

Prevalencia y resistencia antimicrobiana de *Shigella* en niños menores de cinco años con diarrea

Prevalence and antimicrobial resistance of Shigella in children under five years of age with diarrhea

Willian Vinicio Manobanda Muza*
Universidad Nacional de Chimborazo
Riobamba - Ecuador
willian.manobanda@unach.edu.ec
<https://orcid.org/0009-0003-0901-8645>

Ana Carolina Manobanda Romero
Universidad Nacional de Chimborazo
Riobamba - Ecuador
ana.gonzalez@unach.edu.ec
<https://orcid.org/0000-0002-4899-6076>

*Correspondencia:
willian.manobanda@unach.edu.ec

Cómo citar este artículo:
Manobanda, W., & Manobanda, A. (2026). Prevalencia y resistencia antimicrobiana de *Shigella* en niños menores de cinco años con diarrea. *Esprint Investigación*, 5(Esp.2), 198-216. <https://doi.org/10.61347/ei.v5iEsp.2.396>

Recibido: 4 de septiembre de 2026
Aceptado: 8 de octubre de 2026
Publicado: 22 de octubre de 2026

Copyright: Derechos de autor 2026 Willian Vinicio Manobanda Muza, Ana Carolina Manobanda Romero.



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

Resumen: La infección por *Shigella* spp. constituye un problema de salud pública en la población infantil debido a su participación en la enfermedad diarreica y al incremento de la resistencia antimicrobiana. El objetivo fue analizar la prevalencia y los patrones de resistencia antimicrobiana de *Shigella* spp. en niños menores de cinco años con diarrea en América Latina y el Caribe, mediante una revisión sistemática de la literatura publicada entre 2020 y 2026. Se desarrolló una revisión sistemática de enfoque cualitativo y alcance descriptivo, siguiendo las recomendaciones PRISMA 2020. Se consultaron Scopus, PubMed, SciELO, LILACS, Redalyc y Google Académico; se identificaron 368 registros, de los cuales 12 estudios cumplieron los criterios de elegibilidad. Los resultados evidenciaron variaciones en la detección de *Shigella* spp. según las poblaciones y los métodos diagnósticos, con estimaciones superiores mediante técnicas moleculares. *S. flexneri* y *S. sonnei* fueron las especies predominantes, con diferencias geográficas en su distribución. Se identificaron elevados porcentajes de resistencia frente a ampicilina y trimetoprima/sulfametoxazol, heterogeneidad en la multirresistencia y limitada caracterización de mecanismos moleculares. Asimismo, se describieron condiciones clínicas, epidemiológicas y socioambientales potencialmente relacionadas con la infección, aunque sin evidencia homogénea sobre sus asociaciones. Se concluyó que la variabilidad metodológica y epidemiológica impidió establecer estimaciones regionales representativas, lo que destacó la necesidad de estandarizar los procedimientos diagnósticos, fortalecer la vigilancia microbiológica y molecular e impulsar estrategias integrales de prevención.

Palabras clave: Antimicrobianos, diarrea infantil, factores de riesgo, multirresistencia, prevalencia, resistencia antimicrobiana, *Shigella*.

Abstract: *Shigella* spp. infection constitutes a public health concern among children due to its contribution to diarrheal disease and increasing antimicrobial resistance. This study aimed to analyze the prevalence and antimicrobial resistance patterns of *Shigella* spp. in children under five years of age with diarrhea in Latin America and the Caribbean through a systematic review of the literature published between 2020 and 2026. A systematic review with a qualitative approach and descriptive scope was conducted following the PRISMA 2020 guidelines. Scopus, PubMed, SciELO, LILACS, Redalyc, and Google Scholar were searched, identifying 368 records, of which 12 studies met the eligibility criteria. The results revealed variations in *Shigella* spp. detection across populations and diagnostic methods, with higher estimates obtained using molecular techniques. *S. flexneri* and *S. sonnei* were the predominant species, with geographical differences in their distribution. High resistance rates to ampicillin and trimethoprim/sulfamethoxazole, heterogeneous multidrug resistance patterns, and limited characterization of molecular resistance mechanisms were identified. Clinical, epidemiological, and socioenvironmental conditions potentially associated with infection were also described, although consistent evidence regarding these associations was lacking. It was concluded that methodological and epidemiological heterogeneity prevented the establishment of representative regional estimates, highlighting the need to standardize diagnostic procedures, strengthen microbiological and molecular surveillance, and promote comprehensive prevention strategies.

Keywords: Antimicrobial resistance, antimicrobials, childhood diarrhea, multidrug resistance, prevalence, risk factors, *Shigella*.

1. Introducción

La enfermedad diarreica constituye un importante problema de salud pública debido a su elevada frecuencia y sus repercusiones sobre la morbilidad y mortalidad en niños menores de cinco años. Se caracteriza por la presencia de tres o más deposiciones líquidas o blandas en un período de 24 horas y puede ocasionar deshidratación, desequilibrios electrolíticos y alteraciones nutricionales. Su aparición se relaciona con condiciones socioeconómicas desfavorables, acceso limitado al agua potable y deficiencias en el saneamiento ambiental. Estas circunstancias incrementan la exposición infantil a diversos agentes infecciosos, especialmente en poblaciones con mayor vulnerabilidad sanitaria (Cando et al., 2018; Piguave-Reyes et al., 2019a, 2019b).

La etiología de la diarrea infantil comprende microorganismos virales, bacterianos y parasitarios, cuya distribución varía según las características epidemiológicas y ambientales de cada población. Entre los principales agentes identificados se encuentran rotavirus, *Escherichia coli*, *Salmonella* spp., *Shigella* spp., *Campylobacter* spp. y diferentes protozoos intestinales. Su frecuencia depende de factores como la edad, las condiciones higiénico-sanitarias y las características geográficas de los territorios estudiados. Por consiguiente, la identificación de los microorganismos predominantes resulta fundamental para comprender el comportamiento epidemiológico de las enfermedades diarreicas y orientar las estrategias de vigilancia sanitaria (Avila & Vásquez, 2022; Nazate et al., 2022).

Entre los agentes bacterianos asociados con la diarrea infantil, *Shigella* spp. destaca por su capacidad de transmisión y su importancia clínica en menores de cinco años. Este género comprende cuatro especies principales: *Shigella dysenteriae*, *Shigella flexneri*, *Shigella boydii* y *Shigella sonnei*, cuya distribución presenta variaciones geográficas. La transmisión ocurre principalmente por vía fecal-oral, mediante el contacto interpersonal o la ingestión de agua y alimentos contaminados. Las manifestaciones clínicas incluyen diarrea, fiebre y dolor abdominal, aunque también pueden presentarse cuadros invasivos caracterizados por deposiciones sanguinolentas y complicaciones que requieren atención médica (Anselmo et al., 2020; Halimeh et al., 2021; Moreno, 2023).

La importancia epidemiológica de *Shigella* spp. ha sido documentada mediante investigaciones desarrolladas en diferentes regiones del mundo. Cohen et al. (2022), en un estudio realizado en 28 países de ingresos bajos y medios, identificaron a este microorganismo entre las principales causas atribuibles de diarrea que requirió hospitalización en menores de cinco años. En Centroamérica se notificó una fracción atribuible del 19,2 %, mientras que en Sudamérica alcanzó el 11,8 %, lo que evidencia diferencias regionales en su contribución a la enfermedad. Estos resultados destacan la necesidad de disponer de estimaciones epidemiológicas específicas que permitan comprender la magnitud de la infección en diferentes poblaciones infantiles.

En América Latina, diversos estudios han identificado variaciones en la frecuencia y distribución de *Shigella* spp. entre poblaciones pediátricas. Grenón et al. (2022) notificaron una prevalencia del 5 % entre 2128 episodios de diarrea infantil registrados en Posadas, Argentina, de los cuales el 70 % correspondió a menores de cinco años. En esta investigación predominó *S. flexneri*, lo que refleja la importancia de analizar la distribución de las especies bacterianas según el contexto geográfico. Asimismo, estudios realizados en Ecuador han documentado la participación de *Shigella* spp. en la enfermedad diarreica infantil, lo que respalda la necesidad de fortalecer la vigilancia epidemiológica regional (Monar et al., 2023; Nazate et al., 2022).

