

Microbiología y genética

Enfermedades
infecciosas y
medicina
molecular




Ediciones
Uleam

Compiladores
Carlos Alfredo Vera Alcívar
Angie Brigitte Toala Vergara

Microbiología y genética

Enfermedades infecciosas y medicina

molecular

Compiladores

Carlos Alfredo Vera Alcívar

Angie Brigitte Toala Vergara



Texto arbitrado bajo la modalidad doble par ciego

Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí
Ciudadela universitaria vía circunvalación (Manta)
www.uleam.edu.ec

Dr. Marcos Zambrano Zambrano, PhD.

Rector

Dr. Pedro Quijije Anchundia, PhD.

Vicerrector Académico

Dra. Jackeline Terranova Ruiz, PhD.

Vicerrectora de Investigación, Vinculación y Postgrado

Lcdo. Kléver Delgado Reyes, Mg.

Dirección de Investigación, Publicaciones y Servicios Bibliográficos

Microbiología y genética

Enfermedades infecciosas y medicina molecular

Compiladores

Carlos Alfredo Vera Alcívar

Angie Brigitte Toala Vergara

Edición: Primera-Diciembre de 2025. Publicación digital

ISBN: 978-9942-681-73-7

Prohibida su venta

Trabajo de edición y revisión de texto: Mg. Alexis Cuzme Espinales

Diagramación, edición de estilo y diseño de portada: Mg. José Márquez Rodríguez

Una producción de la Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí, registrada en la Cámara Ecuatoriana del Libro.

Sitio Web: uleam.edu.ec

Correo institucional: diist@uleam.edu.ec

Teléfonos: 2 623 026 Ext. 255

Contenido

Prólogo	6
Introducción	7
CAPÍTULO I	10
Patógenos frecuentes de vaginosis bacteriana en mujeres de edad fértil.....	10
Mariabelén Leonith Párraga Cruzatti	
Katheryn Keidy García Muñiz	
Angie Brigitte Toala Vergara	
CAPÍTULO II	22
Resistencia bacteriana en infecciones urinarias en mujeres de edad fértil	22
Sanny Lilibeth Mera Barrezueta	
Nicole Abigail Lagos Ruiz	
CAPÍTULO III	41
Exploración de marcadores inmunológicos para la identificación de enfermedades infecciosas.....	41
Pierina Jamileth Giler Reyes	
Ilya Isadora Casanova Romero	
CAPÍTULO IV.....	65
Enteroparasitosis en preescolares y escolares en una zona rural de Manabí	65
Carlos Jampier Rivera Calderón	
Angelo Joel Montes Guerrero	
Jacqueline Narciza Mera Chica	
CAPÍTULO V.....	81
Gen HLA-CW6 como factor genético en pacientes con psoriasis.....	81
Vialy Nayerli Mero Andrade	
Josselyn Irene Mendoza Macías	

CAPÍTULO VI.....	100
Técnicas de diagnóstico moleculares para identificación de los subtipos de diabetes Mody: revisión sistemática.....	100
	Geovanny Alexander García Leones
	Pablo Enrique Barreiro Macías
CONCLUSIONES	117
Los autores.....	118

Prólogo

Los años de experiencia que tengo en mi carrera como profesional de la salud en el área de laboratorio clínico y medicina me dan el aval para tener un mínimo de conocimiento sobre la microbiología y la genética destacando el incremento en enfermedades infecciosas y el avance de técnicas en medicina molecular.

Cada día nos preguntamos si hemos descubierto a ciencia cierta todos los avances que tenemos en el maravilloso mundo de la microbiología, así mismo, como la presencia de enfermedades infecciosas que dan un nuevo campo de acción sobre la prevención y tratamiento de estas patologías; sí bien es cierto hemos avanzado mucho pero aún nos falta por descubrir más.

Nos preguntamos muchas veces sí entendemos las bases moleculares de las patologías para poder de esta manera desarrollar métodos de diagnóstico y tratamientos más precisos, el estudio de genes y proteínas avanza cada día más y poco a poco podemos comprender como los genes y proteínas actúan en diversas patologías y de esta manera crear terapias dirigidas o personalizar los tratamientos.

Históricamente, desde el siglo XVII hasta la actualidad se ha estudiado para poder entender la microbiología, así como desde el descubrimiento de la estructura del ADN hemos avanzado con la medicina molecular hasta el punto de desarrollar técnicas de ingeniería genética. Los autores de este texto invitan a inmiserirnos en este fascinante mundo, para poder comprender estas dos áreas que han revolucionado la biología e impulsan el desarrollo de la medicina en áreas como técnicas microbiológicas, ingeniería genética y tecnologías del ADN.

Yimmy Asanza Velásquez.

Médico cirujano.

Laboratorista Clínico.

Mg. En enfermedades infecciosas.

Introducción

El mundo de la Microbiología y la Genética es bien complejo y amplio, pero también muy interesante dentro del campo de la salud, particularmente en el área del Laboratorio Clínico, pues su importancia radica en las diversas enfermedades infecciosas generadas por microorganismos que la microbiología permite estudiar, de igual forma la Genética abre el espacio necesario para incursionar dentro de la medicina molecular, y es precisamente dentro de estos aspectos que los autores del presente libro han logrado compactar, mediante investigaciones que están debidamente plasmadas en el presente libro titulado: MICROBIOLOGÍA Y GENÉTICA: Enfermedades infecciosas y Medicina Molecular.

Así, *Microbiología y Genética: Enfermedades infecciosas y medicina molecular* es una compilación de investigaciones fundamentales en el ámbito de la salud. Su importancia radica en el estudio de las enfermedades infecciosas y en la incursión dentro de la medicina molecular. El texto se organiza en seis capítulos temáticos:

Capítulo I: patógenos frecuentes de vaginosis bacteriana en mujeres de edad fértil Este estudio descriptivo y transversal identificó los patógenos prevalentes de la vaginosis bacteriana y los factores de riesgo asociados en mujeres de edad fértil. El 32% de las pacientes presentó la infección, siendo *Gardnerella vaginalis* el patógeno más frecuente (30%). Se observó una correlación directa entre la alta frecuencia de relaciones sexuales y la presencia de *G. vaginalis*.

Capítulo II: resistencia bacteriana en infecciones urinarias en mujeres de edad fértil. Se realizó una revisión sistemática de la literatura en artículos enfocados en América Latina, se analiza la resistencia antimicrobiana en infecciones del tracto urinario (ITU), confirmando que la *Escherichia coli* es el principal uropatógeno (prevalencia >70%). Se reportó una alta resistencia a antibióticos de primera línea como ampicilina y ciprofloxacino, por el contrario, la fosfomicina y la nitrofurantoína mostraron alta eficacia (más del 80%).

Capítulo III: explora los marcadores inmunológicos para la identificación de enfermedades infecciosas, esta revisión sistemática analizó la efectividad de los biomarcadores para la detección temprana de infecciones. Los resultados destacan a la procalcitonina (PCT) y a la proteína C reactiva (PCR) como marcadores altamente

efectivos para infecciones bacterianas. La PCT y la interleucina-6 (IL-6) mostraron una elevada sensibilidad y especificidad (>90%) en el diagnóstico de sepsis y bacteriemias. Se enfatiza que la implementación efectiva requiere un monitoreo inmunológico constante y apoyo tecnológico para el diagnóstico diferencial.

Capítulo IV: aborda la enteroparasitosis en preescolares y escolares en una zona rural de Manabí, el estudio observacional y transversal buscó identificar los factores sociodemográficos asociados a la transmisión de enteroparásitos en niños de 3 a 11 años en una zona rural. El análisis coproparasitario realizado a 133 niños encontró un 35.3% de casos positivos. Dentro de los protozoarios más comunes destacaron Entamoeba coli, E. histolytica/dispar y Giardia lamblia. La falta de saneamiento, el contacto con suelos contaminados y la convivencia con mascotas son factores de riesgo claves.

Capítulo V: analiza al Gen HLA-CW6 como factor genético en pacientes con psoriasis a través de una revisión sistemática de la literatura en 45 artículos entre 2015 y 2025. La evidencia científica devela que el gen HLA-Cw6 es el principal factor de predisposición, mismo que está presente en el 90% de los casos de inicio temprano. Fisiopatológicamente, el gen interviene en la presentación de autoantígenos a linfocitos T CD8+, desencadenando la cascada inflamatoria y la hiperproliferación de queratinocitos.

Capítulo VI: se analizan diferentes técnicas de diagnóstico molecular para identificación de los subtipos de diabetes Mody a partir de una revisión sistemática de literatura. Los resultados presentados evidencian que la diabetes Mody es una forma monogénica rara (1-6% de los casos) de inicio temprano. La Secuenciación de Nueva Generación (NGS) demostró la mayor eficacia al identificar mutaciones en genes clave: GCK, HNF1A, HNF4A. El estudio señala que el diagnóstico molecular es crucial para la clasificación precisa, el tratamiento personalizado y el asesoramiento genético familiar.

Es necesario mencionar que en este compendio se conecta con temas actualizados, que amplía el conocimiento de forma sólida, generados en varios capítulos, considerados dentro de la Microbiología y Enfermedades Infecciosas contemplados en la investigación que van desde: Patógenos frecuentes de vaginosis bacteriana en mujeres de edad fértil; Resistencia bacteriana en infecciones urinarias, así como también la Exploración de marcadores inmunológicos para la identificación de enfermedades infecciosas, culminando con el estudio de Enteroparasitosis en preescolares y escolares de una zona rural de Manabí.

Con el mismo enfoque de relevancia, los autores en esta obra de investigación aportan en la consolidación del conocimiento en el campo amplio de la Genética y medicina molecular, donde abordan dos temas valiosos como son: HLA-Cw6 como factor genético en pacientes con psoriasis, de igual forma lo mantienen en Técnicas de diagnóstico molecular para la identificación de los subtipos de diabetes MODY. Convirtiéndose este libro en la herramienta ideal para profesionales y estudiantes, como recurso de consulta que suministra importante información, constituyéndose en una guía excelente para todos quienes se desenvuelven en las ciencias de la salud, particularmente en la rama del Laboratorio Clínico.

Lic. Carlos Vera Alcívar, Mg.
Docente y Director carrera de Laboratorio Clínico

CAPÍTULO I

Patógenos frecuentes de vaginosis bacteriana en mujeres de edad fértil

Frequent pathogens of bacterial vaginosis in women of reproductive age

Mariabelén Leonith Párraga Cruzatti

<https://orcid.org/0009-0006-6388-3869>

parragamariabelen24@gmail.com e1316077328@live.uleam.edu.ec

Estudiante de Laboratorio Clínico

Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí, Ecuador.

Katheryn Keidy García Muñiz

<https://orcid.org/0009-0002-3471-4397>

Estudiante de Laboratorio Clínico

katheer25@gmail.com e1315756179@live.uleam.edu.ec

Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí, Ecuador

Angie Brigitte Toala Vergara

<https://orcid.org/0000-0002-6098-5070>

angie.toala@uleam.edu.ec

Docente de Laboratorio Clínico

Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí, Ecuador

RESUMEN

La vaginosis bacteriana se caracteriza por una disminución significativa de lactobacilos dominantes, acompañada por un aumento de bacterias anaerobias, tanto facultativas como estrictas. Esta investigación tiene como objetivo determinar los patógenos frecuentes asociados a la vaginosis bacteriana en mujeres de edad fértil, así como establecer los factores de riesgo asociados y evaluar la eficacia de los métodos diagnósticos empleados, con el fin de destacar su utilidad en el diagnóstico microbiológico de la enfermedad. Los resultados evidenciaron que el 32% de las pacientes presentaron vaginosis bacteriana, siendo *Gardnerella vaginalis* el patógeno más frecuente (30%), seguido de *Candida albicans* (26%), mientras que un 40% de las muestras no presentó crecimiento patógeno, indicando un microbiota vaginal normal. También se identificaron casos aislados de *Escherichia coli* (2%) y de infecciones mixtas (2%). Además, se encontró una asociación entre la frecuencia de relaciones sexuales por semana y la presencia de *G. vaginalis*, siendo este un posible factor predisponente. Esta patología sigue siendo multifactorial, donde los factores sexuales, sociodemográficos y

clínicos deben considerarse de manera integral para un diagnóstico efectivo.

Palabras claves: Vaginosis bacteriana, factores de riesgo, infecciones vaginales, patógenos prevalentes, salud sexual.

ABSTRACT

Bacterial vaginosis is characterized by a significant decrease in dominant lactobacilli, accompanied by an increase in anaerobic bacteria, both facultative and strict. This study aims to determine the common pathogens associated with bacterial vaginosis in women of reproductive age, as well as to establish the associated risk factors and evaluate the effectiveness of the diagnostic methods used, in order to highlight their usefulness in the microbiological diagnosis of the disease. The results showed that 32% of the patients had bacterial vaginosis, with *Gardnerella vaginalis* being the most frequent pathogen (30%), followed by *Candida albicans* (26%), while 40% of the samples showed no pathogenic growth, indicating a normal vaginal microbiota. Isolated cases of *Escherichia coli* (2%) and mixed infections (2%) were also identified. Furthermore, an association was found between the frequency of sexual intercourse per week and the presence of *G. vaginalis*, suggesting this as a potential predisposing factor. This condition remains multifactorial, where sexual, sociodemographic, and clinical factors should be considered comprehensively for an effective diagnosis.

Keywords: Bacterial vaginosis, risk factors, vaginal infections, prevalent pathogens, sexual health.

INTRODUCCIÓN

La vaginosis bacteriana representa una disbiosis o desequilibrio en el microbiota vaginal, que normalmente está caracterizado por la predominancia del género bacteriano *lactobacillus* (Boyanova et al., 2021) los cuales al disminuir producen un aumento del pH vaginal, dando lugar a un crecimiento excesivo de diversas bacterias (Muzny & Schwebke, 2016) (Peebles et al., 2019), las cuales desencadenan ya sea solas o asociadas algún tipo de patología, en la vaginosis bacteriana se encuentra principalmente *Gardnerella vaginalis*, así como anaerobios facultativos y bacterias anaerobias vaginales como *Prevotella bivia*, especies de *Bacteroides*, *Parabacteroides*, especies de *Mobiluncus*, especies de *Porphyromonas*, y *Atopobium vaginae* (Boyanova et al., 2021) (Aparicio, 2015) (Chavoustie et al., 2021) Además de otros microorganismos exógenos que producen una patología determinada y que no forman parte de la flora habitual (Merchán et al., 2020),

por ejemplo, *Neisseria gonorrhoeae*, *Clamidia trachomatis*, *Micoplasma spp*, *Estreptococcus agalactiae*, *Escherichia coli*, *Estafilococcus* y *Herpes virus*, que también pueden causar infecciones vaginales (Aparicio, 2015).

La prevalencia global afecta aproximadamente al 29,2% de las mujeres, con tasas especialmente altas en mujeres de piel negra y con variabilidad según la región, lo que sugiere la influencia de factores sociodemográficos (España & Vela Jiménez, 2023). Si bien *Gardnerella vaginalis* se asocia con la mayor parte de los casos, la naturaleza polimicrobiana de la patología, junto con su alta prevalencia, recurrencia y las complicaciones asociadas, impulsa la necesidad de investigar otros microorganismos que puedan estar implicados en esta condición.

El objetivo de este estudio es determinar los microorganismos más comunes asociados a la vaginosis bacteriana, así como analizar los factores de riesgo que favorecen su desarrollo con la finalidad de generar conocimiento específico sobre la situación epidemiológica en la población femenina de Manta. Esto no solo facilitará una mejora en los procesos de diagnóstico, sino que también proporcionará una base sólida para la formulación de políticas de salud pública enfocadas en la prevención y el manejo adecuado de esta patología.

DESARROLLO

La vaginosis bacteriana se manifiesta comúnmente con una secreción vaginal homogénea de color blanco grisáceo que recubre las paredes vaginales, acompañada de un característico olor desgradable característico y un aumento del pH vaginal, síntomas que suelen intensificarse tras el coito o posterior a la menstruación. Sin embargo, se estima que cerca del 50% de las mujeres afectadas pueden permanecer asintomáticas (Espitia De La Hoz, 2023).

Entre los principales factores responsables del desequilibrio del microbiota vaginal se encuentran, la presencia de nuevas o múltiples parejas sexuales masculinas, la concurrencia simultánea de varias parejas, la frecuencia elevada de relaciones sexuales semanales, tener una pareja sexual femenina con esta patología, mala higiene íntima, sistema inmunológico comprometido, el uso de dispositivos intrauterinos o de anticonceptivos hormonales, el consumo de tabaco, entre otros (Espitia De La Hoz, 2023). Existen tres características fundamentales que dificultan el desarrollo de un método diagnóstico eficaz: primero, la falta de claridad sobre el agente o agentes causales

específicos; segundo, la asociación con muchas especies bacterianas; y tercero, la presencia de la mayoría de estas bacterias también en mujeres sanas (Merchán et al., 2020).

El diagnóstico de vaginosis bacteriana, aunque inicialmente se basa en criterios clínicos, como los establecidos por Amsel, cobra una mayor precisión y relevancia cuando interviene el laboratorio clínico. Los cuatro criterios de Amsel incluyen secreción vaginal fina, homogénea y blanquecina; pH vaginal mayor a 4,5; prueba del olor positiva al añadir hidróxido de potasio al 10 %; y presencia de células clave al microscopio (Salas et al., 2022). Sin embargo, el procedimiento de laboratorio considerado como el estándar de oro para el diagnóstico es la tinción de Gram, evaluada mediante la escala de Nugent, la cual se puntúa de 0-10. Este método permite identificar cuatro morfotipos bacterianos específicos: bacilos largos Gram positivos -Lactobacillus-, cocobacilos Gram variables o Gram negativos, bacilos Gram negativos y bacilos curvos Gram negativos (Espitia, 2023).

En cuanto a las complicaciones asociadas, esta ha sido vinculada a: la enfermedad pélvica inflamatoria -EPI-, celulitis vaginal secundaria a procedimientos invasivos, aborto espontáneo, ruptura prematura de membranas, parto prematuro, bajo peso al nacer, corioamnionitis y endometritis postparto. Así mismo, su presencia aumenta el riesgo de adquirir y transmitir diversas enfermedades de transmisión sexual (Salas et al., 2022).

METODOLOGÍA

1. Diseño de la investigación

La presente investigación fue de tipo observacional, descriptivo transversal, la población de estudio estuvo constituida por pacientes atendidas en un centro de salud de la ciudad de Manta. Para determinar el tamaño muestral, se utilizó la fórmula para poblaciones finitas, considerando un margen de error del 10%. Con una población de referencia de 50 pacientes con vaginosis bacteriana, el tamaño muestral calculado fue de aproximadamente 15 pacientes. Se incluyeron en el estudio mujeres entre los 18 y 45 años de edad, que presentaron signos clínicos como flujo vaginal anormal, un olor desagradable como prurito o irritación vaginal, pacientes que aceptaron a participar voluntariamente en el estudio mediante la firma del consentimiento informado y que hayan tenido la disponibilidad para pruebas diagnósticas. Se excluyeron las mujeres que hayan recibido tratamiento antibiótico en las últimas dos semanas, embazadas, pacientes con diagnóstico

confirmado de otras infecciones vaginales que puedan interferir en la interpretación de resultados, las mujeres con enfermedades o tratamientos que afecten el sistema inmunológico y pacientes que no hayan aceptado participar en el estudio o que no hayan firmado el consentimiento informado.

El estudio se llevó a cabo con una capacitación informativa dirigida a las participantes. Este estudio no implicó ningún riesgo para las pacientes que participaron, ya que fueron informados previamente sobre sus objetivos y los procedimientos a seguir, se explicó el propósito del estudio, su importancia para la salud ginecológica y los beneficios que puede aportar a la comunidad, promoviendo así el interés y la participación activa de las pacientes.

Es importante destacar que todas las respuestas de las participantes fueron tratadas con la máxima confidencialidad, firmaron un consentimiento informado en el que se garantizó la confidencialidad de sus datos, los datos recolectados se utilizaron exclusivamente con fines de investigación y se almacenaron de manera segura, asegurando en todo momento el anonimato y la privacidad de cada participante.

Este proceso se realizó a partir de los datos recolectados de cada paciente para que estos puedan analizarse de manera anónima, para el sistema de Codificación cada paciente recibió un código único alfanumérico estructurado que consistió de dos letras correspondientes a las iniciales del estudio, le sigue cuatro números secuenciales que finalmente termina con una codificación así VB0001.

RESULTADOS

A continuación, se presentan los resultados de la presente investigación en donde se determinó los patógenos frecuentes de vaginosis bacteriana en mujeres de edad fértil, para ello, se utilizaron distintos métodos de investigación, como las encuestas y procesamiento de muestras. Estos resultados son presentados con tablas y gráficos.

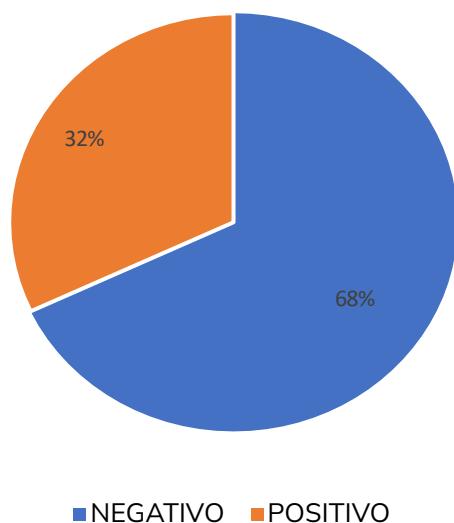
Dentro de los parámetros de la encuesta realizada, se tomó en cuenta tres preguntas, que predominó más la pregunta que es la frecuencia de relaciones sexuales por semana que fueron de 3 veces o más por semana con un 64%, le siguió el 36% las que mantuvieron 2 veces por semana y el 0% 1 vez por semana. Esto indica que el 64% son algunas de las pacientes que se les detectó *Gardnerella vaginalis*, esto es un factor que conlleva a que sean más propensas a tener vaginosis bacteriana.

Tabla 1
Resultados de la recolección de datos personales

Resultados de la recolección de datos personales				
Variables	Categoría	Frecuencia	Porcentaje	
Frecuencia de relaciones sexuales semana	1	0	0%	100%
	2	18	36%	
	3 o más	32	64%	
Número de parejas sexuales	1	12	24%	100%
	2	16	32%	
	3	10	20%	
	4 o más	12	24%	
Métodos anticonceptivos	Sí	20	40%	100%
	No	30	60%	
Total, de pacientes		50		

En los resultados y análisis de las muestras obtenidas, se observó que, después de procesar las muestras de cada paciente, el 68%, mostró resultados negativos para vaginosis bacteriana. Por otro lado, el 32% restante dio resultados positivos para esta infección. Estos hallazgos nos permiten establecer una clara distribución entre los casos negativos y positivos en la población evaluada. Resaltando la importancia de reforzar las estrategias de prevención, educación sexual y promoción de la salud dirigidas a las mujeres, especialmente en entornos donde hay factores de riesgo.

Figura 1
Resultados y análisis de las muestras

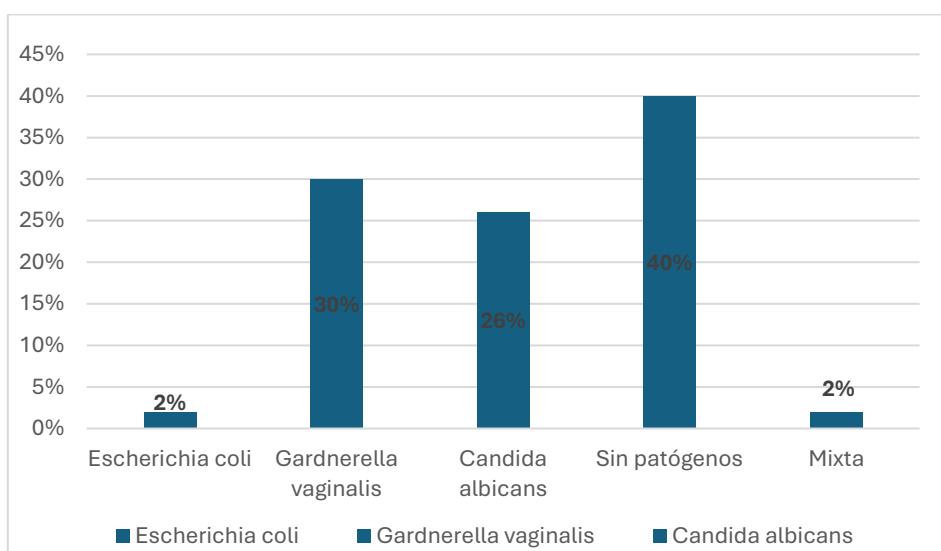


Se presentaron resultados obtenidos de este análisis de 50 muestras, donde se observó que el 40% de las muestras no presentó crecimiento de ningún patógeno, es decir, que tiene el microbiota vaginal normal.

La vaginosis bacteriana está relacionada con la *Gardnerella vaginalis*, entre los que se obtuvo un resultado del 30% lo cual es una de las infecciones vaginales más comunes en mujeres en edad reproductiva, esta infección está asociada a diferentes patógenos en los que se encontró *Candida albicans*, aislada con 26% de los casos, cuyo agente responsable de la candidiasis vaginal.

Escherichia coli se detectó en una muestra con un 2% y asimismo con una muestra otro 2% de infección mixta.

Figura 2
Frecuencia de microorganismos identificados en las muestras analizadas



La identificación precisa de los agentes causantes es clave para diferenciar entre infecciones bacterianas, micóticas o mixtas. Principalmente para evitar tratamientos empíricos inadecuados que podrían llevar a la resistencia antimicrobiana o a recurrencias. El laboratorio clínico no solo tiene un papel diagnóstico, sino que también actúa de manera preventiva y de control guiando al médico tratante sobre el tratamiento más adecuado, ya sea antimicótico, antibacteriano o una combinación de ambos.

DISCUSIÓN

La alteración del microbiota vaginal puede provocar diversas molestias, lo que explica por qué las infecciones vaginales representan un importante desafío para la salud de las mujeres. Entre los principales síntomas se encuentran el cambio en el olor y la apariencia de la zona vaginal, así como prurito, flujo abundante e irritación (Morón & Romero, 2022). Estas alteraciones están asociadas a múltiples factores de riesgo, entre los que destacan: prácticas inadecuadas de higiene íntima, actividad sexual con múltiples parejas, uso prolongado de ropa ajustada, consumo de tabaco, embarazo, enfermedades de base o inmunodeficiencias. Además, el uso habitual de antibióticos, hormonas y anticonceptivos orales también puede aumentar la susceptibilidad (Morón & Romero, 2022).

Inicialmente, las infecciones vaginales eran clasificadas como cuadros de vaginitis según su agente etiológico, siendo *Candida*, *Trichomonas* y *Chlamydia* los principales responsables, todos ellos asociados a procesos inflamatorios caracterizados por secreción purulenta. Sin embargo, una proporción considerable de casos no presentaba una etiología claramente definida ni signos inflamatorios constantes. Por lo que la década de los ochenta, se identificó a la vaginosis bacteriana como una entidad clínica distinta la cual se caracteriza por la ausencia de una respuesta inflamatoria evidente y no se asocia a un único agente causal (Castro & Duarte, 2025).

La vaginosis bacteriana, como se ha mencionado, se caracteriza por la pérdida de *lactobacilos* predominantes y el crecimiento excesivo de bacterias anaerobias, tanto facultativas como estrictas. Entre los patógenos más comúnmente asociados a esta condición se encuentran *Gardnerella vaginalis*, *Atopobium vaginae*, especies de *Mobiluncus* y *Prevotella*, así como *Mycoplasma hominis* (Muzny et al., 2018).

Gardnerella vaginalis ha sido considerada como el principal agente causal de la vaginosis bacteriana (Muzny et al., 2018). Sin embargo, existen estudios los cuales han demostrado

que su presencia no es exclusiva de esta condición, ya que también puede encontrarse en mujeres asintomáticas (Rivera-Tapia et al., 2016). Esto indica que su capacidad patógena depende de su interacción con otras especies bacterianas, lo que respalda la idea de que la vaginosis bacteriana es un trastorno de origen polimicrobiano.

A diferencia de lo reportado por Rivera-Tapia (2016), quienes observaron una mayor prevalencia de *Mycoplasma genitalium* (72.5%), en nuestra investigación *Gardnerella vaginalis* fue el microorganismo más frecuentemente identificado. Esta diferencia podría explicarse por factores como la variabilidad geográfica, las características sociodemográficas de la población estudiada o las metodologías empleadas en la detección.

Al analizar los factores de riesgo relacionados con la conducta sexual, se evidencia una relación directa entre la frecuencia de las relaciones sexuales y la prevalencia de vaginosis bacteriana. Notablemente, se observó que las mujeres que reportaron tener más de una relación sexual por semana presentaron una mayor incidencia de esta condición. Lo que sugiere que una mayor frecuencia de actividad sexual podría estar asociada con la alteración del equilibrio del microbiota vaginal, particularmente con la disminución de *Lactobacillus*. La pérdida de estos microorganismos permite la proliferación de patógenos oportunistas implicados en la vaginosis bacteriana (González-Pedraza et al., 2004).

Estos resultados son consistentes con estudios previos realizados en Ecuador, como el de Castillo Enrique (2019) y Estupiñán (2020), donde también se reportó una mayor prevalencia de vaginosis bacteriana en mujeres con una vida sexual activa más frecuente. Además, se identificó que las pacientes que manifestaron haber tenido tres o más parejas sexuales a lo largo de su vida presentaron una prevalencia significativamente mayor de la infección, reforzando la idea de que el número de parejas sexuales es un factor de riesgo importante asociado a esta condición, lo que plantea la hipótesis de que la vaginosis bacteriana podría estar vinculada, al menos en parte, a mecanismos de transmisión sexual. Esta asociación podría explicarse tanto por la transmisión directa de bacterias como *Gardnerella vaginalis* a través de los fluidos corporales, como por los efectos fisicoquímicos de dichos fluidos sobre el microbiota vaginal, que favorecen un desequilibrio y propiciar el desarrollo del síndrome (González-Pedraza et al., 2004).

En este mismo contexto, diversas publicaciones han propuesto que los microorganismos implicados en la patogenia de la vaginosis pueden ser transportados por los genitales masculinos. (José et al., s.f.). De hecho, estudios microbiológicos han

logrado aislar bacterias asociadas a la vaginosis, como *G. vaginalis* y *Mobiluncus*, en el surco coronal del pene y en la uretra masculina, lo cual sugiere un posible papel del varón como reservorio o vector en la dinámica de transmisión de este trastorno (José et al., s.f.).

CONCLUSIONES

Este estudio permitió identificar a *Gardnerella vaginalis* como el microorganismo más frecuentemente asociado a la vaginosis bacteriana en la población estudiada, reafirmando su papel como agente predominante. Sin embargo, respecto a lo señalado en la literatura, su presencia no debe considerarse exclusiva de esta condición, ya que puede hallarse también en mujeres asintomáticas. Esto respalda la concepción actual de la vaginosis bacteriana como un trastorno de etiología polimicrobiana.

Desde el punto de vista clínico y epidemiológico, se observó una asociación significativa entre ciertos comportamientos sexuales como la alta frecuencia de relaciones sexuales semanales y el número de parejas sexuales a lo largo de la vida y la presencia de vaginosis bacteriana, factores parecen contribuir a la alteración del ecosistema vaginal.

Los datos obtenidos refuerzan la importancia del laboratorio clínico en el diagnóstico y del abordaje integral de las infecciones vaginales considerando factores clínicos, epidemiológicos y conductuales de cada paciente. Esta visión multidisciplinaria permite una atención más efectiva y personalizada, reduciendo la recurrencia de las infecciones y mejorando significativamente la calidad de vida de las mujeres afectadas.

