

Análisis temporal del microbioma clínico y su relación con patrones de resistencia antimicrobiana en el Hospital Carlos Andrade Marín (2018–2024)

Temporal analysis of the clinical microbiome and its relationship with antimicrobial resistance patterns at Carlos Andrade Marín Hospital (2018–2024)

Maricela Alexandra Chacha García*
Universidad Nacional de Chimborazo
Riobamba - Ecuador
maricela.chacha@unach.edu.ec
<https://orcid.org/0009-0001-7897-8661>

Saúl Stalin Lema Asqui
Universidad Nacional de Chimborazo
Riobamba - Ecuador
sauls.lema@unach.edu.ec
<https://orcid.org/0000-0002-8714-2655>

***Correspondencia:**
maricela.chacha@unach.edu.ec

Cómo citar este artículo:
Chacha, M., & Lema, S. (2025). Análisis temporal del microbioma clínico y su relación con patrones de resistencia antimicrobiana en el Hospital Carlos Andrade Marín (2018–2024). *Esprint Investigación*, 4(3), 219-233.
<https://doi.org/10.61347/ei.v4i3.211>

Recibido: 29 de octubre de 2025
Aceptado: 2 de diciembre de 2025
Publicado: 5 de diciembre de 2025

Resumen: La resistencia antimicrobiana constituye una de las principales amenazas para la salud pública y su dinámica está estrechamente vinculada a los cambios en el microbioma clínico. El objetivo de este estudio fue analizar la variabilidad temporal del microbioma clínico y su relación con los patrones de resistencia antimicrobiana durante el período 2018–2024. Se realizó un estudio retrospectivo y observacional basado en datos microbiológicos provenientes de cultivos clínicos procesados en un hospital de referencia. Se caracterizó la distribución anual de microorganismos y se evaluaron los perfiles de sensibilidad y resistencia para antibióticos de primera y segunda línea. Adicionalmente, se aplicaron modelos de series temporales para identificar tendencias, estacionalidad y posibles cambios estructurales en la dinámica microbiana. Los resultados evidencian variaciones significativas en la prevalencia de microorganismos, con incrementos estacionales en agentes Gram negativos y fluctuaciones en la resistencia a antimicrobianos críticos. El análisis temporal permitió identificar patrones emergentes de resistencia con implicaciones directas para la toma de decisiones terapéuticas. Este estudio aporta evidencia clave para fortalecer la vigilancia microbiológica y orientar estrategias de uso racional de antibióticos.

Palabras clave: Infecciones bacterianas, microbioma, resistencia antimicrobiana, series temporales.

Abstract: Antimicrobial resistance represents a major global health challenge, closely linked to dynamic changes within the clinical microbiome. This study aimed to analyze the temporal variability of the clinical microbiome and its relationship with antimicrobial resistance patterns during the period 2018–2024. A retrospective, observational study was conducted using microbiological data obtained from clinical cultures processed in a reference hospital. Annual distributions of isolated microorganisms were characterized, and susceptibility profiles for first- and second-line antibiotics were evaluated. Additionally, time-series models were applied to identify trends, seasonality, and potential structural shifts in microbial behavior. The findings reveal significant temporal fluctuations in microorganism prevalence, including seasonal increases in Gram-negative pathogens and notable variations in resistance to critical antimicrobials. Temporal modeling enabled the identification of emerging resistance patterns with direct implications for clinical decision-making. This study provides essential evidence to strengthen microbiological surveillance and support strategies for the rational use of antibiotics.

Keywords: Antimicrobial resistance, bacterial infections, microbiome, time series analysis.

Copyright: Derechos de autor 2025 Maricela Alexandra Chacha García, Saúl Stalin Lema Asqui.



Esta obra está bajo una licencia internacional Creative Commons Atribución-NoComercial 4.0.

1. Introducción

La resistencia antimicrobiana constituye una de las mayores amenazas actuales para la salud pública global y regional, impulsada por la emergencia y propagación de microorganismos capaces de evadir terapias antimicrobianas convencionales (Amancha et al., 2023; de Oliveira et al., 2020; Masoud et al., 2022; Parra-Donoso et al., 2021; Wise et al., 2023). Dicho fenómeno se encuentra estrechamente vinculado a la dinámica del microbioma clínico, un ecosistema complejo conformado por comunidades microbianas que coexisten en pacientes, personal sanitario, superficies hospitalarias y sistemas ambientales relacionados. La literatura evidencia que estos entornos actúan como reservorios y puntos de interacción microbiana que favorecen la transmisión de patógenos clínicamente relevantes y la diseminación de determinantes de resistencia (Amancha et al., 2023; de Oliveira et al., 2020; Gámez et al., 2020; Masoud et al., 2022; Wise et al., 2023).

Diversos estudios han identificado la presencia recurrente de microorganismos de alto impacto clínico dentro del microbioma hospitalario, incluidos *Staphylococcus aureus*, particularmente cepas resistentes a meticilina (SARM) y patógenos Gram negativos como *Klebsiella pneumoniae* y *Pseudomonas aeruginosa*, así como hongos del género *Candida* spp. (Karlowisky et al., 2021; Salazar et al., 2022; Villacís et al., 2020; Wise et al., 2023). Estos microorganismos representan una carga significativa en escenarios de cuidados intensivos debido a su elevada virulencia y a la creciente frecuencia de perfiles de resistencia. Además, investigaciones recientes documentan la colonización por ESKAPE, grupo de microorganismos con alta prioridad clínica tanto en pacientes críticos como en superficies y dispositivos hospitalarios, configurando una vía adicional para la transmisión cruzada dentro del entorno sanitario (de Oliveira et al., 2020; Masoud et al., 2022; Zonta et al., 2020).

La interacción entre el hospital y su entorno ambiental amplifica el problema. Evidencias provenientes de Chile, Colombia y otros países de la región muestran que las aguas residuales hospitalarias y el aire ambiental contienen bacterias resistentes y residuos de antibióticos, actuando como matrices de dispersión hacia el ambiente y las comunidades cercanas (Gámez et al., 2020; Karlowisky et al., 2021; Nieto-Sánchez et al., 2022; Parra-Donoso et al., 2021). Estos hallazgos subrayan la necesidad de enfoques integrados que combinen vigilancia microbiológica hospitalaria con monitoreo ambiental y gestión adecuada de residuos.