La resistencia antimicrobiana de *Shigella* spp. constituye un desafío para el manejo clínico de la

infección, debido a la disminución de la susceptibilidad frente a determinados antibióticos. La circulación de cepas resistentes puede limitar las alternativas terapéuticas, dificultar la selección del tratamiento empírico y comprometer su efectividad. Grenón et al. (2022) identificaron porcentajes de resistencia del 72,7 % frente a ampicilina y del 58,1 % frente a trimetoprima/sulfametoxazol en los aislamientos analizados. De manera complementaria, investigaciones internacionales han documentado variaciones en los perfiles de susceptibilidad y la presencia de resistencia frente a distintos grupos de antimicrobianos (Baharvand et al., 2023; Bose et al., 2024).

Los patrones de resistencia antimicrobiana de *Shigella* spp. presentan diferencias temporales y geográficas, relacionadas con la circulación de cepas bacterianas y sus características microbiológicas. En Perú, Quino et al. (2023) analizaron las tendencias de resistencia durante el período 2011–2020, mientras que Rodríguez et al. (2021) estudiaron los aislamientos clínicos identificados mediante vigilancia microbiológica en Colombia. Estas investigaciones aportan información sobre las variaciones en la susceptibilidad bacteriana y permiten reconocer la importancia de los sistemas de vigilancia. Sin embargo, la comparación entre estudios requiere considerar las diferencias en las poblaciones evaluadas, los antimicrobianos examinados y los procedimientos utilizados para determinar la resistencia.

El diagnóstico de la infección por *Shigella* spp. comprende métodos microbiológicos convencionales y técnicas moleculares que presentan diferentes capacidades de detección e identificación. El coprocultivo permite recuperar aislamientos bacterianos para realizar pruebas de identificación y susceptibilidad antimicrobiana, mientras que la PCR convencional y cuantitativa puede incrementar la sensibilidad diagnóstica. Entre las dianas moleculares empleadas destaca el gen *ipaH*, presente tanto en *Shigella* spp. como en *Escherichia coli* enteroinvasiva, lo que impide diferenciarlas mediante la detección aislada de este marcador. En consecuencia, la interpretación de los resultados requiere considerar las características de cada procedimiento y la aplicación de pruebas complementarias cuando resulte necesario (Halimeh et al., 2021; Pholwat et al., 2022).

La infección por *Shigella* spp. también puede relacionarse con factores clínicos, epidemiológicos y socioambientales que condicionan la exposición al microorganismo. Entre los aspectos relevantes se encuentran la edad, las condiciones de saneamiento, las prácticas de higiene y las características del entorno familiar y comunitario. Badr et al. (2023) analizaron la variación espacial y temporal del riesgo de infección infantil, mientras que Lubeck-Schricker et al. (2025) examinaron la carga de *Shigella* en niños con diarrea en las Américas. Estos antecedentes permiten contextualizar las diferencias epidemiológicas y justifican la necesidad de examinar los factores asociados a la infección en poblaciones infantiles latinoamericanas.

Aunque existen investigaciones sobre la prevalencia y resistencia antimicrobiana de *Shigella* spp., sus resultados presentan diferencias relacionadas con la población estudiada, el contexto geográfico y los métodos diagnósticos utilizados. Además, la variabilidad de los antimicrobianos evaluados y de los períodos de vigilancia dificulta establecer comparaciones directas entre las estimaciones disponibles. Esta heterogeneidad limita la caracterización conjunta de la infección y sus patrones de resistencia en niños menores de cinco años de América Latina. Por ello, resulta pertinente desarrollar una revisión sistemática que organice y sintetice la evidencia científica reciente, considerando las características metodológicas y epidemiológicas de los estudios seleccionados.

En este contexto, la presente investigación tuvo como objetivo general analizar la prevalencia y los patrones de resistencia antimicrobiana de *Shigella* spp. en niños menores de cinco años con diarrea en países de América Latina, mediante una revisión sistemática de la literatura publicada entre 2020 y 2026. Para alcanzar este propósito, se plantearon tres objetivos específicos orientados a determinar la

prevalencia del microorganismo en muestras fecales, analizar los patrones de resistencia antimicrobiana y los mecanismos moleculares reportados, y describir los factores clínicos, epidemiológicos y socioambientales asociados con la infección. Esta delimitación permite integrar las dimensiones epidemiológica y microbiológica del problema, considerando las particularidades de la población infantil estudiada.

2. Metodología

Diseño de la investigación

Se desarrolló una revisión sistemática de la literatura científica, con enfoque cualitativo y alcance descriptivo, orientada al análisis de la prevalencia y resistencia antimicrobiana de *Shigella* spp. en niños menores de cinco años con diarrea en América Latina. El proceso se estructuró conforme a las recomendaciones de la declaración PRISMA 2020, con el propósito de favorecer la transparencia y reproducibilidad de los procedimientos de identificación, selección y síntesis de la evidencia (Page et al., 2021). Asimismo, se empleó el marco PICOS para delimitar la población de interés, las variables analizadas y los diseños de investigación considerados.

Pregunta de investigación

La pregunta de investigación se formuló a partir de las dimensiones epidemiológicas y microbiológicas contempladas en los objetivos del estudio:

¿Cuál fue la prevalencia de *Shigella* spp., qué patrones y mecanismos de resistencia antimicrobiana se notificaron y qué factores clínicos, epidemiológicos y socioambientales se asociaron con la infección en niños menores de cinco años con diarrea en países de América Latina, según la evidencia científica publicada entre 2020 y 2026?

Componentes PICOS

Los componentes del marco PICOS se definieron en función de la población estudiada, la exposición al microorganismo, los resultados de interés y los diseños de investigación elegibles. Debido al carácter observacional de los estudios considerados, el componente de intervención se interpretó como exposición o condición de interés. Asimismo, el comparador se estableció de acuerdo con las posibilidades de contraste proporcionadas por cada investigación, sin exigir su presencia en todos los estudios. Los criterios utilizados para estructurar la pregunta y orientar la selección de publicaciones se presentan en la tabla 1.

Tabla 1

Criterios considerados para cada componente PICOS

Componente	Criterio
P (Población)	Niños menores de cinco años con diarrea en países de América Latina.
I (Exposición)	Infección por <i>Shigella</i> spp.
C (Comparador)	Niños sin infección por <i>Shigella</i> spp., otras especies bacterianas o grupos definidos según características clínicas y epidemiológicas, cuando existieron datos comparables.
O (Resultados)	Prevalencia de <i>Shigella</i> spp., patrones de resistencia antimicrobiana, mecanismos moleculares de resistencia y factores asociados con la infección.
S (Tipo de estudio)	Estudios observacionales, incluidos diseños transversales, de cohorte, de casos y controles y estudios de vigilancia epidemiológica con datos primarios.

Criterios de inclusión y exclusión

Se consideraron elegibles los estudios publicados entre el 1 de enero de 2020 y el 11 de agosto de 2026, desarrollados en países de América Latina y relacionados con la infección por *Shigella* spp. en niños menores de cinco años con diarrea. Se incluyeron investigaciones que proporcionaron datos específicos de esta población o resultados desagregados que permitieron identificarla. Asimismo, se consideraron estudios que notificaron información sobre prevalencia, susceptibilidad antimicrobiana, mecanismos de resistencia o factores asociados con la infección. Para su evaluación, se requirió disponibilidad del texto completo y una descripción suficiente de los procedimientos y resultados.

Se excluyeron las investigaciones realizadas fuera del ámbito geográfico establecido y aquellas cuyos datos no permitieron identificar los resultados correspondientes a menores de cinco años. También se descartaron los estudios centrados exclusivamente en otros agentes entéricos, las publicaciones sin información relevante para los objetivos y los documentos cuyo texto completo no pudo recuperarse. Además, se excluyeron revisiones narrativas y sistemáticas, reportes de caso, series de casos con menos de diez pacientes, cartas al editor y editoriales. Las revisiones identificadas se utilizaron únicamente como fuentes de contextualización, sin incorporarlas a la síntesis de evidencia primaria.

Estrategia de búsqueda

Se efectuó una búsqueda bibliográfica en Scopus, PubMed, SciELO, LILACS, Redalyc y Google Académico, considerando publicaciones comprendidas entre enero de 2020 y agosto de 2026. La estrategia se estructuró mediante términos relacionados con *Shigella* spp., diarrea infantil, resistencia antimicrobiana, población pediátrica y localización geográfica. Se emplearon operadores booleanos y combinaciones de términos en español e inglés, adaptados a las características de cada fuente de información. Las ecuaciones utilizadas y el número de registros identificados se presentan en la tabla 2.

