analesdepediatría

www.analesdepediatria.org

ORIGINAL

Alta prevalencia de mecanismos de resistencia antimicrobiana en un hospital rural etíope

María Teresa Alvaredo-Carrillo[a], Elena Hidalgo Cardeñoso[b], Icíar Ochoa-Chamorro[c], Mieraf Fita[d], Habte Hussein-Elemo[e], Gebriel Tisyamo[e] y Ramón Pérez-Tanoira[f,g,h,i,*]

[a] *Servicio de Pediatría, King Fahd Lamu County Referral Hospital, Lamu, Kenia*
[b] *Servicio de Microbiología Clínica, Hospital Universitario Getafe, Madrid, España*
[c] *Servicio de Urgencias, Hospital Universitario Fundación Jiménez Díaz, Madrid, España*
[d] *Servicio de Pediatría, Hospital Rural General de Gambo, Gambo, Oromia, Etiopía*
[e] *Laboratorio de Microbiología, Hospital Rural General de Gambo, Gambo, Oromia, Etiopía*
[f] *Servicio de Microbiología Clínica, Hospital Universitario Príncipe de Asturias, Madrid, España*
[g] *Departamento de Biomedicina y Biotecnología, Facultad de Medicina, Universidad de Alcalá, Alcalá de Henares, España*
[h] *Grupo de Estudio de Enfermedades Importadas, Sociedad Madrileña de Microbiología Clínica, Madrid, España*
[i] *Máster de Medicina Tropical y Salud Internacional, Universidad Autónoma de Madrid, Madrid, España*

Recibido el 21 de noviembre de 2025; aceptado el 2 de marzo de 2026
Disponible en Internet el 14 de abril de 2026

PALABRAS CLAVE
Países de ingresos bajos y medios;
Resistencia a los antimicrobianos;
Enterobacterales productoras de carbapenemasas;
Enterococcus resistente a la vancomicina;
Pediatría;
Etiopía

Resumen
Introducción: Determinar la prevalencia de la presencia en heces de genes de resistencia a los antimicrobianos (RAM) en 40 niños ingresados en un hospital rural de Etiopía (mayo-junio de 2024).
Pacientes y métodos: Estudio prospectivo con participación de 40 pacientes pediátricos ingresados en el Hospital General Rural de Gambo (Oromia, Etiopía) entre mayo y junio de 2024. Se recogieron muestras de heces para evaluar el estado de portador intestinal y se analizaron mediante el ensayo de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) multiplex Allplex™ Entero-DR para detectar genes asociados a Enterobacterales productoras de carbapenemasas (EPC) y de ß-lactamasas de espectro extendido (BLEE), así como a *Enterococcus* resistente a la vancomicina (ERV). Se recogieron datos sobre las características demográficas y clínicas de los pacientes y del antecedente de exposición a antibióticos. En el análisis estadístico se utilizaron la prueba *U* de Mann-Whitney y el test exacto de Fisher.
Resultados: Se detectó la presencia de genes de RAM en las heces del 82,5% de los pacientes. El mecanismo de resistencia más frecuente fue CTX-M (80,0%), seguido de Nueva Delhi metalo-ß-lactamasa (NDM), (37,5%), vanA (32,5%) y integrón de tipo Verona (VIM) (10,0%). No se detectaron genes KPC, OXA-48, IMP ni vanB. El 65% de los pacientes presentaba desnutrición. No hubo diferencias significativas en la evolución clínica (duración de la estancia hospitalaria,

* Autor para correspondencia.
Correo electrónico: ramon.perezt@uah.es (R. Pérez-Tanoira).

https://doi.org/10.1016/j.anpedi.2026.504227
1695-4033/© 2026 Asociación Española de Pediatría. Publicado por Elsevier España, S.L.U. Este es un artículo Open Access bajo la CC BY-NC-ND licencia (http://creativecommons.org/licencias/by-nc-nd/4.0/).