En el contexto de la resistencia antimicrobiana, se han documentado mecanismos relevantes como la producción de beta-lactamasas en bacterias Gram negativas aisladas de efluentes hospitalarios (Pico-Macias & Cruz-Macias, 2024); la presencia persistente de SARM en personal y superficies de contacto (Zuta Arriola et al., 2023); y la resistencia antifúngica emergente en *Candida* spp., evaluada a través de técnicas fenotípicas y moleculares (Figueroa & Ortíz 2025). Factores como la hospitalización prolongada, el uso de antibióticos de amplio espectro y la estancia en unidades de cuidados intensivos incrementan el riesgo de colonización e infección por microorganismos resistentes (González-Nahuelquin et al., 2023; Masoud et al., 2022; Nieto-Sánchez et al., 2022; Pico-Macias & Cruz-Macias, 2024).

El análisis temporal aporta un componente crítico para comprender la dinámica de estos eventos. Estudios en América Latina han demostrado la utilidad de los modelos de series temporales para evaluar variaciones anuales y estacionales en indicadores hospitalarios, usando enfoques como modelos ARIMA, GAM y Prais-Winsten (Becher et al., 2024; Cabrera-Mudarra, 2025; González-Nahuelquin et al., 2023; Jena et al., 2024). Dichas metodologías permiten identificar tendencias y cambios estructurales que resultan esenciales para anticipar patrones de resistencia o variabilidad microbiana.

A pesar de ello, en Latinoamérica existe todavía una escasez de investigaciones que integren análisis longitudinales del microbioma hospitalario con datos de resistencia antimicrobiana. En Ecuador, los esfuerzos se han centrado principalmente en vigilancia ambiental y caracterización de aguas residuales hospitalarias, como los estudios realizados en el Hospital Oncológico Solca-Manabí, que muestran la presencia de microorganismos clínicamente relevantes en efluentes hospitalarios (Pico-Macias & Cruz-Macias, 2024). Sin embargo, no existen estudios que analicen sistemáticamente la variabilidad temporal del microbioma clínico y su relación con la resistencia antimicrobiana en hospitales del país.

Este vacío de conocimiento limita la capacidad para anticipar patrones de riesgo, optimizar terapias antimicrobianas y fortalecer estrategias de control de infecciones. En este contexto, caracterizar la dinámica temporal del microbioma clínico y su relación con los perfiles de resistencia antimicrobiana constituye un paso fundamental para mejorar la vigilancia epidemiológica y la toma de decisiones basada en evidencia.

En respuesta a esta necesidad, el presente estudio tiene como objetivo analizar la variabilidad temporal del microbioma clínico y su relación con los patrones de resistencia antimicrobiana durante el período 2018–2024, mediante el uso de datos microbiológicos hospitalarios y herramientas estadísticas avanzadas de análisis temporal.

2. Metodología

Diseño del estudio

Se llevó a cabo un estudio observacional retrospectivo basado en la revisión sistemática de informes clínicos y microbiológicos obtenidos en formato digital entre los años 2018 y 2024. El objetivo del diseño fue caracterizar los patrones epidemiológicos del microbioma clínico y analizar la resistencia antimicrobiana a partir de datos generados en la práctica asistencial rutinaria.

Fuente de datos y procedimiento de extracción

La base de datos utilizada en este estudio se construyó a partir de información procedente del Hospital de Especialidades Carlos Andrade Marín (HECAM). Los registros originales correspondieron a informes PDF de laboratorio clínico que contenían datos demográficos, diagnósticos codificados y resultados de cultivos y antibiogramas, previamente anonimizados. Estos documentos fueron procesados utilizando un script automatizado en R diseñado para extraer texto íntegro mediante lectura directa u OCR. El script permitió identificar de forma automática variables como: sexo, edad, fecha de atención, microorganismos aislados, patrones de sensibilidad y códigos CIE-10.

Criterios de inclusión y exclusión

Se incluyeron todos los informes que contenían datos microbiológicos verificables y variables mínimas necesarias para la clasificación clínica y demográfica. Se excluyeron los archivos sin información clínica relevante y los documentos duplicados, los cuales se detectaron mediante un identificador hash generado para cada paciente.

Estandarización y procesamiento de la información

Una vez extraída la información, se realizó un proceso de normalización que incluyó la homogenización de fechas en formato día/mes/año, la estandarización del sexo del paciente, la depuración de nombres de microorganismos y la separación adecuada de códigos CIE-10 cuando se

presentaban múltiples diagnósticos en un mismo informe. Los códigos CIE-10 fueron validados y enriquecidos mediante su correspondencia con un diccionario oficial de la Clasificación Internacional de Enfermedades en formato CSV.

A partir de este procedimiento se generaron dos bases de datos principales: una orientada a la caracterización de pacientes y otra que consolidó todos los exámenes microbiológicos y resultados de sensibilidad. Ambas quedaron vinculadas mediante un identificador único anonimizador generado mediante algoritmos hash.

Variables consideradas

El estudio consideró variables demográficas como edad, sexo y servicio de atención; variables microbiológicas como microorganismo aislado, tipo de examen, resultado del cultivo y perfil de sensibilidad; y variables diagnósticas correspondientes a códigos CIE-10 presuntivos y definitivos. La variable de interés principal fue la identificación de microorganismos de alto impacto clínico y sus patrones de resistencia.

Análisis de datos

El análisis se realizó utilizando R. Las variables numéricas se evaluaron mediante medias, medianas y dispersiones, mientras que las variables categóricas se describieron mediante frecuencias absolutas y relativas. Se elaboraron tablas descriptivas de microorganismos y perfiles de resistencia, así como visualizaciones de distribución demográfica, carga microbiana y diagnóstica.

Para estudiar la evolución temporal se emplearon técnicas de series temporales, entre ellas modelos Prais-Winsten para estimar tendencias anuales, modelos ARIMA para evaluar patrones y estacionalidad, y modelos aditivos generalizados (GAM) para capturar dinámicas no lineales. Los resultados se reportaron con intervalos de confianza del 95 % y se representaron gráficamente en alta resolución.

Consideraciones éticas

El presente estudio se realizó utilizando exclusivamente datos secundarios anonimizados obtenidos de informes clínicos digitales, sin acceso a información personal identificable. La investigación fue aprobada mediante Of. CEISH-UNIANDES-CE-N°2025-8-0004, en la cual se determinó que el proyecto cumplía los criterios éticos para estudios exentos y se autorizó su ejecución de acuerdo con el protocolo presentado. El estudio se desarrolló respetando los principios éticos establecidos en la Declaración de Helsinki y las normativas ecuatorianas sobre investigación con información clínica, por lo cual no fue necesario obtener consentimiento informado individual.