Tabla 2

Bases de datos, estrategias de búsqueda y registros identificados

Base de datos	Estrategia de búsqueda declarada	Registros
Scopus	("Shigella" OR "Shigella flexneri" OR "Shigella sonnei" OR "Shigella dysenteriae" OR "Shigella boydii") AND ("antimicrobial resistance" OR "antibiotic resistance" OR "ESBL" OR "extended-spectrum beta-lactamase" OR "carbapenemase") AND ("diarrhea" OR "diarrhoea" OR "dysentery") AND ("children" OR "infant" OR "pediatric" OR "under five") AND ("Latin America" OR "South America" OR "Central America" OR "Caribbean")	248
PubMed	("Shigella"[MeSH] OR "Shigella flexneri" OR "Shigella sonnei") AND ("Drug Resistance, Bacterial"[MeSH] OR "antimicrobial resistance" OR "ESBL") AND ("Diarrhea"[MeSH] OR "dysentery") AND ("Child, Preschool"[MeSH] OR "Infant"[MeSH]) AND ("Latin America"[MeSH] OR "South America"[MeSH] OR "Central America")	3
SciELO	("Shigella" OR "Shigella flexneri" OR "Shigella sonnei") AND ("resistencia antimicrobiana" OR "BLEE" OR "beta-lactamasa") AND ("diarrea" OR "disentería") AND ("niños" OR "menores de cinco años") AND ("América Latina" OR "Sudamérica")	0
LILACS (BVS)	("Shigella" OR "Shigella flexneri") AND ("resistencia a los antibióticos" OR "BLEE") AND ("infección por Shigella" OR "diarrea" OR "disentería") AND ("niño" OR "preescolar") AND ("América Latina" OR "Brasil" OR "Colombia" OR "México" OR "Perú" OR "Ecuador" OR "Argentina" OR "Chile" OR "Venezuela")	0
Redalyc	("Shigella" OR "Shigellosis") AND ("resistencia antimicrobiana" OR "multirresistencia") AND ("diarrea infantil" OR "disentería") AND ("América Latina")	0

Google Académico	Combinación de los términos "Shigella", "resistencia antimicrobiana", "niños", "América Latina" y "diarrea".	117
Total		368

Nota. Los registros corresponden a las cantidades declaradas en la búsqueda original. Las consultas realizadas en SciELO, LILACS y Redalyc no recuperaron resultados con las combinaciones utilizadas. Para garantizar la reproducibilidad, las ecuaciones y cantidades deberán contrastarse con los historiales de búsqueda, incluyendo los filtros y las fechas efectivas de ejecución.

Proceso de selección de estudios

El proceso de selección se desarrolló mediante las etapas de identificación, cribado y evaluación de elegibilidad, siguiendo las recomendaciones de PRISMA 2020 (Page et al., 2021). Durante la identificación, se recopilaron los registros obtenidos de las bases de datos consultadas y se eliminaron las referencias duplicadas. Posteriormente, se examinaron los títulos y resúmenes para determinar su correspondencia con los criterios de inclusión y exclusión establecidos. Los documentos potencialmente elegibles se recuperaron para su evaluación mediante lectura del texto completo.

La evaluación de elegibilidad se efectuó mediante la revisión íntegra de los estudios seleccionados, considerando su población, ámbito geográfico, diseño y resultados disponibles. Dos revisores realizaron la valoración de forma independiente y contrastaron sus decisiones para determinar la inclusión definitiva. Las discrepancias identificadas se resolvieron mediante consenso, tomando como referencia los criterios previamente establecidos. El número de registros identificados, excluidos y seleccionados se documentó mediante un diagrama de flujo PRISMA 2020.

Extracción y síntesis de la información

Se diseñó una matriz estructurada para recopilar sistemáticamente las características metodológicas y los principales resultados de los estudios incluidos. Se registraron el autor, año de publicación, país, diseño de investigación, tamaño de la muestra y características de la población estudiada. Asimismo, se extrajeron las especies de *Shigella* identificadas, los procedimientos diagnósticos utilizados, los antimicrobianos evaluados y los perfiles de susceptibilidad reportados. La información se complementó con los mecanismos moleculares de resistencia y los factores clínicos, epidemiológicos y socioambientales descritos en cada investigación.

Para el análisis epidemiológico, se recopilaron las estimaciones de prevalencia y los denominadores utilizados por los autores, cuando estuvieron disponibles. En los estudios de resistencia antimicrobiana se identificaron los antibióticos evaluados, el número de aislamientos analizados y los porcentajes de resistencia notificados. También se registraron las medidas de asociación correspondientes a los factores de interés, junto con sus intervalos de confianza y niveles de significación, cuando fueron reportados. Estos datos permitieron organizar los hallazgos de acuerdo con los objetivos específicos y examinar las diferencias entre estudios.

La información extraída se organizó en una base de datos elaborada en Microsoft Excel, mediante categorías previamente definidas para facilitar su sistematización. Los resultados se sintetizaron de forma descriptiva y comparativa, considerando el país, la especie bacteriana, el período de estudio y las características metodológicas. Se examinaron las diferencias entre las estimaciones de prevalencia y los patrones de resistencia, sin asumir equivalencia entre poblaciones o procedimientos diagnósticos distintos. Asimismo, se describieron los mecanismos de resistencia y los factores asociados identificados en las investigaciones que proporcionaron información suficiente.

Evaluación de la calidad metodológica

La calidad metodológica de los estudios incluidos se evaluó mediante herramientas de valoración crítica seleccionadas según el diseño de investigación. Para los estudios transversales y de prevalencia se emplearon las listas de verificación correspondientes del *Joanna Briggs Institute* (JBI). En los estudios de cohorte y de casos y controles se utilizó la *Newcastle-Ottawa Scale* (NOS), considerando los dominios de selección, comparabilidad y evaluación de los resultados o la exposición. La valoración permitió identificar fortalezas y limitaciones relacionadas con la selección de participantes, la medición de variables y el control de posibles fuentes de sesgo.

Los resultados de la evaluación se organizaron por estudio y por herramienta, considerando los criterios y dominios específicos de cada instrumento. Se examinaron las limitaciones metodológicas que podían afectar la validez de las estimaciones de prevalencia, los resultados de susceptibilidad antimicrobiana y las asociaciones reportadas. Las valoraciones se incorporaron a la interpretación de los hallazgos para contextualizar la solidez de la evidencia disponible. Debido a las diferencias entre los instrumentos, no se asumió una equivalencia directa entre las puntuaciones obtenidas mediante JBI y NOS.

3. Resultados

Selección de estudios

El proceso de selección se desarrolló de acuerdo con las etapas establecidas en la declaración PRISMA 2020. Durante la identificación, se recuperaron 368 registros de las seis fuentes consultadas: 248 de Scopus, tres de PubMed y 117 de Google Académico. Las búsquedas efectuadas en SciELO, LILACS y Redalyc no produjeron registros con las ecuaciones empleadas. Posteriormente, se eliminaron siete duplicados, por lo que 361 documentos continuaron a la fase de cribado.

Durante el cribado se examinaron los títulos, resúmenes y palabras clave de los 361 registros identificados. Se excluyeron 326 documentos que no cumplieron los criterios de selección preliminar, mientras que 35 publicaciones fueron consideradas para su recuperación a texto completo. De estas, una no pudo recuperarse y los 34 restantes se evaluaron íntegramente para determinar su elegibilidad. Tras la evaluación, se excluyeron 22 publicaciones por incumplimiento de los criterios establecidos y se incluyeron 12 estudios en la síntesis final.

La figura 1 presenta el proceso de identificación, cribado, recuperación y elegibilidad de las publicaciones analizadas. Se detallan los registros recuperados de cada fuente, los duplicados eliminados, los documentos excluidos y los estudios incorporados. Esta distribución permite verificar la correspondencia entre las distintas etapas y el número final de investigaciones seleccionadas. Asimismo, proporciona una representación del procedimiento de selección aplicado en la revisión sistemática.

Características de los estudios y prevalencia de *Shigella* spp.

La tabla 3 presenta las características epidemiológicas y metodológicas de los 12 estudios incluidos, considerando el país, diseño de investigación, población, procedimientos diagnósticos y resultados de detección de *Shigella* spp. Las investigaciones procedieron de Argentina, Colombia, Cuba, Ecuador, Haití, Paraguay y Perú. Los tamaños muestrales y las unidades de análisis fueron heterogéneos e incluyeron participantes pediátricos, muestras fecales y aislamientos microbiológicos. Por esta razón,

se diferenciaron las estimaciones de positividad, prevalencia e incidencia, según el indicador informado en cada publicación.