REFERENCIAS

- Aparicio, C. (2015). *Prevalencia y factores de riesgos asociados a vaginosis bacteriana en mujeres que acuden al hospital Dr. Jaime Sánchez Porcel* [Tesis de Maestría, Universidad Andina Simón Bolívar].
<http://repositorio.uasb.edu.bo:8080/handle/20.500.14624/749>
- Boyanova, L., Marteva Proevska, I., Gergova, I. & Markovska, R. (2021). *Gardnerella vaginalis in urinary tract infections, are men spared?* *Anaerobe*, 72, 102438.
<https://doi.org/10.1016/J.ANAEROBE.2021.102438>
- Castillo Enríquez, P. S. (2019). *Factores asociados a vaginosis bacteriana en mujeres atendidas en el Centro Médico Loja Salud. Loja - 2019* [Tesis de Licenciatura, Universidad Católica de Cuenca].

- Castro, E. A. y Duarte, S. M. (2025). Vaginosis Bacteriana. El Rol de Atopobium Vaginae y otras Bacterias Anaerobias. *Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar*, 9(2), 1831–1841. https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v9i2.17016
- Chavouste, M. y Hanna, M. (2021). *Vaginosis bacteriana y riesgo de infecciones de transmisión sexual*.
- Day, E., Galiwango, R. M., Park, D., Huibner, S., Aziz, M., Anok, A., Nnamutete, J., Isabirye, Y., Wasswa, J. B., Male, D., Kigozi, G., Tobian, A. A. R., Prodger, J. L., Liu, C. M. & Kaul, R. (2024). Insertive vaginal sex is associated with altered penile immunology and enrichment of Gardnerella vaginalis in uncircumcised Ugandan men. *American Journal of Reproductive Immunology*, 91(1). <https://doi.org/10.1111/aji.13801>
- España, A. E. M. y Vela Jiménez, C. A. (2023). *Factores de riesgo asociados a prematuridad y las complicaciones respiratorias en el neonato* [Tesis de Licenciatura, Universidad Nacional de Chimborazo].
- Espitia, F. J. (2023a). Vaginosis bacteriana: tratamiento de la pareja masculina, ¿mito o realidad? Actualización 2023. *Revista de Obstetricia y Ginecología de Venezuela*, 83(3), 326–338. <https://doi.org/10.51288/00830312>
- Espitia, F. J. (2023b). Effect of combined therapy on recurrent bacterial vaginosis in women from the Coffee Region, Colombia, 2017-2020. *Revista de Obstetricia y Ginecología de Venezuela*, 83(1), 18–27. <https://doi.org/10.51288/00830105>
- Estupiñán Jaén, B. J. (2020). *Vaginosis bacteriana por Gardnerella Vaginalis en Pacientes que acuden al Hospital General Esmeralda Sur* [Tesis de Licenciatura, Pontificia Universidad Católica del Ecuador].
- González, P. D. L., Mota Vázquez, R., Ortiz, I. y Ponce, R. (2004). Factores de riesgo asociados a vaginosis bacteriana. *Ginecología y Obstetricia de México*, 72(7), 360–365.
- Merchán, M. E., León, K. A., Valero, A. C., Quiroz, J. W. y Álava, L. J. (2020). Vaginosis bacteriana en mujeres ecuatorianas en edad reproductiva: epidemiología y efectividad de los criterios diagnósticos. *Dominio de las Ciencias*, 6(1), 236–265. <https://dominiodelasciencias.com/ojs/index.php/es/article/view/1373/2422>
- Morón, L. P. y Romero, L. A. (2022). *Prevalencia y factores asociados con vaginosis bacteriana en universitarias entre 18 y 28 años de edad de la ciudad de Valledupar, durante el periodo A del 2022* [Tesis de Licenciatura, Universidad de Santander].

- Muzny, C. A., Blanchard, E. B., Taylor, C. M., Aaron, K. J., Talluri, R., Griswold, M. G., Redden, D. T., Luo, S., Welsh, D. A., Van Der Pol, B., Lefkowitz, E. J., Martin, D. H. & Schwebke, J. R. (2018). Identification of Key Bacteria Involved in the Induction of Incident Bacterial Vaginosis: A Prospective Study. *The Journal of Infectious Diseases*, 218(6), 966–978. <https://doi.org/10.1093/infdis/jiy243>
- Muzny, C. A. & Schwebke, J. R. (2016). Pathogenesis of Bacterial Vaginosis: Discussion of Current Hypotheses. *Journal of Infectious Diseases*, 214, S1–S5. <https://doi.org/10.1093/infdis/jiw121>
- Peebles, K., Velloza, M., Balkus, J. E., McClelland, R. S. & Barnabas, R. V. (2019). High Global Burden and Costs of Bacterial Vaginosis: A Systematic Review and Meta-Analysis. *Sexually Transmitted Diseases*, 46(5), 304–311. <https://doi.org/10.1097/OLQ.0000000000000972>
- Rivera, S. E., Santellan, V. E., Sánchez, M., Gil Juárez, C. y Giono Cerezo, S. (2016). Detección múltiple de Mycoplasma genitalium, Ureaplasma urealyticum y *Garnerella vaginalis* en mujeres asintomáticas. *Revista Iberoamericana de Ciencias*, 3(4), 55–58.
- Salas, P. A., Angulo, E. L. y Méndez, G. S. (2022). Vaginosis Bacteriana - Actualización y novedad terapéutica. *Ciencia y Salud*, 5(6), 77–84.
- Toh, E., Xing, Y., Gao, X., Jordan, S. J., Batteiger, T. A., Batteiger, B. E., Van Der Pol, B., Muzny, C. A., Gebregziabher, N., Williams, J. A., Fortenberry, L. J., Fortenberry, J. D., Dong, Q. & Nelson, D. E. (2023). Sexual behavior shapes male genitourinary microbiome composition. *Cell Reports Medicine*, 4(3). <https://doi.org/10.1016/j.xcrm.2023.100981>

CAPÍTULO II

Resistencia bacteriana en infecciones urinarias en mujeres de edad fértil

Bacterial resistance in urinary tract infections in women of child-bearing age

Sanny Lilibeth Mera Barrezueta

<https://orcid.org/0009-0006-2402-667X>

sammylmerab@gmail.com / e1351578313@live.uleam.edu.ec

Estudiante de Laboratorio Clínico

Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí, Ecuador

Nicole Abigail Lagos Ruiz

<https://orcid.org/0000-0003-3815-5481>

nicole.lagos@uleam.edu.ec

Docente de Laboratorio Clínico

Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí, Ecuador

RESUMEN

Las infecciones del tracto urinario (ITU) son una de las patologías bacterianas más frecuentes a nivel mundial, especialmente en mujeres, debido a factores anatómicos y fisiológicos. Estas infecciones representan un problema de salud pública debido a su elevada prevalencia, las complicaciones durante el embarazo y el aumento de la resistencia a los antibióticos. *Escherichia coli* es el agente causal más común, aunque también se han identificado bacterias como *Klebsiella pneumoniae*, *Proteus mirabilis* y *Staphylococcus saprophyticus*, asociadas a factores como mala higiene o embarazo. Esta investigación tuvo como objetivo evaluar la resistencia bacteriana en infecciones urinarias en mujeres de edad fértil, mediante una revisión sistemática de estudios publicados entre 2019 y 2024 en América Latina, con el fin de orientar estrategias terapéuticas y de vigilancia contextualizadas. El estudio fue cualitativo, de tipo documental descriptivo, y se basó en el análisis de 28 investigaciones seleccionadas bajo los lineamientos PRISMA, consultando bases como PubMed y Scopus. No se requirió consentimiento informado ni aprobación ética, al no involucrar sujetos humanos. Los resultados confirmaron a *Escherichia coli* como el principal uropatógeno (prevalencia >70%) en países como México, Ecuador y Colombia. Se encontró una alta resistencia a antibióticos como ampicilina y ciprofloxacino, mientras que fosfomicina y nitrofurantoína mostraron mayor eficacia. Se concluye que es urgente fortalecer la vigilancia microbiológica y ajustar las

guías terapéuticas según el contexto local para mejorar el tratamiento y reducir complicaciones. Asimismo, se recomienda promover el uso racional de antibióticos y campañas de educación sanitaria dirigidas a mujeres en edad reproductiva.

Palabras clave: Fértil, *Escherichia coli*, ITU, mujeres, salud

ABSTRACT

Urinary tract infections (UTIs) are one of the most common bacterial pathologies worldwide, especially in women, due to anatomical and physiological factors. These infections represent a public health problem due to their high prevalence, complications during pregnancy, and increasing antibiotic resistance. *Escherichia coli* is the most common causative agent, although bacteria such as *Klebsiella pneumoniae*, *Proteus mirabilis*, and *Staphylococcus saprophyticus* have also been identified, associated with factors such as poor hygiene or pregnancy. This research aimed to evaluate bacterial resistance in urinary tract infections in women of childbearing age through a systematic review of studies published between 2019 and 2024 in Latin America, with the aim of guiding contextualized therapeutic and surveillance strategies. The study was qualitative, descriptive documentary, and was based on the analysis of 28 selected studies under PRISMA guidelines, consulting databases such as PubMed and Scopus. Informed consent and ethics approval were not required, as no human subjects were involved. The results confirmed *Escherichia coli* as the main uropathogen (prevalence >70%) in countries such as Mexico, Ecuador, and Colombia. High resistance to antibiotics such as ampicillin and ciprofloxacin was found, while fosfomycin and nitrofurantoin proved more effective. It is concluded that it is urgent to strengthen microbiological surveillance and adjust therapeutic guidelines according to the local context to improve treatment and reduce complications. Furthermore, it is recommended to promote the rational use of antibiotics and health education campaigns targeting women of reproductive age.

Keywords: Childbearing age, *Escherichia coli*, UTI, women, health

INTRODUCCIÓN

Las infecciones del tracto urinario (ITU) se caracterizan por la invasión y multiplicación de microorganismos patógenos en el tracto urinario, lo que ocasiona disuria, dolor suprapúblico, disuria, fiebre y urgencia miccional, aunque, en muchos casos es asintomática (Zboromyrska, 2019). Presenta mayor prevalencia en mujeres, debido a la anatomía de su sistema y se estima que alrededor del 60% de las mujeres adultas tendrá

al menos un episodio de infección urinaria a lo largo de su vida (Santa Cruz López et al., 2020).

Escherichia coli es el principal patógeno en infecciones urinarias y ha desarrollado resistencia a varios antibióticos mediante mecanismos como la producción de β-lactamasas de espectro extendido (BLEE). Durante el embarazo, estas infecciones urinarias son comunes (20–30%) y pueden causar complicaciones graves como parto prematuro o sepsis neonatal, que pueden ser prevenible mediante tamizaje y tratamiento oportuno. La OMS advierte que la resistencia antimicrobiana podría causar hasta 10 millones de muertes anuales en 2050, siendo las infecciones urinarias una de las más afectadas por bacterias multirresistentes (Quiñones, 2019).

La resistencia a antibióticos en infecciones urinarias es un problema en aumento a nivel global. Por ejemplo, en Irán, la resistencia a cotrimoxazol alcanza el 30%, mientras que en Ghana, se evidencio que *Klebsiella pneumoniae* ha desarrollado resistencia a múltiples fármacos, incluyendo fluoroquinolonas. En Ecuador, un estudio realizado en Quito reveló altos niveles de resistencia, especialmente en mujeres, asociados a factores como edad, embarazo y nivel socioeconómico (Intriago et al., 2025).

FUNDAMENTACIÓN TEÓRICA

Antecedentes

Diversos estudios coinciden que (Piñeiro-Pérez et al., 2019)) realizaron una revisión de la literatura, en el cual demostraron que *Escherichia coli* es el agente causal más frecuente con una prevalencia entre el 60-80%. La exposición previa a antibióticos o las anomalías urinarias incrementan la probabilidad de infección por otros microorganismos como *Klebsiella pneumoniae* y *Proteus mirabilis*. Los autores enfatizan que un urocultivo positivo no confirma del todo una ITU, ya que puede haber casos de bacteriuria asintomática.

Medina y Castillo-Pino (2019) en su estudio descriptivo, transversal, enfatizó los estudios de perfiles de farmacorresistencia microbiana, para aplicar e intensificar medidas de vigilancia y control de usos de antibióticos ya que el análisis demostró que *Escherichia coli* fue resistente a ampicilina, trimetropim-sulfametoaxazole, norfloxacino, ciprofloxacino, ampicilina-sulbactam y cefotaxima.

Blas et al. (2021) en su estudio observacional, descriptivo se demostró que la ITU no tratada correctamente es perjudicial y preocupante porque la infección puede ser

asintomática. El tratamiento empírico con antibióticos betalactámicos ha perdido efectividad, generando efectos adversos no deseados como pielonefritis, partos prematuros o bajo peso del neonato.

Meriño-Morales et al. (2021) en el estudio descriptivo retrospectivo se evidenció que, la ITU presentó una alta incidencia en mujeres en edad fértil siendo 30 veces más propensas que los hombres a desarrollar la infección. El patógeno más frecuente fue *Escherichia coli*, mostrando un alto porcentaje de resistencia a varios antibióticos sobre todo la ampicilina y ciprofloxacino.

Solís et al. (2022) en su estudio descriptivo, observacional y retrospectivo, identifico un aumento significativo en resistencia de *Escherichia coli* asociada al uso inapropiado de antibióticos. Se aislaron 3341 cepas de *Escherichia coli* (79,38%), el 18,4% productora de BLEE. Estas enzimas confieren resistencia a múltiples betalactámicos, aunque conservan sensibilidad a inhibidores como amoxicilina-ácido clavulánico, piperacilina-tazobactam.

Mera-Lojano et al. (2023) en su estudio observacional, transversal, analítico determino una prevalencia global de ITU en embarazadas del 37.7% siendo *Escherichia coli* (65.4%) La etiología más frecuente seguida por *Staphylococcus spp.* (21.8%), Las gestantes con mayor riesgo son aquellas con antecedentes de ITU, diabetes mellitus y sobrepeso.

Según Arias-Negrete et al (2023) en su estudio descriptivo regional menciona que los principales agentes bacterianos fueron *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* y *Proteus mirabilis*, con una resistencia del 45,6% a ciprofloxacina, a diferencia de la nitrofurantoina que presentar una resistencia menor con un 2,7%.

Cajas-Palacios et al. (2023) en su estudio descriptivo, cuantitativo y transversal, indica que se identificó que las mujeres entre 35-40 tienen una sensibilidad menor de 1.18% a antibióticos como: Cefalexina (CL), Cefuroxima (CXM, Norfloxacina (NOR), Pipericiclina - tazobactan (PPZ)), debido al mal uso de antibióticos, *Escherichia coli* han desarrollado mecanismos de defensa.

Quijano-Robys y Santillán (2024) en su estudio cuantitativo, empírico y descriptivo, se evidencio un aumento en la identificación de cepas de *Escherichia coli* en 2021 en comparación con 2020, Babahoyo tuvo la mayor prevalencia de casos (58.9%).

MÉTODO

Descripción del contexto de la investigación

La técnica utilizada para la recolección de información fue la búsqueda documental en bases de datos de alto impacto, específicamente PubMed y Scopus. Para optimizar la precisión de los resultados, se empleó una ecuación de búsqueda estructurada mediante operadores booleanos (AND y OR), obteniendo como resultado:

("resistencia bacteriana" OR "antibiotic resistance") AND ("infecciones urinarias" OR "urinary tract infections" OR "UTI") AND ("mujeres en edad fértil" OR "women of reproductive age") AND ("E. coli" OR "uropatógenos"). Con la fórmula establecida en el proceso de revisión sistemática se identificaron inicialmente 55 registros a través de búsquedas electrónicas en bases de datos científicas, de los cuales 40 correspondían a Scopus y 15 a PubMed. No se identificaron registros adicionales mediante otras fuentes. Tras la eliminación de 10 registros duplicados, se procedió al cribado de 45 estudios. De estos, 17 fueron excluidos por no cumplir con los criterios de inclusión: 12 correspondían a revisiones sistemáticas y 5 eran publicaciones anteriores al año 2019. Posteriormente, se evaluaron 28 artículos en texto completo para determinar su elegibilidad, todos los cuales cumplieron con los criterios establecidos, por lo que fueron incluidos en la síntesis cualitativa final. No se excluyó ningún artículo en esta etapa.

El presente estudio fue de tipo cualitativo, con un diseño documental descriptivo, orientado a recopilar, analizar e interpretar información proveniente de investigaciones previas sobre infecciones del tracto urinario en mujeres. Se desarrolló a través de una revisión sistemática de literatura científica, siguiendo los lineamientos establecidos por la declaración PRISMA, lo que permitió asegurar un proceso metodológico riguroso en la búsqueda, selección, evaluación crítica y síntesis de los estudios incluidos. Esta metodología se seleccionó para garantizar la validez de los hallazgos y proporcionar una visión actualizada sobre los perfiles microbiológicos y la resistencia antimicrobiana en contextos latinoamericanos.

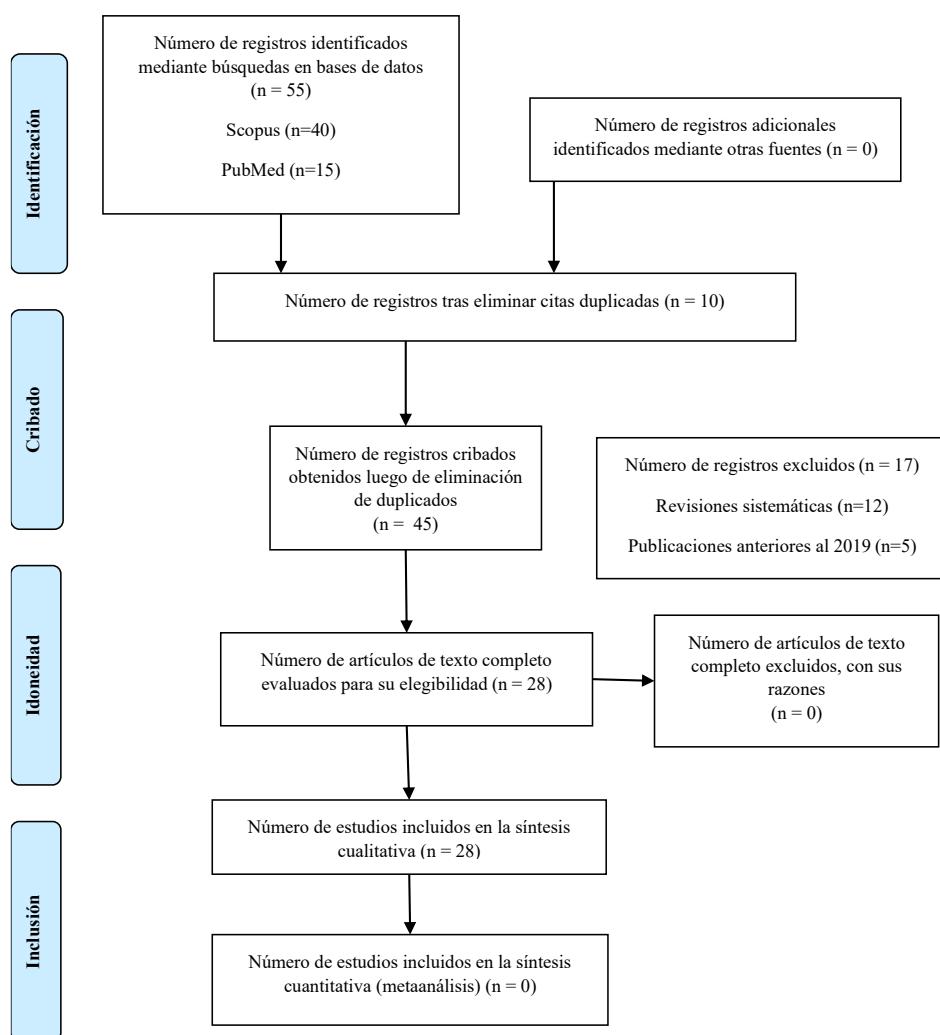
La población del estudio estuvo conformada por documentos publicados entre 2019 y 2024 en relación con la resistencia bacteriana en infecciones urinarias. Para la selección de la muestra se aplicó un proceso de revisión sistemática y selección con criterios definidos de inclusión y exclusión dando como resultado 28 artículos científicos originales de la temática.

Se incluyeron artículos originales publicados entre 2019 y 2024, estudios realizados en mujeres entre 15 y 49 años, publicaciones en inglés o español, investigaciones que reportaran datos sobre prevalencia bacteriana y resistencia a antibióticos en infecciones urinarias.

Se excluyeron estudios centrados en poblaciones pediátricas, hombres o pacientes con comorbilidades graves, revisiones sistemáticas, cartas al editor, publicaciones anteriores al 2019 o sin resultados clínicos verificables.

Figura 1

Diagrama de PRISMA para el desglose metodológico



RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Análisis de resistencia antibiótica

Tabla 1

Resistencia antibiótica en los patógenos urinarios

Nº	Año	País	Referencia	Título del Artículo	Descripción Ampliada
1	2019	Ecuador	Ortega-Maldonado et al. (2019)	Patrones de Resistencia Antimicrobiana en Uropatógenos de Ecuador: Enfoque en <i>E. coli</i> y <i>Klebsiella</i>	Tanto <i>Escherichia coli</i> como <i>Klebsiella</i> presentan alta resistencia a TMP-SMX y quinolonas (>40%), lo que dificulta el tratamiento adecuado.
2	2020	EE. UU.	Kahlmeter et al. (2020)	Tendencias en la Resistencia Antimicrobiana en EE. UU. y la Necesidad de Nuevas Estrategias Terapéuticas	Datos de EUCAST muestran aumento continuo en la resistencia a quinolonas y TMP-SMX, lo que obliga a revisar las guías de tratamiento.
3	2020	México	Pérez-Castañeda et al. (2020)	Resistencia a los Antibióticos de <i>Escherichia coli</i> en Infecciones Urinarias en México	El estudio muestra una alta resistencia de <i>Escherichia coli</i> a ampicilina (74%) y ciprofloxacina (48%), lo que resalta la necesidad de reconsiderar el tratamiento empírico con estos fármacos.
4	2021	Colombia	Pineda et al. (2021)	Resistencia a los Antibióticos de <i>Escherichia coli</i> en Infecciones Urinarias en Colombia	El 65% de las cepas de <i>Escherichia coli</i> presentaron resistencia a amoxicilina-clavulánico, complicando el tratamiento estándar.
5	2020	Chile	Araya et al. (2020)	Resistencia Antimicrobiana en Escherichia coli Uropatógena en Chile	El 55% de las cepas de <i>Escherichia coli</i> mostraron resistencia a ciprofloxacina, relacionada con el uso excesivo de antibióticos.
6	2020	Brasil	Gomes et al. (2020)	Resistencia Cruzada en <i>Escherichia coli</i> Uropatógena de Hospitales Públicos en Brasil	Se observó resistencia cruzada en <i>Escherichia coli</i> , dificultando el tratamiento con múltiples antibióticos de la misma clase.
7	2021	Arabia Saudita	Alghamdi et al. (2021)	Prevalencia y Mecanismos de Resistencia de <i>Escherichia coli</i> Uropatógena en	El 60% de las cepas de <i>Escherichia coli</i> fueron resistentes a fluoroquinolonas y TMP-SMX, lo que limita las opciones terapéuticas.

Nº	Año	País	Referencia	Título del Artículo	Descripción Ampliada
Arabia Saudita					
8	2021	India	Sharma et al. (2021)	Multirresistencia en <i>Escherichia coli</i> y <i>Klebsiella spp.</i> . Aisladas de Infecciones Urinarias en India	<i>Escherichia coli</i> y <i>Klebsiella</i> mostraron multirresistencia a penicilinas y cefalosporinas, evidenciando cepas altamente resistentes.
9	2022	Perú	Ludeña et al. (2022)	Emergencia de <i>Escherichia coli</i> Multirresistente en Infecciones Urinarias en Perú	Más del 50% de las muestras de <i>Escherichia coli</i> fueron multirresistentes, lo que representa una amenaza creciente.

Los resultados obtenidos sobre la prevalencia de resistencia antibiótica en los principales patógenos urinarios. En México, *Escherichia coli* muestra alta resistencia a ampicilina (74%) y ciprofloxacina (48%). En Ecuador y Colombia, más del 40% resiste a TMP-SMX y quinolonas, mientras que, en Arabia Saudita, más del 60% de las cepas son resistentes a estos mismos antibióticos, dificultando el tratamiento empírico.

Análisis de tipos de bacterias predominantes

Tabla 2

Tipos de bacterias más predominantes en infecciones urinarias

Nº	Año	Referencia	País/Región	Título del Artículo	Descripción Ampliada
10	2019	(Medina & Castillo-Pino, 2019)	Chile	Prevalencia de Infecciones Urinarias en Mujeres y Características de los Patógenos	Revisión de literatura. <i>Escherichia coli</i> es el principal agente en más del 80% de las ITU no complicadas, y <i>Klebsiella</i> y <i>Proteus</i> son frecuentes en casos con comorbilidades.
11	2019	Mahesh et al. (2019)	India	Perfil Bacteriano y Susceptibilidad Antimicrobiana de los Uropatógenos en Infecciones Urinarias Recurrentes	Estudio sobre el análisis de cultivos positivos. <i>Escherichia coli</i> se encuentra en un 64%, <i>Proteus mirabilis</i> en un 11% y <i>Klebsiella spp.</i> en un 10%. Las infecciones recurrentes mostraron una mayor diversidad bacteriana.

Nº	Año	Referencia	País/Región	Título del Artículo	Descripción Ampliada
12	2020	Silva-Sánchez et al. (2020)	México	Resistencia Antimicrobiana en Infecciones Urinarias en Mujeres en Edad Fértil en México	Estudio clínico en mujeres entre 18 y 45 años. Se identificó <i>Escherichia coli</i> como agente predominante (78%), seguido por <i>Klebsiella pneumoniae</i> (12%) y <i>Proteus mirabilis</i> (6%). El aislamiento se hizo en mujeres con síntomas urinarios en atención ambulatoria.
13	2020	Oliveira et al. (2020)	Brasil	Prevalencia y Resistencia Antimicrobiana de los Uropatógenos en Mujeres de Edad Fértil en Brasil	Se recolectaron 470 muestras de orina de mujeres en edad fértil, donde <i>Escherichia coli</i> fue aislada en el 69%, seguida por <i>Klebsiella spp.</i> (14%) y <i>Pseudomonas aeruginosa</i> (8%).
14	2020	Ochoa et al. (2020)	Perú	Epidemiología de las Infecciones Urinarias en Mujeres en Edad Fértil en Lima, Perú	Estudio clínico en Lima, donde se evidenció que <i>Escherichia coli</i> se encuentra aislada en el 75% de mujeres en edad fértil con ITU. <i>Enterobacter cloacae</i> y <i>Klebsiella pneumoniae</i> también fueron frecuentes en pacientes hospitalizadas.
15	2021	Gupta et al. (2021)	EE. UU.	Guías Clínicas para el Manejo de Infecciones Urinarias	Guía clínica basada en estudios multicéntricos. <i>Escherichia coli</i> continúa siendo el agente más común en mujeres jóvenes, incluso en contextos hospitalarios, mientras que <i>Staphylococcus saprophyticus</i> se evidenció en menor proporción en mujeres sexualmente activas.
16	2021	Rodríguez et al.(2021)	Colombia	Infecciones Urinarias en Mujeres en Edad Fértil: Un Estudio Retrospectivo en Colombia	Estudio retrospectivo en centros de salud. <i>Escherichia coli</i> representa el 76% de los casos, y en mujeres con ITU recurrente, se identificó también <i>Enterococcus faecalis</i> (11%) como relevante.
17	2021	Alghamdi et al.(2021)	Arabia Saudita	Prevalencia de Patógenos Urinarios y Resistencia Antimicrobiana en Mujeres en Edad Fértil en Arabia Saudita	Confirmó que <i>Escherichia coli</i> (68%) y <i>Klebsiella pneumoniae</i> (17%) son las bacterias más frecuentes. Además, se indica que el uso de antibióticos sin prescripción aumenta la selección de cepas resistentes.

Nº	Año	Referencia	País/Región	Título del Artículo	Descripción Ampliada
18	2024	Mouanga-Ndzime et al. (2024)	Gabón	Tendencias de las infecciones del tracto urinario causadas por <i>Escherichia coli</i> y <i>Klebsiella pneumoniae</i> y la resistencia a los antibióticos durante un período de cinco años en el sureste de Gabón.	Este estudio analiza las tendencias de las infecciones urinarias por <i>Escherichia coli</i> y <i>K. pneumoniae</i> y sus patrones de resistencia antimicrobiana durante un período de cinco años en el sureste de Gabón. Los resultados indican un aumento significativo en la prevalencia de ambas bacterias, con una resistencia creciente a antibióticos comúnmente utilizados. Este hallazgo subraya la necesidad urgente de implementar estrategias de vigilancia y control más efectivas para abordar la resistencia antimicrobiana en la región.

Escherichia coli es el principal agente causante de infecciones urinarias en diversas regiones, con prevalencias destacadas como el 78% en México, 71% en Ecuador y 76% en Colombia. Otras bacterias como *Klebsiella pneumoniae* y *Proteus mirabilis* también se identifican con frecuencia, especialmente en infecciones complicadas. *Staphylococcus saprophyticus* presenta una mayor incidencia en mujeres jóvenes, con un 9% en Ecuador y un 11% en Colombia. En Brasil, factores como la edad y el embarazo influyen en la variabilidad de los patógenos encontrados.

Análisis de efectividad de antibióticos

Tabla 3

Efectividad de los antibióticos utilizados en el tratamiento de infecciones urinarias

Nº	Año	Referencia	País	Título del Artículo	Descripción Ampliada
19	2019	Rajesh et al. (2019)	India	Resistencia a Antibióticos y Tratamiento en Infecciones Urinarias en India	Alta resistencia a ciprofloxacina, pero sensibilidad a carbapenémicos y fosfomicina en <i>Escherichia coli</i> y <i>Klebsiella</i> .
20	2020	Souza et al. (2020)	Brasil	Eficacia de la Fosfomicina en Infecciones Urinarias No Completas	Fosfomicina mostró una tasa de éxito superior al 90% en infecciones urinarias no complicadas causadas por <i>Escherichia coli</i> . Revisar otros antibióticos debe existir una comparación.
21	2020	Gómez et al. (2020)	Colombia	Resistencia a Antibióticos en Infecciones Urinarias en Colombia"	Fosfomicina y nitrofurantoína mostraron más de 80% de eficacia, mientras que las fluoroquinolonas tuvieron baja eficacia.
22	2020	Hernández et al. (2020)	México	Resistencia a Antibióticos en Infecciones Urinarias en México	Las quinolonas y ampicilina tuvieron eficacia inferior al 60%, mientras que la nitrofurantoína mostró alta sensibilidad (87%).
23	2021	Alghamdi et al. (2021)	Arabia Saudita	Patrones de Resistencia de <i>E. coli</i> Uropatógena en Arabia Saudita	<i>Escherichia coli</i> mostró resistencia a TMP-SMX y ampicilina, pero fue sensible a nitrofurantoína, recomendado como opción terapéutica.
24	2021	Martínez et al. (2021)	Ecuador	Resistencia a Antibióticos en Uropatógenos en Ecuador	Fosfomicina y nitrofurantoína mantuvieron una alta eficacia (88% y 84%),

Nº	Año	Referencia	País	Título del Artículo	Descripción Ampliada
25	2021	Hooton et al.(2021)	EE. UU.	Guías Clínicas Actualizadas para Infecciones Urinarias No Completas	mientras que ampicilina fue ineficaz en más del 70%.
26	2022	Rojas et al. (2022)	Perú	Eficacia Comparativa de Nitrofurantoína y TMP-SMX en Infecciones Urinarias	Nitrofurantoína mostró una eficacia superior al 85%, mientras que TMP-SMX tuvo una tasa de efectividad menor.
27	2022	Gupta et al.(2022)	EE. UU.	Guías Clínicas para el Tratamiento de Infecciones Urinarias	Se recomienda evitar quinolonas y usar fosfomicina y nitrofurantoína, con tasas de éxito superiores al 80%.
28	2022	Paredes et al. (2022)	Chile	Eficacia de la Fosfomicina en Infecciones Urinarias Recurrentes en Chile	Fosfomicina mostró eficacia del 86% en infecciones recurrentes, destacándose por su fácil administración y baja tasa de efectos adversos.