3. Resultados

Características de la población

Se analizaron 357 pacientes atendidos en el periodo 2018-2024. La edad media fue de $47,3 \pm 13,2$ años (tabla 1). La población estuvo compuesta mayoritariamente por hombres (61.97%, n=221), mientras que las mujeres representaron el 38.03% (n=136). La mortalidad registrada durante la atención clínica fue del 35.96% (n=128), lo que refleja la elevada severidad clínica de la cohorte.

Tabla 1*Características de la población*

Variable	Valor
Edad (años)	47.3 ± 13.2 (mediana 50.0, IQR 36.8–58.0)
Sexo: FEMENINO	136 (38.03%)
Sexo: MASCULINO	221 (61.97%)
Mortalidad (SI)	128 (35.96%)

Nota. Edad: edad al momento de la atención; IQR: rango intercuartílico.

Microorganismos aislados

Se identificaron múltiples microorganismos clínicamente relevantes en la cohorte analizada. Los aislamientos más frecuentes correspondieron a *Klebsiella pneumoniae* subsp *pneumoniae* (21.9%), seguida de *Staphylococcus epidermidis* (9.3%), *Escherichia coli* (8.6%), *Staphylococcus aureus* (8.4%) y *Candida albicans* (6.0%) (tabla 2).

Tabla 2*Microorganismos detectados*

Microorganismo	Frecuencia	%
<i>Klebsiella pneumoniae</i> subsp <i>pneumoniae</i>	153	23.1
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	62	9.3
<i>Escherichia coli</i>	57	8.6
<i>Staphylococcus aureus</i>	56	8.4
<i>Candida albicans</i>	40	6.0
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	23	3.5
<i>Staphylococcus hominis</i> subsp. <i>hominis</i>	19	2.9
<i>Enterococcus faecalis</i>	18	2.7
<i>Acinetobacter baumannii</i>	16	2.4
<i>Serratia marcescens</i>	12	1.8
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	23	3.5
<i>Stenotrophomonas</i>	12	1.8
<i>Klebsiella oxytoca</i>	10	1.5
<i>Enterobacter aerogenes</i>	9	1.4
<i>Enterobacter cloacae</i> complex	9	1.4
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	8	1.2
<i>Hafnia alvei</i>	7	1.1

Otros microorganismos de relevancia clínica incluidos fueron *P. aeruginosa*, *E.*, *Acinetobacter baumannii*, *S. marcescens*, *Stenotrophomonas*, y especies del complejo *E. cloacae*. De manera destacada,

estuvieron presentes diversos patógenos del grupo ESKAPE, los cuales constituyen un foco crítico en vigilancia clínica debido a su potencial de multirresistencia y diseminación nosocomial.

Patrones de resistencia antimicrobiana

Los perfiles de sensibilidad obtenidos mostraron variabilidad entre antimicrobianos (tabla 3). Los antibióticos con mayores tasas de sensibilidad fueron vancomicina (99.1%), linezolid (95.7%) y amikacina (72.1%). En contraste, se observaron altos niveles de resistencia frente a oxacilina (71.3%), eritromicina (65.9%) y clindamicina (61.7%). Para antibióticos de uso extendido como ciprofloxacina, la resistencia alcanzó 44.3%, con un 50.1% de sensibilidad.

Estos hallazgos reflejan la coexistencia de perfiles sensibles y multirresistentes, compatibles con poblaciones hospitalarias complejas y exposición previa a antibióticos.

Tabla 3

Patrones de resistencia por antibiótico

Antibiótico	Total (n)	Sensible (%)	Intermedio (%)	Resistente (%)
Ciprofloxacina	465	50.1	5.6	44.3
Gentamicina	436	70.2	1.6	28.2
Oxacilina	150	28.7	0.0	71.3
Amikacina	147	72.1	4.1	23.8
Clindamicina	141	38.3	0.0	61.7
Vancomicina	115	99.1	0.0	0.9
Linezolid	94	95.7	0.0	4.3
Eritromicina	88	34.1	0.0	65.9

Relación entre microorganismos y diagnósticos clínicos

El análisis integrado entre microorganismos y diagnósticos CIE-10 reveló asociaciones clínicas heterogéneas (tabla 4). *K. pneumoniae subsp. pneumoniae* mostró mayor frecuencia de asociación con diagnósticos clasificados como “otros” (42.8%), mientras que microorganismos respiratorios típicos como *S. agalactiae*, *A. baumannii* y *K. oxytoca* se vincularon con diagnósticos del sistema respiratorio (28.6%, 14.3% y 9.8%, respectivamente).

Asimismo, hongos como *C. albicans*, *C. tropicalis* y *C. krusei* se asociaron con diagnósticos inespecíficos o sistémicos.

Tabla 4

Relación entre microorganismos y diagnóstico clínico (CIE-10)

Microorganismo	Código CIE-10	Categoría clínica	Frecuencia (n)	Porcentaje (%)
<i>Klebsiella pneumoniae subsp. pneumoniae</i>	B96.1	Otros	36	23.8
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	B95.7	Otros	20	13.2
<i>Candida albicans</i>	B37.9	Otros	20	13.2

Microorganismo	Código CIE-10	Categoría clínica	Frecuencia (n)	Porcentaje (%)
<i>Escherichia coli</i>	B96.2	Otros	13	8.6
<i>Staphylococcus aureus</i>	B95.6	Otros	8	5.3
<i>Enterococcus faecalis</i>	B95.2	Otros	7	4.6
<i>Staphylococcus hominis subsp. hominis</i>	B95.7	Otros	6	4.0
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	B96.5	Otros	6	4.0
<i>Streptococcus agalactiae</i>	B95.1	Respiratorio	6	4.0
<i>Acinetobacter baumannii</i>	B96.83	Respiratorio	5	3.3
<i>Klebsiella oxytoca</i>	B96.89	Respiratorio	4	2.6
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	B95.7	Respiratorio	4	2.6
<i>Serratia marcescens</i>	B96.89	Otros	4	2.6
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	B95.3	Otros	4	2.6
<i>Candida krusei</i>	B37.9	Respiratorio	4	2.6
<i>Candida tropicalis</i>	B37.9	Otros	4	2.6

Tendencias anuales de cultivos y resistencia (2018–2024)

En el periodo 2018-2024 (tabla 5), los cultivos positivos mostraron oscilaciones marcadas: el volumen aumentó entre 2018 (n=155) y 2019 (n=195), seguido de una caída pronunciada durante 2020–2022, con un mínimo en 2022 (n=63). Posteriormente se observó un incremento moderado en 2024 (n=52). La frecuencia de microorganismos ESKAPE siguió patrones similares, con un máximo en 2019 (n=137) y descenso progresivo posterior.