gravedad) según la presencia o ausencia de genes de RAM (p > 0,05 en todas las comparaciones; limitado por el tamaño muestral de n = 40). La desnutrición crónica grave fue menos frecuente entre los portadores de carbapenemasas (12,5% vs. 62,5%; p = 0,033). Este hallazgo preliminar debe interpretarse con extrema cautela debido a la realización de pruebas múltiples, la escasa potencia estadística (n = 40) y las potenciales fuentes de sesgo, entre las que se incluyen la alteración de la microbiota intestinal, el menor contacto con servicios de salud entre los niños con desnutrición grave, o el azar. Los datos presentados solo describen patrones de colonización y no pueden utilizarse para inferir una relación causal.
Conclusiones: Se observó una prevalencia elevada de genes de RAM en muestras de heces de los pacientes pediátricos ingresados en este hospital rural en Etiopía, lo que pone de relieve la necesidad de reforzar las medidas de vigilancia, de optimización del uso de antimicrobianos, y de gestión y control de infecciones en entornos con recursos limitados.
© 2026 Asociación Española de Pediatría. Publicado por Elsevier España, S.L.U. Este es un artículo Open Access bajo la CC BY-NC-ND licencia (http://creativecommons.org/licencias/by-nc-nd/4.0/).

KEYWORDS
Low- and middle-income countries;
Antimicrobial resistance;
Carbapenemase-producing Enterobacterales;
Vancomycin-resistant *Enterococcus*;
Pediatrics;
Ethiopia

High Prevalence of Antimicrobial Resistance Mechanisms in a Rural Hospital in Ethiopia

Abstract
Introduction: To determine the prevalence of fecal carriage of antimicrobial resistance (AMR) genes in 40 pediatric inpatients managed in a rural hospital in Ethiopia (May-June 2024).
Patients and Methods: We conducted a prospective study in 40 pediatric inpatients managed at Gambo Rural General Hospital, Oromia, Ethiopia (May-June 2024). Stool samples were collected to assess for intestinal carriage and screened using the Allplex™ Entero-DR multiplex PCR assay for genes associated with carbapenemase-producing Enterobacterales (CPE), extended-spectrum beta-lactamase (ESBL)-producing Enterobacterales, and vancomycin-resistant *Enterococcus* (VRE). We collected data on demographic and clinical characteristics and antibiotic exposure. The statistical analysis included the Mann-Whitney *U* and Fisher's exact tests.
Results: Fecal carriage of AMR genes was detected in 82.5% of patients. The most prevalent resistance mechanism was CTX-M (80.0%), followed by NDM (37.5%), vanA (32.5%), and VIM (10.0%). Testing did not detect KPC, OXA-48, IMP, or vanB genes. Malnutrition was present in 65% of the patients. There were no statistically significant differences in clinical outcomes (length of stay, severity) between patients with and without AMR genes (*P* > .05 in all comparisons; limited by the sample size of n = 40). Severe chronic malnutrition was less frequent among carbapenemase carriers (12.5% vs 62.5%; *P* = .033). This exploratory finding should be interpreted with extreme caution due to multiple testing, low statistical power (n = 40), and potential sources of bias including altered gut microbiota, reduced health care exposure among severely malnourished children, or chance. These observations only describe colonization patterns and cannot be used to infer causality.
Conclusions: We found a high prevalence of fecal carriage of AMR genes in stool samples from pediatric inpatients in this hospital in rural Ethiopia, underscoring the need for enhanced surveillance, stewardship, and infection control measures in resource-limited settings.
© 2026 Asociación Española de Pediatría. Published by Elsevier España, S.L.U. This is an open access article under the CC BY-NC-ND license (http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/).

Introducción

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) es una amenaza crítica para la salud mundial, especialmente en regiones con recursos limitados, como el África subsahariana, donde los datos de vigilancia son escasos y la carga de la enfermedad es la más alta[1–3]. Se han documentado tasas elevadas de colonización intestinal por Enterobacterales y *Enterococcus* resistentes a los antimicrobianos en distintas poblaciones pediátricas[4–6]. La detección de Enterobacterales productoras de carbapenemasas (EPC), especialmente aquellas que producen *Klebsiella pneumoniae* carbapenemasa (KPC), Nueva Delhi metalo-ß-lactamasa (NDM), oxacilinasa 48 (OXA-48), metalo-ß-lactamasa codificada en integrón de tipo Verona (VIM) e imipenemasa (IMP), así como las cepas productoras de ß-lactamasas de espectro extendido (BLEE), está aumentando a nivel mundial[7–10]. Los *Enterococcus* resistentes a vancomicina (ERV) también

son un problema emergente y suelen asociarse a elementos genéticos móviles y la transmisión nosocomial[11–13].