Figura 1

Diagrama de flujo PRISMA 2020

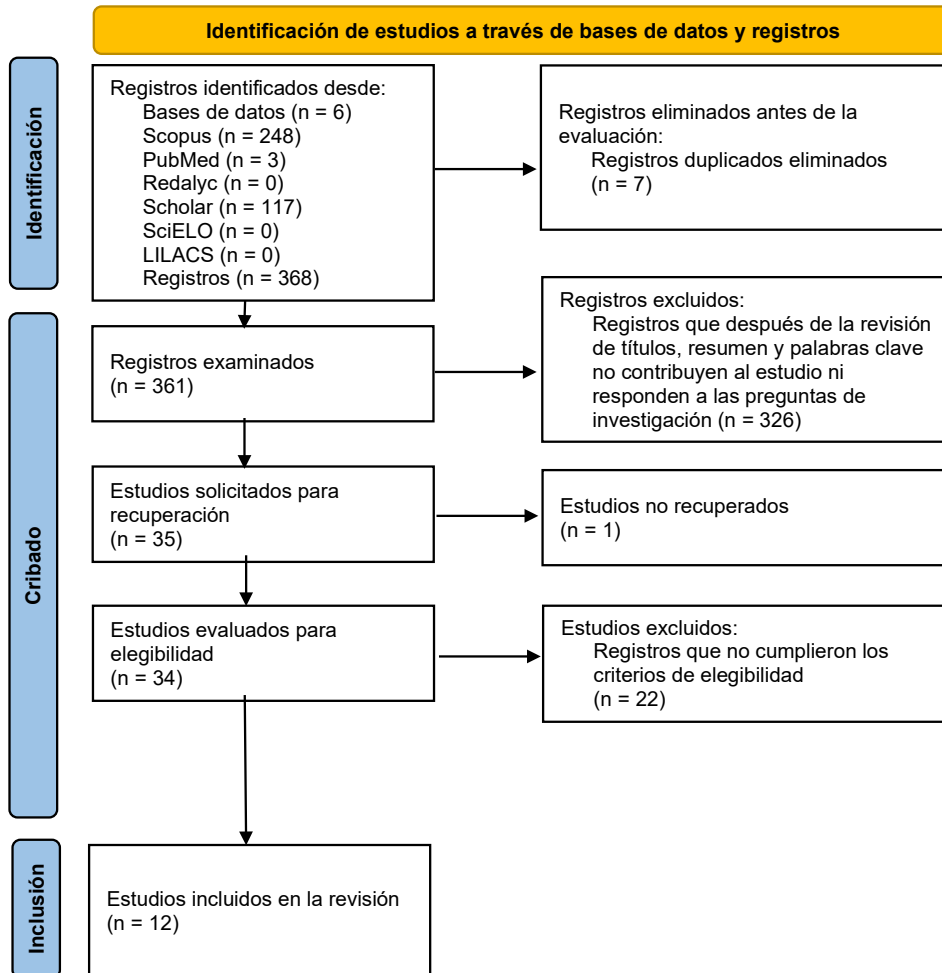


Tabla 3

Características de los estudios incluidos sobre la detección de *Shigella* spp. en América Latina

Autor (año)	País	Población	Método diagnóstico	Resultado reportado
Sriguha et al. (2026)	Haití	732 menores de cinco años	qPCR, gen <i>ipaH</i>	55 positivos (7,51 % global); 11 % en sintomáticos; 19 % en diarrea aguda
Torrez et al. (2020)	Argentina	Pacientes pediátricos hasta 14 años	Cultivo, serotipificación y PCR múltiple	2261 aislamientos positivos de 17 823 muestras; 87,12 % entre aislamientos bacterianos
Grenón et al. (2022)	Argentina	Pacientes de 1,2 meses a 11 años	Coprocultivo y aglutinación	106 positivos de 2128 muestras (5,0 %)
Manzanares et al. (2024)	Perú	Poblaciones pediátricas de distintas cohortes	Cultivo y qPCR	Incidencia: 0,34 episodios/niño-año por cultivo y 0,66 por qPCR
Yousafzai et al. (2026)	Perú, dentro de estudio multicéntrico	1117 niños de 6 a 35 meses	Cultivo y qPCR	Incidencia: 11,7 y 23,2 casos por 100 niños-año, respectivamente

Duarte et al. (2021)	Cuba	Pacientes pediátricos	Cultivo y serotipificación	25 aislamientos confirmados
Rodríguez et al. (2021)	Colombia	Pacientes de diferentes edades	Cultivo, pruebas bioquímicas y serotipificación	5251 aislamientos confirmados
Pineda et al. (2026)	Paraguay	Pacientes de 2 días a 90 años	Cultivo y serotipificación	610 aislamientos confirmados
Nazate et al. (2022)	Ecuador	Menores de cinco años con diarrea aguda	Cultivo y pruebas bioquímicas	46 positivos de 258 muestras (17,8 %)
Monar et al. (2023)	Ecuador	Pacientes de 6 meses a 6 años	Cultivo y pruebas bioquímicas	26 positivos de 386 participantes (6,74 %)
Quino et al. (2023)	Perú	Muestras clínicas de diferentes edades	Pruebas microbiológicas y serotipificación	1668 cepas analizadas; prevalencia no reportada
Mancini et al. (2025)	Argentina	Pacientes pediátricos, con amplitud etaria	Cultivo y pruebas de susceptibilidad	1828 positivos de 35 810 coprocultivos (5,10 %)

Nota. Los porcentajes corresponden a los indicadores reportados por cada publicación y no representan necesariamente prevalencias específicas de menores de cinco años. La incidencia se expresó por unidad de tiempo, mientras que las proporciones de positividad dependieron del número de muestras o participantes evaluados. Los estudios basados exclusivamente en aislamientos confirmados no permitieron estimar prevalencia sin un denominador poblacional adecuado. Las cifras requieren contrastación con las publicaciones originales.

Los estudios mostraron diferencias en los resultados de detección de *Shigella* spp. según la población y el procedimiento diagnóstico empleado. Entre las investigaciones que comunicaron proporciones de positividad, Grenón et al. (2022) registraron 5,0 %, Mancini et al. (2025) informaron 5,10 %, Monar et al. (2023) notificaron 6,74 % y Nazate et al. (2022) reportaron 17,8 %. No obstante, estas estimaciones procedieron de poblaciones con características etarias y asistenciales diferentes. En consecuencia, los valores se interpretaron individualmente y no se consideraron equivalentes a una prevalencia conjunta de menores de cinco años.

En Haití, Sriguha et al. (2026) notificaron una positividad global del 7,51 % mediante qPCR, con estimaciones diferenciadas según la presencia de síntomas diarreicos. En Argentina, Torrez et al. (2020) comunicaron 2261 aislamientos positivos entre 17 823 muestras procesadas; sin embargo, el 87,12 % correspondió a la distribución del microorganismo entre los aislamientos bacterianos identificados. En las cohortes peruanas, Manzanares et al. (2024) y Yousafzai et al. (2026) presentaron indicadores de incidencia expresados por niño-año. Por tanto, estos resultados se describieron separadamente de las proporciones de positividad para evitar comparaciones entre medidas epidemiológicas diferentes.

Patrones de resistencia antimicrobiana y mecanismos moleculares

La tabla 4 sintetiza los perfiles de resistencia antimicrobiana descritos en nueve investigaciones, considerando las especies predominantes, los antibióticos evaluados y los resultados de susceptibilidad. También se incorporaron los hallazgos relacionados con multirresistencia y los mecanismos moleculares identificados, cuando estuvieron disponibles. Las investigaciones presentaron diferencias en la composición de los paneles antimicrobianos y en las poblaciones de las cuales procedieron los aislamientos. Por ello, los porcentajes se interpretaron según cada estudio, evitando establecer comparaciones directas cuando los denominadores o criterios de clasificación no fueron equivalentes.

Tabla 4

Patrones de resistencia antimicrobiana y mecanismos de resistencia reportados en Shigella spp.