La resistencia global fluctuó entre 31.3% (2019) y 62.9% (2023), mientras que la sensibilidad se mantuvo predominante en la mayoría de los años, aunque con tendencia descendente hacia 2023–2024.

Tabla 5

Tendencias anuales de cultivos y resistencia (2018–2024)

Año	Cultivos positivos	Microorganismos ESKAPE	Pct. resistente	Pct. sensible
2018	155	78	40.6	56.6
2019	195	137	31.3	67.2
2020	89	63	38.8	58.9
2021	90	51	42.8	57.2
2022	63	42	41.1	52.7
2023	19	9	62.9	25.7
2024	52	34	48.6	51.4

Tendencias temporales de cultivos positivos y resistencia antimicrobiana (2018–2024)

El análisis temporal integró métodos de modelamiento ARIMA y regresión Prais–Winsten con corrección por autocorrelación, con el objetivo de caracterizar las tendencias anuales en la frecuencia de cultivos positivos y en la proporción global de resistencia antimicrobiana durante el periodo 2018–2024. La serie anual mostró un patrón irregular, con un descenso progresivo entre 2018 y 2022, seguido de un leve repunte hacia 2024 (figura 1a). El modelo ARIMA ajustado correspondió a un ARIMA(0,1,0), equivalente a una caminata aleatoria sin componente autorregresivo ni estacional. Este modelo reflejó adecuadamente la estructura no estacionaria de la serie y generó intervalos de pronóstico amplios, acordes con la variabilidad interanual observada.

El diagnóstico del modelo reveló residuos sin autocorrelación significativa, lo cual se confirmó mediante el ACF residual (figura 1b). La distribución de los residuos mostró simetría y ausencia de patrones sistemáticos, lo que respalda la validez del modelo para la dinámica observada. La regresión Prais–Winsten aplicada a la misma serie evidenció una pendiente negativa, indicando una tendencia descendente general en el número de cultivos positivos (figura 1c). Sin embargo, la magnitud de la pendiente fue moderada, en concordancia con las fluctuaciones bruscas observadas, especialmente la caída marcada en 2020, presumiblemente asociada al impacto operativo de la pandemia en la actividad diagnóstica hospitalaria.

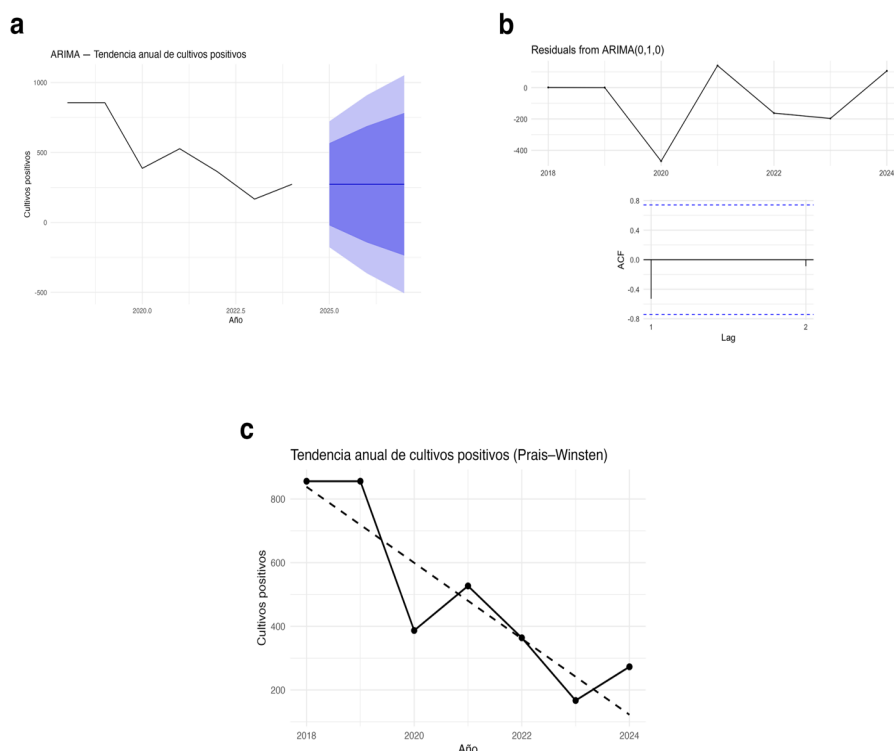
Figura 1

Tendencia anual de cultivos positivos entre 2018 y 2024

(a) Modelo ARIMA aplicado a la serie anual de cultivos positivos, mostrando valores observados y pronóstico a tres años con intervalos de predicción al 80 % y 95 %.

(b) Diagnóstico del modelo ARIMA (0,1,0), que incluye la secuencia de residuos, la función de autocorrelación (ACF) y la distribución de residuos, evidenciando ausencia de autocorrelación significativa.

(c) Tendencia lineal ajustada mediante regresión Prais–Winsten, con corrección por autocorrelación de primer orden, mostrando una tendencia no significativa en el periodo analizado



La proporción anual de resistencia antimicrobiana mostró oscilaciones relevantes, con valores mínimos alrededor del 31 % y máximos superiores al 60 %, particularmente en 2023 (figura 2a). El modelo ARIMA identificado fue un ARIMA (0,0,0) con media distinta de cero, lo que sugiere ausencia de estructura temporal persistente y variación alrededor de un promedio estable. El pronóstico reflejó alta incertidumbre, con intervalos amplios que abarcan un rango considerable, producto del tamaño limitado de la serie y la fuerte dispersión anual.

El diagnóstico del modelo reveló residuos sin autocorrelación según el ACF (figura 2b), y con distribución aproximadamente normal, lo cual indica ajuste adecuado pese a la simplicidad del modelo. Además, la regresión Prais–Winsten aplicada a la proporción de resistencia mostró una pendiente positiva, indicando un incremento global de la resistencia antimicrobiana a lo largo del periodo (figura 2c). A diferencia de los cultivos positivos, la tendencia ascendente fue más evidente, aunque con picos abruptos que sugieren influencias externas. El ascenso pronunciado en 2023 se alineó con el comportamiento observado en la serie ARIMA.