Se observó un preocupante incremento en la resistencia bacteriana a antibióticos de primera línea, como las quinolonas y el trimetoprim-sulfametoaxazol (TMP-SMX), en el tratamiento de las infecciones del tracto urinario. *Escherichia coli*, junto con otros uropatógenos, ha desarrollado mecanismos de resistencia en distintas regiones, lo que limita la eficacia terapéutica de estos fármacos. Ante esta problemática, antibióticos de segunda línea como la fosfomicina y la nitrofurantoína han mostrado tasas de sensibilidad superiores al 80%, posicionándose como alternativas efectivas incluso frente a cepas multirresistentes.

DISCUSIÓN

El desafío clínico más relevante en los últimos años ha sido la creciente resistencia antimicrobiana de estos patógenos, especialmente de *Escherichia coli*. Los estudios coinciden en reportar altas tasas de resistencia a antibióticos tradicionales como la

ampicilina y ciprofloxacina. Por ejemplo, Pérez-Castañeda et al. (2020) documentan en México una resistencia del 74% a ampicilina y 48% a ciprofloxacina, mientras que, en Ecuador y Colombia, la resistencia a trimetoprima-sulfametoazol (TMP-SMX) y fluoroquinolonas supera el 40% (Ortega-Maldonado et al., 2019; Pineda et al., 2021). En Brasil, Gomes et al. (2020) reportan resistencia cruzada, complicando aún más el tratamiento empírico. La situación en Arabia Saudita refleja un panorama similar, con un 60% de cepas resistentes a fluoroquinolonas y TMP-SMX (Alghamdi et al., 2021). Estos datos evidencian que la resistencia no es un fenómeno localizado sino una tendencia global que exige estrategias coordinadas para la vigilancia y el control.

Las bacterias predominantes de las infecciones del tracto urinario (ITU) en mujeres jóvenes es un problema de salud pública global ampliamente documentado. Los estudios revisados, tanto en América Latina como en otras regiones del mundo, coinciden en que las mujeres tienen una mayor susceptibilidad a las ITU debido a factores anatómicos y fisiológicos específicos. Por ejemplo, Medina y Castillo-Pino (2019) en Chile y Silva-Sánchez et al. (2020) en México reportan una alta incidencia de ITU en mujeres en edad fértil, atribuida principalmente a la menor longitud de la uretra y su proximidad al ano, junto con hábitos como la actividad sexual y el uso de anticonceptivos. Esta tendencia se mantiene constante en diversos contextos geográficos, como lo evidencian estudios de Brasil (Oliveira et al., 2020) y Arabia Saudita (Alghamdi et al., 2021), donde las características de los pacientes y los factores de riesgo influyen en la incidencia y presentación clínica de las ITU.

Respecto a los agentes etiológicos, *Escherichia coli* se confirma como el patógeno predominante en más del 70% de los casos en mujeres con ITU no complicadas. Esta predilección se observa consistentemente en estudios multicéntricos internacionales (Gupta et al., 2021) y en investigaciones locales como las de México, Ecuador y Colombia (Pérez-Castañeda et al., 2020; Ortega-Maldonado et al., 2019; Rodríguez et al., 2021). *Klebsiella pneumoniae* y *Proteus mirabilis* aparecen con menor frecuencia, pero son importantes en ITU complicadas o recurrentes, mientras que *Staphylococcus saprophyticus* se destaca en mujeres jóvenes sexualmente activas, con una incidencia variable del 9 al 11% (Gupta et al., 2021; Rodríguez et al., 2021). La predominancia de *Escherichia coli* se explica por su capacidad de adherencia y adaptación al ambiente urogenital femenino, así como por su amplio repertorio de factores de virulencia.

Frente a este escenario, la fosfomicina y la nitrofurantoína emergen como opciones terapéuticas con perfiles de sensibilidad más favorables, tal como lo destacan Souza et al. (2020) en Brasil y Kahlmeter et al. (2020) en Estados Unidos. La alta eficacia de estos antibióticos en el tratamiento de ITU no complicadas los posiciona como alternativas viables frente a la disminución de la efectividad de fármacos tradicionales. Sin embargo, la implementación de estas opciones debe estar acompañada de políticas de uso racional y pruebas de sensibilidad, para evitar la rápida aparición de resistencia. La experiencia de países con controles estrictos sobre la prescripción de antibióticos, en contraste con regiones donde predomina la automedicación y venta libre, subraya la importancia de regular el acceso a los antimicrobianos para reducir la presión selectiva que favorece la emergencia de cepas resistentes (Gordillo-Altamirano et al., 2019).

Finalmente, el manejo clínico en poblaciones vulnerables, como las mujeres embarazadas, demanda una atención especial. Las ITU en la gestación presentan riesgos aumentados de complicaciones perinatales, lo que obliga a equilibrar la efectividad del tratamiento con la seguridad fetal. En comparación con la población general, el uso de pruebas de sensibilidad y el seguimiento clínico detallado son indispensables para garantizar resultados óptimos, evitando complicaciones como parto prematuro o sepsis neonatal (Gupta et al., 2021). Este enfoque diferenciado enfatiza la necesidad de personalizar el tratamiento según el contexto clínico y epidemiológico.

CONCLUSIONES

La presente investigación ha demostrado una tendencia creciente en el uso de fosfomicina y nitrofurantoína como alternativas viables frente a la resistencia a antibióticos de primera línea, como la ampicilina, ciprofloxacino, norfloxacino y trimetoprim-sulfametoxazol, los cuales presentan un fracaso terapéutico superior al 40%. La aparición de resistencias es multifactorial, influenciada por la venta libre de antibióticos, automedicación, prescripción sin pruebas de sensibilidad y mecanismos moleculares como la transferencia de plásmidos, que induce la selección activa de cepas multirresistentes.

Las infecciones del tracto urinario (ITU) continúan siendo un problema de salud pública global y un desafío terapéutico ante el incremento progresivo de resistencia antibiótica.

Escherichia coli representa el 70% de los casos en varias regiones, sin embargo, también se identifican otros patógenos recurrentes como *Klebsiella pneumoniae*, *Proteus mirabilis* y *Enterococcus faecalis*, especialmente en pacientes hospitalizados.

Finalmente, los hallazgos de esta revisión muestran que la eficacia terapéutica varía considerablemente según la región, el tipo de bacteria y el perfil del paciente. Fosfomicina y nitrofurantoína han demostrado una alta tasa de efectividad incluso frente a cepas resistentes, por lo que están siendo reconsideradas en protocolos clínicos de primera o segunda línea. Esto refuerza la importancia de adaptar las guías de tratamiento según estudios de sensibilidad locales, así como implementar programas de vigilancia microbiológica y capacitación médica continua para reducir el uso indiscriminado de antibióticos.

REFERENCIAS

- Alghamdi, A., Almajid, M., Alalawi, R., Alganame, A., Alanazi, S., Alghamdi, G. & Alghamdi, I. (2021). Evaluation of asymptomatic bacteruria management before and after antimicrobial stewardship program implementation: retrospective study. *BMC Infectious Diseases*, 21(1), 1-8. doi.org
- Alghamdi, S., Malik, J. & Sadoma, H. (2021). Resistencia de *Escherichia coli* a fluoroquinolonas y TMP-SMX en Arabia Saudita: Implicaciones para el tratamiento de infecciones urinarias. *Healthcare*, 9(11), 1564. doi.org
- Alghamdi, S., Malik, J., Mathew, S. & Sadoma, H. (2021). Retrospective analysis of antimicrobial susceptibility of uropathogens isolated from pediatric patients in tertiary hospital at Al-Baha region, Saudi Arabia. *Healthcare*, 9(11), 1564. doi.org
- Araya, M., Vásquez, A. y Muñoz, M. (2020). Resistencia a ciprofloxacina de *Escherichia coli* en infecciones urinarias en Chile. *Revista Chilena de Infectología*, 37(5), 450-455. doi.org
- Arias-Negrete, M. y Véliz-Castro, T. (2023). Resistencia bacteriana a Ciprofloxacina y Nitrofurantoína por el uso indiscriminado en pacientes con sintomatología urinaria. *Revista Científica Arbitrada Multidisciplinaria Pentaciencias*, 5(3), 435-450. doi.org
- Blas, W., Gerónimo, I., Ulloa, G., Huaman, M. y Pons, M. (2021). *Escherichia coli* multidrogorresistente en urocultivos realizados en el Instituto Nacional

Materno Perinatal de Lima, Perú. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 38(4), 668–669. doi.org

Cajas-Palacios, M., Cortez-Suárez, L. y Calle-Chumo, R. (2023). Prevalencia de ITU causadas por enterobacterias productoras del mecanismo de resistencia de tipo BLEE, en mujeres de 20 - 40 años en centro médico Josemaría Redima. *Revista ION-CQ*, 2(2). doi.org

Camacho-Cruz, R., Gómez, P. y Sánchez, J. (2022). Resistencia bacteriana en infecciones urinarias en mujeres de hospitales públicos en Ecuador. *Revista Ecuatoriana de Medicina y Ciencias de la Salud*, 42(1), 100–105. doi.org

Cevallos-Arteaga, D. (2023). Frecuencia de bacterias patógenas en infecciones del tracto urinario y perfil de susceptibilidad en pacientes atendidos en laboratorio privado, Sucumbíos. *MQRInvestigar*, 7(4), 2198–2220. doi.org

Gomes, L., Almeida, P. y Pereira, A. (2020). Resistencia cruzada en cepas de *Escherichia coli* aisladas en hospitales públicos de Brasil. *Revista Brasileira de Urología*, 46(3), 335–340. doi.org

Gómez, J., Martínez, L. y Pérez, M. (2020). Guía de práctica clínica para la infección de vías urinarias complicada. *Infectio*, 24(3), 160–170. doi.org

Gordillo-Altamirano, F. (2019). Perfil de resistencia de uropatógenos en pacientes con diabetes en Quito, Ecuador, inquietante panorama. *Salud Pública de México*, 60(1), 97. doi.org

Gupta, K., Hooton, T. & Stamm, W. (2021). Acute uncomplicated urinary tract infection in women: Diagnosis and treatment. *The New England Journal of Medicine*, 364(11), 1048–1057. doi.org

Gupta, K., Hooton, T., Naber, K., Wullt, B., Colgan, R., Miller, L. & Soper, D. (2022). International clinical practice guidelines for the treatment of acute uncomplicated cystitis and pyelonephritis in women: A 2022 update by the Infectious Diseases Society of America and the European Society for Microbiology and Infectious Diseases. *Clinical Infectious Diseases*, 65(1), 1–7. doi.org

Hernández, J., Ramírez, G. y Torres, A. (2020). Infecciones del tracto urinario en México, un problema de salud pública. *Revista Mexicana de Urología*, 80(2), 100–107. doi.org

Hooton, T., Gupta, K. & Nicolle, L. (2021). International clinical practice guidelines for the treatment of acute uncomplicated cystitis and pyelonephritis in women: A 2021

update by the IDSA and ESCMID. *Clinical Infectious Diseases*, 52(5), 103–120.
doi.org

Intriago, D., Acosta, J. y Benítez, M. (2025). *Identificación de genes de resistencia antimicrobiana presentes en especies bacterianas obtenidas a partir de comida callejera procedente de los parques inglés y la carolina del norte de Quito, Ecuador, mediante análisis microbiológicos y moleculares* [Tesis de Licenciatura, Universidad Internacional Sek].

Kahlmeter, G., Brown, D. & O'Brien, T. (2020). Increasing antimicrobial resistance to quinolones and TMP-SMX in urinary tract infections in the United States: Implications for empirical therapy. *Clinical Infectious Diseases*, 69(4), 582–588.
doi.org

Ludeña, D., Castro, S. & Fernández, J. (2022). Multirresistencia en *Escherichia coli* en infecciones urinarias en Perú: Un problema emergente. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 39(1), 78–82. doi.org

Mahesh, D., Kumar, A. & Singh, R. (2019). Patrones de resistencia bacteriana en infecciones urinarias: Un estudio en INDIA. *Indian Journal of Medical Research*, 134, 134–138. doi.org

Martínez, F., Paredes, V. y Rivadeneira, M. (2021). Factores asociados a infecciones urinarias producidas por enterobacterias productoras de B-Lactamasas de espectro extendido: Una cohorte prospectiva. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 38(2), 234–240. doi.org

Medina, M. y Castillo-Pino, L. (2019). Revisión sobre la prevalencia de *Escherichia coli* en infecciones urinarias en Chile: Implicaciones en el tratamiento. *Revista Chilena de Infectología*, 36(6), 558–562. doi.org

Mera-Lojano, L., Mejía-Contreras, L., Cajas-Velásquez, S. & Guarderas-Muñoz, S. (2023). Prevalence and risk factors of urinary tract infection in pregnant women. *Revista Médica del Instituto Mexicano del Seguro Social*, 61(5), 606–613. doi.org

Meriño-Morales, M., Morales-Ojeda, I., Badilla-Badilla, J. & Vallejos-Medina, C. (2021). Antimicrobial resistance in urinary tract infection with bacteriuria in the emergency service of a community hospital in the Ñuble region, Chile. *Revista Virtual de la Sociedad Paraguaya de Medicina Interna*, 8(1), 117–125. doi.org

Mouanga-Ndzime, Y., Bisseye, C., Longo-Pendy, N. y Bignouumba, M. (2024). Tendencias de las infecciones del tracto urinario causadas por *Escherichia coli* y *Klebsiella*

pneumoniae y la resistencia a los antibióticos durante un período de cinco años en el sureste de Gabón. *Antibiotics*, 14(1).

<https://doi.org/10.3390/antibiotics14010014>

Ochoa, A., Rojas, J. y Córdova, M. (2020). Prevalencia de *Escherichia coli* en infecciones urinarias en mujeres de Lima, Perú: Un estudio clínico. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 37(3), 301–307. doi.org

Oliveira, T., Costa, D. y Ramos, A. (2020). Prevalencia de infecciones urinarias en mujeres en edad fértil en Brasil: Un estudio de muestras de orina. *Revista Brasileira de Urología*, 46(1), 22–27. doi.org

Ortega-Maldonado, M., Sánchez, M. y Ruiz, M. (2019). Resistencia de *Escherichia coli* y *Klebsiella* a antibióticos en infecciones urinarias en Ecuador. *Revista Ecuatoriana de Medicina y Ciencias de la Salud*, 40(4), 310–316. doi.org

Paredes, C., Silva, R. y Bustamante, L. (2022). Susceptibilidad de *Escherichia coli* frente a fosfomicina en infecciones urinarias. *Revista Chilena de Infectología*.

Pérez-Castañeda, R., García-Mena, J., Martínez-Gamboa, A. y López-Álvarez, M. (2020). Resistencia bacteriana de *Escherichia coli* en infecciones urinarias en México: Implicaciones para el tratamiento empírico. *Revista Mexicana de Urología*, 80(2), 110–115. doi.org

Pineda, O., Martínez, J. y Gómez, A. (2021). Resistencia de *Escherichia coli* a amoxicilina-clavulánico en infecciones urinarias en Colombia. *Revista Colombiana de Urología*.

Piñeiro-Pérez, R., Cilleruelo-Ortega, M., Area Álvarez, J., Baquero-Artigao, F., Silva Rico, J. y Velasco Zúñiga, R. (2019). Recomendaciones sobre el diagnóstico y tratamiento de la infección urinaria. *Anales de Pediatría*, 90(6), 402.e1–402.e8. doi.org

Quijano-Robys, A. y Santillán, V. (2024). Caracterización de *Escherichia coli* uropatogena aislada en mujeres de 18 a 45 años. *Anatomía Digital*, 7(1), 6–19. doi.org

Quiñones, D. (2019). Resistencia antimicrobiana: evolución y perspectivas actuales ante el enfoque "Una salud". *Revista Cubana de Medicina Tropical*, 71(3), e442.

Rajesh, R., Kumar, S. & Nair, R. (2019). Antimicrobial susceptibility patterns of uropathogens in a tertiary care hospital in India. *Journal of Clinical and Diagnostic Research*, 13(4), DC01–DC04. doi.org

Reyes-Baque, J., Barcia-Menescal, M. y Hidalgo-Acebo, R. (2023). Infección bacteriana de vías urinarias en mujeres: Un enfoque en los factores de riesgo y su prevención en Latinoamérica. *MQRInvestigar*, 7(3), 995–1012. doi.org

- Rodríguez, M., González, L. y Pérez, S. (2021). Perfil microbiológico de infecciones urinarias en Colombia: estudio retrospectivo en centros de salud. *Revista Colombiana de Urología*, 33(3), 120–124. doi.org
- Rojas, M., Fernández, R. y Ramos, C. (2022). Sensibilidad a fosfomicina en *Escherichia coli* productoras de betalactamasas de espectro extendido. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 39(1), 68–71. doi.org
- Santa Cruz López, C., Cubas Castillo, K. y Saavedra Jiménez, L. (2020). Susceptibilidad antibiótica de *Escherichia coli* aislada de mujeres con infecciones urinarias extrahospitalarias. *Revista Experiencia en Medicina del Hospital Regional Lambayeque*, 6(2), 70–75. doi.org
- Sharma, R., Rani, R. y Kumar, A. (2021). Multirresistencia de *Escherichia coli* y *Klebsiella* en infecciones urinarias en India: Un desafío creciente. *Indian Journal of Medical Research*, 153(2), 179–184. doi.org
- Silva-Sánchez, S., López-González, A. y Martínez-Hernández, M. (2020). Prevalencia de bacterias uropatógenas en mujeres mexicanas entre 18 y 45 años con infecciones urinarias no complicadas. *Revista Mexicana de Urología*, 80(2), 115–120. doi.org
- Solís, M., Romo, S., Granja, M., Sarasti, J., Paz y Miño, A. y Zurita, J. (2022). Infección comunitaria del tracto urinario por *Escherichia coli* en la era de resistencia antibiótica en Ecuador. *Metro Ciencia*, 30(1), 37–48. doi.org
- Souza, A., Lima, R., Costa, M. y Ferreira, L. (2020). Fosfomicina: Un antibiótico infravalorado en infecciones urinarias por *Escherichia coli*. *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica*, 28(1), 45–50. doi.org
- Zboromyrska, Y. (2019). *Diagnóstico microbiológico de las personas*. Revista Kasmera, 39(2).
- <https://seimc.org/contenidos/documentoscientificos/procedimientosmicrobiologia/seimc-procedimiento14a>

CAPÍTULO III

Exploración de marcadores inmunológicos para la identificación de enfermedades infecciosas.

Exploration of immunological markers for the identification of infectious diseases.

Pierina Jamileth Giler Reyes

<https://orcid.org/0009-0000-6534-6625>
e1350504021@live.uleam.edu.ec / carpier2003pierina@gmail.com
Estudiante de Laboratorio Clínico
Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí, Ecuador

Ilya Isadora Casanova Romero

<https://orcid.org/0000-0003-1147-7413>
ilya.casanova@uleam.edu.ec
Docente de Laboratorio Clínico
Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí, Ecuador

RESUMEN

La presente investigación tiene como objetivo analizar la efectividad de los marcadores inmunológicos en la detección temprana de enfermedades infecciosas, evaluando su aplicabilidad y variabilidad en distintos contextos epidemiológicos. La metodología fue de carácter cualitativo, bibliográfico y transversal empleando el método PRISMA dando como resultado el análisis de 34 artículos de bases científicas como PubMed, Scopus y Scielo. Los principales resultados mostraron una alta efectividad es la procalcitonina PCT y la proteína C reactiva PCR, destacándoles como marcadores de detección de infecciones bacterianas, asimismo, se comprobó la elevada sensibilidad y especificidad de la procalcitonina y la IL-6 como un marcadores de alta precisión diagnóstica aún más cuando se combinan con otros como la PCR. Como conclusión señalan que para garantizar la atención temprana y efectividad de los marcadores inmunológicos se debe efectuar un monitoreo inmunológico constante a través del espectro de aplicación de los biomarcadores desde la prevención.

Palabras claves: Marcadores inmunológicos, enfermedades infecciosas, sensibilidad, especificidad, efectividad.

ABSTRACT

The present study aims to analyze the effectiveness of immunological markers in the early detection of infectious diseases, evaluating their applicability and variability in different epidemiological contexts. The methodology was qualitative, bibliographic, and cross-sectional, using the PRISMA method. The results included the analysis of 34 articles from scientific databases such as PubMed, Scopus, and Scielo. The main results showed high effectiveness of procalcitonin (PCT) and C-reactive protein (CRP), highlighting them as markers for the detection of bacterial infections. Furthermore, the high sensitivity and specificity of procalcitonin and IL-6 were confirmed as highly accurate diagnostic markers, even more so when combined with other markers such as CRP. In conclusion, the authors point out that to ensure early care and the effectiveness of immunological markers, ongoing immunological monitoring must be carried out across the spectrum of biomarker applications, starting from prevention.

Keywords: Immunological markers, infectious diseases, sensitivity, specificity, effectiveness.

INTRODUCCIÓN

La identificación temprana de enfermedades de origen infeccioso es uno de los principales retos que se evidencian en el ámbito de la medicina y salud pública a nivel global según Murray Mckay (2021) quienes a través de su investigación, indican que es un reto debido a la complejidad de diversos agentes infecciosos que tienden a propagarse a gran velocidad y generar enfermedades, por tal razón Diz (2020) señala que es evidente la necesidad de emplear herramientas diagnósticas eficientes y específicas que son relevantes como los marcadores inmunológicos.

Conforme el estudio de Maldonado et al. (2023) los marcadores en inmunología cumplen con el propósito de identificar los anticuerpos, el tipo de célula, la actividad y estadio de diferenciación celular, para con base a esto conocer los cambios dentro del sistema inmune de una personas, por lo que se observan anticuerpos, antígenos, citocinas y quimioquinas que surgen como elementos cruciales para optimizar la precisión en un diagnóstico clínico, monitoreo médico y tratamiento de enfermedades infecciosas o autoinmunes.

Esta investigación busca explorar el nivel de efectividad y aplicabilidad que tienen los marcadores inmunológicos frente a la detección de diversas enfermedades infecciosas

como el VIH, la tuberculosis y dengue, ya que en estudio como el de Chimbetete et al. (2023) se evidencia como problemática la insuficiencia de métodos diagnósticos que sean oportunos para garantizar una intervención temprana y sobre todo efectiva; pues aunque si se ha comprobado avances científicos en el diseño de biomarcadores, es notable aún la falencia o vacíos en conocimiento en torno a los resultados variantes de las respuestas inmunitarias y el poco consenso sobre mejores marcadores para cada caso patológico.

El presente estudio tiene como objetivo analizar la efectividad de los marcadores inmunológicos en la detección temprana de enfermedades infecciosas, evaluando su aplicabilidad y variabilidad en distintos contextos epidemiológicos, para lo cual se delimitan como objetivos específicos el describir los marcadores más efectivos utilizados en el diagnóstico de enfermedades infecciosas; también evaluar la efectividad, sensibilidad y especificidad de diversos marcadores inmunológicos a partir de investigaciones primarias y finalmente, proponer recomendaciones para la implementación efectiva de marcadores inmunológicos con el fin de optimizar la detección temprana y manejo de enfermedades infecciosas.

DESARROLLO

Las enfermedades infecciosas, causadas por microorganismos como bacterias, virus, hongos y parásitos, representan una de las principales causas de morbilidad y mortalidad a nivel mundial, por lo que para Castro y Caputi (2023) y Santistevan y Durán (2023) la identificación temprana y precisa de estas infecciones es crucial para implementar tratamientos efectivos y prevenir la propagación. La creciente resistencia a los antibióticos y la aparición de nuevas cepas patógenas han intensificado la necesidad de métodos diagnósticos moleculares más precisos y rápidos.

Contexto Epidemiológico

Para Shao et al. (2025) y Jiménez et al. (2024) la eficacia de los marcadores inmunológicos puede verse influenciada por el contexto epidemiológico. Factores como la prevalencia de la enfermedad, la existencia de cepas resistentes y las características demográficas de la población impactan en la interpretación de los resultados.

Por otra parte, Binnie y Lage (2021) y Lladó y Ramos (2023) mencionan que la variabilidad en la respuesta inmune entre diferentes poblaciones, influenciada por factores genéticos, ambientales y socioeconómicos, es esencial para entender cómo se deben aplicar los marcadores inmunológicos en diferentes contextos.

En tanto a las tecnologías emergentes en diagnóstico, se destaca que las innovaciones en biología molecular y técnicas de análisis bioinformáticos han revolucionado el campo del diagnóstico, por lo que Martínez et al. (2021) y Lorenzo (2024) establecen que métodos como la PCR (reacción en cadena de la polimerasa) y la secuenciación de próxima generación permiten la detección de patógenos a niveles más sensibles y específicos, abriendo nuevas vías para el uso de marcadores inmunológicos.

Debido a lo anterior, es que se determina que la integración de tecnologías emergentes en la práctica clínica puede mejorar la rapidez y precisión del diagnóstico, permitiendo una respuesta más eficaz a brotes infecciosos

Marcadores Inmunológicos

Los marcadores inmunológicos según el estudio de Ding et al. (2021) y Dronina et al. (2021) son biomoléculas que reflejan la respuesta del sistema inmunológico ante la presencia de patógenos. Estos pueden incluir anticuerpos, antígenos, citoquinas y otros mediadores inmunológicos. Su medición permite no solo la detección de la infección, sino también la evaluación del estado inmunológico del paciente y la monitorización de la progresión de la enfermedad.

Dentro de los tipos de marcadores inmunológicos Gautreaux et al. (2022) y Reza et al. (2020) establecen los siguientes:

Tabla 1

Tipos de marcadores inmunológicos para la detección de enfermedades infecciosas

Tipo	Marcador	Enfermedad infecciosa
Citocinas y quimiocinas (marcadores de inflamación y activación inmune)	IL-6	COVID-19, Sepsis, dengue.
	TNF- α	Tuberculosis, HIH, Malaria
	IFN- γ	Tuberculosis (Quantiferon TB)
	IL-10	Dengue, VIH
Inmunoglobulinas (anticuerpos específicos)	IgM / IgG anti-HIV	VIH
	IgM / IgG anti-SARS-CoV-2	COVID-19
	IgM / IgG anti-Toxoplasma	Toxoplasmosis
	IgM / IgG anti-Dengue	Dengue
Proteínas de fase aguda	Procalcitonina (PCT)	Sepsis, neumonía bacteriana
	Proteína C Reactiva (PCR)	Cualquier infección aguda
	Ferritina	COVID-19, dengue
Marcadores celulares (citometría de flujo)	CD4/CD8	VIH
	HLA-DR+ CD38+ en CD8	VIH, hepatitis crónica
	CD64 en neutrófilos	Sepsis

Nota. La tabla muestra los diversos tipos de marcadores inmunológicos que permiten identificar o diagnosticar de forma temprana y preventiva enfermedades infecciosas según estudios como el de Gautreaux et al. (2022) y Reza et al. (2020).

Sobre la eficacia del uso de marcadores inmunológicos en el diagnóstico Delgado et al. (2020) permite reconocer la importancia de este en la salud preventiva, ya que se ha evidenciado su efectividad en la detección temprana de enfermedades infecciosas; no obstante, es importante tener en cuenta también que la sensibilidad y especificidad de estas pruebas tienden a experimentar variaciones conforme la enfermedad y el contexto epidemiológico. Un ejemplo claro de esto son las pruebas de serología para el VIH que han dado paso al diagnóstico directo y temprano que a su vez aporta a la prevención de propagación del virus.

Para comprender desde una mejor perspectiva, Lorenzo (2024) establece que la sensibilidad de la eficacia de los marcadores inmunológicos frente a los diagnósticos se resume en la capacidad que tiene el test para reconocer de manera asertiva qué sujetos poseen la enfermedad. En tanto a la especificidad, Lladó et al. (2023) la definen como la capacidad que tiene el mismo test para lograr reconocer de forma correcta y asertiva a los sujetos que no poseen la enfermedad, y en conjunto, estos parámetros como la sensibilidad y especificidad son críticos para evaluar si las pruebas con marcadores inmunológicos son o no de alto rendimiento para el diagnóstico temprano de las enfermedades infecciosas.

MÉTODO

La metodología del estudio es de carácter cualitativo, bibliográfico y transversal que emplear el método PRISMA para la recolección y selección de estudios científicos que anteceden al presente, siendo esta una herramienta que contribuye al diseño de un marco estructurado a partir de revisiones sistemáticas que garantiza la búsqueda, evaluación e inclusión de estudios pertinentes con la finalidad generar una visión integral y crítica referente al tema indagado.

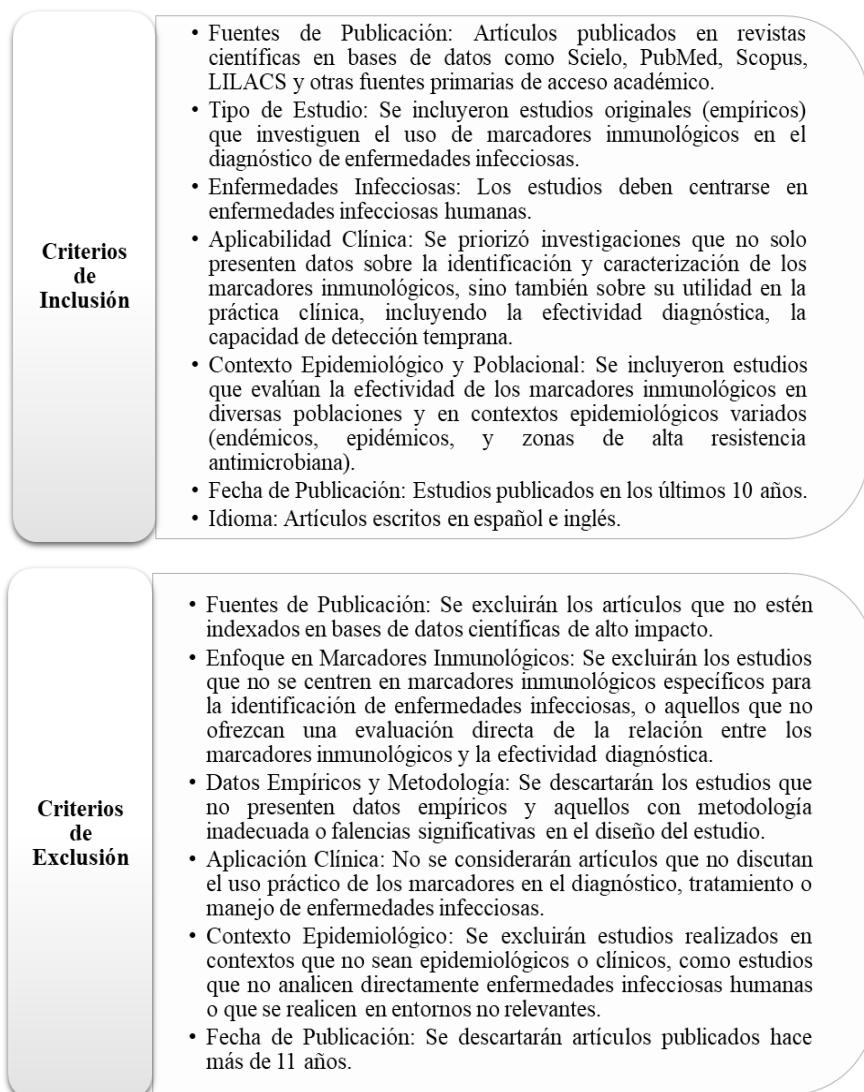
La metodología consistió en una revisión sistemática de la literatura que permitió explorar la relevancia y eficacia de los marcadores inmunológicos en la identificación de enfermedades infecciosas. El proceso inició con una búsqueda, donde se seleccionan artículos de fuentes primarias publicados en revistas especializadas en inmunología y enfermedades infecciosas. Se emplean bases de datos académicas como PubMed, Scopus y Scielo para asegurar la obtención de fuentes actualizadas y relevantes.