Autor (año)	País	Especie predominante	Principales resultados de resistencia	Multirresistencia y mecanismos
Torrez et al. (2020)	Argentina	<i>S. flexneri</i>	87 % resistentes al menos a un antimicrobiano; predominio de resistencia a ampicilina	Se describieron perfiles de resistencia múltiple; porcentaje MDR no precisado
Grenón et al. (2022)	Argentina	<i>S. flexneri</i>	Ampicilina: 72,7 %; SXT: 58,1 %; ciprofloxacina: 1,12 %	MDR: 2,6 %
Manzanares et al. (2024)	Perú	<i>S. flexneri</i>	SXT: superior al 75 %; ácido nalidíxico: 5–14 %; ciprofloxacina: 3–4 %	Se reportó identificación de BLEE tipo CTX-M
Yousafzai et al. (2026)	Perú	<i>S. flexneri</i>	SXT: 85 %; ampicilina: 48 %; ácido nalidíxico: 28 %; ciprofloxacina: 14 %; azitromicina: 9 %	MDR global reportada para Perú: 18 %
Duarte et al. (2021)	Cuba	<i>S. sonnei</i>	Ácido nalidíxico: 84 %; ampicilina: 48 %; SXT: 32 %; ceftriaxona: 4 %	MDR: 16 %
Rodríguez et al. (2021)	Colombia	<i>S. sonnei</i>	Tetraciclina: 88,1 %; SXT: 79,3 %; ampicilina: 65,5 %; cloranfenicol: 50,8 %	Se identificaron perfiles de resistencia combinada
Pineda et al. (2026)	Paraguay	<i>S. sonnei</i>	Tetraciclina: 86,1 %; SXT: 62,6 %; ácido nalidíxico: 49,9 %; azitromicina: 13,4 %	Cuatro aislamientos con BLEE confirmadas fenotípicamente
Quino et al. (2023)	Perú	<i>S. sonnei</i>	SXT: 91,0 %; tetraciclina: 88,4 %; ampicilina: 73,9 %; ciprofloxacina: 16,7 %	MDR: 84,2 %; detección fenotípica de BLEE
Mancini et al. (2025)	Argentina	<i>S. flexneri</i> y <i>S. sonnei</i>	Resistencia a azitromicina: 0,33 % (6/1828)	Gen <i>mphA</i> identificado en los seis aislamientos resistentes

Nota. SXT: trimetoprima/sulfametoxazol; BLEE: betalactamasas de espectro extendido; MDR: multirresistencia antimicrobiana. Los resultados resumidos corresponden a los valores proporcionados en la matriz original. La identificación fenotípica de BLEE no equivale a la caracterización de un gen específico. Los porcentajes de multirresistencia deben compararse únicamente cuando los estudios emplearon definiciones y criterios de interpretación compatibles.

Los resultados evidenciaron una frecuencia elevada de resistencia frente a trimetoprima/sulfametoxazol y ampicilina en diversos estudios. Para trimetoprima/sulfametoxazol se registraron valores entre 32,0 % y 91,0 %, mientras que la resistencia a ampicilina osciló entre 39,7 % y 73,9 % en las investigaciones que aportaron porcentajes específicos. También se identificaron diferencias entre especies y territorios, aunque estas variaciones no permitieron establecer una tendencia regional uniforme. La interpretación estuvo condicionada por la heterogeneidad de los aislamientos, los períodos de vigilancia y los antimicrobianos incluidos en cada estudio.

La resistencia a otros antimicrobianos presentó valores variables entre las investigaciones. La ciprofloxacina mostró porcentajes relativamente bajos en algunas poblaciones, mientras que en determinados estudios de Perú se notificaron valores superiores. Para azitromicina, las estimaciones oscilaron según el contexto de vigilancia, con 0,33 % en la población general analizada por Mancini et al. (2025) y 13,4 % en Pineda et al. (2026). Estas diferencias se interpretaron considerando las características de las muestras y las metodologías empleadas, sin atribuirles una tendencia temporal común.

La multirresistencia también presentó diferencias importantes entre los estudios que la notificaron. Grenón et al. (2022) comunicaron un 2,6 %, Duarte et al. (2021) un 16 % y Quino et al. (2023) un 84,2 %, aunque las poblaciones y los criterios de valoración no fueron necesariamente equivalentes. En la

investigación de Quino et al. (2023), la multirresistencia fue mayor en *S. sonnei* que en *S. flexneri* y *S. boydii*. Estos resultados evidenciaron heterogeneidad en los perfiles de resistencia combinada y resaltaron la necesidad de considerar las definiciones utilizadas antes de comparar las estimaciones.

La caracterización molecular de la resistencia fue menos frecuente que la evaluación fenotípica de susceptibilidad antimicrobiana. Entre los hallazgos comunicados se encontraron las betalactamasas tipo CTX-M descritas en los datos recopilados por Manzanares et al. (2024) y el gen *mphA* identificado por Mancini et al. (2025). Por su parte, Pineda et al. (2026) y Quino et al. (2023) notificaron resultados fenotípicos compatibles con la producción de betalactamasas de espectro extendido. En consecuencia, la información disponible permitió describir determinados mecanismos, pero resultó insuficiente para caracterizar exhaustivamente su distribución molecular en América Latina.

Factores clínicos, epidemiológicos y socioambientales asociados con la infección

La tabla 5 organiza los factores clínicos, epidemiológicos y socioambientales mencionados en las investigaciones incluidas, con el propósito de examinar su posible relación con la infección por *Shigella* spp. Se identificaron aspectos vinculados con el abastecimiento de agua, el saneamiento, las condiciones socioeconómicas, la convivencia y las características de la población infantil. Sin embargo, no todos los estudios presentaron medidas estadísticas de asociación que permitieran establecer la magnitud o significación de estas relaciones. Por ello, los hallazgos se clasificaron como factores descritos o potencialmente asociados, sin atribuirles efectos causales que no hubieran sido demostrados.

Tabla 5

Factores clínicos, epidemiológicos y socioambientales descritos en relación con la infección por Shigella spp.

Dimensión	Factor examinado	Referencias consignadas	Hallazgo o aspecto descrito
Socioambiental	Acceso limitado al agua segura	Monar et al. (2023); Manzanares et al. (2024); Nazate et al. (2022); Yousafzai et al. (2026)	Condiciones de abastecimiento y exposición potencial a fuentes contaminadas
Socioambiental	Saneamiento inadecuado	Monar et al. (2023); Manzanares et al. (2024); Nazate et al. (2022); Yousafzai et al. (2026)	Deficiencias en la eliminación de excretas y condiciones ambientales
Socioambiental	Pobreza y necesidades básicas insatisfechas	Monar et al. (2023); Manzanares et al. (2024); Nazate et al. (2022); Torrez et al. (2020); Yousafzai et al. (2026)	Características socioeconómicas y condiciones de vulnerabilidad
Socioambiental	Hacinamiento	Duarte et al. (2021); Manzanares et al. (2024); Nazate et al. (2022)	Condiciones de convivencia que podrían favorecer el contacto interpersonal
Epidemiológica	Asistencia a guarderías y entornos grupales	Monar et al. (2023); Duarte et al. (2021); Pineda et al. (2026)	Contacto frecuente entre niños en espacios compartidos
Epidemiológica	Estacionalidad	Duarte et al. (2021); Grenón et al. (2022); Pineda et al. (2026)	Variaciones en la frecuencia de aislamientos según la época del año
Clínica y demográfica	Edad infantil	Monar et al. (2023); Sriguha et al. (2026); Torrez et al. (2020); Yousafzai et al. (2026)	Diferencias en la distribución de casos según grupos de edad
Clínica	Desnutrición o bajo peso	Nazate et al. (2022); Sriguha et al. (2026)	Características nutricionales de los participantes

Clínica

Lactancia materna

Monar et al. (2023); Nazate et al. (2022)

Antecedentes de alimentación infantil y posible relación con la exposición

Nota. Las referencias corresponden a las atribuciones consignadas en la matriz proporcionada. Su inclusión no significa que cada investigación haya demostrado una asociación estadísticamente significativa. Se omitió la columna de número de estudios debido a las discrepancias entre los recuentos originales y las fuentes citadas. La clasificación definitiva deberá distinguir los factores evaluados, los resultados estadísticamente asociados y aquellos mencionados únicamente como antecedentes o características descriptivas.

En la dimensión socioambiental se identificaron referencias a condiciones relacionadas con el acceso al agua, el saneamiento, la pobreza y el hacinamiento. Estas características fueron consideradas relevantes para contextualizar la exposición al microorganismo y las condiciones de vulnerabilidad de las poblaciones infantiles. No obstante, la información presentada no permitió establecer que todos estos factores hubieran mostrado asociaciones estadísticas significativas en los estudios incluidos. Por consiguiente, se describieron como variables o condiciones de interés cuya relación específica con la infección debía interpretarse de acuerdo con los resultados de cada investigación.

En la dimensión epidemiológica se registraron aspectos relacionados con la edad, la estacionalidad y la exposición en entornos de convivencia infantil. Los estudios proporcionaron antecedentes sobre diferencias en la distribución de los casos y la circulación del microorganismo entre poblaciones y períodos de observación. Sin embargo, las variaciones descriptivas no se interpretaron automáticamente como factores de riesgo independientes. La evaluación de asociaciones requirió considerar las medidas de efecto, los intervalos de confianza y los posibles factores de confusión cuando dichos resultados estuvieron disponibles.