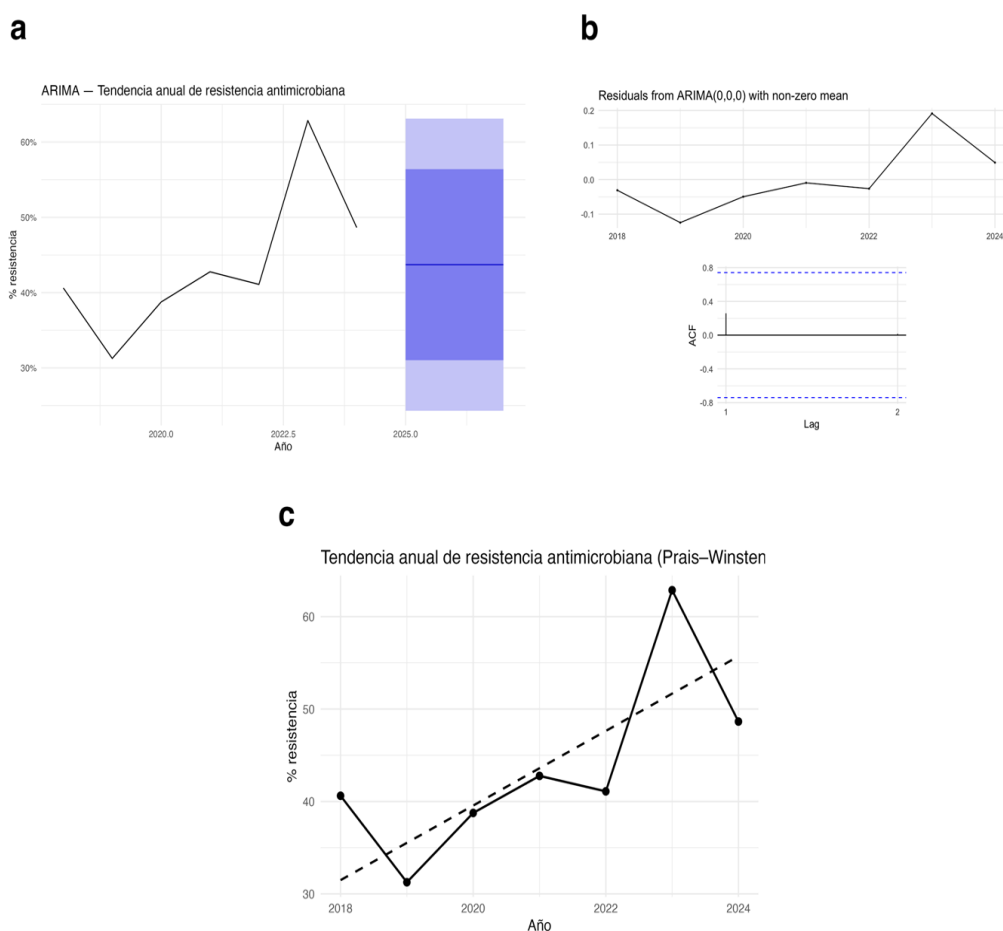
Figura 2

Evolución anual del porcentaje de resistencia antimicrobiana entre 2018 y 2024.

(a) Modelo ARIMA aplicado a la proporción anual de resistencia, ajustando un ARIMA (0,0,0) con media distinta de cero, e ilustrando la variación observada y el pronóstico a tres años.

(b) Diagnóstico del modelo ARIMA, mostrando los residuos estandarizados, ACF y distribución residual, sin evidencia de autocorrelación significativa.

(c) Tendencia lineal obtenida mediante regresión Prais–Winsten, indicando ausencia de cambio lineal significativo pero una oscilación interanual marcada en los niveles de resistencia.



4. Discusión

El principal hallazgo de este estudio fue la identificación de una carga microbiológica hospitalaria dominada por bacterias de relevancia clínica, con predominio de especies pertenecientes al grupo ESKAPE y con presencia sostenida de resistencia antimicrobiana durante el periodo 2018–2024. Este patrón fue similar con el marco conceptual propuesto para los patógenos ESKAPE, reconocidos como causas principales de infecciones asociadas a la atención sanitaria y como núcleos de diseminación de resistencia en hospitales de alta complejidad de Oliveira et al., (2020). En concordancia con lo descrito en dichos trabajos, la persistencia de este grupo de microorganismos respaldó la interpretación de que el hospital analizado presentaba una carga microbiológica de alto riesgo, compatible con entornos sometidos a presión antibiótica prolongada de Oliveira et al., (2020).

La distribución de especies observada, con una participación destacada de *K. pneumoniae* y otros bacilos Gram negativos multirresistentes, coincidió con informes que describieron la circulación de cepas MDR y perfiles de virulencia aumentada en contextos hospitalarios europeos de Oliveira et al., (2020). En estos estudios, el cribado sistemático de bacterias resistentes permitió demostrar una elevada frecuencia de clones de *K. pneumoniae* portadores de múltiples determinantes de resistencia, lo cual es concordante con el predominio de bacterias del grupo ESKAPE observado en este trabajo y con la necesidad de mantener una vigilancia continua en hospitales de tercer nivel (de Oliveira et al., 2020; Masoud et al., 2022; Zonta et al., 2020).

En relación con las características demográficas, la población analizada mostró una estructura etaria y distribución por sexo comparables a las observadas en estudios previos sobre pacientes hospitalizados en servicios de mediana y alta complejidad. La proporción de fallecimientos fue consistente con poblaciones expuestas a infecciones complejas y comorbilidades significativas. Este hallazgo demográfico fue relevante porque contextualizó los patrones de colonización y resistencia observados, reforzando la plausibilidad de los resultados microbiológicos (Gámez et al., 2020; González-Nahuelquin et al., 2023; Nieto-Sánchez et al., 2022; Parra-Donoso et al., 2021; Pico-Macias & Cruz-Macias, 2024).