Posteriormente se desarrolló el análisis cualitativo de los datos recopilados, identificando patrones, tendencias y áreas de consenso entre los diferentes estudios, además, se realizó un enfoque comparativo para evaluar la efectividad de diversos marcadores inmunológicos en términos de sensibilidad, especificidad y utilidad diagnóstica en distintos contextos epidemiológicos.

El análisis de la información se llevó a cabo mediante el método PRISMA (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses) citado por Alcoba (2024) lo que permitió una comprensión detallada de cómo los marcadores inmunológicos pueden utilizarse para mejorar la identificación y manejo de enfermedades infecciosas, impulsando el diagnóstico y tratamiento personalizado.

Figura 1

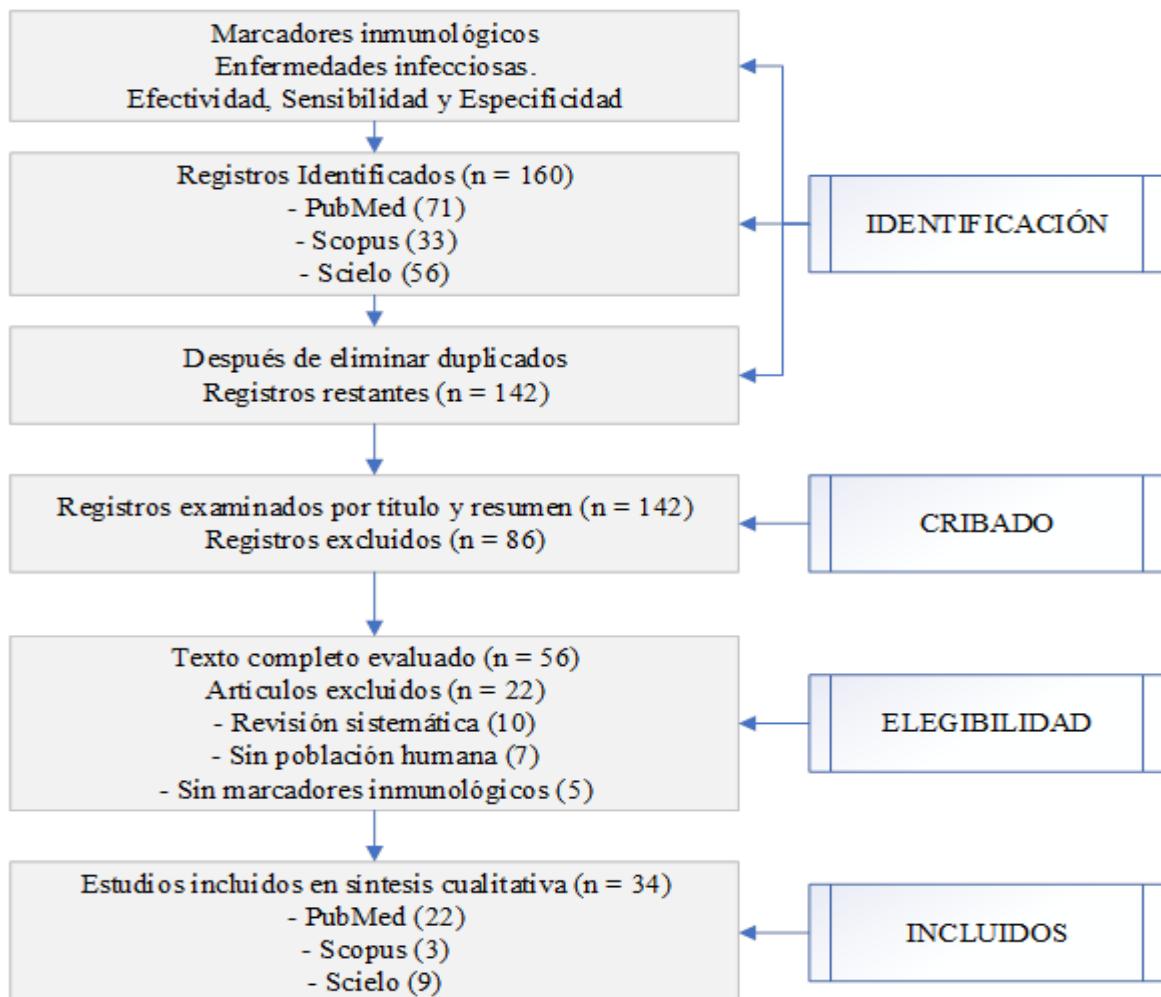
Criterios de Inclusión y Exclusión



Nota. La figura muestra los principales criterios de inclusión y exclusión de la revisión sistemática de artículos científicos.

Figura 2

Diagrama de flujo del proceso de selección de estudios por método PRISMA



Nota. La figura evidencia el proceso método PRISMA.

Como se puede observar, el método PRISMA permitió identificar 34 artículos científicos bajo los criterios de inclusión y exclusión, los mismos que se analizan en función al cumplimiento de los objetivos específicos en el siguiente apartado.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

A continuación, se exponen los principales resultados en función del grado de cumplimiento de los objetivos establecidos, con especial énfasis en los distintos tipos de marcadores empleados en el diagnóstico de enfermedades infecciosas. Se detallan sus niveles de sensibilidad, especificidad y efectividad, así como las recomendaciones orientadas a su implementación óptima.

Tabla 2

Tipos de marcadores efectivos utilizados en diagnóstico de enfermedades infecciosas

Nº	Título artículo	Autor y año	Palabras clave	Metodología	Marcadores
11	A robust and generalizable immune-related signature for sepsis diagnostics	Yang et al. (2021)	sepsis, biomarcadores inmunológico sdiagnóstico, AUC	Estudio descriptivo basado en análisis de datos de transcriptoma sanguíneo	Se identificaron cinco genes inmunológicos (LRRN3, IL2RB, FCER1A, TLR5, S100A12)
22	Comparative Analysis of the Serological Reactivity of Individuals with Clinical History of Malaria using Two Different ELISA Tests	Ruiz et al. (2019)	malaria, ELISA, diagnóstico serológico, anticuerpos.	Análisis de 365 muestras de suero utilizando ELISA comercial e in-house	El ELISA in-house mostró una reactividad antigenica superior al ELISA comercial.
33	Identification of Diagnostic Markers Correlated With HIV+ Immune Non-response Based on Bioinformatics Analysis	Ding et al. (2021)	Inmunorrespondedores INRs, Análisis bioinformático de genes, Marcadores diagnósticos.	Diseño cuantitativo y descriptivo de tipo bioinformático	LTDA Linfotoxina Alfa y PTMA Prothymosin alpha
44	Identification of immune phenotypes and diagnostic biomarkers in active and latent tuberculosis infections	Saho et al. (2025)	Biomarcadores, tuberculosis	Estudio cuantitativo de tipo descriptivo y analítico aplicado a 105 pacientes con ATB, LTB y controles sanos	Marcadores como HLA-DRB5 para tuberculosis activa y el marcador HC Adaptador Proteina 1 y RETN resistina análisis de citoquina.
55	Immunological Biomarkers in Infectious Diseases: From Diagnosis to Prognosis	Biox, H. (2023)	Enfermedades infecciosas, epítopo de células, diagnóstico, biomarcador	Método ELISA como Kit de diagnóstico a pacientes con enfermedades infecciosas como sepsis, neumonía, Covid19, entre otras.	Se destacó el uso de Procalcitonina como marcador inmunológico más utilizado por su y la PCR y Presepsina

Nº	Título artículo	Autor y año	Palabras clave	Metodología	Marcadores
66	Host biomarkers for early diagnosis of infectious diseases: A comprehensive review	Chakraborty (2021)	Biomarcadores, diagnóstico clínico, validación clínica, enfermedades infecciosas.	Diseño experimental con pruebas clínicas como PCR PCT a 36 pacientes con enfermedad infecciosa.	Determina la PCR, la PCT, la adenosina desamida y microARNs
77	A Promising Tool in Serological Diagnosis: Current Research Progress of Antigenic Epitopes in Infectious Diseases	Zhou et al. (2022)	Biomarcador, enfermedades infecciosas, epítopo de células, diagnóstico.	Diseño experimental - exploratorio	Exploró el uso de epítopos antígenos para el diagnóstico serológico de infecciones como tuberculosis, brucellosis y leptospirosis.
88	Usefulness of C-Reactive Protein and Other Host Biomarker Point-of-Care Tests in the Assessment of Non-Malarial Acute Febrile Illnesses: A Systematic Review with Meta Analysis	Bertoli et al. (2020)	Biomarcadores, febril, enfermedad infecciosa, diagnóstico,	Diseño cuantitativo a población de pacientes febres de entornos de bajos recursos a través de biomarcadores	Evaluá la efectividad de la PCR como biomarcador en pruebas rápidas
99	Quantitative assessment of disease markers using the naked eye: point-of-care testing with gas generation-based biosensor immunochromatographic strips	Fu et al. (2019)	CRP, diagnóstico en el punto de atención, tiras inmunocromatográficas, evaluación visual.	Descriptivo, prospectivo población 56 pacientes enfermedades	Las tiras mostraron una detección precisa de CRP, permitiendo la evaluación visual directa sin equipos complejos.

Nº	Título artículo	Autor y año	Palabras clave	Metodología	Marcadores
110	Biomarcadores para la predicción en urgencias de infección bacteriana, bacteriemia y gravedad	Tudela et al. (2022)	Biomarcadores, citometría de flujo, tuberculosis	Enfoque cuantitativo de diseño experimental, se aplicó a 412 pacientes en el servicio de urgencias.	Destaca el uso de la PCR, PCT, Proadrenomedulina y Neopterina
111	Altered serum microRNAs as biomarkers for the early diagnosis of pulmonary tuberculosis infection	Yuhua et al. (2018)	microARNs, tuberculosis pulmonar, biomarcadores, diagnóstico temprano, qRT-PCR.	Descriptivo y experimental: Análisis qRT-PCR en pacientes con tuberculosis pulmonar.	Se identificaron microARNs específicos que diferenciaron a los pacientes con tuberculosis de los controles sanos
112	Precisión diagnóstica de la procalcitonina para la bacteriemia en el servicio de urgencias: una revisión sistemática	Merinos y Castillo (2023)	Servicios de Urgencias, bacteriemia, pronóstico, procalcitonina, hemocultivos	Estudio cuantitativo aplicado al 15% de pacientes atendidos con sospecha de infección.	La PCT. El punto de corte >0,5 ng/ml se ha posicionado como el más adecuado para predecir la existencia de bacteriemia y se puede utilizar para descartar ésta razonablemente.

Tabla 3

Efectividad, sensibilidad y especificidad de diversos marcadores inmunológicos

Nº	Título artículo	Autor y año	Palabras clave	Metodología	Efectividad, sensibilidad y efectividad de Marcadores
11	Especificidad y sensibilidad de la procalcitonina y la interleucina-6 en pacientes oncológicos con bacteriemia y hemocultivo positivo	Castro y Caputi (2023)	Autoanticuerpo, antinucleosoma, marcador inmunológico, infecciones	Diseño transversal, observacional realizado en el hospital Solca Guayaquil	La sensibilidad (S) de la PCT fue del 81,2 %, la especificidad (E) del 79 % y el área bajo la curva de 0,862. P

Nº	Título artículo	Autor y año	Palabras clave	Metodología	Efectividad, sensibilidad y efectividad de Marcadores
12	Sensibilidad y Especificidad de la Procalcitonina y Tinción de Gram de Buffy Coat para el Diagnóstico Temprano de Sepsis en Pacientes Pediátricos	Martínez et al. (2021)	bacteriemia, pronóstico, procalcitonina, hemocultivos.	Estudio descriptivo de corte transversal aplicado a 41 pacientes menores de 5 años en el Hospital del Niño	La procalcitonina mostró una sensibilidad de 96,77% y especificidad del 40%. La proteína C reactiva tuvo una sensibilidad de 51,61%; por lo que la procalcitonina es un marcador con mayor especificidad que la PCR.
13	Evaluación de procalcitonina, proteína C reactiva e interleucina-6 como marcadores tempranos para el diagnóstico de sepsis neonatal	Morad et al. (2020)	Autoanticuerpo, antinucleosoma, marcador inmunológico, infecciones	Estudio transversal efectuado a 50 neonatos con sospecha de sepsis	Los niveles séricos de PCT mostraron la mayor sensibilidad, especificidad, VPP, VPN y precisión del 97,6%, 89%, 97%, 88,9% y 96% que otros marcadores de sepsis estudiados
14	The Sensitivity and Specificity of Procalcitonin in Diagnosing Bacterial Sepsis in Neonates	Beaumont et al. (2024)	Sepsis neonatal, procalcitonina, diagnóstico temprano, sensibilidad, especificidad, marcadores inflamatorios	Estudio cuantitativo, observacional y analítico aplicado a 721 neonatos	La procalcitonina mostró una alta sensibilidad (del 87 % al 100 %) con un valor de corte de 0,5 ng/mL, aunque la especificidad varió considerablemente entre todos los valores de corte analizados
15	Evaluación de la capacidad diagnóstica y pronóstica de procalcitonina, proteína C reactiva, interleucina-6 y proteína ligadora del lipopolisacárido en pacientes con sospecha de sepsis	Gómez et al. (2021)	Biomarcadores, citometría de flujo, tuberculosis	Estudio prospectivo y observacional en 191 pacientes con SIRS.	Tanto la PCT como la IL-6 fueron marcadores biológicos fiables en la detección de sepsis en nuestra población de pacientes con SIRS.

Nº	Título artículo	Autor y año	Palabras clave	Metodología	Efectividad, sensibilidad y efectividad de Marcadores
16	Evaluación de la procalcitonina y proteína C reactiva como marcadores pronósticos en pacientes con Sepsis.	Palasco et al. (2020)	Bacteriología, Biomarcadores, inmunología	Estudio prospectivo de 82 pacientes	La PCR tiene menor efectividad en comparación con PCT, y su sensibilidad se eleva en presencia de infección y su especificidad es baja para evolución clínica.
17	La contribución de la procalcitonina, la proteína C reactiva y la interleucina-6 en el diagnóstico y pronóstico de la sepsis quirúrgica: un estudio observacional y estadístico	Tocu et al. (2023)	Bacteriología, Biomarcadores, inmunología	Estudio observacional retrospectivo a 125 pacientes	La PCR y la IL-6 fueron las más eficaces en el diagnóstico de sepsis.
28	The role of serum procalcitonin in the diagnosis of bacterial meningitis in adults: a systematic review and meta-analysis	Vikse y Michael (2025)	Autoanticuerpo, antinucleosoma, marcador inmunológico, infecciones	Estudio descriptivo de muestra 725 pacientes	La PCT mostró una sensibilidad del 90% y una especificidad del 98%, demostrando su efectividad
29	Utilidad de la interleucina en pacientes con sepsis	Mayorga et al. (2020)	Infecciones virales, infecciones bacterianas, aprendizaje automático, CRP, diagnóstico.	Estudio descriptivo, observacional	la interleucina 6 su fiabilidad del 96,44%, especificidad del 95% y sensibilidad del 98,60%.

Nº	Título artículo	Autor y año	Palabras clave	Metodología	Efectividad, sensibilidad y efectividad de Marcadores
10	Procalcitonina y proteína C reactiva: marcadores en el diagnóstico temprano de fuga anastomótica	Maldonado et al. (2023)	Biomarcadores, citometría de flujo, tuberculosis	Descriptiva retrospectivo. Prueba diagnóstica a 39 pacientes.	La prueba más eficaz fue la PCR al día 2 (AUROC: 1.00; S: 100%; E: 96.7%; VPP: 85.7%; VPN: 100%; RV+: 33.0).
211	Anticuerpos antinucleosoma frente a marcadores inmunológicos convencionales en el diagnóstico de la actividad del lupus eritematoso sistémico.	Kokuina (2024)	Autoanticuerpo, antinucleosoma, marcador inmunológico, infecciones.	Descriptivo, experimental con muestra de 213 pacientes con lupus eritematoso sistémico LES.	El anticuerpo anti-nucleosoma con una sensibilidad y especificidad superiores al 94% para la actividad global del LES y 84,5% para la nefritis lúpica
212	Host biomarker-based quantitative rapid tests for detection and treatment monitoring of tuberculosis and COVID-19	Pierneef et al. (Pierneef, Hooij, & Jong, 2022)	Bacteriología, Biomarcadores, inmunología	Experimental, ensayos de flujo lateral cuantitativo en pacientes con tuberculosis y covid-19	CRP, ferritina e IL-6 permitió una discriminación eficaz con una sensibilidad del 93% y especificidad del 100%.
213	Progressive Osteolysis with Hematoma Following Revision Total Hip Arthroplasty using Hydroxyapatite Mesh: A Case Report	Shougo et al. (2018)	infecciones virales, infecciones bacterianas, aprendizaje automático, CRP, diagnóstico.	Expresión de varios biomarcadores inmunológicos Se usaron muestras de sangre de 150.	IFN-γ mostró una sensibilidad del 88% y especificidad del 90%, mientras que IL-2 presentó una sensibilidad del 85% y especificidad del 87%.

Nº	Título artículo	Autor y año	Palabras clave	Metodología	Efectividad, sensibilidad y efectividad de Marcadores
214	Parkia speciosa empty pod extract exerts anti-inflammatory properties by modulating NF κ B and MAPK pathways in cardiomyocytes exposed to tumor necrosis factor- α	Gui et al. (Gui, Jalil, & Jubri, 2019)	Sepsis, infecciones, PCT.	Estudio prospectivo con 200 pacientes con sospecha de sepsis	PCT mostró sensibilidad de 92% y especificidad de 85%; PCR, sensibilidad de 75% y especificidad de 70%.
115	Correlation between polymerase chain reaction (PCR) examination rate among the population and the containment of the COVID-19 pandemic	Sonoo et al. (2020)	Biomarcadores, inmunología	Prospectivo de tipo descriptivo diseño experimental. Se evaluaron marcadores inmunológicos (IL-6, D-dimer, ferritina) en 300 pacientes con COVID-19	IL-6 tuvo sensibilidad del 90% y especificidad del 80% para predecir enfermedad grave.
216	Serological Comparison of Native Antigen ELISAs with Rapid ICT Test Kits for the Diagnosis of Human Alveolar and Cystic Echinococcosis in ChinaYang	Yang et al. (2024)	equinococosis, ELISA, prueba rápida, diagnóstico serológico, anticuerpos.	Investigación tipo descriptivo utilizando ELISA con antígenos nativos	Marcador ELISA mostrando una sensibilidad del 91.1% y especificidad del 93.8%.
17	Differentiating Viral and Bacterial Infections: A Machine Learning Model Based on Routine Blood Test Values	Guncar et al. (2024)	infecciones virales, CRP, diagnóstico.	Ánálisis de 44,120 casos. Descriptivo de tipo cuantitativo	El modelo alcanzó una precisión del 82.2%, sensibilidad del 79.7%, especificidad del 84.5% y un área bajo la curva ROC (AUC) de 0.905

Tabla 4
Implementación efectiva de marcadores inmunológicos

Nº	Título artículo	Autor y año	Palabras clave	Metodología	Implementación de biomarcadores
31	Systematic analysis of disease-specific immunological signatures in patients with febrile illness from Saudi Arabia	(Wing, Yousif, & Nagiah, 2020)	biomarcador es, citocinas, enfermedades infecciosas, diagnóstico diferencial	Estudio de 2,018 pacientes febriles, con análisis de mediadores inmunológicos en suero mediante inmunoensayos multiplex	Utilizar firmas inmunológicas específicas para diferenciar entre infecciones virales, parasitarias y bacterianas,
32	Evaluation of potential biomarkers for the discrimination of bacterial and viral infections	Chalupa et al. (2021)	Procalcitonina, Biomarcador es inmunológico s	Estudio prospectivo con 27 pacientes con infecciones virales.	La PCR muestra mayor sensibilidad por lo que se recomienda emplearla
33	Exploring proteomic signatures in sepsis and non-infectious systemic inflammatory response syndrome	Ruiz et al. (2020)	Sepsis, SIRS, proteómica, biomarcador es.	Estudio observacional prospectivo con 277 pacientes.	Se identificaron 25 proteínas con capacidad discriminativa entre sepsis y SIRS, proponiendo su uso
34	Hematological- and Immunological- Related Biomarkers to Characterize Patients with COVID-19 from Other Viral Respiratory Diseases	Suárez et al. (2022)	COVID-19, neumonía viral, biomarcador es	Estudio retrospectivo con 951 pacientes.	Variables hematológicas comunes pueden ser útiles para distinguir COVID-19 de otras infecciones respiratorias virales.
35	Immunological insights: assessing immune parameters in medical professionals exposed to SARS-CoV-2	Wojas et al. (2024)	SARS-CoV-2, profesionales de la salud, inmunología, citometría de flujo.	Estudio experimental y descriptivo. Muestra de 71 profesionales de la salud.	Efectuar monitoreo de los pacientes que evidencian parámetros inmunológicos de riesgo con el fin de.

DISCUSIÓN DE RESULTADOS

A manera de discusión, se describieron los marcadores más efectivos utilizados en el diagnóstico de enfermedades infecciosas, en donde autores como Biox (2023), Chakraborty (2021), Tudela et al. (2022); Merinos y Castillo (2023) y Bertoli et al. (2020) mencionan que los de alta efectividad es la procalcitonina PCT y la proteína C reactiva PCR, destacándoles como marcadores de detección de infecciones bacterianas.

Asimismo, otros autores como Yuhua et al (2018) y Zhou et al. (2022) coincidieron en la población de estudio que fueron pacientes con tuberculosis, en donde aplicaron diseños moleculares destacando el uso de epítops antígenos y microARNs como los marcadores inmunológicas más efectivos para diagnósticos precoces.

No obstante, también se analizaron artículos con diferencias y discrepancias entre autores como Ruiz et al. (2019) y Fu et al. (2019) ya que emplearon otro tipo de marcadores que son más efectivas como ELISA in-house y biosensores inmonocromatográficos y determinaron que la PCR y PCT son menos factibles que las que ellos emplearon en sus investigaciones, contradiciendo así lo que gran parte de los estudios han evidenciado.

En tanto a la evaluación de la efectividad, sensibilidad y especificidad de diversos marcadores inmunológicos a partir de investigaciones primarias, autores como Castro y Caputi (2023), Maldonado et al. (2023), Morad et al. (2020); Gómez et al. (2021), y Palasco et al. (2020) enfatizan en la elevada sensibilidad y especificidad de la procalcitonina en el diagnóstico de infecciones relacionadas a la sepsis y bacteriemias, coincidiendo además con el estudio de Tocu et al. (2023) y Mayorga et al (2020) al señalar estos y la IL-6 como un marcador de alta precisión diagnóstica aún más cuando se combinan con otros como la PCR, evidenciando que los niveles séricos de PCT poseen alta precisión en los diagnósticos al ofrecer una sensibilidad >87% y la especificidad <85%.

Pese a estos resultados, también hay diferencias entre los estudios como el de Martínez et al. (2021) que muestra una especificidad de la PCT del 40% en relación a demás estudios como los de Guncar et al. (2024), Yang et al. (2024) y Pierneef et al. (2022) quienes mostraron pruebas de sensibilidad y especificidad elevadas >90%, mostrando claramente la utilidad de estos marcadores en el diagnóstico correcto de las enfermedades infecciosas.

Por último, dentro de las propuestas o recomendaciones para implementar efectivamente los marcadores inmunológicos con el fin de optimizar la detección

temprana y manejo de enfermedades infecciosas, diversos estudios coincidieron en reconocer la utilidad de los marcadores inmunológicos como Wing et al. (2020) y Chalupa et al. (2021) quienes recomiendan emplear firmas inmunológicas y la PCR considerándolas como herramientas eficaces que mejoran la precisión diagnósticas, de forma que Ruiz et al. (2020) coincide al resaltar el potencial de este tipo de firmas inmunológicas siendo necesarias para garantizar una intervención terapéutica correcta y a tiempo.

Pese a que se han considerado algunas coincidencias, los aportes de otros autores como Suárez et al. (2022) discrepan con los anteriores, ya que en su caso propone el uso de variables hematológicas convencionales en casos de Covid-19 para distinguirlos con otras infecciones respiratorias, mientras que Wojas et al, (2021) hace énfasis en que la mejor recomendación para garantizar la atención temprana y efectividad de los marcadores inmunológicos no es más el monitoreo inmunológico constante, propuestas que amplían el espectro de aplicación de los biomarcadores desde la prevención.

CONCLUSIONES

En relación con los hallazgos de la presente revisión sistemática de información, se realizan las siguientes conclusiones en concordancia y cumplimiento con los objetivos específicos desarrollados:

Los estudios validados mostraron que los marcadores inmunológicos tales como PCT, PCR e IL-6 son los que más efectividad poseen al contribuir significativamente al diagnóstico temprano de enfermedades infecciosas, por lo que su aplicación clínica aporta a la prevención y detección oportuna de dichas enfermedades, permitiendo concluir que el uso de los mismos debe ser analizado y empleado con base a sus niveles de efectividad.

Los marcadores inmunológicos que se evaluaron mostraron un alto nivel de efectividad junto con sensibilidad y especificidad >90% en donde se realza la PCT e IL-L como los más específicos y confiables, ya que los estudios comprobados respaldan el uso de estos marcadores como herramienta pronóstica clave en los entornos clínicos, aportando significativamente en el manejo oportuno de las enfermedades infecciosas, de manera que se concluye con que la evaluación de estos marcadores y su combinación con nuevas tecnologías potencian más su aplicabilidad clínica.

Finalmente, se llega a la conclusión de que el uso de marcadores inmunológicos mejora el diagnóstico diferencial de enfermedades infecciosas, por lo que se propone como

recomendaciones a ello implementar efectivamente estos marcadores en apoyo tecnológico, estrategias integradas a los sistemas de salud a través de políticas y protocolos clínicos que contribuyan adecuadamente a la eficiencia diagnóstica y al control epidemiológico.

REFERENCIAS

- Alcoba, D. (2024). PRISMA y metaanálisis en la investigación. *Fides et Ratio: Revista de Difusión cultural y científica de la Universidad La Salle en Bolivia*, 28(28), 1-10.
https://doi.org/http://www.scielo.org.bo/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2071-081X2024000200013
- Beaumont, R., Tang, K. & Gwee, A. (2024). The Sensitivity and Specificity of Procalcitonin in Diagnosing Bacterial Sepsis in Neonates. *Hosp Pediatr*, 14(3), 199-208.
https://doi.org/https://publications-aap-org.translate.goog/hospitalpediatrics/article/14/3/199/196736/The-Sensitivity-and-Specificity-of-Procalcitonin?autologincheck=redirected&_x_tr_sl=en&_x_tr_tl=es&_x_tr_hl=es&_x_tr_pto=tc
- Bertoli, G., Ronzoni, N. & Silva, R. (2020). Usefulness of C-Reactive Protein and Other Host Biomarker Point-of-Care Tests in the Assessment of Non-Malarial Acute Febrile Illnesses: A Systematic Review with Meta-Analysis. *Am J Trop Med Hyg*, 8(5), 1797-1802.
<https://doi.org/https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7646768/>
- Binnie, A. & Lage, J. (2021). How can biomarkers be used to differentiate between infection and non-infectious causes of inflammation? *Evidence-Based Practice of Critical Care*, 9(1), 319-324.
<https://doi.org/https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7152028/>
- Biox, H. (2023). Immunological Biomarkers in Infectious Diseases: From Diagnosis to Prognosis. *J Clin Immunol Res*, 6(3), 1-15.
https://doi.org/https://www.scitechnol.com/peer-review/immunological-biomarkers-in-infectious-diseases-from-diagnosis-to-prognosis-ch9L.php?article_id=24183
- Castro, S. y Caputi, R. (2023). Especificidad y sensibilidad de la procalcitonina y la interleucina-6 en pacientes oncológicos con bacteriemia y hemocultivo positivo.

Revista Oncología, 33(1), 40-48.