Respecto de la dimensión clínica, se identificaron antecedentes relacionados con las características nutricionales y los patrones de alimentación infantil. La desnutrición, el bajo peso y la lactancia materna se consideraron variables potencialmente relevantes para examinar diferencias en la susceptibilidad a las infecciones entéricas. No obstante, la documentación proporcionada no permitió cuantificar de manera uniforme la magnitud de sus asociaciones específicas con *Shigella* spp. En consecuencia, estos hallazgos se interpretaron con cautela, evitando afirmar relaciones protectoras o causales que no estuvieran sustentadas por estimaciones de los estudios primarios.

4. Discusión

Los hallazgos de la presente revisión sistemática evidenciaron que *Shigella* spp. mantuvo una participación relevante en la enfermedad diarreica infantil de América Latina y el Caribe. Los 12 estudios incluidos mostraron diferencias en las poblaciones, los métodos diagnósticos y los indicadores epidemiológicos utilizados. Las proporciones de detección oscilaron entre 5,0 % y 17,8 % en investigaciones de Argentina y Ecuador, mientras que en Haití se notificó un 19 % en niños con diarrea aguda. Sin embargo, estas estimaciones no pudieron interpretarse como una prevalencia regional conjunta, debido a la heterogeneidad de los denominadores, los grupos etarios y los contextos asistenciales evaluados.

La variabilidad de las estimaciones coincidió con los hallazgos de Lubeck-Schricker et al. (2025), quienes identificaron diferencias importantes según el método diagnóstico utilizado. En su metaanálisis sobre las Américas, los autores estimaron una prevalencia agrupada del 3,1 % mediante cultivo y del 16,5 % mediante PCR/qPCR. De manera concordante, Yousafzai et al. (2026) notificaron una mayor detección mediante técnicas moleculares que mediante cultivo convencional. Esta diferencia sugirió que el procedimiento diagnóstico constituyó una fuente importante de

heterogeneidad, por lo que la comparación epidemiológica requirió considerar la sensibilidad y las características de cada prueba.

Las técnicas moleculares mostraron ventajas para identificar material genético bacteriano, particularmente en muestras con baja concentración del microorganismo o sometidas a condiciones que pudieron reducir la recuperación mediante cultivo (Pholwat et al., 2022). No obstante, la detección del gen *ipaH* presentó limitaciones para diferenciar *Shigella* spp. de *Escherichia coli* enteroinvasiva, debido a que ambos microorganismos comparten este marcador (Halimeh et al., 2021). Por consiguiente, la positividad molecular no debió interpretarse automáticamente como infección activa atribuible exclusivamente a *Shigella*. La valoración conjunta de los hallazgos clínicos, la carga molecular y los resultados microbiológicos permitió contextualizar las diferencias observadas entre los métodos diagnósticos.

La distribución de las especies también presentó variaciones entre los países incluidos. *S. flexneri* predominó en determinadas investigaciones de Argentina y Perú, mientras que *S. sonnei* mostró mayor representación en estudios de Cuba, Colombia, Paraguay y Perú. Esta distribución coincidió parcialmente con las diferencias geográficas documentadas en investigaciones regionales, aunque no permitió establecer un patrón uniforme para toda América Latina. La coexistencia de ambas especies pudo reflejar diferencias en las poblaciones, las condiciones sanitarias y los sistemas de vigilancia; sin embargo, la revisión no aportó evidencia suficiente para atribuir esas variaciones directamente a procesos de urbanización o cambios socioeconómicos.

En relación con los factores asociados, los estudios describieron condiciones socioambientales como acceso limitado al agua segura, saneamiento inadecuado, pobreza y hacinamiento. También se identificaron antecedentes relacionados con la asistencia a espacios colectivos, la estacionalidad y las diferencias en la distribución de casos según la edad infantil. Badr et al. (2023) documentaron variaciones espaciales y temporales en el riesgo de infección por *Shigella*, lo que proporcionó un marco de comparación para estos hallazgos. No obstante, la información sintetizada no permitió establecer que todos los factores mencionados constituyeran asociaciones estadísticamente demostradas, por lo que su interpretación se mantuvo principalmente descriptiva.

Las características nutricionales y los antecedentes de alimentación infantil constituyeron dimensiones menos documentadas dentro de los estudios seleccionados. La desnutrición, el bajo peso y la lactancia materna fueron considerados aspectos potencialmente relevantes para comprender la vulnerabilidad infantil frente a las infecciones entéricas. Sin embargo, las investigaciones disponibles no proporcionaron estimaciones homogéneas que permitieran determinar la magnitud de su asociación específica con *Shigella* spp. Por esta razón, no fue posible establecer relaciones causales ni confirmar efectos protectores independientes a partir de la evidencia incluida, lo que señaló la necesidad de investigaciones con mayor control de factores de confusión.

Respecto de la resistencia antimicrobiana, se observaron porcentajes elevados frente a trimetoprima/sulfametoxazol y ampicilina en distintas investigaciones. La resistencia a trimetoprima/sulfametoxazol alcanzó valores de hasta 91,0 %, mientras que para ampicilina se notificaron porcentajes de hasta 73,9 % en los estudios que aportaron estimaciones específicas. Estos resultados fueron consistentes con Okumu et al. (2025), quienes identificaron una elevada resistencia a ampicilina en patógenos entéricos de poblaciones pediátricas de países de ingresos bajos y medios. La concordancia entre estos hallazgos reforzó la importancia de considerar los perfiles locales de susceptibilidad, aunque las diferencias entre estudios impidieron extrapolar los porcentajes a toda la población infantil latinoamericana.

La resistencia a ciprofloxacina, azitromicina y cefalosporinas de tercera generación presentó una distribución menos uniforme. En determinadas investigaciones se notificaron porcentajes relativamente bajos, mientras que estudios realizados en Perú y Paraguay identificaron valores superiores para algunos de estos antimicrobianos. Estas diferencias evidenciaron que una menor frecuencia de resistencia en un estudio no garantizó la conservación de la susceptibilidad en otros territorios o períodos. En consecuencia, los resultados respaldaron la necesidad de fortalecer la vigilancia microbiológica y de interpretar las opciones terapéuticas de acuerdo con la susceptibilidad local y las recomendaciones clínicas vigentes.

Algunos estudios también evaluaron tetraciclina, cloranfenicol, ácido nalidíxico, nitrofurantoína, fosfomicina, furazolidona, cefpodoxima y pivmecillinam. La inclusión de estos antimicrobianos permitió describir perfiles fenotípicos y ampliar la caracterización microbiológica de los aislamientos. Sin embargo, los resultados de susceptibilidad obtenidos en condiciones de laboratorio no constituyeron, por sí solos, evidencia suficiente para recomendar su utilización clínica en niños. La interpretación terapéutica debió considerar la pertinencia del antibiótico, los criterios de susceptibilidad, la edad del paciente y las recomendaciones específicas para el tratamiento de la shigelosis pediátrica.

La multirresistencia mostró una variabilidad considerable, con valores comprendidos entre 2,6 % y 84,2 % en las investigaciones que notificaron este indicador. La amplitud de este intervalo estuvo condicionada por diferencias en los paneles evaluados, las poblaciones estudiadas y las definiciones de multirresistencia, lo que limitó su comparación directa. Además, los perfiles descritos por Mancini et al. (2025) correspondieron a un grupo seleccionado de seis aislamientos resistentes a azitromicina, cuya proporción no representó la resistencia global de los 1828 aislamientos analizados. Estos antecedentes evidenciaron la necesidad de estandarizar los criterios utilizados para identificar y comunicar los fenotipos de resistencia múltiple.

La información sobre mecanismos moleculares fue más limitada que la relacionada con los perfiles fenotípicos de susceptibilidad. Entre los hallazgos se describieron determinantes asociados con betalactamasas tipo CTX-M y la presencia del gen *mphA* en aislamientos resistentes a azitromicina. Otras investigaciones identificaron fenotípicamente la producción de betalactamasas de espectro extendido, sin proporcionar una caracterización genética equivalente. En consecuencia, la evidencia disponible permitió reconocer determinados mecanismos de resistencia, pero no establecer su distribución regional ni determinar el papel de linajes clonales o elementos genéticos móviles en su propagación.

Desde una perspectiva clínica, los resultados destacaron la importancia de integrar la vigilancia microbiológica con las decisiones de tratamiento de la shigelosis pediátrica. Las elevadas resistencias observadas frente a determinados antimicrobianos respaldaron la necesidad de evitar generalizaciones sobre su eficacia empírica, especialmente cuando no se dispuso de información local actualizada. Asimismo, la selección terapéutica debió considerar la gravedad del cuadro, la edad, las condiciones clínicas del paciente y los resultados de susceptibilidad cuando estuvieron disponibles. Estos hallazgos no permitieron establecer un esquema terapéutico regional único, pero sí fundamentaron la necesidad de fortalecer la vigilancia y el uso responsable de antimicrobianos.