Respecto a los microorganismos aislados, se observó un predominio de *K. pneumoniae*, *S. epidermidis*, *S. aureus*, *E. coli* y *C. albicans*. Este perfil coincidió con lo descrito en investigaciones previas en hospitales de la región, donde las especies Gram-negativas resistentes y los cocos Gram-positivos asociados a dispositivos invasivos representan causas frecuentes de colonización e infección (Amancha et al., 2023; Estela-Zape et al., 2025; Figueroa & Ortíz (2025); Fromentin et al., 2022; Gámez et al., 2020; Molina et al., 2022; Nieto-Sánchez et al., 2022; Salazar et al., 2022; Tellez-Carrasquilla et al., 2023; Wang et al., 2020; Zuta Arriola et al., 2023). El hallazgo de una participación significativa de hongos del género *Candida* también fue congruente con estudios como el de Figueroa & Ortíz (2025), especialmente en poblaciones expuestas a hospitalización prolongada, antibióticos de amplio espectro y soporte vital. La coincidencia con la evidencia disponible sugirió que el comportamiento ecológico microbiano del hospital estudiado fue representativo de lo reportado en otros entornos clínicos de Latinoamérica, aunque con variaciones en especies menos frecuentes que podrían reflejar particularidades locales.

Los patrones de resistencia antimicrobiana mostraron un predominio de perfiles resistentes en antibióticos clave utilizados en la práctica hospitalaria. La magnitud de la resistencia observada fue comparable a estudios realizados en Chile, Colombia y Ecuador, donde la presión antibiótica sostenida ha favorecido la selección de cepas resistentes, en estos estudios se observó que entre 70% y 92% de los aislamientos clínicos de bacilos Gram negativos presentaron resistencia a al menos un antibiótico de

uso habitual (Amancha et al., 2023; Gámez et al., 2020; Nieto-Sánchez et al., 2022; Parra-Donoso et al., 2021; Villacís et al., 2020). Nuestros resultados relacionados con antibióticos como ciprofloxacina, gentamicina y oxacilina fueron concordantes con reportes que destacaron niveles elevados de resistencia entre bacilos Gramnegativos y estafilococos coagulasa negativos. La presencia de sensibilidad casi universal a vancomicina se alineó con la literatura internacional y sugirió que, a pesar de la resistencia generalizada, ciertos antibióticos mantienen eficacia frente a subgrupos específicos de microorganismos Grampositivos (Amancha et al., 2023; de Oliveira et al., 2020; Gámez et al., 2020; Salazar et al., 2022).

La relación entre microorganismos aislados y diagnósticos CIE-10 mostró asociaciones esperadas según la literatura, especialmente para diagnósticos respiratorios y urinarios, donde especies como *S. pneumoniae*, *K. pneumoniae* y *P. aeruginosa* suelen ser predominantes. La predominancia de códigos inespecíficos o agrupados también se ha descrito en estudios retrospectivos basados en registros clínicos, lo cual limita la especificidad diagnóstica, permiten una aproximación válida al panorama clínico. La concordancia parcial entre el microorganismo aislado y el diagnóstico clínico reflejó la complejidad de establecer relaciones causales en estudios observacionales de vigilancia hospitalaria, un aspecto igualmente reportado en trabajos similares (de Oliveira et al., 2020; Masoud et al., 2022; Villacís et al., 2020; Wise et al., 2023; Zuta Arriola et al., 2023).

En cuanto a la tendencia temporal, el análisis ARIMA mostró que tanto los cultivos positivos como la resistencia global fluctuaron sin patrones estructurados. La ausencia de autocorrelación residual en ambos modelos confirmó que las series carecían de ciclos temporales consistentes, un hallazgo que coincidió con estudios previos que han señalado la alta variabilidad interanual en indicadores microbiológicos hospitalarios. De forma complementaria, la regresión Prais-Winsten no identificó tendencias lineales significativas, un comportamiento esperado en series relativamente cortas y particularmente susceptible a perturbaciones externas, como la pandemia de COVID-19, que modificó de manera abrupta los flujos de hospitalización, las prácticas diagnósticas y la presión antibiótica en múltiples países de la región (de Souza et al., 2020; Molina et al., 2022). No obstante, estos resultados deben interpretarse considerando que los modelos no incluyeron variables epidemiológicas clave, como ocupación hospitalaria, intensidad del uso de antimicrobianos o volumen de solicitudes diagnósticas. Estudios previos han demostrado que estas variables pueden modificar sustancialmente la dinámica microbiológica (González-Nahuelquin et al., 2023; Masoud et al., 2022; Molina et al., 2022). Por ejemplo, aumentos transitorios en la ocupación hospitalaria o episodios de incremento en la prescripción de antibióticos se han asociado a repuntes en la detección de organismos multirresistentes, mientras que periodos de menor presión clínica pueden generar descensos aparentes que no reflejan cambios reales en la epidemiología del patógeno (de Oliveira et al., 2020; Zonta et al., 2020).

La principal aportación de este estudio fue proporcionar una caracterización integrada del microbioma clínico, los perfiles de resistencia y sus tendencias temporales a partir de datos hospitalarios reales, lo cual permitió identificar patrones concordantes con la literatura y particulares locales. La combinación de análisis microbiológicos y estadísticos avanzados ofreció una visión más completa de la dinámica de patógenos y resistencia en el entorno hospitalario, aportando evidencia útil para la planificación de estrategias de vigilancia y control.

En conjunto, los hallazgos indicaron que el hospital estudiado presentó un perfil microbiológico de alta relevancia clínica, con predominio de microorganismos ESKAPE y niveles considerables de resistencia antimicrobiana, sin tendencias temporales sostenidas durante el periodo analizado. Este conjunto de resultados fue relevante porque reflejó tanto riesgos continuos para la atención sanitaria

como oportunidades para fortalecer la vigilancia microbiológica y las políticas institucionales de gestión antibiótica. Presentar la interpretación de los resultados obtenidos y compararlos con otros estudios realizados, indicando sus ventajas y aportaciones, evitando adjetivos de elogio. Procure analizar aspectos novedosos de los resultados de su investigación. No repita los datos o información que ya se presentaron en la sección de resultados, cada resultado debe ser discutido por separado y en el mismo orden en que fueron planteados.

Limitaciones del estudio

Este estudio presentó varias limitaciones que deben considerarse al interpretar los resultados. En primer lugar, se trató de un análisis retrospectivo basado en registros clínicos y de laboratorio, lo que implicó dependencia de la calidad, integridad y estandarización de la información disponible. En segundo lugar, los microorganismos reportados reflejaron únicamente los cultivos procesados y documentados en el hospital, sin incluir pacientes no muestreados o cultivos descartados por criterios clínicos, cultivos totales y pacientes-día, lo cual pudo generar sesgos de selección. Asimismo, el análisis de resistencia antimicrobiana se basó en interpretaciones textuales provenientes de los reportes de laboratorio; aunque se emplearon procedimientos de limpieza rigurosos, algunos perfiles pudieron estar incompletos o simplificados respecto a los paneles de sensibilidad originales.

