacia el final de la cuenca.

Figura 3. Distribución espacial y porcentajes de muestras con incidencia de coliformes totales y fecales en la cuenca del Río Yaqui.

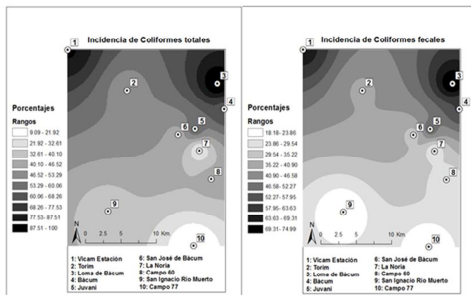


Figura 3. Distribución espacial y porcentajes de muestras con incidencia de coliformes totales y fecales en la cuenca del Río Yaqui.

Discusión

La cuenta total viable de BMA aerobios ofrece información sobre el nivel de contaminación que presenta la fuente de abastecimiento de estas comunidades del Sur de Sonora, y datos muy precisos sobre la densidad de este grupo indicador. En México la NOM-127-SSA1-1994 (modificación) no incluye en sus límites permisibles este parámetro, sin embargo desde 1981 se estableció en 200 UFC mL⁻¹ el límite máximo para agua de uso y consumo humano (Fernández-Escartín, 1981), mismo que actualmente sigue siendo utilizado para una evaluación preliminar de la calidad del agua.

Acorde al Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI) México la temperatura media anual en el estado de Sonora es de 22°C, la temperatura máxima promedio es de 38°C y se presenta en los meses de junio y julio, la temperatura mínima promedio es de 5°C y se presenta en el mes de enero. La precipitación media estatal es de 450 mm anuales, y las lluvias se presentan en verano en los meses de julio y agosto; el agua de estas lluvias pueden ser infiltradas al suelo arrastrando contaminantes tanto microbianos como sustancias químicas directo al manto acuífero dispersándose a través de su fluido natural lo que pudiera explicar las cuentas elevadas de BMA y la alta densidad de CT y CF en las muestras analizadas.

Un estudio conducido por Félix-Fuentes y colaboradores (Félix-Fuentes, 2007) en tres

comunidades del Sur de Sonora, no influenciados por la cuenca del Río Yaqui, establecieron la presencia de coliformes, y en La Aduana y el Ejido Melchor Ocampo se presentaron densidades altas de coliformes totales en el agua de pozo con el 100% (n = 12) y 91% (n = 11) de las muestras fuera de norma, respectivamente. En la tercera comunidad estudiada (Etchojoa) sólo el 17% (n = 2) de las muestras presentaron incidencia, lo cual se atribuye al proceso de desinfección con cloro, ya que se encontraron concentraciones de 0.2 a 1.5 mg L⁻¹. Para el grupo CF se reportó la incidencia en la fuente de abastecimiento de 100% (n = 12), 50% (n = 6) y 17% (n = 2) respectivamente para La Aduana, Ejido Melchor Ocampo y Etchojoa, siendo congruente con lo encontrado en este estudio resaltando que el 100% de las muestras (n = 106) estuvo ausente el cloro residual (0 mg L⁻¹).

Un aspecto importante es que en la región donde se condujo este estudio predominan las actividades agrícolas y ganaderas (principalmente bovinos), esto aunado al uso de letrinas pudieran ser los principales aportes del grupo coliforme hacia el agua subterránea, ya que en muchas de las comunidades el pozo está ubicado dentro de la comunidad y muy próximo a estas, además de ser algunos de ellos someros (menos de 40 m de profundidad).

Los meses de mayor riesgo para los consumidores se ubicaron entre junio y septiembre coincidiendo con los valores más altos de temperatura, seguido por un decremento importante en la densidad del indicador de octubre a febrero, iniciando la reincidencia en el mes de marzo, aunque en menor medida que en el periodo de mayor contaminación.