Los hospitales rurales de África afrontan retos adicionales: acceso limitado a los antibióticos, altas tasas de desnutrición, retrasos diagnósticos y malas condiciones de higiene[14,15]. El Sistema Mundial de Vigilancia del Uso y la Resistencia a los Antimicrobianos (GLASS, por sus siglas en inglés), una iniciativa de la Organización Mundial de la Salud (OMS), aboga por ampliar la vigilancia de la RAM en estos entornos. El objetivo de este estudio, realizado entre mayo y junio de 2024, fue describir la prevalencia de genes de RAM en muestras fecales de niños hospitalizados en una zona rural de Etiopía con objeto de proporcionar datos sobre las tasas de portadores intestinales que se necesitan con urgencia para orientar las estrategias locales y mundiales de contención de la RAM.

Pacientes y métodos

Diseño y entorno del estudio

Se llevó a cabo un estudio transversal prospectivo en el Hospital General Rural de Gambo, situado en la provincia de Arsi Occidental (Etiopía), a 245 km al sureste de la capital, Adís Abeba, a una altitud de 2250 metros sobre el nivel del mar (7° 18' 21''N; 38° 48' 54.7'' E). El hospital presta servicio a 11 *kebeles* (municipios) con una población total estimada de 100.000 habitantes. La temperatura oscila entre los 13 y los 30 °C, con niveles de precipitación variables y una estación lluviosa entre junio y octubre. La ganadería y la agricultura de subsistencia son las principales actividades de los residentes de la zona.

Participantes

Se reclutó consecutivamente a pacientes menores de 18 años ingresados en la planta de pediatría entre mayo y junio de 2024. Se obtuvo el consentimiento informado de los padres o tutores legales.

Recogida de muestras y análisis microbiológico

Para evaluar la presencia de genes de RAM en el intestino, se recogieron muestras de heces en recipientes estériles con etanol al 70%, se refrigeraron y se transportaron al Laboratorio de Microbiología del Hospital Universitario Príncipe de Asturias en España. La extracción de ADN se llevó a cabo utilizando el kit de extracción universal STARMag (Seegene Inc.; Seúl, Corea del Sur) en la plataforma Hamilton Microlab STARlet (Werfen, Barcelona, España). Se utilizó el ensayo múltiplex Allplex™ Entero-DR (Seegene) para la detección de genes blaKPC, blaNDM, blaVIM, blaOXA-48, blaIMP, blaCTX-M, vanA, y vanB, siguiendo el protocolo indicado por el fabricante. Este método molecular detecta los genes de resistencia, pero no establece una correlación fenotípica (que requiere antibiograma) ni permite identificar las especies bacterianas; no se utilizaron métodos basados en cultivos debido a las limitaciones logísticas y de recursos en el entorno rural etíope (ausencia de laboratorio de microbiología en la zona).

Recogida de datos

Se recogieron datos sobre las características demográficas, clínicas y nutricionales de los pacientes y su exposición a antibióticos de las historias clínicas.

Análisis estadístico

El análisis estadístico se realizó utilizando el software SPSS versión 27.0 (IBM Corp; Armonk, NY, EE. UU.). Las variables continuas se expresan en medianas y rangos intercuartílicos (RIC) y las categóricas en proporciones, salvo que se indique lo contrario. Para comparar diferencias entre grupos, se utilizó la prueba *U* de Mann-Whitney *U*, la prueba χ^2 con la corrección de Yates, o, si algún valor esperado era inferior a 5, la prueba exacta de Fisher. En todas las comparaciones, se consideró significativo un valor de $p < 0,05$.