En tercer lugar, las series temporales abarcaron un periodo relativamente breve (2018–2024), con solo mediciones anuales. Esto redujo la capacidad para detectar tendencias complejas o patrones estacionales y limitó la potencia de los modelos ARIMA y Prais–Winsten. Además, los años 2020–2021 estuvieron afectados por la pandemia de COVID-19, que alteró la actividad diagnóstica, el flujo de hospitalización y el uso de antibióticos, introduciendo posibles efectos externos no controlados. Finalmente, los hallazgos correspondieron a un solo hospital y podrían no ser generalizables a otros centros del país o la región, especialmente aquellos con características epidemiológicas, operativas o poblacionales distintas.

A pesar de estas limitaciones, el estudio aportó una caracterización integral del perfil microbiológico y de resistencia en el contexto analizado y proporcionó información útil para fortalecer la vigilancia y orientar futuras investigaciones con diseños más robustos

5. Conclusiones

El estudio permitió caracterizar de manera integral el perfil microbiológico hospitalario, los patrones de resistencia antimicrobiana y su comportamiento temporal entre 2018 y 2024. El hallazgo central fue la presencia dominante de microorganismos clínicamente relevantes, especialmente del grupo ESKAPE, junto con niveles sostenidos de resistencia en antibióticos de uso habitual, lo que reflejó un escenario de riesgo persistente para la atención de pacientes hospitalizados en áreas críticas de cuidados intensivos.

Los resultados mostraron que, aunque el volumen de cultivos positivos y la proporción global de resistencia exhibieron variaciones interanuales marcadas, no se identificaron tendencias lineales significativas en el periodo evaluado. Esta ausencia de una trayectoria ascendente o descendente sostenida sugirió que la dinámica observada estuvo influenciada por factores operativos, cambios epidemiológicos y alteraciones disruptivas en la actividad hospitalaria, como las asociadas a la pandemia de COVID-19.

La coexistencia de microorganismos Gram-negativos y Gram-positivos de alta relevancia clínica, junto con perfiles de resistencia concordantes con estudios regionales, indicó que el hospital compartió

características epidemiológicas con otros centros latinoamericanos con desafíos similares en el control de infecciones y en el uso racional de antimicrobianos. El análisis integrado de microorganismos, diagnósticos clínicos y resistencia aportó evidencia útil para comprender la interacción entre presión antibiótica, colonización y patrones microbiológicos en el entorno asistencial.

En conjunto, el estudio aportó evidencia relevante para la gestión clínica y epidemiológica del hospital, y proporcionó bases para futuras investigaciones orientadas a mejorar la seguridad del paciente y la calidad del cuidado en entornos donde la resistencia antimicrobiana continúa siendo un desafío prioritario.

Referencias

- Amancha, G., Celis, Y., Irazabal, J., Falconi, M., Villacis, K., Thekkur, P., Nair, D., Perez, F., & Verdonck, K. (2023). High levels of antimicrobial resistance in *Escherichia coli* and *Salmonella* from poultry in Ecuador. *Pan American Journal of Public Health*, 47. <https://doi.org/10.26633/RPSP.2023.15>
- Becher, P., Goßling, A., Fluschnik, N., Schrage, B., Seiffert, M., Schofer, N., Blankenberg, S., Kirchhof, P., Westermann, D., & Kalbacher, D. (2024). Temporal trends in incidence, patient characteristics, microbiology and in-hospital mortality in patients with infective endocarditis: a contemporary analysis of 86,469 cases between 2007 and 2019. *Clinical Research in Cardiology : Official Journal of the German Cardiac Society*, 113(2), 205–215. <https://doi.org/10.1007/S00392-022-02100-4>
- Cabrera-Mударra, R. (2025). Inteligencia artificial y calidad clínica: Herramientas para optimizar el desempeño hospitalario. *Noesis. Revista Electrónica de Investigación*, 7(14), 192–210. <https://doi.org/10.35381/noesisin.v7i14.349>
- de Oliveira, D., Forde, B., Kidd, T., Harris, P., Schembri, M., Beatson, S., Paterson, D., & Walker, M. (2020). Antimicrobial resistance in ESKAPE pathogens. *Clinical Microbiology Reviews*, 33(3). <https://doi.org/10.1128/CMR.00181-19>
- de Souza, W., Buss, L., Candido, D., Carrera, J., Li, S., Zarebski, A., Pereira, R., Prete, C., de Souza-Santos, A., Parag, K., Belotti, M., Vincenti-Gonzalez, M., Messina, J., Sales, F., Andrade, P., Nascimento, V., Ghilardi, F., Abade, L., Gutierrez, B., ... Faria, N. (2020). Epidemiological and clinical characteristics of the COVID-19 epidemic in Brazil. *Nature Human Behaviour*, 4(8), 856–865. <https://doi.org/10.1038/s41562-020-0928-4>
- Estela-Zape, J., Sanclemente-Cardoza, V., Espinosa-Cifuentes, M., & Ordoñez-Mora, L. (2025). Impact of Invasive Mechanical Ventilation on the Lung Microbiome. *Advances in Respiratory Medicine*, 93(4). <https://doi.org/10.3390/arm93040023>
- Figuerola, L., & Ortiz, J. (2025). Métodos Fenotípicos, Moleculares Y Espectrométricos Para La Evaluación De La Resistencia en *Candida* Spp.: Una Revisión Bibliográfica. *Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar*. https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v9i5.19843
- Fromentin, M., Ricard, J., & Roux, D. (2022). Lung microbiome in critically ill patients. *Life*, 12(1). <https://doi.org/10.3390/life12010007>
- Gámez, G., Rojas, J., Cardona, S., Castillo, J., Palacio, M., Mejia, L., Torres, J., Contreras, J., Muñoz, L., Ciales, J., Luis, V., Forero, A., Zúñiga, Y., Cuastumal, M., Acevedo, L., Molina, A., Bolivar, J., Gómez, A., Morales, J., & Hammerschmidt, S. (2020). Nasopharyngeal Colonization,

Associated Factors and Antimicrobial Resistance of *Streptococcus pneumoniae* among Children under 5 Years of Age in the Southwestern Colombia. *Journal of Pediatric Infectious Diseases*. <https://doi.org/10.1101/2020.04.09.20058529>

González-Nahuelquin, C., Maciá-Soler, L., Arredondo-González, E., Valero-Chillerón, M., Puebla-Santibáñez, P., & González-Chordá, V. (2023). Prevalence of Pressure Ulcers at Hospital Discharge in Chile: Indicator Trend From 2001 To 2019. *Ciencia y Enfermería*, 29. <https://doi.org/10.29393/CE29-35PUCV60035>