<https://doi.org/https://roe.solca.med.ec/index.php/johs/article/download/674/589/2976>

Chakraborty, M. (2021). Host biomarkers for early diagnosis of infectious diseases: A comprehensive review. *Int J Clin Microbiol Biochem Technol*, 2(1), 1-7.
<https://doi.org/https://www.microbiochemjournal.com/articles/ijcmbt-aid1005.php>

Chalupa, P., Beran, O. & H., H. (2021). Evaluation of potential biomarkers for the discrimination of bacterial and viral infections. *Comparative Study*, 39(5), 411-417. <https://doi.org/https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21720792/>

Chimbetete, T., Buck, C. y Choshi, P. (2023). Desregulación inmunitaria asociada al VIH en la piel: un crisol de inflamación e hipersensibilidad exageradas. *Revista de Dermatología Investigativa*, 143(3), 362-373. https://doi.org/https://www.sciencedirect.com.translate.goog/science/article/pii/S0022202X22027695?_x_tr_sl=en&_x_tr_tl=es&_x_tr_hl=es&_x_tr_pto=tc

Delgado, J., Pareja, A. y Valencia, Y. (2020). SARS-CoV-2 y sistema inmune: una batalla de titanes. *Horizonte Médico*, 20(2), 1-10.
https://doi.org/http://www.scielo.org.pe/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1727-558X2020000200012

Ding, Y., Zhang, X. & Tang, G. (2021). Identification of Diagnostic Markers Correlated With HIV+ Immune Non-response Based on Bioinformatics Analysis. *Frontiers in Molecular Biosciences*, 16(1), 1555-1570.
<https://doi.org/https://europepmc.org/article/med/35004856>

Díz, O. (2020). Técnicas de biología molecular en el diagnóstico de enfermedades infecciosas. *NPunto*, 3(30), 1-10.
<https://doi.org/https://www.npunto.es/revista/30/tecnicas-de-biologia-molecular-en-el-diagnostico-de-enfermedades-infecciosas>

Dronina, J., Samukaite, U. y Ramanavicius, A. (2021). Avances y conocimientos en el diagnóstico de infecciones virales. *J Nanobiotechnol*, 19(1), 348.
https://doi.org/https://jnanobiotechnology.biomedcentral.com.translate.goog/articles/10.1186/s12951-021-01081-2?_x_tr_sl=en&_x_tr_tl=es&_x_tr_hl=es&_x_tr_pto=tc#citeas

- Fu, Q., Wu, Z., Li, J. & Zhong, H. (2019). Quantitative assessment of disease markers using the naked eye: point-of-care testing with gas generation-based biosensor immunochromatographic strips. *Journal of Nanobiotechnology volume*, 17(64), 1-10.
https://doi.org/https://jnanobiotechnology.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12951-019-0493-z?utm_source=chatgpt.com
- Gautreaux, M., Person, X. & Priddy, L. (2022). Review of immunological plasma markers for longitudinal analysis of inflammation and infection in rat models. *Journal of Orthopaedic Research*, 40(6), 1251-1562.
<https://doi.org/https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/jor.25330>
- Gómez, J., Ortiz, M., Torrealba, M., Gordillo, J. y Castellanos, A. (2021). Evaluación de la capacidad diagnóstica y pronóstica de procalcitonina, proteína C reactiva, interleucina-6 y proteína ligadora del lipopolisacárido en pacientes con sospecha de sepsis. *Revista del Laboratorio Clínico*, 3(1), 12-19.
<https://doi.org/https://www.elsevier.es/es-revista-revista-del-laboratorio-clinico-282-articulo-evaluacion-capacidad-diagnostica-pronostica-procalcitonina-S1888400809000786>
- Gui, J., Jalil, J. & Jubri, Z. (2019). Parkia speciosa empty pod extract exerts anti-inflammatory properties by modulating NF κ B and MAPK pathways in cardiomyocytes exposed to tumor necrosis factor- α . *Cytotechnology*, 71(1), 79-89.
<https://doi.org/https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/30600464/>
- Guncar, G., Kukar, M. & Smole, T. (2024). Differentiating Viral and Bacterial Infections: A Machine Learning Model Based on Routine Blood Test Values. *Heliyon*, 10(8), 1-21. https://doi.org/https://arxiv.org/abs/2305.07877?utm_source=chatgpt.com
- Jiménez, A., García, D. y Guadiana, L. (2024). Modelos predictivos de bacteriemia en el servicio. *Jour. Emergency*, 36(1), 48-62.
<https://doi.org/https://revistaemergencias.org/wp-content/uploads/2023/12/48-62.pdf>
- Kokuina, E. (2024). Anticuerpos antinucleosoma frente a marcadores inmunológicos convencionales en el diagnóstico de la actividad del lupus eritematoso sistémico. *Revista Cubana de Medicina*, 53(4), 430-444.
https://doi.org/http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_abstract&pid=S0034-75232014000400007&lng=en&nrm=iso&tlang=es

- Lladó, L. y Ramos, E. (2023). Utilidad de los marcadores biológicos en el diagnóstico diferencial de la sepsis en el postoperatorio del trasplante hepático. *Cirugía Española*, 1(1), 1-10. <https://doi.org/https://www.elsevier.es/es-revista-cirugia-espanola-36-articulo-utilidad-marcadores-biologicos-el-diagnostico-S0009739X11000716>
- Lorenzo, L. (2024). Serological Signatures: Advancements in Antibody-Based Diagnostics for Infectious Diseases. *Journal of Infections Diseases and Diagnosis*, 4(1), 1-2. <https://doi.org/https://www.walshmedicalmedia.com/open-access/serological-signatures-advancements-in-antibodybased-diagnostics-for-infectious-diseases.pdf>
- Maldonado, I., Vega, E. y Nacud, Y. (2023). Procalcitonina y proteína C reactiva: marcadores en el diagnóstico temprano de fuga anastomótica. *Cirugía y cirujanos*, 91(4), 1-20. https://doi.org/https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2444-054X2023000400542&lng=es&nrm=iso&tlang=es
- Martínez, A., Arduz, E. y Calderón, M. (2021). Sensibilidad y Especificidad de la Procalcitonina y Tinción de Gram de Buffy Coat para el Diagnóstico Temprano de Sepsis en Pacientes Pediátricos. *Gaceta Médica Boliviana*, 34(1), 20-24. <https://doi.org/https://www.redalyc.org/pdf/4456/445643805004.pdf>
- Mayorga, L., Méndez, C. y Avilés, J. (2020). Utilidad de la interleucina en pacientes con sepsis. *Sinergias educativas*, 3(1), 1-11. <https://doi.org/https://sinergiaseducativas.mx/index.php/revista/article/download/97/247/676>
- Merinos, G. y González, J. (2023). Precisión diagnóstica de la procalcitonina para la bacteriemia en el servicio de urgencias: una revisión sistemática. *Revista Española de Quimioterapia*, 37(1), 29-42. <https://doi.org/https://seq.es/wp-content/uploads/2023/12/julian07dec2023.pdf>
- Morad, E., Rabie, R. y Almalky, M. (2020). Evaluación de procalcitonina, proteína C reactiva e interleucina-6 como marcadores tempranos para el diagnóstico de sepsis neonatal. *Int J Microbiol*, 1(2), 1-10. https://doi.org/https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov.translate.goog/articles/PMC7547329/?_x_tr_sl=en&_x_tr_tl=es&_x_tr_hl=es&_x_tr_pto=tc

- Murray, S. & Mckay, P. (2021). Chlamydia trachomatis: Cell biology, immunology and vaccination. *ScienceDirect*, 39(22), 2965-2975.
<https://doi.org/https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0264410X21003261>
- Palasco, V., Pistillo, N., Pereiro, M. y Comas, C. (2020). Evaluación de la procalcitonina y proteína C reactiva como marcadores pronósticos en pacientes con Sepsis. *Revista de Medicina Interna*, 2(1), 5.
https://doi.org/https://smiba.org.ar/revista/vol_02_2006/02_01_05.htm
- Pierneef, L., Hooij, A. & Jong, D. (2022). Host biomarker-based quantitative rapid tests for detection and treatment monitoring of tuberculosis and COVID-19. *NIH*, 26(26), 1-10.
<https://doi.org/https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9791715/>
- Reza, R., Hosseini, H. & Dehkordi, F. (2020). A Review on Biochemical and Immunological Biomarkers used for Laboratory Diagnosis of SARS-CoV-2 (COVID-19). *The Open Microbiology Journal*, 15(1), 1-20.
<https://doi.org/https://openmicrobiologyjournal.com/VOLUME/14/PAGE/290/FULLTEXT/>
- Ruiz, A., Ribas, V., Suñol, D. & Chiscano, L. (2020). Exploring proteomic signatures in sepsis and non-infectious systemic inflammatory response syndrome. *Quantitative Biology*, 1(1), 1-10.
<https://doi.org/https://arxiv.org/abs/2502.18305>
- Ruiz, Y., Tavares, S. & Nogueira, F. (2019). Comparative Analysis of the Serological Reactivity of Individuals with Clinical History of Malaria using Two Different ELISA Tests. *Diagnostics*, 9(4), 168.
https://doi.org/https://www.mdpi.com/2075-4418/9/4/168?utm_source=chatgpt.com
- Santistevan, K. y Durán, Y. (2023). Biomarcadores diagnósticos de sepsis y shock séptico. *Revista Científica Arbitrada Multidisciplinaria PENTACIENCIAS*, 5(3), 413-423.
<https://doi.org/https://editorialalema.org/index.php/pentaciencias/article/view/558>
- Shao, T., Yang, L. & Zheng, R. (2025). Identification of immune phenotypes and diagnostic biomarkers in active and latent tuberculosis infections. *Scientific*

Reports, 15(1), 1-15. <https://doi.org/https://www.nature.com/articles/s41598-025-98152-3>

Shougo, M., Kaku, N. & Tomonori, T. (2018). Progressive Osteolysis with Hematoma Following Revision Total Hip Arthroplasty using Hydroxyapatite Mesh: A Case Report. *J Orthop Case Rep.*, 8(4), 25-28.
<https://doi.org/https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC6343563/>

Sonoo, M., Kanbayashi, T. & Shimohata, T. (2020). Correlation between polymerase chain reaction (PCR) examination rate among the population and the containment of the COVID-19 pandemic. *Public Health*, 23(191), 31-32.
<https://doi.org/https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7245269/>

Suárez, R., Martínez, D. & Cuevas, A. (2022). Hematological- and Immunological-Related Biomarkers to Characterize Patients with COVID-19 from Other Viral Respiratory Diseases. *J Clin Med.*, 21(11), 3578.
<https://doi.org/https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9267806/>

Tocu, G., Mihailoy, R. y Serban, C. (2023). La contribución de la procalcitonina, la proteína C reactiva y la interleucina-6 en el diagnóstico y pronóstico de la sepsis quirúrgica: un estudio observacional y estadístico. *J Multidiscip Healthc*, 16(1), 2351-2359. https://doi.org/https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov.translate.goog/articles/PMC10439796/?_x_tr_sl=en&_x_tr_tl=es&_x_tr_hl=es&_x_tr_pto=tc

Tudela, P., Prat, C. y Lacoma, A. (2022). Biomarcadores para la predicción en urgencias de infección bacteriana, bacteriemia y gravedad. *Jour. Emergency*, 24(2), 348-356.
https://doi.org/https://revistaemergencias.org/wp-content/uploads/2023/08/Emergencias-2012_24_5_348-56.pdf

Vikse, J. & Michael, B. (2025). The role of serum procalcitonin in the diagnosis of bacterial meningitis in adults: a systematic review and meta-analysis. *International Journal of Infectious Diseases*, 38(1), 68-76.
<https://doi.org/https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1201971215001782>

Wing, Y., Yousif, M. & Nagiah, S. (2020). Systematic analysis of disease-specific immunological signatures in patients with febrile illness from Saudi Arabia. *Clin Transl Immunology*, 22(9), 1163.
<https://doi.org/https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7443187/>

- Wojas, K., Krawczyk, P. & Blach, J. (2024). Immunological insights: assessing immune parameters in medical professionals exposed to SARS-CoV-2. *BMC Infectious Diseases*, 24(1), 865.
<https://doi.org/https://bmccomponents.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12879-024-09772-5>
- Yang, S., Zhang, W. & Zhu, N. (2024). Serological Comparison of Native Antigen ELISAs with Rapid ICT Test Kits for the Diagnosis of Human Alveolar and Cystic Echinococcosis in China. *Trop. Med. Infect. Dis.*, 9(2), 44.
https://doi.org/https://www.mdpi.com/2414-6366/9/2/44?utm_source=chatgpt.com
- Yang, Y., Zhang, Y. & Li, S. (2021). A robust and generalizable immune-related signature for sepsis diagnostics. *Quantitative Biology > Genomics*, 1(1), 1-10.
https://doi.org/https://arxiv.org/abs/2011.11343?utm_source=chatgpt.com
- Yuhua, O., Cui, L., Shi, Z. & Zhao, K. (2018). Altered serum microRNAs as biomarkers for the early diagnosis of pulmonary tuberculosis infection. *BMC Infectious Diseases volume*, 12(1), 384.
https://doi.org/https://bmccomponents.biomedcentral.com/articles/10.1186/1471-2334-12-384?utm_source=chatgpt.com
- Zhou, J., Chen, J. & Peng, Y. (2022). A Promising Tool in Serological Diagnosis: Current Research Progress of Antigenic Epitopes in Infectious Diseases. *Pathogens Journal*, 11(10), 1095. <https://doi.org/https://www.mdpi.com/2076-0817/11/10/1095>

CAPÍTULO IV

Enteroparasitosis en preescolares y escolares en una zona rural de Manabí

Enteroparasitosis in preschool and school children in a rural area of Manabí

Carlos Jampier Rivera Calderón

<https://orcid.org/0009-0006-1692-7777>

e1350750145@live.uleam.edu.ec / carlosjampier6@gmail.com

Estudiante de laboratorio clínico

Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí, Ecuador

Angelo Joel Montes Guerrero

<https://orcid.org/0009-0005-8238-7353>

e0804157253@live.uleam.edu.ec / amontes7253@utm.edu.ec

Estudiante de laboratorio clínico

Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí, Ecuador

Jacqueline Narciza Mera Chica

<https://orcid.org/0009-0003-4210-3841>

jacqueline.mera@uleam.edu.ec

Docente de laboratorio clínico

Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí, Ecuador

RESUMEN

Las enteroparasitosis son infecciones del tracto digestivo causadas por protozoarios, hongos y/o helmintos, transmitidas por vía oral a través del contacto directo o la ingestión de alimentos, agua o suelos contaminados con materia fecal, en Ecuador estas infecciones afectan especialmente a niños en zonas rurales, con tasas de parasitismo que oscilan entre el 20 y el 40%, debido a condiciones sanitarias deficientes.

Este estudio tuvo como objetivo identificar los factores sociodemográficos asociados a la transmisión de enteroparásitos en niños de entre 3 y 11 años en una zona rural de Manabí. Se consideraron variables como el acceso a agua potable, la eliminación de desechos, los hábitos higiénicos y la convivencia con animales domésticos, en una muestra de 133 niños, se halló un 35,3% de casos positivos, siendo más comunes los protozoarios como *Entamoeba coli*, *E. histolytica/dispar* y *Giardia lamblia*, así como los helmintos *Hymenolepis nana* y *H. diminuta*.

Las condiciones sociodemográficas desfavorables, como la falta de saneamiento y contacto con ambientes contaminados, favorecen la transmisión de enteroparásitos, esto

resalta la necesidad de aplicar estrategias sanitarias y educativas que contribuyan a mejorar la salud infantil en zonas rurales vulnerables.

Palabras claves: parasitosis intestinales, factores de riesgo, sociodemográfico, patógenos, enteroparasitosis.

Abstract

Enteroparasitosis is a digestive tract infection caused by protozoa, fungi, and/or helminths, transmitted orally through direct contact with or ingestion of food, water, or soil contaminated with fecal matter, in Ecuador these infections particularly affect children in rural areas, with parasitism rates ranging from 20% to 40% due to poor sanitary conditions.

This study aimed to identify sociodemographic factors associated with the transmission of enteroparasites in children between 3 and 11 years of age in a rural area of Manabí. Variables such as access to drinking water, waste disposal, hygiene habits, and living with pets were considered. In a sample of 133 children, 35.3% of cases were found to be positive, with the most common being protozoa such as *Entamoeba coli*, *E. histolytica/dispar*, and *Giardia lamblia*, as well as the helminths *Hymenolepis nana* and *H. diminuta*.

Unfavorable sociodemographic conditions, such as poor sanitation and contact with contaminated environments, favor the transmission of enteroparasites. This highlights the need to implement health and educational strategies that contribute to improving child health in vulnerable rural areas.

Keywords: intestinal parasitosis, risk factors, sociodemographic, pathogens, enteroparasitosis.

INTRODUCCIÓN

Parrales et al. (2022) menciona basándose en la Organización Mundial de la Salud que alrededor del mundo existen 3.500 millones de personas parasitadas y que aproximadamente 450 millones presentan una infección parasitaria donde la mayor proporción afectada es la población infantil. Esta estimación enfatiza la enorme carga global de estas enfermedades, afectando en mayor medida a los países con menor desarrollo y sistemas de salud frágiles.

Según la organización publica de la salud (2024) en Latino América por ser un continente endémico y sub desarrollo “Se estima que aproximadamente 46 millones de

niños están en riesgo de infección, lo que subraya la magnitud del problema en la población pediátrica" lo que da a conocer que las condiciones ambientales y prácticas de higiene son deficientes. Esta situación se ve agravada por las condiciones ambientales precarias y la escasa educación en prácticas de higiene personal y comunitaria.

De acuerdo con Murillo et al. (2020) la infección por ciertos tipos de parásitos que afectan a la población infantil, como *Trichuris trichiura* y los *Ancylostomideos*, puede provocar anemia, lo que a su vez contribuye a deficiencias nutricionales, incluyendo la de vitamina A. Estas alteraciones afectan negativamente el crecimiento, el estado nutricional y el desarrollo físico y cognitivo de los menores. Además, las consecuencias pueden ser persistentes y limitar el desarrollo integral de los niños desde edades muy tempranas.

Según el Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública (2024) las enteroparasitosis forman parte de un problema significativo para la salud pública, principalmente en países que se encuentran en proceso de desarrollo como lo es Ecuador, por lo que, las infecciones parasitarias afectan constantemente a la población infantil, lo que comprende consecuencias graves tanto para la salud como para el crecimiento integral de esta población. Mostrando un enfoque destaca que el control de la parasitosis debe ser una prioridad para las políticas sanitarias y educativas del país.

Castro et al. (2021) indican que, según los datos estadísticos del Ministerio de Salud Pública del Ecuador correspondientes al año 2016, las parasitosis intestinales ocuparon el cuarto lugar entre las principales causas de morbilidad ambulatoria en la provincia de Manabí. Dentro de esta, el cantón Jipijapa se destacó por registrar la segunda mayor incidencia, lo que resalta la magnitud del problema en esa zona.

"Las enteroparasitosis se ven más frecuentes en zonas que se encuentran en subdesarrollo, principalmente por la falta de instalaciones sanitarias, agua potable, siendo estos factores que facilitan la contaminación y propagación de parásitos" (Aguaiza Pichasaca, 2022). Esto reafirma que las condiciones de infraestructura básica son determinantes críticos para el control o perpetuación de estas infecciones en las comunidades vulnerables.

Según Malik (2023) cuando se manifiestan, los síntomas pueden variar desde problemas digestivos como diarrea, dolor abdominal, estos síntomas no solo alteran la salud física del niño, sino que también pueden comprometer su estado nutricional y su capacidad de concentración, generando un impacto negativo en su rendimiento escolar y en su desarrollo integral, especialmente en contextos vulnerables donde el acceso a

servicios de salud es limitado. Así, el efecto de la parasitosis trasciende lo clínico y afecta el desarrollo humano en múltiples dimensiones.

Estas infecciones pueden afectar negativamente el estado nutricional de los niños, ya que los parásitos compiten por nutrientes y pueden causar anemia, malabsorción, lo que lleva a desnutrición y retraso en el crecimiento (Andrade Trujillo et al. 2022). La alteración en el estado nutricional y metabólico incrementa la vulnerabilidad de los infantes frente a otras enfermedades infecciosas o carenciales.

El objetivo del presente estudio fue analizar la prevalencia de parásitos intestinales y factores de riesgo de las enteroparasitosis en una unidad educativa de la comunidad la sequita del cantón Montecristi. La investigación en este campo puede proporcionar datos vitales para comprender mejor la magnitud del problema y sus consecuencias a largo plazo.

DESARROLLO

Ciclo de vida de los parásitos

“Los principales agentes etiológicos se dividen en dos grupos, helmintos y protozoos, están entre las causas más comunes de infecciones trasmitidas al ser humano y otros animales. Las enfermedades que ocasionan tienen una gran repercusión socioeconómica y en salud pública (Amparo, 2020). Esta afirmación pone en evidencia que la persistencia de las enteroparasitosis está estrechamente vinculada a condiciones de pobreza y a la carencia de servicios básicos, lo que las convierte en un problema prioritario de salud pública que debe abordarse mediante estrategias de prevención.

“Entre los helmintos más frecuentes se encuentran *Áscaris lumbricoides*, *Enterobius vermicularis* y *Trichuris trichiura*, mientras que los protozoos más comunes incluyen *Giardia lamblia*, *Entamoeba histolytica* y *Cryptosporidium spp*” (Maset, 2024). Esta clasificación ayuda a enfocar el diagnóstico y control, ya que cada grupo posee características biológicas particulares, incluyendo formas infectantes específicas y mecanismos de transmisión distintos que determinan sus ciclos de vida.

Entamoeba histolytica (Amebiasis)

Protozoo anaerobio que provoca la amebiasis, una patología capaz de generar disentería grave y abscesos hepáticos. El ciclo de vida de comienza cuando una persona ingiere quistes maduros a través del consumo de agua o alimentos contaminados. En el

intestino delgado, los quistes experimentan un proceso de desenquistamiento, liberando trofozoítos que migran hacia el intestino grueso (National Institutes of Health, 2024).

“El quiste es la forma de resistencia y transmisión del parásito. Tiene una estructura esférica, mide entre 10 y 15 micras y contiene de uno a cuatro núcleos” (Hughes et al. 2022). Esta forma le permite sobrevivir en el ambiente fuera del cuerpo humano y facilita su propagación. La identificación microscópica de los quistes, especialmente por su número de núcleos, es crucial para el diagnóstico diferencial con otras especies no patógenas del mismo género.

Giardia lamblia

Zavala et al. (2021) afirman que el ciclo de vida de *Giardia lamblia* incluye dos fases principales quiste y trofozoíto, la infección se inicia al ingerir quistes maduros presentes en alimentos o agua contaminada, al llegar al intestino delgado, estos quistes se desenquistan y liberan trofozoítos, los cuales se fijan a la mucosa intestinal utilizando su disco ventral. Esta interferencia provoca síntomas como diarrea y malabsorción.

El Instituto Nacional de Seguridad y Salud de Trabajo (2022) detallan que el quiste de *Giardia* tiene forma ovalada, mide entre 8 y 12 micras de longitud y entre 7 y 10 micras de ancho. El trofozoíto, por su parte, es la forma móvil y activa del parásito; mide entre 10 y 20 micras y posee una forma piriforme o en lágrima. Estas características morfológicas permiten su identificación microscópica, lo cual es clave en el diagnóstico de giardiasis.

Entamoeba coli

“La infección comienza cuando los quistes son ingeridos, ya sea por contacto directo (vía fecal-oral) o indirectamente a través del consumo de agua, alimentos o el uso de utensilios contaminados con materia fecal, además de una higiene inadecuada” (Cociancic, et al. 2023). Aunque se trata de una especie comensal y no patógena, su presencia indica exposición a condiciones de riesgo sanitario.

Según Cociancic et al. (2020), los trofozoítos de *E. coli* son móviles y activos, con un tamaño que oscila entre 15 y 50 micras. Los quistes maduros miden entre 10 y 35 micras y se diferencian fácilmente de otras especies por contener hasta ocho núcleos. Esta característica diagnóstica es importante para evitar confusión con especies patógenas como *E. histolytica*, ya que requieren enfoques clínicos distintos.

Hymenolepis nana

Este cestodo es un parásito intestinal humano que causa himenolepiasis. Su ciclo es único porque no necesita hospedador intermedio cuentan con prevalencias que oscilan entre el 1% y el 25% en diferentes regiones. En áreas endémicas, la prevalencia puede alcanzar hasta el 50%, especialmente en niños (Peralta et al, 2023). Dada a su característica incrementa el riesgo de autoinfección persistente.

Marcelino et al. (2023) explican que la infección ocurre al ingerir huevos embrionados presentes en alimentos o agua contaminados. Una vez en el intestino delgado, los huevos liberan oncosferas que penetran las vellosidades intestinales y se transforman en cisticercoides en aproximadamente 72 horas, este desarrollo rápido dentro del mismo hospedador favorece ciclos repetitivos de infección, incluso sin contacto externo adicional.

Hymenolepis diminuta

Es un cestodo que requiere un hospedador intermediario, como pulgas o escarabajos, para completar su ciclo de vida. En humanos, la infección es poco frecuente y se produce de manera accidental, principalmente por la ingestión de insectos contaminados presentes en alimentos mal almacenados, especialmente cereales o granos (Peralta et al. 2021). Lo cual convierte su transmisión en un problema de seguridad alimentaria en contextos rurales.

Tabla 1
Clasificación de enteroparásitos

Agentes	Patógenos	Comensales
Protozoos	Amebas	Entamoeba histolytica
		Entamoeba coli
		Endolimax nana
Flagelados	Giardia Lambia	
	Ciliados	Balantidium coli
Cromista		Blastocystis hominis

Agentes	Patógenos	Comensales
Agentes	Patógenos	Comensales
Helmintos	Nematodos Enterobius vermicularis (Oxiurus), Ascaris lumbricoide, Trichuria trichuria, Strongyloides stercoris	Rhabditis
Cestodos	Taenia solium, T. saginata, Hymenolepis nana, diminuta	Diphyllobothrium latum

Nota. Los enteroparásitos pueden clasificarse en diferentes grupos según su naturaleza biológica y su relación con el huésped. La clasificación que se presenta distingue principalmente entre protozoos y helmintos, y dentro de estos, se subdividen en agentes patógenos y comensales.

METODOLOGÍA DEL ESTUDIO

Esta investigación tiene un enfoque cuantitativo, observacional, descriptiva y transversal. Su objetivo fue analizar la prevalencia y los tipos de enteroparásitos intestinales en la población infantil de una zona rural, permitiendo la recolección de datos a través de la observación junto a los análisis de laboratorio durante períodos de tiempo específicos, evitando así la manipulación de variables.

La población del estudio estuvo compuesta por 133 niños de entre 3 a 11 en una institución anonimizada en una comunidad rural de Montecristi, Manabí. Esto incluyó a infantes en edad preescolar y escolares. Se realizó un muestreo aleatorio amplio después de asegurarse de que los tutores legales habían firmado los documentos de consentimiento informado.

Se aplicaron niveles de inclusión entre ellos solo niños de 3 y 11 años edad que estaban matriculados en la institución que contaban con el consentimiento informado debidamente firmado por su representante legal. Se excluyeron aquellos que habían recibido tratamiento antiparasitario con un rango de cuatro semanas anteriores al estudio, así como los que no entregaron su muestra fecal en el tiempo estipulado.

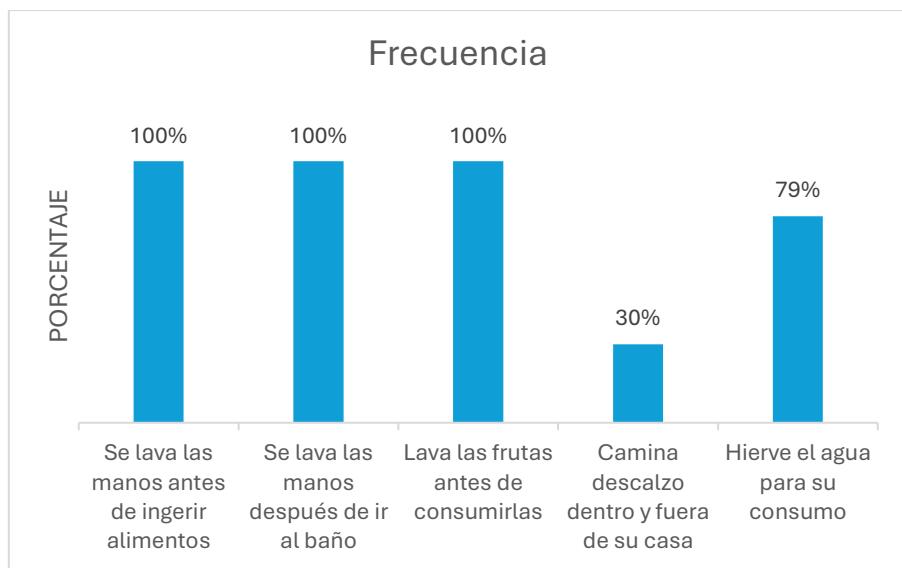
Para analizar las muestras de heces, se aplicaron dos métodos de diagnóstico coproparasitario, examen directo en fresco, que emplea solución salina y lugol. La técnica de concentración de Ritchie modificada, esta utiliza solución formalina y gasolina para facilitar la detección de quistes, trofozoítos y huevos de parásitos. Se reconoce que esta técnica tiene una sensibilidad diagnóstica superior en comparación con el método directo, lo que permite identificar infecciones incluso con una baja carga parasitaria.

Este estudio recibió la aprobación del Comité de Ética de Investigación en Seres Humanos (CEISH-Uleam). Todos los procedimientos se llevaron a cabo siguiendo los principios éticos de la Declaración de Helsinki. Se garantizó la confidencialidad y el anonimato de los participantes utilizando códigos alfanuméricos en lugar de nombres. Además, la participación fue completamente voluntaria, sin riesgo para los menores, y no se realizaron tratamientos ni procedimientos invasivos. A cada representante legal se le proporcionó una hoja con los resultados individuales junto con recomendaciones generales sobre higiene y prevención de parasitosis.

RESULTADOS

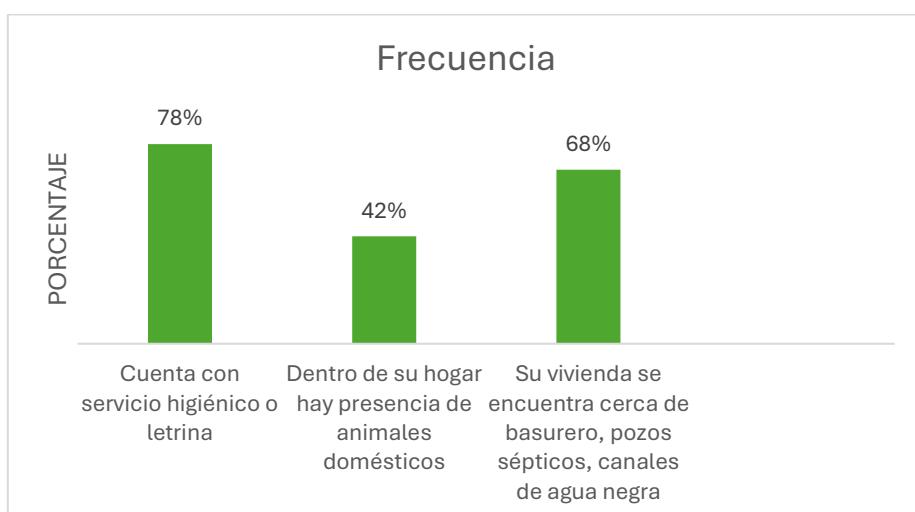
El presente estudio se desarrolló en una zona rural de Manabí, enfocándose en niños en edad preescolar y escolar, para su desarrollo se incluyó la recolección de datos sociodemográficos mediante encuestas estructuradas y el análisis coproparasitario de muestras fecales obtenidas con consentimiento informado, esta doble estrategia permitió abordar, de manera integral, tanto los factores de riesgo como la identificación de los agentes infecciosos presentes en la población infantil.

Figura 1
Práctica de higiene reportada



Los datos recogidos a través de la encuesta sociodemográfica revelan factores conductuales que podrían explicar la prevalencia parasitaria en el cual se observó que un gran número de hogares no cuenta con acceso permanente a agua potable ni con un sistema adecuado de eliminación de excretas, lo que puede favorecer la circulación de quistes y huevos parasitarios en el entorno doméstico. Estas condiciones en infraestructura sanitaria básica están directamente relacionadas con el tipo de parásitos encontrados, principalmente protozoarios como *E. coli* y *G. lamblia*, microorganismos cuya transmisión fecal-oral se ve facilitada en contextos donde la infraestructura sanitaria es deficitaria, perpetuando así el ciclo de infección en la comunidad estudiada.

Figura 2
Condiciones ambientales del hogar



En cuanto a la tenencia de mascotas, el estudio evidencio, principalmente quienes convivan con perros, gatos u otros animales domesticados, muchos de los cuales disponen de libre movilidad tanto en espacios interiores como exteriores de las viviendas. Esta convivencia estrecha con mascotas carentes de adecuada supervisión veterinaria constituye un potencial mecanismo de transmisión parasitaria, particularmente para Giardia lamblia, organismo reconocido por su capacidad zoonótica.

El contacto recurrente con suelos contaminados por deposiciones animales, sumado a prácticas insuficientes de higiene domiciliaria, configura un factor adicional que incrementa la vulnerabilidad a infecciones parasitarias. Los hallazgos sugieren una correlación indirecta entre la tenencia de animales domésticos y la prevalencia de parasitosis intestinal, evidenciando la necesidad imperativa de estrategias educativas integrales que aborden simultáneamente las prácticas de higiene personal junto al manejo responsable de mascotas en el entorno domiciliario.

Tabla 2
Distribución porcentual de enteroparasitos identificados

	Especie	Cantidad	Frecuencia
PROTOZOOS	E. COLI	20	38%
	Giardia Lamblia	12	23%
	E. HISTOLYTICA	15	29%
HEMILTON -CESTODOS	HYMENOLEPIS NANA	3	6%
	HYMENOLEPIS DIMINUTA	2	4%
	TOTAL	52	100%

El análisis sugiere que los protozoarios tienen una mayor capacidad de persistencia y transmisión en el entorno estudiado, esto podría estar relacionado con la contaminación del agua y los alimentos, condiciones que favorecen la presencia de quistes viables en los hogares dentro de la comunidad. Así que, queda claro que los protozoarios no solo eran más numerosos, sino también más diversos en comparación con los helmintos.

Una tabla de higiene personal interpretada a partir de las respuestas revela que, aunque el 100% de los participantes declaró practicar el lavado de manos previo a la alimentación, sugiriendo posibles deficiencias en la técnica empleada o en la calidad del agua utilizada. Adicionalmente, se documentó un consumo significativo de alimentos sin adecuada higienización o procesamiento térmico, así como la costumbre frecuente de

deambular descalzos. Estas prácticas constituyen vías potenciales de transmisión parasitaria, particularmente para aquellos agentes cuyo ciclo biológico incluye estadios en el suelo o que se propagan mediante contaminación alimentaria.