Los aislados 12M3, 12M1.1 provenientes del agua de pozo de Loma de Bacum y Vicam Estación respectivamente mostraron ser susceptibles al antibiótico tetraciclina 30 µg (con ≤ 5 mm de inhibición) siendo congruente con los valores encontrados para el ATCC 25922, y para trimetoprima-sulfametoxazol 23.75 µg (con ≥ 16 mm de inhibición) antibiótico para el cual el control ATCC es resistente; adicionalmente los aislados 12M5.1, 12M3.1 y 2M1 de las comunidades San José de Bacum, Bacum y Vicam Estación fueron resistentes a ambos antibióticos al presentar halos de inhibición ≤ 11 mm y ≤ 10 mm respectivamente.

El antibiótico claritromicina 15 µg pudiera ser una opción viable para el tratamiento de la infección en caso que fueran estas bacterias las causantes (sin embargo se requeriría probar este antibiótico en aislados a partir de matrices biológicas de personas con sintomatología típica), excepto para los aislados 12M3.1 que resultó ser resistente y 2M1 que es intermedio.

Conclusiones

Es de suma importancia se tomen las medidas necesarias para el mejoramiento de la calidad sanitaria del agua de esta región asociada a la cuenca, ya que el estudio sugiere que las poblaciones estudiadas tendrían un riesgo alto de contraer enfermedades gastrointestinales.

Agradecimientos:

Los autores agradecen al Instituto Tecnológico de Sonora (Programa PROFAPI) y CONACYT por su financiamiento.

Bibliografía

- Cordero-Ramírez JD, López-Rivera R, Calderón-Vázquez CL, Figueroa-López AM, Martínez-Álvarez JC, Leyva-Madrigal KY, et al. Microorganismos asociados a la rizosfera de jitomate en un agroecosistema del valle de Guasave, Sinaloa, México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*. 2013;83;712-730.
- Farré R, Bermudo F, Cameán A, Sáez A, Álvarez M, Herrera A, et al. Informe del Comité Científico de la Agencia Española de Seguridad Alimentaria y Nutrición (AESAN) sobre medidas de prevención y recomendaciones aplicables para evitar posibles infecciones alimentarias por cepas de *Escherichia coli* verotoxigénicos/productores de toxinas Shiga/enterohemorrágicos (VTEC/STEC/EHEC). *Revista del Comité Científico*. 2016;16;71-73.
- Félix-Fuentes A, Campas-Baypoli ON, Aguilar-Apodaca MG, Meza-Montenegro MM. Calidad microbiológica del agua de consumo humano de tres comunidades rurales del sur de Sonora (México). *RESPYN*. 2007;8(3); [OnLine] http://www.respyn.uanl.mx/viii/3/articulos/calidad_de_agua.htm.
- Fernández Escartín, E. Microbiología e inocuidad de los alimentos. Segunda Edición. Querétaro, México. Ed. Universidad Autónoma de Querétaro. 2008; P. 250-294.
- Fernández Escartín, E. Microbiología Sanitaria. Agua y Alimentos. Guadalajara, Jalisco. Ed. Universidad de Guadalajara. 1981. p. 184.
- Frank C, Werber D, Cramer JP, Askar M, Faber M, der Heiden M, et al. Epidemic profile of shiga-toxin357 producing *Escherichia coli* O104:H4 outbreak in Germany. *The new England Journal of Medicine*. 2011;365;1761-1780.
- Jurado R, Arenas C, Doblas A, Rivero A, Torre J. Fiebre tifoidea y otras infecciones por salmonellas. *Medicine*. 2010;10(12);497-501.
- Kulasekara B, Jacobs M, Zhou Y, Wu Z, Sims E, Saenphimmachak C, et al. Analysis of the genome of the *Escherichia coli* O157:H7 2006 spinach associated outbreak isolate indicates candidate genes that may enhance virulence. *Infection and immunity*. 2009;77(9);3713-3721.
- Leotta G, Chinen I, Epszteyn E, Miliwebsky E, Melamed I, Motter M, et al. Validación de una técnica de PCR multiple para la detección de *Escherichia coli* productor de toxina Shiga. *Revista Argentina de Microbiología*. 2005;37;1-10.
- MacFaddin, J.F. Pruebas Bioquímicas para la Identificación de Bacterias de Importancia Clínica. 3ra. Edición. Buenos Aires, Argentina. Ed. Médica Panamericana. 2004. P. 371-860.
- Maheux A, Picard F, Boissinot M, Bissonnette L, Paradis S, Bergeron M. Analytical comparison of nine PCR primer sets designed to detect the presence of *Escherichia coli* / *Shigella* in water samples. *Water research*. 2009;43;3019-3028.
- Michanie S. *Escherichia coli* O157:H7, la bacteria que dispara el HACCP en la industria de la carne. *Rev. Ganado y Carne*. 2003;4(17);40-42.
- Norma Oficial Mexicana NOM-230-SSA1-2002, Salud ambiental. Agua para uso y consumo humano, requisitos sanitarios que se deben cumplir en los sistemas de abastecimiento públicos y privados durante el manejo del agua. Procedimientos sanitarios para el muestreo. [OnLine] <http://www.economia396noms.gob.mx/normas/noms/2005/nom-230-ssa1-200.pdf> (14 de octubre de 2016).
- Norma Oficial Mexicana NOM-110-SSA1-378 1994, Bienes y servicios. Preparación y dilución de muestras de alimentos para su análisis microbiológico. [OnLine] <http://www.economia-noms.gob.mx/normas/noms/1995/110-ssa1.pdf> (14 de octubre de 2016).