Consideraciones éticas

El estudio fue aprobado por el Comité de Ética del Secretariado Católico Etíope y el Hospital General Rural de Gambo (protocolo GH/MSMHF/709). Se obtuvo el consentimiento informado verbal de los padres o tutores legales debido a las circunstancias socioculturales y logísticas propias de este entorno rural en Etiopía, incluyendo tasas de alfabetización bajas (< 30% en la zona de Arsi Occidental) y una infraestructura limitada para la documentación escrita. El proceso de consentimiento verbal fue aprobado expresamente por los comités de ética institucionales y se ajustó a las recomendaciones éticas internacionales para entornos con recursos limitados y niveles bajos de alfabetización (CIOMS 2016, OMS 2011). Se informó exhaustivamente a los padres/tutores legales sobre el objetivo, los procedimientos, los riesgos, los beneficios y el carácter voluntario del estudio a través de personal local debidamente formado y en los idiomas locales (oromo/amárico). Todos los candidatos dieron su consentimiento, y ninguno se negó a participar.

Resultados

Características demográficas y clínicas

Participaron cuarenta pacientes pediátricos (65% varones; edad mediana [RIC]: 1,15 [0,71-2,79] años) ingresados entre mayo y junio de 2024. La prevalencia de desnutrición aguda fue del 62,5% (50% grave; 12,5% moderada). En el grupo de más de seis meses de edad (n = 23), la mediana del perímetro braquial fue de 12 cm (RIC: 10,80-13,20) (tabla 1).

Presentación clínica y motivos de ingreso

Los motivos de ingreso más frecuentes fueron la gastroenteritis aguda (37,5%), las infecciones respiratorias de vías bajas (25%), las complicaciones de la desnutrición (20%) y la evaluación de sepsis (12,5%). Otros motivos incluyeron la malaria (3%) y afecciones quirúrgicas (2,5%). Los síntomas de presentación incluyeron fiebre (72,5%), diarrea (45%), dificultad respiratoria (30%) y vómitos (25%).

Tabla 1 Características demográficas y clínicas de los pacientes pediátricos según la presencia o ausencia de genes de resistencia antimicrobiana

Característica	Con gen(es) RAM (n = 33; 82,50%)	Sin gen(es) RAM (n = 7; 17,50%)	Valor p
Sexo masculino n = 26/40 (65,00%)	21/33 (63,63%)	5/7 (71,43%)	0,695
Edad Mediana: 1,15 años (RIC: 0,71-2,79)	1,11 (0,66-2,45)	2,82 (0,72-3,80)	0,373
MAG and MAM n = 25/40 (62,50%)	21/33 (63,63%)	4/7 (57,14%)	0,747
MAG n = 20/40 (50,00%)	16/33 (48,48%)	4/7 (57,14%)	0,677
Malnutrición crónica n = 17/24 (70,83%)	15/20 (75,00%)	2/4 (50,00%)	0,315
Malnutrición crónica grave n = 11/24 (45,83%)	9/20 (45,00%)	2/4 (50,00%)	1.000
Anemia n = 16/32 (50,00%)	12/25 (48,00%)	4/7 (57,14%)	0,669
Estancia hospitalaria Mediana: 7,0 días (RIC: 5,75-11,25)	8,0 (5,50-12,50)	6,0 (8,50-5)	0,287
Ingreso hospitalario previo n = 11/38 (28,95%)	10/31 (32,26%)	1/7 (14,28%)	0,344
Antecedente de antibioterapia n = 11/36 (30,55%)	9/29 (31,03%)	2/7 (28,57%)	0,899

Los datos se presentan como mediana (rango intercuartílico) o n (%).
MAM: malnutrición aguda moderada; MAG: malnutrición aguda grave; RAM: resistencia antimicrobiana; RIC: rango intercuartílico.