DISCUSIÓN

Los resultados obtenidos permiten evidenciar que los factores sociodemográficos desempeñan un papel crucial en la transmisión de enteroparásitos en la población infantil de la comunidad rural estudiada. Se observó que el acceso irregular al agua potable, la eliminación deficiente de excretas y la convivencia con animales domésticos sin control veterinario son condiciones que favorecen el contacto con agentes patógenos. Asimismo, se interpreta que el hábito de caminar descalzos y la aplicación inadecuada de medidas de higiene personal, como el lavado de manos, contribuyen a la exposición constante a ambientes contaminados.

Esta situación se relaciona con lo planteado por Durán et al. (2023), quienes destacan que factores como la pobreza, la falta de conocimiento sobre mecanismos de infección, la desnutrición y el deficiente saneamiento básico están directamente asociados con la persistencia de parasitosis intestinales. De manera similar, se infiere en este estudio que la falta de tratamiento del agua para consumo constituye un factor determinante en la presencia de infecciones intestinales por protozoarios y helmintos, como lo reflejan los datos de la encuesta sociodemográfica aplicada.

En cuanto a los hallazgos parasitológicos, se establece que las infecciones por protozoarios fueron más frecuentes que las causadas por helmintos, este comportamiento coincide con lo reportado por Murillo et al. (2020), quienes argumentan que la parasitosis en la población infantil ecuatoriana se sitúa dentro de un rango moderado y es mayormente atribuible a protozoos intestinales, en este estudio, *Entamoeba coli*, *Entamoeba histolytica/dispar* y *Giardia lamblia* fueron las especies más recurrentes en las muestras analizadas.

Se destaca además una concordancia con el estudio de Alebie Mesfin et al. (2025) realizado en Etiopía, donde también se identificó una mayor prevalencia de protozoarios en niños menores de cinco años con cuadros diarreicos ambos casos, se sugiere que la transmisión fecal-oral es el principal mecanismo de diseminación, lo cual se ve intensificado por el consumo de agua no tratada y el deficiente manejo de alimentos, estos

elementos refuerzan la hipótesis de que la situación sanitaria influye directamente sobre la circulación de estos agentes.

El predominio de protozoarios se asocia con su mayor capacidad de resistencia en el ambiente y su modo de transmisión más inmediato. Por el contrario, la menor frecuencia de helmintos como *Hymenolepis nana* podría explicarse por la implementación periódica de campañas de desparasitación en la comunidad, no obstante, se reconoce que la baja detección también puede estar condicionada por la sensibilidad de las técnicas empleadas, lo que sugiere la necesidad de combinar métodos diagnósticos complementarios para mejorar la precisión de los resultados.

En relación con las técnicas utilizadas, se analizaron dos métodos coproparasitarios: el examen directo en fresco y la técnica de concentración de Ritchie modificada, el examen directo permitió identificar trofozoítos móviles en muestras recientes, aunque se limitó en casos de baja carga parasitaria. Khanna et al. (2014) afirman que, aunque este método es práctico y económico, puede resultar poco confiable si la preparación se seca rápidamente, lo que dificulta la visualización de larvas y otros elementos morfológicos.

Como alternativa, se implementó la técnica de concentración de Ritchie modificada, la cual se reconoce por su mayor sensibilidad en la recuperación de estructuras parasitarias en muestras de baja densidad. Según Cardona Arias et al. (2013), esta técnica permite una observación más precisa al eliminar residuos que interfieren con la identificación microscópica, gracias al uso de soluciones como formol-éter y una mayor cantidad de muestra procesada. Esto respalda su elección como prueba de referencia para estudios epidemiológicos.

Finalmente, Rosales Rimache et al. (2020) refuerzan la utilidad diagnóstica de la técnica de Ritchie, al reportar un rendimiento del 100% en la detección de protozoarios. Se concluye, por tanto, que la aplicación de este método resultó clave para validar los hallazgos parasitológicos en el presente estudio, especialmente en una población vulnerable donde los niveles de infección pueden variar significativamente dependiendo de la técnica utilizada.

CONCLUSIONES

Los hallazgos obtenidos en este estudio permitieron establecer una relación directa entre las condiciones sociodemográficas de la población infantil junto la presencia de enteroparásitos, se notó que factores como la convivencia con animales domésticos sin

supervisión, continua frente a una exposición a suelos contaminados, falta de infraestructura sanitaria adecuada también la cercanía de las viviendas a fuentes de contaminación, como basureros o canales de aguas residuales pueden influir en la persistencia de estas infecciones, si bien los participantes manifestaron tener hábitos de higiene como el lavado de manos, así como la higiene de alimentos estos resultaron insuficientes frente a las condiciones estructurales del medio, lo que demuestra que los factores sociales y ambientales juegan un papel importante en la transmisión de parásitos.

Se logró identificar las especies de enteroparásitos que están presentes en la población estudiada, se ha confirmado la presencia de una variedad de protozoarios, así como de algunos helmintos, en las muestras analizadas siendo los protozoarios los más comúnmente detectados, el análisis permitió entender de mejor manera el perfil de las infecciones parasitarias en la comunidad infantil de la zona rural estudiada, por lo tanto la información es clave para abordar el problema sirviendo como base para diseñar futuras intervenciones en salud pública en relación a la educación preventiva dirigidas a reducir la carga parasitaria en este grupo vulnerable, dado el manifiesto que estas infecciones siguen siendo un problema constante, es importante continuar fortaleciendo las acciones preventivas y educativas para salvaguardar la salud infantil.

REFERENCIAS

- Andrade Trujillo, C., Párraga Acosta, J., Guallo Paca, M. y Abril Merizalde, L. (junio de 2022). Anemia, estado nutricional y parasitosis intestinales en niños de hogares de Guayas. *Boletín de Malariología y Salud Ambiental*, 62(4).
doi:<https://doi.org/10.52808/bmsa.7e6.624.010>
- Aguaiza Pichasaca, M. (2022). Prevalencia de parasitosis intestinal, condiciones socio-sanitarias y estado nutricional de niños indígenas de Ecuador. *kasmera*, 50(1), 4.
doi:[10.5281/zenodo.5824422](https://doi.org/10.5281/zenodo.5824422)
- Amparo. (mayo de 2020). El agua como factor de riesgo para la transmisión de protozoarios y helmintos. *Plus Economía*, 8(1).
<https://revistas.unachi.ac.pa/index.php/pluseconomia/article/view/442>
- Cardona Arias, J. A. y Bedoya Urrego, K. (2013). Frecuencia de parásitos intestinales y evaluación de métodos para su diagnóstico en una comunidad marginal de Medellín, Colombia. *IATREIA*, 26(3).
<https://revistas.udea.edu.co/index.php/iatreia/article/view/14286/13593>

- Castro Jalca, J., Castillo Tumbaco, M. y Herrera Achig, D. (2021). Características sociodemográficas y clínicas asociadas a la infección parasitaria intestinal en los habitantes de la comuna Joa y Chade del Cantón Jipijapa. *Science And Research*, 6(2). doi:<https://doi.org/10.5281/zenodo.5509786>
- Cociancic, P. y Navone, G. (2023). Entamoeba coli (parásito intestinal no patógeno). En P. Cociancic y G. T. Navone, *Protozoos parásitos de importancia sanitaria: un abordaje transdisciplinario* (pp. 23-27). Editorial de la Universidad Nacional de La Plata (EDULP). <http://sedici.unlp.edu.ar/handle/10915/155254>
- Hughes, R., Richardson, D. y Fitzpatrick, C. (Noviembre de 2022). Factores asociados con la proctocolitis por Entamoeba histolytica en hombres que tienen sexo con hombres: una revisión sistemática. *BMJ*, 15(4). doi:<https://doi.org/10.1136/flgastro-2024-102641>
- Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública. (2024). *INSPI*. Recuperado el 14 de julio de 2024, de <https://www.investigacionsalud.gob.ec/el-programa-propad-del-inspi-visita-escuelas-de-la-provincia-de-cotopaxi-para-diagnosticar-parasitos-desatendidas/#:~:text=Las%20parasitosis%20intestinales%20son%20un,se%20asocian%20a%20la%20desnutrici%C3%B3n>
- Instituto Nacional de Seguridad y Salud de Trabajo. (22 de febrero de 2022). *Insst*. <https://www.insst.es/agentes-biologicos-basebio/parasitos/giardia-lamblia>
- Khanna, V., Tilak, K., Rasheed, S. y Mukhopadhyay, C. (2014). Identificación y conservación de parásitos intestinales mediante la montura de azul de metileno-glicerol: un nuevo enfoque para la microscopía de heces. *PUBMED*. doi:<https://doi.org/10.1155/2014/672018>
- Malik, Z. (15 de marzo de 2023). *msdmanuals*. Recuperado el 14 de julio de 2024. <https://www.msdmanuals.com/es/hogar/trastornos-gastrointestinales/malabsorci%C3%B3n/introducci%C3%B3n-a-la-malabsorc%C3%B3n>
- Marcelino, L. A., Figueroa, B. R., Guzmán, G. O., Galvez, B. M., Garfias, C. R. & Viladomat, G. R. (Marzo de 2023). Hymenolepasis. *Unique Scientific Publishers*, 3(122-127).
- Maset, J. (22 de abril de 2024). *cinfosalud*. <https://cinfosalud.cinfa.com/p/parasitos-intestinales-mas->

frecuentes/#:~:text=Estos%20se%20clasifican%20en%20dos,afecta%20a%20la%20%20poblaci%C3%B3n%20pediatr%C3%ADca.

Mesfin, A., Gelaye, W. y Alemu, G. (2025). Infecciones intestinales por protozoos y factores asociados entre los niños menores de cinco años con diarrea en el distrito de Borena, Etiopía central. *ELSEVIER*, 28.
doi:<https://doi.org/10.1016/j.parepi.2025.e00408>

Murillo Zavala, A., Rivero, Z. y Bracho Mora, A. (2020). Parasitosis intestinales y factores de riesgo de enteroparasitosis en escolares de la zona urbana del cantón Jipijapa, Ecuador. *KASMERA*, 48(1). doi:<https://doi.org/10.5281/zenodo.3754787>

Murillo-Zavala, A., Zavala Hoppe, A. y Caicedo-Falconez, A. (2021). Epidemiología y diagnóstico en Latinoamérica de Giardia Lamblia. *Polo del conocimiento*, 6(3).
doi:[10.23857/pc.v6i3.2705](https://doi.org/10.23857/pc.v6i3.2705)

National Institutes of Health. (Mayo de 2024). *Manual MSD versión para profesionales*.
<https://www.msdmanuals.com/es/professional/enfermedades-infecciosas/protozoos-intestinales-y-microsporidias/amebiasis>

National Institutes of Health. (29 de Agosto de 2024). *Medlineplus*.

<https://medlineplus.gov/spanish/ency/article/000298.htm>

Organización Pública de Salud. (24 de Julio de 2024). *Paho*.

<https://www.paho.org/es/temas/geohelmintiasis#info>.

Parrales, J., Pilco, T., Pin, A. & Duran, Y. (2022). Study of the prevalence of intestinal parasitoses in latin america. *Scientific MQR Investigar*, 6(3), 2 - 4.
doi:<https://doi.org/10.56048/MQR20225.6.3.2022.1373-1395>

Peralta, R. D., Cepeda, G. E., Castro, D. P., Echeverría, E. O., Burnham, E. X., Mazamba, M. d., . . . Pedro. (2021). Presencia de Hymenolepis nana y diminuta en roedores de la ciudadela las Piñas, Milagro Ecuador y su riesgo en salud pública. *Revista mexicana de ciencias pecuarias*, 11(1124).

Peralta, R. D., Mazamba, M. d., Gómez, B. J., Collaguaz, D. M., Landires, E. A., & Ramallo, G. (2023). *Himenolepasis causada por Hymenolepis nana en humanos e infección natural en roedores en un sector urbano marginal de Guayaquil, Ecuador*. National Institutes of Health: <https://surl.li/dvvext>

Rimache, J. A. (2020). Comparación de tres métodos de concentración de enteroparásitos en muestras fecales humanas. *Revista cubana de medicina tropical*, 72(2), 1-5.

[http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0375-07602020000200008#:~:text=Unas%20de%20las%20t%C3%A9cnicas%20de,un%20alto%20contenido%20de%20grasa.](http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0375-07602020000200008#:~:text=Unas%20de%20las%20t%C3%A9cnicas%20de,un%20alto%20contenido%20de%20grasa)

Rosales Rimache, J. A. y Bautista Manchego, K. M. (2020). Comparación de tres métodos de concentración de enteroparásitos en muestras fecales humanas. *Revista cubana de medicina tropical*, 72(2).

http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0375-07602020000200008

CAPÍTULO V

Gen HLA-CW6 como factor genético en pacientes con psoriasis

HLA-CW6 gene as a genetic factor in patients with psoriasis

Vialy Nayerli Mero Andrade

<https://orcid.org/0009-0002-6426-6628>

17nayerliandrade@gmail.com / e0804339760@live.uleam.edu.ec

Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí, Ecuador

Josselyn Irene Mendoza Macías

<https://orcid.org/0000-0002-9325-2017>

josselyni.mendoza@luleam.edu.ec

Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí, Ecuador

RESUMEN

El gen HLA-Cw6 es uno de los principales factores genéticos de predisposición a la psoriasis, una enfermedad inflamatoria, multisistémica y considerada autoinmune. El estudio tuvo como objetivo evaluar el valor predictivo del gen HLA-Cw6 en la psoriasis con la finalidad de relacionar su predisposición genética, la interacción entre los factores genéticos y la fisiopatología de la enfermedad. La metodología de esta investigación se basó en una revisión documental de artículos de revistas publicadas entre 2015 y 2025, utilizando bases de datos académicas y aplicando criterios de inclusión y exclusión por método Prisma. Se analizaron 45 referencias científicas con énfasis en genética e inmunología de la Ps. Entre los hallazgos relevantes indicaron que el gen HLA-Cw6 está presente en el 90% de los pacientes con psoriasis de inicio temprano de la enfermedad y el 50% de los pacientes con psoriasis de inicio tardío, además la presencia de este alelo se correlaciona una mayor severidad clínica. Finalmente, esta revisión destaca el gen HLA-Cw6 como marcador genético clave en la Ps, en términos fisiopatológicos el gen HLA-Cw6 participa en la presentación de autoantígenos a los linfocitos T lo que conlleva a la sobreexpresión de citoquinas proinflamatorias, provocando hiperproliferación de queratinocitos.

Palabra claves: Autoinmune – Multisistémica – Predisposición – Citoquinas – Linfocitos

Abstract

The HLA-Cw6 gene is one of the main genetic factors that predispose to psoriasis, an inflammatory, multisystemic, and autoimmune disease. The study aimed to evaluate the predictive value of the HLA-Cw6 gene in psoriasis in order to relate its genetic predisposition, the interaction between genetic factors, and the pathophysiology of the disease. The methodology of this research was based on a documentary review of journal articles published between 2015 and 2025, using academic databases and applying inclusion and exclusion criteria according to the Prisma method. Forty-five scientific references were analyzed with an emphasis on the genetics and immunology of PsA. Relevant findings indicated that the HLA-Cw6 gene is present in 90% of patients with early-onset psoriasis and 50% of patients with late-onset psoriasis; in addition, the presence of this allele is correlated with greater clinical severity. Finally, this review highlights the HLA-Cw6 gene as a key genetic marker in Ps. In pathophysiological terms, the HLA-Cw6 gene participates in the presentation of autoantigens to T lymphocytes, which leads to the overexpression of proinflammatory cytokines, causing keratinocyte hyperproliferation.

Keywords: Autoimmune - Multisystemic - Predisposition – Cytokines – Lymphocytes

INTRODUCCIÓN

La psoriasis es una afección inflamatoria crónica de la piel que a menudo se asocia con manifestaciones sistémicas, es una condición multifactorial de pacientes genéticamente sensibles que se presenta por varios mecanismos de producción (Pérez et al., 2022), estos desencadenantes pueden incluir el estrés, infección por algún microorganismo, consumo de drogas, traumas físicos, fumar y algunos factores genéticos. Además, se evidencia importancia de una predisposición genética respaldada por la aparición familiar de la enfermedad (Aristizabal y Veláquez et al., 2024)

La prevalencia de esta enfermedad autoinmune a nivel mundial afecta al 1-3% de la población en general que corresponde aproximadamente a 125 millones de individuos (International Psoriasis Council et al., 2021). En Ecuador se han aumentado considerablemente los casos en los últimos años, según los datos estadísticos del 2020 del INEC, las provincias con mayores egresos de psoriasis son Manabí y Guayas (INEC et al., 2022).

El tipo de herencia de esta enfermedad es complejo por lo que se han estudiado varios genomas localizados en áreas asociadas con la susceptibilidad a la psoriasis denominadas PSORS (susceptibilidad a la psoriasis). Dentro de HLA (Antígeo leucocitario humano), encontramos el alelo Cw6 que es la señal genética más fuerte encontrada en la psoriasis ubicada en el PSORS1 (Goribar et al., 2018). El papel del HLA-Cw6 en la patogénesis de psoriasis no se comprende completamente, se ha propuesto que estaría involucrado en la presentación de antígenos que no están completamente caracterizados y varios estudios han demostrado que HLA-Cw6 es uno de los mayores factores de riesgo para el desarrollo de la enfermedad (Aleem y Tohid et al., 2018).

Se propone evaluar el valor predictivo del gen HLA-Cw6 en la psoriasis, con el objetivo de analizar la interacción entre los factores genéticos y la fisiopatología de esta enfermedad inflamatoria crónica. Para alcanzar este propósito, se plantean como objetivos específicos: describir la condición fisiopatológica de la psoriasis, destacando el papel de los genes predisponentes; detallar la función del gen HLA-Cw6 en las respuestas inmunitarias observadas en pacientes con esta patología; y comparar la presencia de los factores genéticos más relevantes con la aparición y el desarrollo fisiopatológico de la psoriasis.

DESARROLLO

Generalidades de la Psoriasis

La psoriasis es una enfermedad cutánea inflamatoria crónica multisistémica cuya afección puede afectar de forma predominante en la piel y articulaciones, además de ser considerada autoinmune con una patogénesis compleja que involucra los componentes inmunológicos, genéticos y factores ambientales (Alfaro et al., 2015). Es asociada con numerosas comorbilidades como enfermedades cardiovasculares, síndrome metabólico, artritis psoriásica y obesidad. El sobrepeso puede interferir con el tratamiento médico utilizado para la psoriasis y agrava el perfil de riesgo cardiovascular en estos pacientes, lo que subraya la importancia de regímenes eficaces de control de peso (González et al., 2019).

Además, puede presentarse de forma lenta y repentina, por lo general el rango de edad de la aparición de esta enfermedad va desde los 15 años hasta los 35, es una enfermedad compleja debido a que desaparece y vuelve a reactivarse de forma imprevista (Jami y Gúzman et al., 2025).

Los tipos de psoriasis varían según su forma y zona donde se manifiesten las lesiones, el tipo más común es la psoriasis en placas que produce manchas secas y elevadas en la piel que se encuentran cubiertas por descamación micácea plateada bien delimitadas; es posible que se presenten en codos, rodillas, pliegues interglúteo o cuero cabelludo, pocas en algunas zonas del cuerpo o varias placas según el avance de la enfermedad, cuando las placas desaparecen, la piel afectada podría provocar hipopigmentación o hiperpigmentación (Baliwag et al., 2015).

Otros tipos de psoriasis que podemos encontrar es en gota o eruptiva es presentada mayormente en niños y adultos jóvenes como pequeñas manchas en forma de gota en el torso, los brazos o las piernas, estas manchas suelen estar cubiertas por una escama fina (Goribar et al., 2018). La psoriasis inversa afecta regiones intertriginosas como axila, ingle, región submamaria y el ombligo provocando manchas lisas de la piel inflamada. La psoriasis pustulosa provoca llagas claramente definidas y llenas de pus, pueden presentarse en forma de manchas extendidas o en zonas más pequeñas de la palma de la mano o la planta de los pies, este tipo de psoriasis puede desarrollarse rápidamente con la aparición de ampollas a las pocas horas de producirse inflamación e irritación en la piel (Flores et al., 2017).

El diagnóstico es principalmente clínico y rara vez se requiere una biopsia de piel, dependiendo de la gravedad de la enfermedad, se puede iniciar el tratamiento adecuado (Whan y Kim et al., 2017). Para la enfermedad leve a moderada, el tratamiento de primera línea consiste en terapias tópicas que incluyen corticosteroides, análogos de la vitamina D3 y productos combinados. Estos tratamientos tópicos son eficaces y pueden ser iniciados y prescritos de forma segura por médicos de atención primaria. Los pacientes con síntomas más graves y refractarios podrían requerir una evaluación adicional por parte de un dermatólogo para terapia sistémica (Quiroz y Vergara et al., 2017).

Factor genético de la psoriasis e importancia del GEN HLA-CW6

El factor genético de la psoriasis se refiere a la predisposición hereditaria que tiene una persona a desarrollar esta enfermedad. Esto significa que ciertas personas nacen con genes específicos que aumentan su probabilidad de padecer psoriasis, especialmente cuando se combinan con ciertos factores ambientales (como infecciones, estrés, medicamentos, entre otros). El hecho de que uno de tus padres tengas psoriasis aumenta

el riesgo de que adquieras la enfermedad, si ambos padres presentan la patología este riesgo aumenta aún más (Espinoza, Gallardo y López et al., 2025).

La psoriasis es una enfermedad con bases genéticas importantes, su heredabilidad se estima entre el 60-90%. Uno de los principales factores genéticos asociados con la psoriasis es la presencia de ciertos alelos del complejo mayor de histocompatibilidad (MHC), específicamente dentro del locus HLA (Human Leukocyte Antigen). Entre ellos, el alelo HLA-Cw6 es el más fuertemente asociado con la psoriasis vulgar o psoriasis en placas (Fernández et al., 2019).

El gen HLA-Cw6 ha sido identificado como un marcador genético de susceptibilidad a la psoriasis estrechamente asociado a la patología, este locus se ha observado tanto en estudios de ligamiento como en GWAS. Su ubicación genética se encuentra en el cromosoma 6p21, dentro del MHC clase I cuya función es la presentación de antígeno (Chen y Tsai et al., 2018).

La importancia del gen HLA-Cw6 como biomarcador en el diagnóstico y pronóstico de la enfermedad ayuda a confirmar la predisposición genética, aunque no se utiliza rutinariamente en el diagnóstico clínico, pero puede explicar un curso más agresivo o formas clínicas atípicas, predecir respuesta terapéutica en algunos casos ya que los pacientes HLA-Cw6 positivos responden mejor a la fototerapia UVB que a ciertos tratamientos biológicos (Tsai et al., 2021).

Otros factores genéticos asociados a la Psoriasis

El HLA-Cw6 es el marcador genético más estudiado, la psoriasis es considerada una enfermedad poligénica y multifactorial lo que implica la participación de otros factores tanto genéticos, ambientales e inmunológicos (Indhumathi et al., 2015). Otros genes implicados en la patología incluyen:

- **Genes del Complejo Mayor de Histocompatibilidad (MHC)**

HLA-Cw6: El gen más fuertemente asociado con la psoriasis, especialmente la de inicio temprano. También se presentan los genes HLA-B13, HLA-B17, HLA-B57, HLA-DR7 relacionados a la susceptibilidad (Chen y Tsai et al., 2018).

- **Gen relacionado con la inmunidad innata y adaptativa**

IL23A / IL23R (interleucina 23 y su receptor): Clave en la diferenciación de linfocitos Th17, fundamentales en la fisiopatología de la psoriasis (Gutiérrez et al., 2015).

- **Genes relacionados con la señalización de citoquinas**

TNIP1 (TNFAIP3 interacting protein 1) modula la vía NF-κB y el inhibidor de NF-κB cuya función es regular la activación de genes inflamatorios (Gonzalez et al., 2018).

- **Genes implicados en la barrera epidérmica**

LCE3B y LCE3C (Late Cornified Envelope genes): la delección de estos genes se ha asociado con susceptibilidad a psoriasis (Chandra y Lahiri et al., 2016).

METODOLOGÍA

Diseño de la investigación

El presente trabajo de investigación es un estudio sistemático de diseño documental que nos permite describir el comportamiento de las variables mediante la selección de análisis de artículos científicos relacionados con el tema utilizando el método Prisma. La información fue recolectado a través de revisión bibliográfica de base de obras públicas en internet como Redalyc, Dialnet, Scopus o artículos de revistas científicas sobre Psoriasis y el gen HLA-Cw6 necesarias para el desarrollo de la investigación.

Los términos para la búsqueda de información fueron: "Psoriasis", "Gen HLA-Cw6", "Epidemiology" y "PSORS1", aplicando los operadores booleanos 'AND' y 'OR' desde los últimos 10 años (a partir de 2015 hasta la actualidad), se seleccionaron 45 referencias bibliográficas que aportaron información y fueron incluidas en la realización del proyecto.

Criterio de inclusión

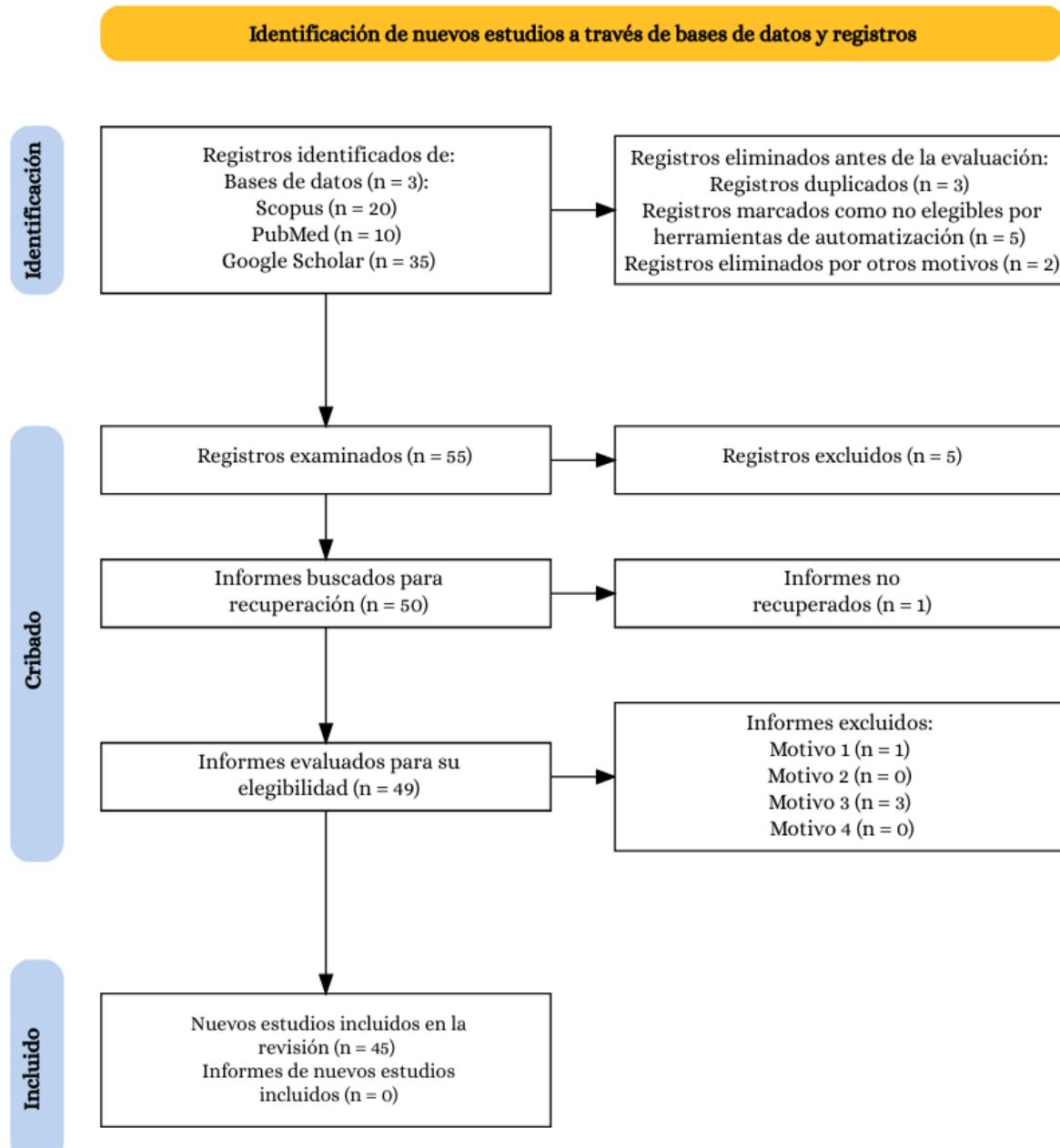
- Tipo de estudio: Estudios originales, revisiones sistemáticas, metaanálisis, ensayos clínicos, estudios de cohortes o casos y controles.
- Periodo de publicación: Estudios publicados entre el año 2015 y 2025
- Población: Estudios realizados en humanos.
- Relevancia temática: Estudios que abordan directamente el gen HLA-Cw6 y psoriasis.
- Acceso al texto completo: Solo artículos con texto completo disponible.

Criterio de exclusión

- Tipo de documento: Resúmenes de congresos, cartas al editor, opiniones, editoriales o comentarios.

- Población no relevante: Estudios en animales o modelos in vitro, salvo que aporten información clave y justificada.
- Periodo de publicación: Estudios publicados antes del año 2015.
- Falta de pertinencia: Estudios que no aborden directamente la pregunta de investigación o el objetivo de la revisión.

Figura 1
Flujograma PRISMA



Consideraciones éticas

Las investigaciones obtenidas en la búsqueda se realizan con cuidado, sujeto a las normas adecuadas, cumpliendo y respetando los derechos de autor, la aplicación de citas y referencias bibliográficas de acuerdo con las Normas (APA) 7ma edición.

RESULTADOS

La psoriasis resulta de una combinación de factores genéticos, ambientales y de otro tipo. Los desencadenantes incluyen el estrés, los microorganismos, consumo de drogas, los traumas físicos, fumar o factores genéticos (alelos HLA, PSORS1-PSORS15, etc). La implicación inmunológica de esta patología asociada con el gen del HLA-Cw6 que codifica las moléculas del complejo mayor de histocompatibilidad (MHC clase I) participando en la presentación de autoantígenos a células T, lo que activa respuestas inmunes autoinflamatorias.

Tabla 1

Reacción del sistema inmunológico frente a la Psoriasis

Nº	Título del artículo	Autor y año	Palabra clave	Metodología
1	Fisiopatología de la psoriasis: una revisión.	Yamanaka, 2021	Citoquinas, IL-17A, Keratinocitos, Psoriasis, T Helper	-----
2	Fisiopatología de la psoriasis y sus aspectos inmunológicos: una revisión sistemática.	Silva, 2021	Psoriasis, Reacción autoinmune, Factores genéticos, Inflamación	Para su desarrollo, se realizaron búsquedas electrónicas en bases de datos como Google Scholar, PubMed, Scielo y Science Direct.
3	Calidad de vida en pacientes con psoriasis.	García & Montiel, 2017	Calidad de vida, Psoriasis, Índice de severidad del área de psoriasis.	Este fue un estudio transversal en 72 pacientes con psoriasis, mayores de 15 años, que aceptaron participar en el estudio. Se aplicó el Índice de Calidad de Vida en Dermatología y el Índice de Severidad de la Psoriasis; se utilizaron estadísticas descriptivas, medidas de tendencia central, dispersión y medidas de correlación.
4	Psoriasis: Desafíos, avances terapéuticos y perspectivas en el tratamiento de una	Espinoza, 2024	Psoriasis, Enfermedad inflamatoria crónica, Tratamiento	Este estudio se clasifica como una investigación documental de tipo bibliográfica, centrada en la recopilación y análisis de literatura científica disponible.