La presente revisión tuvo como fortaleza la integración de evidencia sobre detección de *Shigella* spp., distribución de especies, resistencia antimicrobiana y factores relacionados con la infección. No obstante, las investigaciones procedieron de un número limitado de países, lo que restringió la representatividad geográfica de los hallazgos. También se identificaron diferencias en las unidades de

análisis, los grupos etarios, las técnicas diagnósticas y los procedimientos de evaluación de susceptibilidad. Estas limitaciones impidieron obtener una estimación conjunta suficientemente comparable y condicionaron la generalización de los resultados a los niños menores de cinco años de toda América Latina y el Caribe.

Otra limitación relevante fue la inclusión de investigaciones que abarcaron poblaciones pediátricas de mayor edad o participantes adultos, sin presentar siempre resultados desagregados para menores de cinco años. Esta característica dificultó establecer con precisión la prevalencia y los patrones de resistencia correspondientes exclusivamente a la población objetivo. Asimismo, la ausencia de medidas de asociación homogéneas restringió la interpretación de los factores clínicos, epidemiológicos y socioambientales identificados. Por tanto, los resultados debieron comprenderse como una síntesis descriptiva de evidencia heterogénea, sin atribuir a los doce estudios el mismo nivel de aplicabilidad para cada objetivo específico.

Las investigaciones futuras deberían incorporar poblaciones infantiles claramente delimitadas y utilizar definiciones epidemiológicas y procedimientos diagnósticos estandarizados. Se consideró prioritario desarrollar estudios que compararan cultivo y qPCR en una misma población, diferenciando los indicadores de positividad, prevalencia e incidencia. También resultó necesario fortalecer la caracterización molecular mediante técnicas capaces de identificar genes de resistencia, elementos genéticos móviles y relaciones clonales entre aislamientos. Finalmente, la ampliación de estudios multicéntricos y longitudinales permitiría mejorar la representación geográfica, evaluar asociaciones ajustadas y generar evidencia más consistente para orientar la vigilancia y el manejo de la shigelosis infantil.

5. Conclusiones

La prevalencia de *Shigella* spp. en niños menores de cinco años con diarrea presentó variaciones entre los países y las poblaciones evaluadas, sin que fuera posible establecer una estimación regional representativa debido a la heterogeneidad de los estudios incluidos. Las diferencias en los grupos etarios, los contextos asistenciales y los métodos diagnósticos condicionaron la comparación de los resultados. La mayor detección mediante técnicas moleculares evidenció la importancia del procedimiento diagnóstico en las estimaciones epidemiológicas. Estos hallazgos resaltaron la necesidad de estandarizar los criterios de vigilancia para caracterizar con mayor precisión la magnitud de la infección en la población infantil latinoamericana.

Los patrones de resistencia antimicrobiana evidenciaron elevados porcentajes de resistencia frente a ampicilina y trimetoprima/sulfametoxazol, mientras que la susceptibilidad a otros antimicrobianos presentó diferencias entre los estudios. La identificación de cepas multirresistentes y la variabilidad de los perfiles microbiológicos limitaron la posibilidad de establecer recomendaciones terapéuticas uniformes para la región. Asimismo, la escasa información molecular sobre determinantes como *mphA* y CTX-M impidió caracterizar integralmente los mecanismos de resistencia y su distribución geográfica. Estos resultados destacaron la importancia de fortalecer la vigilancia microbiológica, las pruebas de susceptibilidad y la caracterización molecular de los aislamientos.

Los estudios describieron factores clínicos, epidemiológicos y socioambientales relacionados con la infección por *Shigella* spp., entre ellos las condiciones de saneamiento, el acceso al agua segura, el hacinamiento y las características de la población infantil. Sin embargo, la ausencia de medidas de asociación homogéneas y de análisis ajustados impidió establecer la magnitud e independencia de estas relaciones. Tampoco se dispuso de evidencia suficiente para determinar qué factores estuvieron

asociados específicamente con la adquisición de cepas resistentes. En consecuencia, se identificó la necesidad de desarrollar investigaciones que integraran variables clínicas, ambientales y microbiológicas para orientar estrategias de prevención sustentadas en evidencia regional.

Referencias

- Anselmo, R., Ojeda, P., & Barrios, H. (2020). Detección y susceptibilidad antimicrobiana de *Shigella* spp. en ensaladas preparadas, listas para consumir. *Información Tecnológica*, 31(1), 13–20. <https://doi.org/10.4067/S0718-07642020000100013>
- Avila, J., & Vásquez, P. (2022). Etiología de la gastroenteritis y la morbilidad asociada en niños menores de cinco años. *Revista Científica FIPCAEC*, 7(4), 983–1002. <https://ftp.polodelconocimiento.com/index.php/fipcaec/article/view/670>
- Badr, H., Colston, J., Nguyen, N., Chen, Y., Burnett, E., Ali, S., Rayamajhi, A., Satter, S., Trang, N., Eibach, D., Krumkamp, R., May, J., Adegnika, A., Manouana, G., Kremsner, P., Chilengi, R., Hatyoka, L., Debes, A., Ateudjieu, J., ... Kosek, M. (2023). Spatiotemporal variation in risk of *Shigella* infection in childhood: A global risk mapping and prediction model using individual participant data. *The Lancet Global Health*, 11(3), e373–e384. [https://doi.org/10.1016/S2214-109X\(22\)00549-6](https://doi.org/10.1016/S2214-109X(22)00549-6)
- Baharvand, A., Molaeipour, L., Alesaeidi, S., Shaddel, R., Mashatan, N., Amiriani, T., Kiaei Sudkolaei, M., Abbasian, S., Talib Al-Naqeeb, B., & Kouhsari, E. (2023). The increasing antimicrobial resistance of *Shigella* species among Iranian pediatrics: A systematic review and meta-analysis. *Pathogens and Global Health*, 117(7), 611–622. <https://doi.org/10.1080/20477724.2023.2179451>
- Bose, P., Chowdhury, G., Halder, G., Ghosh, D., Deb, A., Kitahara, K., Miyoshi, S., Morita, M., Ramamurthy, T., Dutta, S., & Mukhopadhyay, A. (2024). Prevalence and changing antimicrobial resistance profiles of *Shigella* spp. isolated from diarrheal patients in Kolkata during 2011–2019. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 18(2), Article e0011964. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0011964>
- Cando, W., Gonzaga, E., Ronquillo, A., & Gaibor, J. (2018). Factores clínicos y socioeconómicos asociados a diarrea aguda infantil en pacientes menores de 5 años. *RECIAMUC*, 2(2), 77–86. <https://reciamuc.com/index.php/RECIAMUC/article/view/66>
- Cohen, A., Platts-Mills, J., Nakamura, T., Operario, D., Antoni, S., Mwenda, J., Weldegebriel, G., Rey-Benito, G., de Oliveira, L., Ortiz, C., Daniels, D., Videbaek, D., Singh, S., Njambe, E., Sharifuzzaman, M., Grabovac, V., Nyambat, B., Logronio, J., Armah, G., ... Serhan, F. (2022). Aetiology and incidence of diarrhoea requiring hospitalisation in children under 5 years of age in 28 low-income and middle-income countries: Findings from the Global Pediatric Diarrhea Surveillance network. *BMJ Global Health*, 7(9), Article e009548. <https://doi.org/10.1136/bmjgh-2022-009548>
- Duarte, R., del Sol, C., Delgado, Z., Gómez, D., Alemán, R., & Jáuregui, R. (2021). Resistencia antimicrobiana de cepas de *Shigella* aisladas en el Hospital Pediátrico Universitario "José Luis Miranda. *Acta Médica del Centro*, 15(2), 270–279. <https://www.medigraphic.com/cgi-bin/new/resumenI.cgi?IDARTICULO=106608>
- Grenón, S., Leguizamón, L., del Valle, A., Pallares, S., Salvi, M., & von Specht, M. (2022). Prevalencia y perfil antimicrobiano de *Shigella* causante de enfermedad diarreica aguda en pediatría en

Posadas, Misiones. *Revista de Ciencia y Tecnología*, 38, 71–75.
<https://doi.org/10.36995/j.recyt.2022.38.009>