Jena, D., Sridhar, S., Shareef, J., Talath, S., Ballal, S., Kumar, S., Bhat, M., Sharma, S., Kumar, M., Chauhan, A., Gaidhane, A., Agarwal, N., Bushi, G., Shabil, M., Zahiruddin, Q., Mohanty, A., Al-Tawfiq, J., & Sah, R. (2024). Time series modelling and forecasting of Monkeypox outbreak trends Africa's in most affected countries. *New Microbes and New Infections*, 62. <https://doi.org/10.1016/j.nmni.2024.101526>

Karlowsky, J., Kazmierczak, K., Valente, M., Luengas, E., Baudrit, M., Quintana, A., Irani, P., Stone, G. G., & Sahm, D. (2021). In vitro activity of ceftazidime-avibactam against Enterobacterales and *Pseudomonas aeruginosa* isolates collected in Latin America as part of the ATLAS global surveillance program, 2017–2019. *Brazilian Journal of Infectious Diseases*, 25(6). <https://doi.org/10.1016/j.bjid.2021.101647>

Masoud, S., Kovacevich, A., Gangji, R., Nyawale, H., Nyange, M., & Ntukula, A. (2022). Extent and Resistance Patterns of ESKAPE Pathogens Isolated in Pus Swabs from Hospitalized Patients. *Canadian Journal of Infectious Diseases and Medical Microbiology*, 2022. <https://doi.org/10.1155/2022/3511306>

Molina, A., Muñoz, V., Olocco, C., Vacaflor, L., Peralta, N., & Gerván, N. (2022). Coinfección y sobreinfección bacteriana en pacientes con neumonía por COVID-19 en el Nuevo Hospital San Roque de Córdoba (2020). *Revista Bioquímica y Patología Clínica*, 86(3), 45–56. <https://doi.org/10.62073/bypc.v86i3.229>

Nieto-Sánchez, Z., Moreno-Sánchez, Y., & Fernández-Nieto, E. (2022). Hospital waste management in a Service Provider Institution of the municipality of Los Patios, Norte de Santander, Colombia. *Revista de Salud Pública*, 24(5). <https://doi.org/10.15446/rsap.v24n5.106471>

Parra-Donoso, M., Valdebenito-Rolack, E., Cid-Maldonado, N., Dominguez-Yévenes, M., Sanhueza-Gomez, F., Salvo, C., Lopez-Jenssen, M., Bournas, P., & Bello-Toledo, H. (2021). Microbiological air quality in a community family health center of talcahuano, biobío region, chile. *Revista Chilena de Infectología*, 38(3), 324–332. <https://doi.org/10.4067/S0716-10182021000300324>

Pico-Macias, J., & Cruz-Macias, B. (2024). Caracterización de aguas residuales en el Hospital Oncológico Solca-Manabí. *MQRInvestigar*, 8(2), 839–858. <https://doi.org/10.56048/mqr20225.8.2.2024.839-858>

Salazar, C., Antelo, V., Vieytes, M., Dávila, C., Grill, F., Galiana, A., & Iraola, G. (2022). First detection and origin of multi-drug resistant *Klebsiella pneumoniae* ST15 harboring OXA-48 in South America. *Journal of Global Antimicrobial Resistance*, 30, 480–484. <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2022.08.005>

Tellez-Carrasquilla, S., Rodríguez, E., & Jiménez, J. (2023). High frequency of clinically important Gram-negative bacilli resistant to beta-lactams in hospital wastewater effluents. *Infectio*, 27(2), 78–85. <https://doi.org/10.22354/24223794.1126>

- Villacís, J., Reyes, J., Castelán-Sánchez, H., Dávila-Ramos, S., Lazo, M., Wali, A., Boderó, L., Toapanta, Y., Naranjo, C., Montero, L., Campos, J., Galas, M., & Gestal, M. (2020). OXA-48 carbapenemase in *Klebsiella pneumoniae* sequence type 307 in Ecuador. *Microorganisms*, 8(3). <https://doi.org/10.3390/microorganisms8030435>
- Wang, Z., Liu, H., Wang, F., Yang, Y., Wang, X., Chen, B., Stampfli, M. R., Zhou, H., Shu, W., Brightling, C. E., Liang, Z., & Chen, R. (2020). A Refined View of Airway Microbiome in Chronic Obstructive Pulmonary Disease at Species and Strain-Levels. *Frontiers in Microbiology*, 11. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01758>
- Wise, M., Karlowsky, J., Lemos-Luengas, E., Valdez, R., & Sahm, D. (2023). Epidemiology and in vitro activity of ceftazidime-avibactam and comparator agents against multidrug-resistant isolates of Enterobacterales and *Pseudomonas aeruginosa* collected in Latin America as part of the ATLAS surveillance program in 2015–2020. *Brazilian Journal of Infectious Diseases*, 27(3). <https://doi.org/10.1016/j.bjid.2023.102759>
- Zonta, F., Roque, M., da Silva, R., Ritter, A., & Jacobsen, F. (2020). Colonization by ESKAPES and clinical characteristics of critically ill patients. *Enfermeria Global*, 19(3), 214–254. <https://doi.org/10.6018/eglobal.406691>
- Zuta, N., Rojas, A., Zel, L., Salazar, M., & Siccha, A. (2023). *Staphylococcus aureus* resistente a metilina (SARM) en fosas nasales y teléfonos celulares en estudiantes y trabajadores del área de la salud: Revisión sistemática. *Revista de La Universidad Del Zulia*, 14(40), 397–421. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=9004081>

Transparencia

Conflicto de interés

Los autores declaran que no existen conflictos de interés de naturaleza alguna como parte de la presente investigación.

Fuente de financiamiento

Los autores financiaron completamente la investigación.

Contribución de autoría

Maricela Alexandra Chacha García: Conceptualización, metodología, software, validación, análisis formal, investigación, gestión de datos, visualización, redacción - preparación del borrador original, redacción - revisión y edición, financiamiento, administración del proyecto, recursos, supervisión.

Saúl Stalin Lema Asqui: Conceptualización, metodología, validación, análisis formal, investigación, gestión de datos, visualización, redacción - preparación del borrador original, redacción - revisión y edición, financiamiento, administración del proyecto, recursos, supervisión.

Los autores contribuyeron activamente en el análisis de los resultados, revisión y aprobación del manuscrito final.