Nº	Título del artículo	Autor y año	Palabra clave	Metodología
	enfermedad inflamatoria crónica.		biológico	
5	Psoriasis: inmunopatogenia y dianas terapéuticas de los tratamientos biológicos.	Guezala, 2017	Psoriasis, inmunopatogenia, sistema inmune, tratamiento biológico	-----
6	Terapias moleculares dirigidas en el tratamiento de psoriasis.	Guezala, 2022	Psoriasis, biológicos, IL17, IL23	La siguiente investigación es una revisión bibliográfica utilizando bibliografías de los últimos 5 años sin filtro de idiomas, mediante diferentes fuentes de investigación como: Pud Med, Scielo, Scopus.
7	Evidencia de un papel de la autoinflamación en la psoriasis en fase temprana.	Fanoni & Venegoni, 2019	Enfermedad autoinflamatoria, citocinas, neutrófilos, piel	Se investigó la piel lesionada de 10 pacientes con psoriasis de inicio reciente y sin tratamiento para la expresión de IL-1 β , IL-17, IL-23 y otras citocinas involucradas en la enfermedad en comparación con la piel normal de 10 controles sanos utilizando un método de matriz de proteínas.
8	Calidad de vida en el paciente con psoriasis.	García & Montiel, 2017	Calidad de vida. Psoriasis. Índice de Severidad de la Psoriasis (PASI).	Estudio transversal con 72 pacientes con psoriasis, mayores de 18 años, que aceptaron participar en el estudio. Se les aplicó el Índice Dermatológico de Calidad de Vida (DLQI) y el Índice de Severidad de Psoriasis (PASI), y se realizó estadística descriptiva con medidas de tendencia central y dispersión, así como coeficiente de correlación de Spearman.
9	Inmunopatogenia de la psoriasis. Nuevos avances	Poleo & García, 2017	Psoriasis, genética, autoinmunidad, inmunopatogenes, inmunoterapia	Las autoras hacen una revisión crítica de la literatura sobre la psoriasis y los mecanismos implicados en su inmunopatogenia.
10	La Dieta como Terapia Complementaria en la Psoriasis.	(Grégory Alfonso García Morán, 2019)	Dermatología, dieta, epigenética, factores ambientales	-----

La psoriasis es una enfermedad con bases genéticas importantes, el factor genético de la psoriasis se refiere a la predisposición hereditaria que tiene una persona a desarrollar esta enfermedad. Esto significa que ciertas personas nacen con genes específicos que aumentan su probabilidad de padecer psoriasis, especialmente cuando se combinan con ciertos factores ambientales (como infecciones, estrés, medicamentos, entre otros) (Tabla 2).

Tabla 2
Asociación del gen HLA-Cw6 con la Psoriasis

Nº	Título del artículo	Autor y año	Palabra clave	Metodología
1	HLA-Cw6 and psoriasis.	Chen & Tsai, 2018	Psoriasis, genética, HLA, inflamatoria	-----
2	Factores de Riesgo y desencadenantes de la Psoriasis: estudio de revisión.	Tamayo & Prieto, 2021	Factores de riesgo, desencadenantes, psoriasis	Se realizó una revisión actualizada sobre la psoriasis sus factores de riesgo y desencadenantes.
3	HLA-Cw6 y otros alelos HLA-C, así como las variantes genéticas MICB-DT, DDX58 y TYK2 se asocian con una respuesta óptima al tratamiento anti-IL-17A en pacientes con psoriasis.	(Morelli, 2020)	Psoriasis, SNP, HLA-Cw6, anti IL-17A, farmacogenómica	Se analizaron 417 SNP mediante tecnología de secuenciación de próxima generación, en una cohorte de 62 pacientes psoriásicos sometidos a tratamiento con secukinumab. Se empleó un análisis de regresión univariante para examinar la asociación entre SNP y la respuesta clínica a secukinumab.
4	La genética de la psoriasis.	Romero & Pereyra, 2016	Psoriasis, genética, HLA.	Los estudios de ligamiento se basan en la identificación de zonas de susceptibilidad asociadas a un gen específico dentro de familias. Estos trabajos son a veces limitados, puesto que sólo contemplan alelos asociados a familias.
5	Psoriasis y otros trastornos.	Quintana, 2021	Psoriasis; Líquen plano; Pitiriasis rubra pilaris; Pitiriasis rosada;	-----

Nº	Título del artículo	Autor y año	Palabra clave	Metodología
Pitiriasis liquenode.				
6	Patogenia y factores genéticos implicados en la psoriasis: una visión general dirigida al entendimiento del uso de terapias biológicas.	(Reyes Espinoza, Gallardo, & López Carrera, 2025)	Epigenéticos, Susceptibilidad, inflamación, Patogénesis	Una revisión de la literatura de estudios recientes sobre la patogénesis de la psoriasis, con énfasis en los factores genéticos, las vías inmunológicas y el papel de las citocinas proinflamatorias en el desarrollo de terapias biológicas.
7	Mecanismos genéticos y epigenéticos de la psoriasis.	Mateu & Puig, 2023	Psoriasis, genética, epigenómica	Se realizó una búsqueda bibliográfica electrónica en la base de datos Medline/PubMed hasta junio de 2023 utilizando términos de Medical Subject Headings y terminología médica relevante.
8	El papel de HLA-Cw6 en la psoriasis y la artritis psoriásica	Owczarek, 2022	Etiología, Epidemiología, Inflamatorio	-----
9	Asociación entre HLA-Cw6 y respuesta al tratamiento con biológicos en pacientes con psoriasis: una revisión sistemática y metanálisis.	Siewertsen, 2023	HLA-Cw6, terapia, Psoriasis	Para cada grupo, se registró el número de estudios, el número de pacientes, el número de pacientes HLA-Cw6-positivos y HLA-Cw6-negativos. Después de 6 y 12 meses, la proporción de pacientes que respondieron fue mayor para los pacientes que eran HLA-Cw6-negativos en comparación con los pacientes HLA-Cw6-positivos al evaluar la respuesta como PASI90.
10	Mayor riesgo de psoriasis debido al efecto combinado de los alelos de riesgo HLA-Cw6 y LCE3 en la población india.	Chandra, 2016	Susceptibilidad, Psoriasis, HLA-cw6, SNP	Casos de psoriasis (N = 705) y controles sanos (N = 738) fueron reclutados de múltiples hospitales en la región oriental de la India. Los diagnósticos clínicos de los pacientes con psoriasis fueron confirmados por al menos dos dermatólogos.

El factor genético es indispensable, pero no suficiente, por lo que debe existir un factor desencadenante sin el cual la enfermedad no se expresa. Aunque HLA-Cw6 es el marcador genético más estudiado, otros genes también juegan un papel en la predisposición a la enfermedad (Tabla 13).

Tabla 3
Otros genes asociados a la Psoriasis

Nº	Título del artículo	Autor y año	Palabra clave	Metodología
1	Variaciones nucleótidas de los genes del promotor TNFa, IL12B e IL23R y haplotipo HLA-CW6: Estudio de susceptibilidad genética y correlación con la respuesta a fármacos anti-NTFa en pacientes con psoriasis moderada-grave.	Gutiérrez, 2015	Anti-TNF, Psoriasis, tratamiento	Se trata de un estudio retrospectivo en el que estudiamos la efectividad del tratamiento de 109 pacientes con psoriasis moderada-grave tratados, por primera vez, con un fármaco anti-TNF.
2	Los polimorfismos TNFAIP3 y TNIP1 confieren riesgo de psoriasis en los tamiles del sur de la India.	Indhumathi, 2015	Genética, prevalencia, IL-23R, TNFa, HLA	Un estudio bibliométrico realizado sobre la investigación de la psoriasis en la India en 2013 muestra la contribución de los investigadores indios en el área de la psoriasis. Este estudio se realizó para evaluar los patrones globales de producción de literatura sobre la psoriasis y para evaluar las contribuciones y el impacto de los científicos indios en la literatura psoriásica global.
3	Las proteínas de la envoltura cornificada tardía (LCE) asociadas a la psoriasis tienen actividad antibacteriana.	Niehues, 2017	LCE, psoriasis, genética, antibacteriana, queratinocitos	-----
4	Variación en los genes de la tnf-alfa/tnfrsf14/nfkB y riesgo de psoriasis.	Gonzalez, 2018	TNFa, TNFr, genetista, dermatología	-----
5	Identificación de SNP de susceptibilidad en IL10 e IL23R-IL12RB2 para la enfermedad de Behçet en chinos Han	Hongsoms, 2017	SNP, IL-23R, IL-17, Citoquinas, susceptibilidad	Se realizó un estudio de asociación de casos y controles en 1206 pacientes con trastorno bipolar y 2475 controles sanos. La genotipificación se realizó

Nº	Título del artículo	Autor y año	Palabra clave	Metodología
				mediante el ensayo iPLEX Gold. La expresión génica y la producción de citocinas se cuantificaron mediante PCR en tiempo real y ELISA .
6	Interacciones del sistema inmunitario con la piel y el tejido óseo en la artritis psoriásica: una revisión exhaustiva.	Sukhov, Adamopoulos y Maverakis, 2026	Psoriasis, Artritis psoriásica, HLA-B*27, IL-23/Th17, Geoepidemiología	-----
7	Estudio de las variaciones de los genes de la familia de la Interleucina 17 en pacientes con psoriasis.	Batalla, 2015	Dermatología	Se diseñó un estudio observacional de casos y controles, de 580 pacientes con psoriasis y 567 controles sanos. Asimismo, y sólo en el grupo de pacientes (casos), se ejecutó un estudio descriptivo transversal.
8	Asociación de los polimorfismos rs610604 en TNFAIP3 y rs17728338 en los genes TNIP1 con la susceptibilidad a la psoriasis: un metanálisis de estudios de casos y controles	Gong, Gao y Wu, 2020	Soriasis, TNFAIP3, Polimorfismo TNIP1, Metaanálisis	Se seleccionó un modelo genético alélico para analizar los datos originales. Se utilizó la escala Newcastle-Ottawa (NOS) para evaluar el riesgo de sesgo de cada estudio. Se utilizó el software RevMan 5.3 para calcular la razón de probabilidades combinada y el intervalo de confianza del 95%.
9	Inmunopatogenia de la psoriasis. Nuevos avances.	Poleo y García, 2017	Psoriasis, genética, autoinmunidad, inmunopatogénesis, inmunoterapia.	Revisión crítica de la literatura sobre la psoriasis y los mecanismos implicados en su inmunopatogenia.
10	Variaciones nucleótidas de los genes del promotor TNFa, IL12B e IL23R y haplotipo HLA-CW6: Estudio de susceptibilidad genética y correlación con la respuesta a fármacos anti-NTFa en pacientes con psoriasis moderada-grave.	Gallo, 2015	Genética, Hibridación, HLA-Cw6, Anti-TNF, Haplótipos	Para realizar el estudio, se utilizó un grupo de pacientes con psoriasis y un grupo de voluntarios sanos obtuvimos de cada uno de ellos una muestra de 3ml de sangre. A partir de ella secuenciamos cuatro SNPs de la región promotora del TNF mediante la técnica de PCR y PCR en tiempo real empleando para el marcado sondas específicas tipo TaqMan®, y la presencia del haplotipo HLA-Cw6 mediante hibridación reversa de INNO-LiPA.

DISCUSIÓN DE RESULTADOS

Los genes implicados en esta patogénesis afectan principalmente el sistema inmunológico alterando la manera en el que dicho sistema responde a estímulos generando un espiral inflamatorio severo, esto provoca una activación exagerada de células inmunitarias (como linfocitos T), que atacan por error la piel, produciendo las lesiones características de la enfermedad (Yamaka y Yamamoto et al., 2021). Algunos genes afectan la proliferación y diferenciación de los queratinocitos, dando como resultado un engrosamiento de la piel por su renovación a corto plazo y la formación de escamas blancas o plateadas (Ayarza y medina et al., 2017).

La psoriasis es una enfermedad con bases genéticas importantes, su heredabilidad se estima entre el 60-90% de predisposición (Fernández et al., 2019). Uno de los principales factores genéticos asociados con la psoriasis es la presencia de ciertos alelos del complejo mayor de histocompatibilidad (MHC), específicamente dentro del locus HLA (Human Leukocyte Antigen). Entre ellos, el alelo Cw6 es el más fuertemente asociado con la psoriasis vulgar o psoriasis en placas (Tamayo y Prieto et al., 2021).

HLA-Cw6 es el gen que ha sido identificado como un marcador genético de susceptibilidad a la psoriasis, este locus se ha observado tanto en estudios de ligamiento como en GWAS (Jami y Gúzman et al., 2025). La asociación del gen HLA-Cw6 con la aparición de la enfermedad Ps se estima que el 90% es de inicio temprano, el 50% de los pacientes con psoriasis de inicio tardío, y solamente el 7% en la población general (Quintana et al., 2021).

Aunque HLA-Cw6 es el marcador genético más estudiado, la psoriasis es poligénica y multifactorial lo que incluye otros genes implicados en su patogenicidad entre los cuales se destacan el receptor de interleucina 23 (IL23R) cuyo factor de riesgo genéticos esta relacionados con la activación del sistema inmune en la Psoriasis (Vural et al., 2021), los genes TNFAIP3 y TNIP1 asociados con la psoriasis a nivel alélico y genotípico (Niehues et al., 2017), y los genes de la envoltura cornificada tardía LCE3B y LCE3C es un factor de riesgo que sugiere un papel en la defensa epidérmica del huésped (Indhumathi et al., 2015).

CONCLUSIÓN

El presente análisis confirma que el alelo HLA-Cw6 constituye un marcador genético robusto y clínicamente relevante en la psoriasis, particularmente en casos de inicio

temprano. Desde un punto de vista inmunológico, HLA-Cw6 participa en la presentación de autoantígenos por células presentadoras de antígenos a linfocitos T CD8+, lo que desencadena una cascada inflamatoria mediada por citocinas como IL-17 e IL-23, pilares clave en la fisiopatología psoriásica. Esta evidencia no solo refuerza el carácter autoinmune de la enfermedad, sino que también posiciona a HLA-Cw6 como un posible blanco terapéutico indirecto, al orientar tratamientos hacia vías inmunitarias hiperactivadas en pacientes HLA-Cw6 positivos.

Sin embargo, debe subrayarse que la presencia del alelo no es ni necesaria ni suficiente para el desarrollo de la enfermedad, lo que refleja la complejidad multifactorial y poligénica de la psoriasis. Factores epigenéticos, ambientales (como infecciones, estrés o trauma cutáneo) y la interacción con otros loci genéticos influyen significativamente en la expresión clínica final. Además, se han identificado pacientes con formas clínicas severas que no portan HLA-Cw6, lo cual destaca la heterogeneidad genética y la necesidad de una aproximación integral en el estudio de esta enfermedad.

Finalmente, esta revisión destaca el gen HLA-Cw6 como el marcador genético clave en la psoriasis, pero su expresión clínica depende de una compleja interacción con otros genes, factores ambientales y mecanismos inmunológicos. permite no solo mejorar el conocimiento sobre la patogenia de la enfermedad, sino también facilitar una estratificación de los pacientes según su perfil genético, abriendo el camino a terapias más dirigidas, eficaces y con mejor pronóstico clínico.

REFERENCIAS

- Amanda da Silva Castilho, C. P. (2021). Physiopathology of psoriasis and its immunological aspects: a systematic review. *Society and Development*, 10(11).
- Aristizábal, P. (2024). Psoriasis: una mirada actual a su patogenia y biomarcadores. *Dermatol Rev. Mex.*, 69(3).
- Chandra, A., Lahiri, A., Senapati, S. et al. (2016). Mayor riesgo de psoriasis debido al efecto combinado de los alelos de riesgo HLA-Cw6 y LCE3 en la población india. *Sci Rep.*, 6. <https://www.nature.com/articles/srep24059>
- Castro-Ayarza, J. R., Casadiego, E. J., & Medina, D. C. (2017). Descripción de los pacientes con diagnóstico de psoriasis en un centro dermatológico de referencia de Bogotá, Colombia. *Dermatología Revista Mexicana*, 61(4), 283.

- Chen, T.-F. T. (2018). HLA-Cw6 and psoriasis. *British Journal of Dermatology*, 178(4), 854-862.
- CKP, A. (2015). Generalidades sobre Evaluación de Psoriasis. *Revista Médica de Costa Rica y Centroamérica*, 72(616), 677-680.
- Daniyal Aleem, H. T. (2018). Itocinas proinflamatorias, biomarcadores, genética y sistema inmunológico: un enfoque mecanicista de la depresión y la psoriasis. *Revista Colombiana de Psiquiatría*, 74(3).
- Espinoza, M. F. (2024). Psoriasis: Desafíos, avances terapéuticos y perspectivas en el tratamiento de una enfermedad inflamatoria crónica. *Sapiens Evolución Científica*, 2(1).
- Fernández-Armenteros, J., Gómez-Arbonés, X., Buti-Solé, M., A. Betriu-Bars, A., Sanmartín-Novell, V., Ortega-Bravo, M., Martínez-Alonso, M. y Casanova-Seuma, J.M. (2019). Características epidemiológicas de la psoriasis. Un estudio poblacional. *Actas Dermosifiliográficas*, 110(5).
- Flores, J. S. (2017). Psoriasis: presentación de un caso y revisión bibliográfica. *Rev Med Honduras*, 85(3).
- Fanoni, L. V. (2019). Evidencia de un papel de la autoinflamación en la psoriasis en fase temprana. *Inmunología clínica y experimental*, 198(3), 283-291.
- García-Sánchez, L. et al. (2017). Quality of life in patients with psoriasis. *Gaceta Médica de México*, 153(2).
- Gonzalez, L. (2018). Variación en los genes de la tnf-alfa/tnfrsf14/nfkb y riesgo de psoriasis. Oviedo.
- Goribar EJ, G. T. (2018). Factores de riesgo, comorbilidad y tratamiento de la psoriasis. *Revista Waxapa*, 10(18).
- García Morán, G., García Cardona, A., Téllez Lozada, A. y Ramos Silva, C. (2019). La Dieta como Terapia Complementaria en la Psoriasis. *Difundiendo el conocimiento*, 5(1).
<https://eduneuro.com/revista/index.php/revistaneuronum/article/view/169>
- García-Sánchez, L. et al. (2017). Calidad de vida en el paciente con psoriasis. *Gaceta Médica de México*, 153, 185-189.
- González-Parra, S. (2019). Psoriasis y depresión: el papel de la inflamación. *Actas Dermosifiliográficas*, 12-19.
- Guezala, A. B. (2017). *Psoriasis: inmunopatogenia y dianas terapéuticas de los tratamientos biológicos*. Santander.

- Guezala, A. B. (2022). *Terapias moleculares dirigidas en el tratamiento de psoriasis*. Cuenca.
- Gutiérrez, E. G. (2015). *Variaciones nucleótidas de los genes del promotor TNFa, IL12B e IL23R y haplotipo HLA-CW6: Estudio de susceptibilidad genética y correlación con la respuesta a fármacos anti-NTFa en pacientes con psoriasis moderada-grave*. Dialnet.
- Hanna Niehues, L. C. (2017). Las proteínas de la envoltura cornificada tardía (LCE) asociadas a la psoriasis tienen actividad antibacteriana. *Revista de Dermatología Investigativa*, 137(11), 2380-2388.
- INEC. (23 de Febrero de 2022). Estadísticas Hospitalarias Camas y Egresos 2020: https://anda.inec.gob.ec/anda/index.php/catalog/883/data_dictionary
- Indhumathi, S. (2015). Los polimorfismos TNFAIP3 y TNIP1 confieren riesgo de psoriasis en los tamiles del sur de la India. *Revista británica de ciencias biomédicas*, 72(4).
- IPC, I. P. (2021). Datos de prevalencia de la psoriasis a nivel mundial. *Global Psoriasis Atlas*.
- Jaymie Baliwag, D. B. (2015). Cytokines in psoriasis. *Cytokine*, 72(2), 342-350.
- Jami-Carrera, J., Guzmán-Ramos, E. y Santamaría-Enríquez, A. (2025). Manejo terapéutico de la Psoriasis Moderada-Severa asociada a infección por VIH: Una Revisión Bibliográfica. *Revista de Ciencias Médicas de Pinar del Río*, 29(1). http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1561-31942025000100017&lng=es&nrm=iso
- Keiichi Yamanaka, O. Y. (2021). Fisiopatología de la psoriasis: una revisión. *The journal of Dermatology*, 48(6).
- Mateu Arrom, L. P. (2023). Mecanismos genéticos y epigenéticos de la psoriasis. *Departamento de Dermatología*, 14(8).
- Morelli, M. (2020). HLA-Cw6 y otros alelos HLA-C, así como las variantes genéticas MICB-DT, DDX58 y TYK2 se asocian con una respuesta óptima al tratamiento anti-IL-17A en pacientes con psoriasis. *Opinión de expertos sobre terapia biológica*, 21(2).
- Owczarek, W. (2022). The role of HLA-Cw6 in psoriasis and psoriatic arthritis. *Reumatologia*, 60(5), 303-305.

- Pardo Sánchez, J. (2015). Estudio de genes KIR y HLA-C y de polimorfismos de citoquinas en pacientes con psoriasis. *Digitum*.
- Pérez-Vázquez, G. et al. (2022). Psoriasis inversa inducida por rituximab en un paciente con neuromielitis óptica. *Centro Médico Nacional 20 de Noviembre*, 27(7).
<https://rua.ua.es/dspace/bitstream/10045/46230/1/PsoriasisTipologiaTratamientoYCuidados.pdf>
- Poleo Brito, L. et al. (2017). Inmunopatogenia de la psoriasis. Nuevos avances. *Revista Digital de Postgrado*, 6(2).
- Quintana Castanedo, R. d. (2021). Psoriasis y otros trastornos. *Pediatría Integral*, 24(4), 177-183.
- Quiroz-Vergara, J.C. et al. (2017). Diagnóstico tardío de psoriasis: motivos y consecuencias. *Gaceta Médica de México*.
- Romero Herraiz, M. et al. (2016). La genética de la psoriasis. *Med Cutan Iber Lat Am*, 44(3), 159-166.
- Reyes Espinoza, E., Gallardo, N. y López Carrera, Y. I. (2025). Patogenia y factores genéticos implicados en la psoriasis: una visión general dirigida al entendimiento del uso de terapias biológicas. *Dermatología Revista Mexicana*, 69(2).
- Saleh, D. (2023). Guttate Psoriasis. *Search life-sciences literature*.
- Siewertsen, M., Al-Sofi, R., Dridi, H., Ajenthaler, G. D., Zacarías, C., Skov, S. y Loft, N. (2023). Asociación entre HLA-Cw6 y respuesta al tratamiento con biológicos en pacientes con psoriasis: una revisión sistemática y metanálisis. *Revista de la Academia Europea de Dermatología y Venereología*, 37(5).
- Tamayo Otero, R. et al. (2021). Factores de Riesgo y desencadenantes de la Psoriasis: estudio de revisión. *Journal of American Health*.
- Tamayo Otero, R. et al. (2021). Factores de Riesgo y desencadenantes de la Psoriasis: estudio de revisión. *Journal of American Health*.
- Tsai, Y. et al. (2021). HLA-Cw1 and Psoriasis. *American Journal of Clinical Dermatology*, 339-347.
- Yu, H., Zheng, M., Zhang, L., Li, H., Zhu, Y., Cheng, L., Li, L., Deng, B., Kijlstra, A. & Yang, P. (2017). Identification of susceptibility SNPs in IL10 and IL23R-IL12RB2 for Behçet's disease in Han Chinese. *Journal of Allergy and Clinical Immunology*, 139(2), 621-627. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27464962/>

- Valdés-Solís, E. et al. (2016). Asociación entre la severidad de la psoriasis en placas y el síndrome metabólico. *Med. Int. Méx.*, 32(2), 190-200.
- Vural, S. (2021). La activación lesional de las células T c 17 en la enfermedad de Behçet y la psoriasis favorece las respuestas autoinmunes mediadas por HLA de clase I. *British Journal of Dermatology*, 185(6), 1209-1220.
- Whan, B. & Kim, D. (2017). Diagnosis and management of psoriasis. *Canadian Family Physician*, 63(4), 278-285.

CAPÍTULO VI

Técnicas de diagnóstico moleculares para identificación de los subtipos de diabetes Mody: revisión sistemática

Molecular diagnostic techniques for identifying Mody diabetes subtypes: a systematic review

Geovanny Alexander García Leones

<https://orcid.org/0009-0009-8562-9265>

e2300235849@live.uleam.edu.ec / geovannyalexgarcia@gmail.com

Estudiante de Laboratorio Clínico.

Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí, Ecuador

Pablo Enrique Barreiro Macías

pablo.barreiro@uleam.edu.ec

Docente de Laboratorio Clínico.

Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí, Ecuador.

RESUMEN

La diabetes MODY, representa una forma monogénica y poco frecuente de diabetes, caracterizada por hiperglucemia de inicio temprano y herencia autosómica dominante. Su diagnóstico suele ser un reto clínico debido a su similitud fenotípica con la diabetes tipo 1 y 2, lo que contribuye a subdiagnóstico, especialmente en regiones como Ecuador, donde se estima que representa entre el 1% y 3% de los casos de diabetes. En este contexto, la presente revisión bibliográfica tiene como objetivo identificar y analizar las técnicas de diagnóstico molecular más efectivas utilizadas en el laboratorio clínico para la detección temprana y precisa de los diferentes subtipos de diabetes MODY. La metodología se basa en la búsqueda sistemática de literatura científica publicada entre 2019 y 2024 en bases de datos como PubMed, SciELO y Google Académico. Se analizaron estudios que evalúan la utilidad de herramientas como la secuenciación de nueva generación (NGS) y otras técnicas moleculares en la identificación de mutaciones en genes como GCK, HNF1A y HNF4A.

Palabras Clave: Diabetes MODY, técnicas de diagnóstico molecular, subtipos de diabetes.

Abstract

MODY diabetes represents a monogenic and rare form of diabetes, characterized by early-onset hyperglycemia and autosomal dominant inheritance. Its diagnosis often poses a

clinical challenge due to its phenotypic similarity to type 1 and type 2 diabetes, contributing to underdiagnosis—especially in regions like Ecuador, where it is estimated to account for between 1% and 3% of all diabetes cases. In this context, the present literature review aims to identify and analyze the most effective molecular diagnostic techniques used in clinical laboratories for the early and accurate detection of the various MODY subtypes. The methodology is based on a systematic search of scientific literature published between 2019 and 2024 in databases such as PubMed, SciELO, and Google Scholar. Studies evaluating the usefulness of tools such as next-generation sequencing (NGS) and other molecular techniques for identifying mutations in genes such as GCK, HNF1A, and HNF4A were analyzed.

Keywords: MODY diabetes, molecular diagnostic techniques, diabetes subtypes.

INTRODUCCIÓN

La diabetes monogénica constituye un grupo heterogéneo de trastornos metabólicos causados por mutaciones en genes individuales que afectan la función de las células β pancreáticas. Entre estas, la Maturity-Onset Diabetes of the Young (MODY) destaca como una de las formas más relevantes tanto por su frecuencia dentro de las diabetes monogénicas como por sus implicaciones clínicas. Se estima que representa entre el 1 y el 6 % de todos los casos de diabetes diagnosticados en menores de 25 años, aunque su prevalencia real podría estar subestimada debido a errores en el diagnóstico y la confusión frecuente con los tipos 1 y 2 de diabetes mellitus (Skoczek, 2021).

La diabetes MODY se caracteriza por su herencia autosómica dominante, inicio temprano de la hiperglucemia, ausencia de autoanticuerpos y preservación parcial de la función pancreática, estas características clínicas permiten orientar el diagnóstico, pero no son suficientes por sí solas para identificar con certeza los subtipos, ya que existen al menos 13 genes distintos asociados a esta condición, siendo los más frecuentes GCK, HNF1A y HNF4A (Peixoto-Barbosa, 2020).

Durante los últimos años, el desarrollo de técnicas de biología molecular ha transformado profundamente la manera en que se aborda el diagnóstico de MODY. Métodos como la secuenciación de nueva generación (NGS) permiten analizar simultáneamente múltiples genes con alta sensibilidad y especificidad, mientras que técnicas como la secuenciación de Sanger continúan utilizándose como herramienta de validación (Johansson, 2012).

La identificación de variantes genéticas con significado incierto, el acceso desigual a pruebas genéticas y la falta de criterios uniformes para seleccionar a los pacientes que deben someterse a estudios moleculares, representan barreras que limitan el diagnóstico oportuno. Por esta razón, es fundamental contar con criterios clínicos claros y herramientas de predicción que ayuden a seleccionar con precisión a los pacientes con riesgo o antecedentes familiares de diabetes a estudios genéticos.

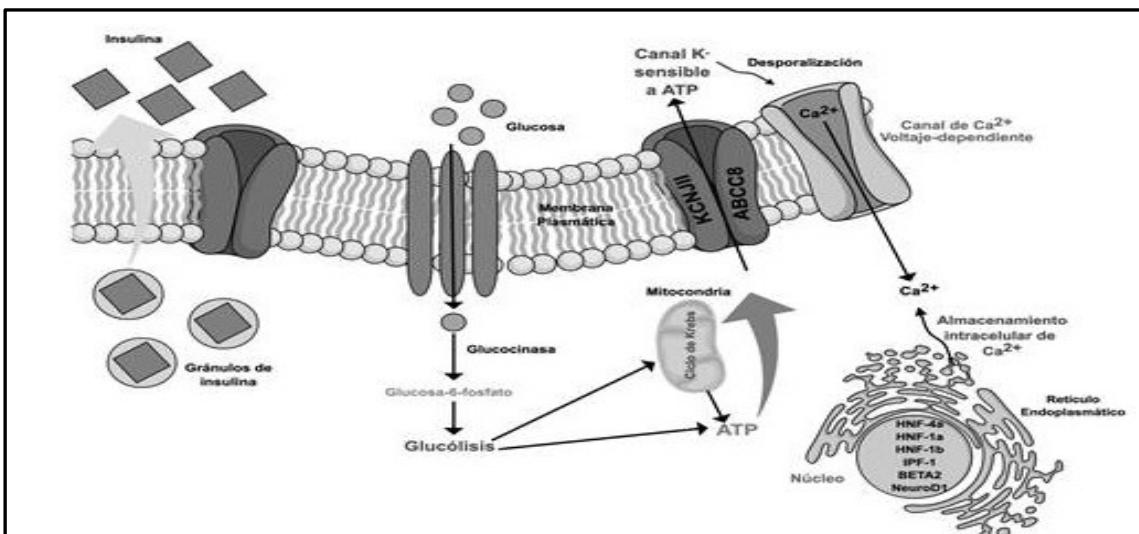
DIABETES MODY:

La diabetes MODY (Maturity-Onset Diabetes of the Young) se distingue principalmente por las mutaciones que afectan genes específicos relacionados con la función de las células beta pancreáticas. Entre los más frecuentes se encuentran MODY 2, causado por mutaciones en el gen GCK, y MODY3, relacionado con alteraciones en HNF1A. Los subtipos MODY no solo difieren en su fisiopatología, sino también en su manifestación clínica y en la respuesta al tratamiento, lo cual subraya la importancia de un diagnóstico genético preciso (Laver, 2016).

Estas alteraciones afectan la secreción de insulina y la regulación normal de la glucemia. En el caso específico de MODY 2, la mutación ocurre en el gen que codifica la enzima glucoquinasa, la cual actúa como un sensor de glucosa al facilitar su conversión en glucosa-6-fosfato. Esta vía permite la producción de ATP, que a su vez modula canales de potasio sensibles a ATP, desencadenando una serie de eventos que culminan en la entrada de calcio y la liberación de insulina. Las mutaciones en la glucoquinasa reducen su eficacia, disminuyendo la fosforilación de glucosa y, por ende, la respuesta secretora de insulina. Además, factores de transcripción como HNF-1 α , HNF-4 α , IPF-1, HNF-1 β , y NeuroD1 regulan desde el núcleo genes clave para la producción de insulina y el metabolismo de la glucosa en las células β (Hattersley A, 2018).

Figura 1

Representación esquemática de la célula beta pancreática y genes implicados en la diabetes MODY.