- Halimeh, F., Rafei, R., Osman, M., Kassem, I., Diene, S., Dabboussi, F., Rolain, J., & Hamze, M. (2021). Historical, current, and emerging tools for identification and serotyping of *Shigella*. *Brazilian Journal of Microbiology*, 52(4), 2043–2055. <https://doi.org/10.1007/s42770-021-00573-5>
- Lubeck-Schricker, M., Rivas-Nieto, A., Rosauer, J., Mpinganjira, S., Malhotra, A., Bastias, M., Rogawski McQuade, E., Kosek, M., Lanata, C., Paredes, M., Ochoa, T., Platts-Mills, J., Vannice, K., & Pavlinac, P. (2025). Burden of *Shigella* among children with diarrhea in the Americas: A systematic review and meta-analysis. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 19(8), Article e0013393. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0013393>
- Mancini, A., Fiorilli, G., Espíndola, C., Viale, D., & García, M. (2025). Aislamientos de *Shigella* spp. resistente a azitromicina en pacientes pediátricos con diagnóstico de diarrea aguda. *Medicina Infantil*, 32(2). https://medicinainfantil.org.ar/images/stories/volumen/2025/xxxii_2_120.pdf
- Manzanares, K., Pinedo, T., Peñataro, P., Romaina, L., Garcia, P., Shapiama, W., Zegarra, F., Perez, K. F., Rengifo, S., Silva, H., Flynn, T., Schiaffino, F., Colston, J., Paredes, M., & Kosek, M. (2024). The Enterics for Global Health (EFGH) *Shigella* Surveillance Study in Peru. *Open Forum Infectious Diseases*, 11(Suppl. 1), S121–S128. <https://doi.org/10.1093/ofid/ofad655>
- Monar, S., Cedeño, G., Vega, S., & González, L. (2023). Síndrome diarreico asociado a *Salmonella* spp. y *Shigella* spp. en niños atendidos en un hospital pediátrico de la provincia de Chimborazo–Ecuador. *Anatomía Digital*, 6(4.3), 650–666. <https://doi.org/10.33262/anatomiadigital.v6i4.3.2827>
- Moreno, A. (2023). *Caracterización genómica, estructura poblacional y determinantes de resistencia a antimicrobianos de Shigella sonnei, Shigella flexneri y Escherichia coli aislados de hombres que mantienen relaciones sexuales con hombres* [Tesis doctoral, Universitat Autònoma de Barcelona]. Tesis Doctorals en Xarxa. <http://www.tdx.cat/handle/10803/691482>
- Nazate, Z., Ramos, R., Mejia, E., & Villareal, M. (2022). Principales agentes etiológicos de las enfermedades diarreicas agudas infantiles en Chimborazo, Ecuador. *Boletín de Malariología y Salud Ambiental*, 62, 714–720. <https://n9.cl/shdub>
- Okumu, N., Muloi, D., Moodley, A., Watson, J., Kiarie, A., Ochieng, L., Wasonga, J., Mutisya, C., Alumasa, L., Ngeranwa, J., Cumming, O., & Cook, E. (2025). Antimicrobial resistance in community-acquired enteric pathogens among children aged ≤10 years in low-and middle-income countries: A systematic review and meta-analysis. *Frontiers in Microbiology*, 16, Article 1539160. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1539160>
- Page, M., McKenzie, J., Bossuyt, P., Boutron, I., Hoffmann, T., Mulrow, C., Shamseer, L., Tetzlaff, J., Akl, E., Brennan, S., Chou, R., Glanville, J., Grimshaw, J., Hróbjartsson, A., Lalu, M., Li, T., Loder, E., Mayo-Wilson, E., McDonald, S., ... Moher, D. (2021). The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. *BMJ*, 372, Article n71. <https://doi.org/10.1136/bmj.n71>
- Pholwat, S., Liu, J., Taniuchi, M., Haque, R., Alam, M. M., Faruque, A., Ferdous, T., Ara, R., Platts-Mills, J., & Houghton, E. (2022). Use of molecular methods to detect *Shigella* and infer phenotypic resistance in a *Shigella* treatment study. *Journal of Clinical Microbiology*, 60(1), Article e01774-21. <https://doi.org/10.1128/JCM.01774-21>

- Piguave-Reyes, J., Castellano-González, M., Pionce-Pibaqué, M., & Ávila-Ávila, J. (2019). Etiología de la diarrea infantil en Shushufindi, Ecuador. *Kasmera*, 47(1), 21–28. <https://www.redalyc.org/journal/3730/373061540005/>
- Piguave-Reyes, J., Castellano-González, M., Macías-Avia, A., Vite-Solórzano, F., Ponce-Pibaqué, M., & Ávila-Ávila, J. (2019). Calidad microbiológica del agua subterránea como riesgo epidemiológico en la producción de enfermedad diarreica infantil: Revisión sistemática. *Kasmera*, 47(2), 153–173. <https://doi.org/10.5281/zenodo.3556409>
- Pineda, A., Álvarez, M., Orrego, V., Ortiz, H., Díaz, N., Abreu, K., Zubeldía, A., Hamuy, R., Viera, M. C., Rojas, C., Paez, D., Arguello, R., González, R., Duarte, R., Pereira, J., Sanabria, B., Arza, F., Veron, M., Soilan, B., ... Gustafson, N. (2026). Distribución de especies, serotipos y resistencia antimicrobiana de *Shigella* spp. en pacientes del área metropolitana de Paraguay (2019–2025). *Pediatría (Asunción)*, 53(1), 5–14. <https://doi.org/10.31698/ped.53012026002>
- Quino, W., Bellido, G., Flores-León, D., Caro-Castro, J., Mestanza, O., Lucero, J., & Gavilan, R. (2023). Trends in antimicrobial resistance of *Shigella* species in Peru, 2011–2020. *JAC-Antimicrobial Resistance*, 5(5), Article dlad110. <https://doi.org/10.1093/jacamr/dlad110>
- Rodríguez, E., Bautista, A., Montaña, L., Ovalle, M., & Correa, F. (2021). Laboratory-based surveillance of *Shigella* spp. from human clinical cases in Colombia, 1997–2018. *Biomedica*, 41(1), 65–78. <https://doi.org/10.7705/biomedica.5113>
- Sriguha, I., Kuyt, S., Cajusma, Y., Cato, E., Brinkley, L., Sayeed, M., Maples, S., Rochars, V., Leung, D., Maurelli, A., Baril, C., Klarman, M., & Nelson, E. (2026). Diarrheal disease attributed to *Shigella* spp. and enteroinvasive *Escherichia coli* among children at households in Haiti: A case-control study. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 114(1), 31–37. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.25-0183>
- Torrez, M., López, F., Valdez, P., Bianchi, A., Barrionuevo, E., Pescaretti, M., & Delgado, M.. (2020). Epidemiological study of prevalent pathogens in the Northwest region of Argentina (NWA). *PLOS ONE*, 15(10), Article e0240404. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0240404>
- Yacarini-Martínez, A., Arriaga-Deza, E., & Beltrán-Orbegoso, R. (2020). Detección de patotipos de cepas de *Escherichia coli* causantes de diarrea infantil de establecimientos de salud de la región Lambayeque-Perú, 2018. *Revista del Cuerpo Médico Hospital Nacional Almanzor Aguinaga Asenjo*, 13(3), 299–302. <https://www.scielo.org.pe/pdf/rcmhnaaa/v13n3/2227-4731-rcmhnaaa-13-03-299.pdf>
- Yousafzai, M., Cornick, J., Yori, P., Hossain, M., Keita, A., Atlas, H., Khanam, F., Omore, R., Galagan, S., Ahmed, N., Ahmmed, F., Awuor, A., Badji, H., Conteh, B., Quesada, M., Garcia-Bardales, P. F., Horne, B., Hotwani, A., Houpt, E., ... Paredes, L. (2026). The incidence and antimicrobial resistance of *Shigella*-attributable diarrhoea in young children in low-income and middle-income countries from the multicountry Enterics for Global Health (EFGH) *Shigella* Surveillance Study: A prospective, facility-based hybrid surveillance study. *The Lancet Global Health*, 14(5), e749–e761. [https://doi.org/10.1016/S2214-109X\(25\)00534-0](https://doi.org/10.1016/S2214-109X(25)00534-0)

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

Willian Vinicio Manobanda Muzo: Metodología, validación, análisis formal, investigación, gestión de datos, redacción - preparación del borrador original, redacción - revisión y edición, financiamiento, administración del proyecto, recursos, supervisión.

Ana Carolina Manobanda Romero: Conceptualización, metodología, software, análisis formal, investigación, gestión de datos, visualización, redacción - preparación del borrador original, redacción - revisión y edición, financiamiento.

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