Exposición a antibióticos

En los 12 pacientes (30,6%) que habían recibido antibióticos en los tres meses previos, los fármacos más utilizados fueron:

- Amoxicilina (n = 8; 66,7% de los expuestos): usado principalmente para infecciones respiratorias (n = 5), otitis (n = 2), y diarrea (n = 1)* *
- Amoxicilina-clavulánico (n = 3; 25,0%): infección del tracto urinario (n = 2), celulitis (n = 1)**
- Ceftriaxona (n = 1; 8,3%): neumonía grave**

** Ningún paciente había recibido carbapenémicos ni vancomicina en los tres meses previos.

Durante la estancia hospitalaria, el 97,5% recibió ß-lactámicos (principalmente cefalosporinas y penicilinas de tercera generación) y el 7,5% recibió vancomicina (tabla 1).

Prevalencia de genes de resistencia

Se detectaron genes de RAM en el 82,5% (33/40) de los pacientes: CTX-M en el 80%, NDM en el 37,5%, vanA en el 32,5% y VIM en el 10%. Por otro lado, no se detectaron KPC, OXA-48, IMP ni vanB en ninguno de los casos (tablas 2 y 3).

No se observaron diferencias significativas en edad, sexo o estado nutricional entre los pacientes en los que se detectaron genes de RAM y aquellos en los que no se detectaron.

La mediana de la estancia hospitalaria fue mayor en el grupo en el que se detectaron genes de RAM (8,0 vs. 6,0 días; p = 0,287).

La desnutrición crónica grave fue menos frecuente entre los pacientes portadores de bacterias con genes de carbapenemasa (12,5% vs. 62,5%; p = 0,033)

Presentación clínica y motivos de Ingreso

Los motivos de ingreso más frecuentes fueron la gastroenteritis aguda (37,5%), las infecciones respiratorias de vías bajas (25%) y las complicaciones de la desnutrición (20%). No se observaron diferencias significativas entre los pacientes colonizados por bacterias portadoras de genes de RAM y los no colonizados en cuanto a la duración de la estancia hospitalaria (8,0 vs. 6,0 días; p = 0,287), la gravedad o la mortalidad (0% en ambos grupos; potencia estadística limitada debido al tamaño de la muestra, n = 40).

Discusión

Este estudio, realizado en mayo y junio de 2024, encontró altas tasas de portadores fecales de genes de RAM entre los pacientes pediátricos hospitalizados en una zona rural de Etiopía, con detección de BLEE (CTX-M) en el 80%, carbapenemasas (NDM, VIM) en el 37,5%, y vanA en el 32,5%. Las frecuencias observadas fueron comparables a las descritas en otros estudios del África subsahariana (altas tasas de BLEE en los lactantes con sepsis neonatal en el Centro Médico de Jima, Etiopía[9], prevalencia de portador intestinal de BLEE del 17% en menores de cinco años en Adís Abeba[16], alta prevalencia de CRKP en casos de sepsis diagnosticados en niños etíopes menores de cinco años[17], prevalencia de EPC del 61% en niños hospitalizados en plantas pediá-

Tabla 2 Prevalencia de los principales genes de resistencia antimicrobiana detectados en la cohorte

Gen de resistencia	n positivos / total (%)	Tipo de resistencia
CTX-M	32 / 40 (80,0%)	BLEE
NDM	15 / 40 (37,5%)	Carbapenemasa
VIM	4 / 40 (10,0%)	Carbapenemasa
vanA	13 / 40 (32,5%)	Resistencia a vancomicina (ERV)
KPC	0 / 40 (0%)	Carbapenemasa
OXA-48	0 / 40 (0%)	Carbapenemasa
IMP	0 / 40 (0%)	Carbapenemasa
vanB	0 / 40 (0%)	Resistencia a vancomicina (ERV)

Distribución de los principales genes de resistencia antimicrobiana detectados mediante PCR multiplex en muestras fecales de pacientes pediátricos hospitalizados. Los datos se presentan como frecuencia absoluta y porcentaje de pacientes positivos.
BLEE: β-lactamasa de espectro extendido; ERV: *Enterococcus* resistente a vancomicina.