Nota. Adaptado de: Muñoz & Ordóñez (2024)

Importancia del diagnóstico molecular en MODY

El avance de las técnicas de diagnóstico molecular ha sido clave para la correcta identificación de los subtipos de MODY, lo cual tiene implicaciones clínicas profundas. En muchos casos, los pacientes con MODY son mal diagnosticados con diabetes tipo 1 o 2 debido a la similitud en los síntomas, lo que puede llevar a tratamientos inadecuados o innecesarios. El análisis genético permite confirmar la etiología monogénica de la enfermedad y ajustar el manejo terapéutico de manera personalizada, una de las mayores ventajas del diagnóstico molecular es que permite adaptar el tratamiento al subtipo genético (De Franco, 2015).

Los criterios clínicos que sugieren la sospecha de diabetes tipo MODY incluyen:

- 1) Diagnóstico de diabetes antes de los 25 años de edad.
- 2) Presencia de al menos dos generaciones familiares afectadas.
- 3) Adecuado control de la glucemia sin necesidad de tratamiento con insulina durante los primeros años tras el diagnóstico.

Tabla 1

Tabla de genes asociados a sus mutaciones. Características clínicas asociadas a las mutaciones que generan los genes en MODY.

Gen	Prevalencia	Otras manifestaciones clínicas
HNF4A (MODY 1)	5–10%	Umbral renal de reabsorción de glucosa normal, marcada sensibilidad a las sulfonilureas. Hipoglucemia neonatal e hiperinsulinismo asociado con macrosomía
GCK (MODY 2)	Común (30–70)	Hiperglucemia leve en ayunas toda la vida, a menudo detectada durante el cribado; pequeño aumento de la glucemia después de la carga de hidratos de carbono.
HNF1A (MODY 3)	Común (30–70)	Bajo umbral renal para glucosuria, marcada sensibilidad a las sulfonilureas
IPF1 (MODY 4)	Muy raro	Agenesia de páncreas.
HNF1B (MODY 5)	5–10%	Malformaciones genitourinarias (quistes renales y otras anomalías, especialmente en el desarrollo), atrofia pancreática, insuficiencia exocrina
NEUROD1 (MODY 6)	Muy raro	Alteraciones en la morfogénesis del páncreas y sistema nervioso central
KLF11 (MODY 7)	Muy raro	
CEL (MODY 8)	Muy raro	Disfunción pancreática exocrina. Páncreas pequeño
PAX4 (MODY 9)	Muy raro	
INS (MODY 10)	<1% de MODY	Más usualmente asociado a la diabetes MODY neonatal
BLK (MODY 11)	<1% de MODY	
ABCC8 (MODY 12)	<1% de MODY	Más usualmente asociado con diabetes MODY neonatal, responde a las sulfonilureas
KCNJ11 (MODY 13)	<1% de MODY	Más usualmente asociado con diabetes MODY neonatal, responde a las sulfonilureas

Nota. Adaptado: Gardner et al (2012)

MODY 1 (HNF4A-MODY)

El subtipo MODY 1 se debe a mutaciones en el gen **HNF4A**, localizado en el cromosoma 20 (20q13.12), el cual actúa como un factor de transcripción clave en tejidos como el hígado, riñones, intestino y páncreas. Estas mutaciones provocan una pérdida de función del gen, lo que afecta la expresión de múltiples genes implicados en el metabolismo de glucosa, lípidos y ácidos grasos. El fenotipo suele manifestarse en la adolescencia o adultez temprana con intolerancia progresiva a la glucosa (Gupta RK, 2005).

MODY 2 (GCK-MODY)

Este subtipo se asocia con mutaciones en el gen **GCK** (glucocinasa), ubicado en el cromosoma 7 (7p13), el cual cumple un papel fundamental como sensor de glucosa en las células β -pancreáticas. La glucoquinasa inicia la glucólisis al fosforilar la glucosa, regulando así la secreción de insulina. Los pacientes con GCK-MODY suelen presentar una hiperglucemia leve y estable desde edades tempranas, sin deterioro progresivo ni riesgo elevado de complicaciones, por lo que el tratamiento generalmente se limita a medidas dietéticas y ejercicio físico (ChiaRpenello J).

MODY 3 (HNF1A-MODY)

El MODY tipo 3 resulta de alteraciones en el gen **HNF1A**, ubicado en el cromosoma 12 (12q24.2), que codifica un factor de transcripción crucial para la regulación de genes hepáticos involucrados en el metabolismo de la glucosa y secreción de insulina, clínicamente, se presenta durante la adolescencia o adultez temprana con hiperglucemia postprandial, frecuentemente asintomática al inicio. La glucosa en ayunas puede permanecer normal en fases tempranas, pero aumenta progresivamente con la edad. Este subtipo se caracteriza por una disminución gradual de la secreción de insulina, siendo común la glucosuria precoz como signo clínico debido a la disminución del umbral renal de reabsorción de glucosa, atribuida a la reducción de la expresión del transportador SGLT2 (Sánchez Malo, 2019).

Técnicas moleculares utilizadas

Las técnicas moleculares, como la secuenciación Sanger o de nueva generación (NGS), permiten detectar con alta sensibilidad estas mutaciones específicas, facilitando una clasificación exacta del subtipo de MODY. Esto no solo mejora el abordaje terapéutico, sino que también orienta el consejo genético familiar, dado que la herencia autosómica

dominante implica un riesgo elevado para familiares de primer grado. En América Latina, los subtipos más comunes de MODY están asociados con mutaciones en los genes GCK, HNF1A, HNF4A y HNF1B. Sin embargo, la heterogeneidad genética y la superposición de síntomas con otros tipos de diabetes complican su identificación clínica. Por ello, las técnicas moleculares han emergido como herramientas esenciales para un diagnóstico preciso (Zhang, 2021).

Secuenciación de Nueva Generación (NGS)

Esta técnica permite el análisis simultáneo de múltiples genes asociados con MODY, aumentando la eficiencia y reduciendo los costos. En América Latina, su implementación ha mejorado la identificación de variantes patogénicas, aunque su disponibilidad aún es limitada en algunos países (Yahaya T, 2020).

WES

Ha demostrado alta eficacia diagnóstica en poblaciones pediátricas y multiétnicas. Por ejemplo, un estudio ruso 2019 evaluó 60 niños con diabetes no tipo 1 mediante WES en un panel de 35 genes, logrando una detección del 55% de variantes patogénicas, muchas en GCK, así como variantes en genes poco asociados al MODY. Asimismo, un estudio en pacientes con diabetes temprana 2016 encontró variantes patogénicas en HNF1A, HNF4A y ABCC8 usando WES, confirmando su utilidad en diagnósticos iniciales (Glotov, 2020).

METODOLOGÍA

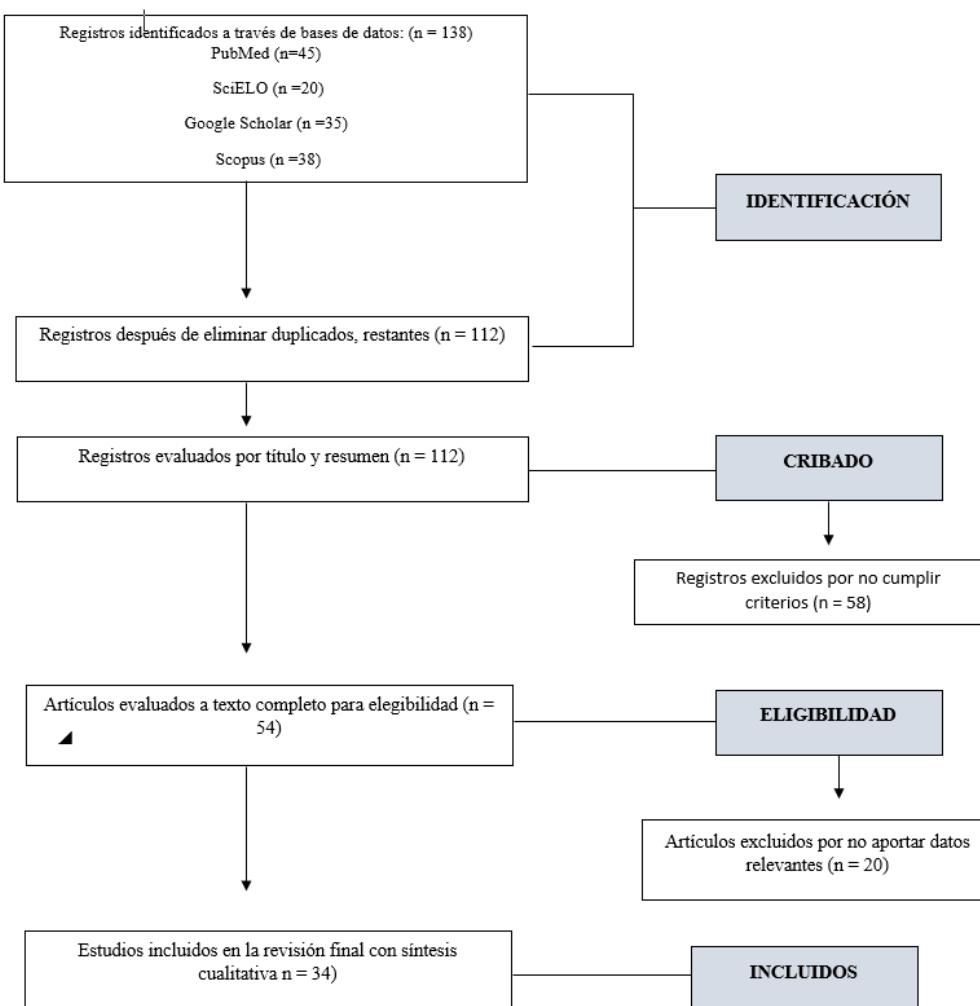
Se realizó una búsqueda sistemática en las bases de datos electrónicas PubMed, Scielo y Google Académico, con el propósito de identificar estudios relevantes relacionados con técnicas de diagnóstico molecular empleadas en la detección de subtipos de diabetes MODY. Los términos de búsqueda utilizados incluyeron: "MODY", técnicas moleculares, Genes, subtipos mody. La estrategia fue diseñada para recuperar artículos publicados entre enero de 2019 y diciembre de 2024, con el fin de incluir evidencia actualizada. No obstante, se consideraron algunos artículos de años anteriores que por su relevancia científica era significativa para los objetivos del estudio.

Criterios de inclusión y exclusión

- *Criterios de inclusión*
 - Ensayos clínicos, estudios de cohortes, estudios de casos y controles, estudios descriptivos, estudios transversales y revisiones sistemáticas.
 - **Población:** Pacientes con sospecha clínica de diabetes MODY, diagnosticados o en evaluación genética, sin restricción por edad. Intervención/Diagnóstico: Estudios que analicen el uso de técnicas moleculares (por ejemplo, secuenciación de Sanger, NGS) para identificar mutaciones asociadas a subtipos específicos de MODY.
 - **Resultados:** Estudios que reporten sensibilidad, especificidad, eficacia diagnóstica u otros indicadores relevantes sobre la utilidad de dichas técnicas moleculares.
 - **Idioma:** Publicaciones en inglés o español.
 - **Período de publicación:** Estudios publicados entre 2019 y 2024.

- *Criterios de exclusión*
 - Artículos que no distingan entre diabetes monogénica y otros tipos de diabetes (tipo 1 o tipo 2).
 - Publicaciones anteriores al año 2019 (solamente en caso de que tenga importancia significativa se podrían incluir).
 - Estudios que no proporcionen datos específicos sobre el uso de técnicas moleculares en el diagnóstico de MODY.

Figura 2
Diagrama de flujo método Prisma



Nota. La figura evidencia el proceso de selección de estudios mediante el método PRISMA. Como se puede observar, este método permitió identificar un total de 34 artículos científicos que cumplieron con los criterios de inclusión y exclusión. Estos estudios se analizaron en función del cumplimiento de los objetivos específicos planteados en la presente revisión sistemática sobre técnicas de diagnóstico molecular aplicadas a los subtipos de diabetes MODY.

RESULTADOS

En total, se incluyeron estudios que evaluaron el uso de técnicas moleculares para la identificación de subtipos de diabetes MODY, con tamaños de población variantes. La mayoría de estos trabajos emplearon tecnologías basadas en secuenciación de nueva generación (NGS), a través de paneles dirigidos.

Tabla 2
Estudios y genes detectados

Autores y año	País	Tamaño de muestra	Técnica diagnóstica molecular	Subtipos de genes detectados
Martins et al., 2019 (Caetano et al.)	Brasil	57	NGS - Panel dirigido	GCK, HNF1A
Zhou et al., 2024	China	138	NGS dirigido a 14 genes	GCK, HNF1A, HNF4A
Estudio Europeo, 2021 (Papadopoulou et al.)	Europa	249	Secuenciación exónica	Varios subtipos (incluyendo raros)

Tabla 3
Tabla de Técnicas Moleculares en el Diagnóstico de Diabetes Tipo MODY

Nº	Título	Autor y Años	Técnica molecular	Metología	Principal
1	Diagnóstico molecular en pacientes con diabetes mellitus monogénica.	Bircan et al., 2023	Panel NGS (14 genes) + WES	100 sospechas de diabetes monogénica	35 % diagnóstico positivo; variantes nuevas en IFIH1
2	Identificación de variantes raras en genes candidatos asociados con MODY.	Jakiel et al., 2023	tNGS + Sanger	994 pacientes polacos	Nuevas variantes en MTOR, CACNA1E, TBC1D4
3	Molecular genetics of unresolved MODY (MODY-X)	Gomes Porras et al., 2024	Panel tNGS MonDiabV4 (482 genes)	51 adultos sin variante en 14 genes comunes	Identificó nuevos candidatos potenciales en cohort sin diagnóstico
4	La secuenciación del exoma completo revela nuevas variantes génicas candidatas para MODY.	(Stoneking, 2020)	WES	2 familias	Hallaron variantes patógenas en nuevos genes candidatos

Nº	Título	Autor y Años	Técnica molecular	Metología	Principal
5	Estudio multigeneracional sobre las consecuencias fenotípicas del HNF1A-MODY.	Kettunen et al., (Kettunen, 2021)	Estudio familiar + OGTT	145 portadores vs 131 no portadores	Relación entre poligénico y edad de inicio; efectos metabólicos
6	Maturity-onset diabetes of the young and hepatic adenomatosis	Iwen et al., 2013 (Iwen, 2013)	Sanger secuenciación HNF1A	Caso individual	Novedosa mutación Q495X asociada con enfermedad hepática
7	In silico analysis of HNF1A missense VUS	(Alqurashi, 2025)	Análisis in silico	Variantes HNF1A VUS	Identificó cuatro variantes probablemente patogénicas
8	Características clínicas de los subtipos raros de MODY.	(Shields B. W., 2020)	Revisión clínica/genética	Pacientes con MODY10 y MODY12	Descripción de heterogeneidad
9	Causal variants in MODY – systematic review	(Kavitha, 2021)	Revisión literatura Sanger/WES/NGS	239 estudios	Catalogó 1 017 variantes; GCK y HNF1A más frecuentes
10	Tecnologías de secuenciación de nueva generación en la investigación de la diabetes.	(Sonda, 2022)	Revisión NGS/WES	Revisión global	Importancia creciente de NGS en diagnóstico e investigación
11	Caracterización estructural y biofísica de HNF1A.	(Laakso, Structural/biophysical characterization of HNF1A., 2022)	Estudios estructurales	Moléculas HNF-1A purificadas	Mutaciones afectan estructura y función transcripcional
12	Epidemiología y patogénesis molecular del MODY.	(Fajans, Epidemiology and molecular pathogenesis of MODY., 2020)	Revisión general	Global	Resumen de prevalencia, genes y terapias
13	The spectrum of HNF1A gene mutations...MODY-3 phenotype	(Özen, 2017)	Sanger/NGS	Pacientes turcos	Catálogo variado de mutaciones HNF1A y efecto

Nº	Título	Autor y Años	Técnica molecular	Metología	Principal
fenotípico					
1 4	La secuenciación dirigida identifica variantes nuevas en genes MODY comunes y raros.	(Silva, e962)	Panel tNGS Brasil	102 sin diagnóstico previo	Diagnóstico genético en 12.7 %; establece base para panel ampliado
fenotípico					
1 5	Variant interpretation lessons from gnomAD	Gudmundsson et al., (Gudmundsson, 2021)	Bases de datos poblaciones	GnomAD	Guía para interpretar variantes en enfermedades monogénicas
1 6	The epidemiology... molecular pathogenesis... of MODY	(Fajans, Epidemiology and molecular pathogenesis of MODY., 2020)	Revisión completa	Global	Resume prevalencia, genes clásicos y terapias infeccionales
1 7	MODY 3 (HNF1A-MODY) clinical review	Shields et al., (Shields B. W., 2025)	Revisión	Revisión clínica	Resalta sensibilidad a sulfonilureas y biomarcadores hs-CRP

DISCUSIÓN

En Brasil, utilizaron un panel dirigido de NGS en 57 pacientes, detectando variantes en los genes GCK y HNF1A, lo que evidenció la utilidad de esta técnica en un contexto clínico latinoamericano (Caetano, 2015).

En Asia, el estudio de Zhou (2024) se analizaron una cohorte de 138 pacientes en China mediante un panel dirigido a 14 genes, logrando detectar variantes en GCK, HNF1A y HNF4A, lo que evidencia una expansión del diagnóstico molecular hacia subtipos menos frecuentes.

Por su parte, el estudio multicéntrico europeo incluyó a 249 individuos y empleó secuenciación exónica, permitiendo identificar diversos subtipos de MODY, incluidos aquellos de baja prevalencia (Papadopoulou-Marketou, 2019).

Por ejemplo, Bircan (2023), aplicaron paneles de NGS y WES en 100 pacientes sospechosos de diabetes monogénica, logrando un diagnóstico molecular positivo en el 35 % de los casos, incluyendo variantes previamente no descritas.

Esto evidencia el valor de la secuenciación como primer enfoque en poblaciones con alta sospecha clínica. Asimismo, el estudio de Żurawska (2023) permitió la identificación de variantes raras en genes no tradicionalmente asociados a MODY, como MTOR y CACNA1E, ampliando así el espectro de genes candidatos.

Otra aportación relevante fue la de Gomes Porras (2024), quienes emplearon un panel de 482 genes (MonDiabV4) en individuos sin variantes en genes MODY clásicos, identificando nuevos genes candidatos para MODY no resuelto o "MODY". Esto sugiere que el uso de paneles ampliados puede aumentar la tasa de diagnóstico genético.

En cuanto a estudios familiares, demostraron que variantes en HNF1A, analizadas mediante pruebas genéticas y tolerancia oral a la glucosa, se correlacionan con un inicio más temprano de la diabetes y alteraciones metabólicas significativas. Igualmente, los estudios estructurales y de modelado molecular, como los de Laakso (2022), muestran cómo mutaciones puntuales alteran la conformación de la proteína HNF1A, afectando su función transcripcional.

Efectividad de las técnicas de diagnóstico molecular

En los estudios analizados, las técnicas de diagnóstico molecular permitieron identificar con precisión mutaciones en genes claves como GCK, HNF1A y HNF4A, incluso en subtipos menos comunes. Su uso ha permitido confirmar diagnósticos clínicos, evitar tratamientos inadecuados y establecer estrategias terapéuticas más individualizadas. En comparación con métodos convencionales, como la secuenciación Sanger, la NGS ofrece mayor sensibilidad, rapidez y cobertura genética, lo cual incrementa su valor clínico. Además, la eficacia observada en contextos geográficos diversos sugiere que estas técnicas son adaptables y aplicables globalmente, aunque su disponibilidad sigue siendo desigual.

Complicaciones en el estudio

En América Latina, los principales desafíos incluyen la baja disponibilidad de pruebas genéticas en hospitales públicos, los altos costos para su implementación rutinaria y la escasez de laboratorios capacitados en interpretación clínica de variantes. A esto se suma la falta de normativas claras sobre el diagnóstico genético en menores y la necesidad de respetar principios éticos como el consentimiento informado, la confidencialidad y el asesoramiento profesional antes y después de la prueba.

CONCLUSIONES

Los estudios revisados evidencian que las técnicas moleculares, en particular la secuenciación de nueva generación (NGS), ha demostrado una alta eficacia en la identificación de subtipos de diabetes MODY.

En relación con los hallazgos obtenidos a través de esta revisión sistemática de información científica, se presentan las siguientes conclusiones en cumplimiento con los objetivos específicos desarrollados: Los estudios analizados confirman que las técnicas moleculares como la secuenciación de nueva generación (NGS), la secuenciación del exoma completo (WES), la secuenciación de Sanger y los análisis *in silico*, constituyen herramientas clave para el diagnóstico preciso de la diabetes monogénica tipo MODY. Su aplicación ha permitido identificar variantes genéticas patogénicas o probablemente patogénicas, incluyendo nuevas mutaciones no reportadas previamente, lo cual mejora la capacidad diagnóstica en pacientes con sospecha clínica de MODY, incluso en aquellos sin antecedentes familiares claros.

Se evidenció que el uso de paneles multigénicos optimizados y técnicas de interpretación bioinformática han incrementado la tasa de diagnóstico positivo, superando en muchos casos el 30 %. Esto respalda su implementación como parte del abordaje diagnóstico de pacientes con diabetes de inicio temprano o atípica, permitiendo una clasificación genética más precisa, lo cual resulta esencial para el asesoramiento genético y la toma de decisiones clínicas.

Finalmente, se concluye que la integración de las técnicas moleculares en el sistema de salud debe considerarse una prioridad, ya que potencian el diagnóstico diferencial de los subtipos MODY frente a otras formas de diabetes. Por lo tanto, se recomienda fortalecer su uso a través de políticas de salud, incorporación en protocolos clínicos y capacitación del personal médico, asegurando una atención más eficiente y personalizada basada en evidencia genética.

REFERENCIAS

- Alqurashi, K. H. (2025). In silico analysis of HNF1A missense variants of uncertain significance. *International Journal of Molecular Sciences*, 28(6). doi:<https://doi.org/10.3390/ijms26083768>
- Bircan, Ö. S. (2023). Molecular diagnosis in patients with monogenic diabetes mellitus, and detection of a novel candidate gene. *Diabetes Research and Clinical Practice*, 198. doi:<https://doi.org/10.1016/j.diabres.2023.110000>
- Caetano, L. d. (2015). Secuenciación de nueva generación en pacientes brasileños con MODY: un estudio piloto. *Diabetol Metab Syndr* 7. doi:<https://doi.org/10.1186/1758-5996-7-S1-A257>
- ChiaRpenello, J. (s.f.). Diabetes mody 2: reporte de dos casos con nueva mutación en el gen glucokinasa. *Revista Médica de Rosario*, 81, 123-126.
- De Franco, E. F. (2015). The effect of early, comprehensive genomic testing on clinical care in neonatal diabetes: an international cohort study. *The Lancet*, 386, 957–963.
- Fajans, S. et al. (2020). Epidemiology and molecular pathogenesis of MODY. *Endocrine Reviews*, 41(3), 345–370. doi:<https://doi.org/10.1210/er.2019-00111>
- Fajans, S. et al. (2020). Epidemiology and molecular pathogenesis of MODY. *Endocrine Reviews*, 41(3), 345–370. doi:<https://doi.org/10.1210/er.2019-00111>
- Glotov, O. S. (2020). "La secuenciación del exoma completo en niños rusos con diabetes mellitus no tipo 1 revela un amplio espectro de variantes genéticas en genes relacionados y no relacionados con MODY". *Endocrine Connections*, 9(2), 107–114. doi:<https://doi.org/10.1530/EC-19-0476>
- Gomes Porras, M. O. (2024). Molecular genetics of unresolved MODY. *Endocrine Abstracts*, 386.
- Gudmundsson, J. O. (2021). Variant interpretation lessons from gnomAD. *Nature Genetics*, 53(3), 301-309. doi:<https://doi.org/10.1038/s41588-021-00792-x>
- Gupta, R.K. (2005). The MODY1 gene HNF-4 α regulates selected genes involved in insulin secretion. *Journal of Clinical Investigation*, 115(4), 1006–15.
- Hattersley, A. (2018). Guías de consenso de prácticas clínicas ISPAD 2018: El diagnóstico y manejo de la diabetes monogénica en niños y adolescentes. *Pediatric Diabetes*, 19(1), 47-62.

- Iwen, K. L. (2013). Maturity-onset diabetes of the young and hepatic adenomatosis. *Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism*, 98(6). doi:<https://doi.org/10.1210/jc.2012-3836>
- Johansson S, I. (2012). Secuenciación del exoma y pruebas genéticas para MODY. *Plos Uno*, 7(5). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0038050>
- Kavitha, S. R. (2021). Causal variants in MODY. *Journal of Diabetes Investigation.*, 12(5), 837-850. doi:<https://doi.org/10.1111/jdi.13860>
- Kettunen, J. M. (2021). A multigenerational study on phenotypic consequences of HNF1A-MODY. *Diabetologia*, 678–689. doi: <https://doi.org/10.1007/s00125-021-05631-z>
- Laakso, M. R. (2022). Structural/biophysical characterization of HNF1A. *Protein Science*, 31(4). doi:<https://doi.org/10.1002/pro.4283e>
- Laakso, M. R. (2022). Structural/biophysical characterization of HNF1A. *Protein Science*, 31(5), e4283. doi:<https://doi.org/10.1002/pro.4283>
- Laver, T.W. et al. (2016). La mutación común p.R114W HNF4A causa un subtipo clínico distinto de diabetes monogénica. *Diabetes*, 3212-3217. doi:10.2337/db16-0628.
- Özen, S. Ç. (2017). The spectrum of HNF1A gene mutations in patients with MODY-3 phenotype. *Journal of Pediatric Endocrinology and Metabolism*, 30(7), 739-745. doi:<https://doi.org/10.1515/jpem-2017-0278>
- Papadopoulou-Marketou, N. C.-G. (2019). Maturity-onset diabetes of the young (MODY): A diagnostic challenge. *International Journal of Pediatric Endocrinology*, 1(26).
- Peixoto-Barbosa, R. R. (2020). Update on clinical screening of maturity-onset diabetes of the young (MODY). *Diabetology & Metabolic Syndrome*, 12(50). doi:10.1186/s13098-020-00557-9
- Sánchez Malo, M. J. (2019). Diabetes tipo MODY-3, no todo debut es diabetes tipo 1. *Endocrinología, Diabetes y Nutrición*, 66(4), 271-272.
- Shields, B. W. (2020). Clinical features of rare MODY subtypes. *Diabetes Care*, 43(2), 252–259. doi:<https://doi.org/10.2337/dc19-1740>
- Shields, B. W. (2025). MODY 3 (HNF1A-MODY) clinical review. *Diabetes Therapy*, 16(1), 45-55. doi: <https://doi.org/10.1007/s13300-024-01521-0>
- Silva, A. P. (e962). Targeted sequencing identifies novel variants in common and rare MODY genes. *Molecular Genetics & Genomic Medicine*, 9. doi:<https://doi.org/10.1002/mgg3.962>

- Skoczek, D. D.-T. (2021). Diabetes de inicio en la madurez de los jóvenes: nuevos enfoques para el modelado de enfermedades. *Revista Internacional de Ciencias Moleculares*, 22(14). <https://doi.org/10.3390/ijms22147553>
- Sonda, I. N. (2022). Next-generation sequencing technologies in diabetes research. *Frontiers in Endocrinology*,. doi: <https://doi.org/10.3389/fendo.2022.1012459>
- Stoneking, D. Y. (2020). Whole exome sequencing reveals novel candidate gene variants for MODY. *American Journal of Human Genetics*, 106(3), 287-299.
doi:<https://doi.org/10.1016/j.ajhg.2020.01.005>
- Yahaya T, U. S. (2020). Genetics and Pathophysiology of Maturity-onset Diabetes of the Young (MODY): Review of Current Trends. *Med J*, 35(3).
- Zhang, H. C. (2021). Diabetes monogénica: una puerta de entrada a la medicina de precisión en diabetes. *Revista de investigación clínica*, 131(3).
<https://doi.org/10.1172/JCI142244>
- Zhou, H. L. (2024). Diagnostic accuracy of the MODY Probability Calculator in Chinese patients with early-onset diabetes. *Journal of Diabetes Investigation*, 15(3), 430-437. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38562131/>
- Żurawska, A. J. (2023). Identification of rare variants in candidate genes associated with MODY. *Journal of Diabetes & Metabolic Disorders*, 1234–1245.
doi:<https://doi.org/10.1007/s40200-023-01312-3>

CONCLUSIONES

El libro Microbiología y Genética: Enfermedades infecciosas y medicina molecular constituye una recopilación fundamental de investigaciones en el campo de la salud, centrándose tanto en el estudio de patógenos infecciosos como en la incursión detallada en la biología molecular.

Esta obra presenta resultados de estudios descriptivos, observacionales y revisiones sistemáticas, documenta logros significativos en la aplicación de metodologías clínicas y analíticas. Entre sus hallazgos se incluye la identificación de *Gardnerella vaginalis* como el patógeno más frecuente en vaginosis bacteriana (30%), y la confirmación de la alta prevalencia de *Escherichia coli* (>70%) como el principal uropatógeno, destacando la alta eficacia de la fosfomicina y nitrofurantoína (más del 80%) frente a la resistencia a antibióticos de primera línea.

Adicionalmente, se subraya el valor diagnóstico de biomarcadores como la procalcitonina (PCT) y la proteína C reactiva (PCR) para infecciones bacterianas, mostrando que la PCT y la interleucina-6 (IL-6) tienen una sensibilidad y especificidad elevada (>90%) en el diagnóstico de sepsis y bacteriemias. En el ámbito genético y molecular, se analiza que el gen HLA-Cw6 actúa como factor de predisposición en el 90% de los casos de psoriasis de inicio temprano, y se demuestra que la Secuenciación de Nueva Generación (NGS) es la técnica más eficaz para clasificar la diabetes Mody, una forma monogénica rara, lo cual es crucial para el tratamiento personalizado y el asesoramiento genético familiar.

Esta colección de investigaciones científicas rigurosas, que abordan desafíos críticos de la salud desde la microbiología hasta el diagnóstico molecular, establece un hito fundamental en la validación y consolidación de las competencias especializadas del perfil de egreso de los profesionales de Laboratorio Clínico. El libro se convierte, por tanto, en la piedra angular que eleva el estándar académico y formativo de la Carrera.

Los compiladores



Carlos Alfredo Vera Alcívar

Director de la Carrera de Laboratorio Clínico y docente de la facultad Ciencias de la Salud. Magíster en Gerencia y Administración de Salud. Licenciado en la especialización de Laboratorio Clínico y Licenciado en Ciencias de la Comunicación especialidad periodismo, además posee un Diplomado en Educación Superior por competencias.

Autor de los libros: Uroanálisis y fluidos corporales: Diagnóstico e interpretación de resultados, Ciencia y rehabilitación desde la academia hacia la atención integral del paciente; y, El hemograma manual: Un sobreviviente de la tecnología.

Correo: alfredo.vera@uleam.edu.ec

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-1931-796X>



Angie Brigitte Toala Vergara

Docente de la facultad de Ciencias de la salud de la Universidad Laica Eloy Alfaro de Manabí con experiencia en docencia en laboratorio clínico y en docencia práctica de microbiología y parasitología. Licenciada en Laboratorio clínico y magíster en Ciencias del Laboratorio clínico; doctorante en ciencias biomédicas. Experiencia en análisis microbiológico y áreas a fines. Autora de varias investigaciones y artículos científicos.

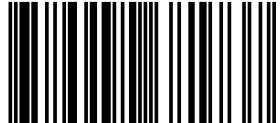
Correo: Angie.toala@uleam.edu.ec

ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-6098-5070>



Uleam
UNIVERSIDAD LAICA
ELOY ALFARO DE MANABÍ

ISBN: 978-9942-681-73-7



9789942681737

2025

Prohibida su venta