Norma Oficial Mexicana NOM-092-SSA1-1994, bienes y servicios. Método para la cuenta de bacterias aerobias en placa. [OnLine] <http://www.economianoms.gob.mx/normas/noms/1995/092-ssa1.pdf> (14 de octubre de 2016).

Norma Oficial Mexicana NOM-112-SSA1-1994, Bienes y servicios. Determinación de bacterias coliformes. Técnica del número más probable. [OnLine] <http://www.economianoms.gob.mx/normas/noms/1995/112-ssa1.pdf> (14 de octubre de 2016).

Norma Oficial Mexicana NOM-210-SSA1-2014, Productos y servicios. Métodos de prueba microbiológicos. Determinación de microorganismos indicadores. Determinación de microorganismos patógenos. [OnLine] <http://www.economianoms.gob.mx/normas/noms/2010/210ssa12015.pdf> (14 de octubre de 2016).

NORMA Oficial Mexicana NOM-114-SSA1-1994, Bienes y servicios. Método para la determinación de salmonella en alimentos. [OnLine] <http://www.economianoms.gob.mx/normas/noms/1995/114-ssa1.pdf> (14 de octubre de 2016).

Norma Oficial Mexicana NOM-127-SSA1-1994 (modificada). Salud ambiental, agua para uso y consumo humano-límites permisibles de calidad y tratamientos a que debe someterse el agua para su potabilización. [OnLine] <http://www.economianoms.gob.mx/normas/noms/kartemod/mod127ssa1.pdf> (14 de octubre de 2016).

OMS. (2004). Relación del agua, el saneamiento y la higiene con la salud: hechos y cifras. 30/01/2017, de OMS Sitio web: http://www.who.int/water_sanitation_health/WSHFact-Spanish.pdf

Orozco M, Ramírez-Aguilar F, Cruz-López J. Caracterización fisicoquímica y bacteriológica de aguas subterráneas de pozos artesanales y efluentes hídricos en la Costa de Chiapas, México. *Higiene y Sanidad Ambiental*. 2008;8;348-3454.

Pérez Cordero A, Rojas J, Rodríguez J, Arrieta I, Arrieta Y, Rodríguez A. Actividad antibacteriana de soluciones ácidas de quitosano obtenido de exoesqueleto de camarón. *Revista Colombiana de Biotecnología*. 2014;1;104-110.

Torres-Vitela MR, Castillo-Ayala A. *Agentes Patógenos Transmitidos por Alimentos Volumen II*. 2da. Edición.

Guadalajara, Jalisco, México. Ed. Universidad de Guadalajara. 2010. P. 11-37.

Touchon M, Hoede C, Tenaillon O, Barbe V, Baeriswyl S, Bidet P, Bingen E, et al. Organised genome dynamics in the *Escherichia coli* species results in highly diverse adaptive paths. *PLoS Genetics*. 2009;5(1);1-25.

Zheng Z, Scott S, Lukas W, Webb M. A Greedy Algorithm for Aligning DNA Sequences. *Journal of Computational Biology*. 2000;7(1/2);203-214.