Tabla 3 Asociación de los principales genes de resistencia a antimicrobianos con variables clínicas y demográficas clave en pacientes pediátricos hospitalizados

Gen de resistencia	Positivos n (%)	Edad mediana (RIC)	Vaeones n (%)	MAG/MAM n (%)	Días de estancia mediana (RIC)	Antibiótico previo n (%)	Ingreso previo n (%)	Anemia n (%)	Valor p (variable clave)
CTX-M (+)	32 (80,0%)	1,10 (0,70-2,70)	20 (62,5%)	20 (62,5%)	8,0 (7,0-10,0)	10 (31,3%)	9 (28,1%)	16 (50,0%)	0,219 (estancia)
CTX-M (-)	8 (20,0%)	1,30 (0,80-2,90)	6 (75,0%)	5 (62,5%)	6,0 (5,0-8,0)	2 (25,0%)	1 (12,5%)	4 (50,0%)	
NDM (+)	15 (37,5%)	1,00 (0,70-2,10)	9 (60,0%)	10 (66,7%)	8,0 (7,0-10,0)	6 (40,0%)	5 (33,3%)	7 (46,7%)	0,207 (estancia)
NDM (-)	25 (62,5%)	1,20 (0,80-2,90)	17 (68,0%)	15 (60,0%)	7,0 (6,0-9,0)	6 (24,0%)	5 (20,0%)	13 (52,0%)	
VIM (+)	4 (10,0%)	1,10 (0,90-2,00)	3 (75,0%)	2 (50,0%)	8,0 (7,0-10,0)	2 (50,0%)	2 (50,0%)	2 (50,0%)	0,665 (edad)
VIM (-)	36 (90,0%)	1,20 (0,70-2,80)	23 (63,9%)	18 (63,9%)	7,0 (6,0-9,0)	10 (27,8%)	8 (22,2%)	17 (47,2%)	
vanA (+)	13 (32,5%)	1,10 (0,70-2,20)	8 (61,5%)	8 (61,5%)	8,0 (7,0-10,0)	5 (38,5%)	5 (38,5%)	6 (46,2%)	0,351 (ingreso)
vanA (-)	27 (67,5%)	1,20 (0,80-2,80)	18 (66,7%)	17 (63,0%)	7,0 (6,0-9,0)	7 (25,9%)	4 (14,8%)	13 (48,1%)	

Comparación de variables clínicas y demográficas según la presencia de cada uno de los principales genes de resistencia a antimicrobianos (CTX-M, NDM, VIM, vanA) en pacientes pediátricos hospitalizados. Datos expresados como mediana (RIC) o n (%). Los valores p se calcularon mediante la *U* de Mann-Whitney o el test exacto de Fisher, según correspondiera. MAG: malnutrición aguda grave; MAM: malnutrición aguda moderada; RIC: rango intercuartílico.

tricas en Luanda, Angola[18], prevalencia de CTX-M del 70% al 90% en aislados pediátricos en Kenia/Uganda y alta prevalencia de estado portador de carbapenemasas en centros pediátricos rurales en Kenia[6,19], colonización por bacterias productoras de BLEE en el 48% de los niños hospitalizados en un hospital de referencia sudafricano[20]), y superiores a las reportadas en poblaciones pediátricas europeas (5%-20%)[21–25].

Varios factores se asociaron con la detección de genes de RAM (transmisión ambiental, deficiencias higiénicas, posibles vías de transmisión vertical), y la prevalencia de exposición previa a antibióticos fue baja (30,6%), lo que indica que los factores ambientales y comunitarios podrían jugar un papel más importante que la presión selectiva directa[14].

La estancia hospitalaria mediana fue mayor en los pacientes portadores de genes de RAM (8,0 vs. 6,0 días; p = 0,287). Esta diferencia no fue estadísticamente significativa, probablemente debido a la escasa potencia estadística (n = 40, potencia *post hoc* < 30%) y a la presencia de factores de confusión que no se evaluaron. Por lo tanto, no se pueden realizar inferencias clínicas.

El reducido tamaño de la muestra constituyó una limitación, aunque refleja la realidad de la investigación en los hospitales rurales africanos, donde las barreras logísticas y éticas dificultan la realización de estudios a gran escala. Se han publicado estudios similares con muestras de menos de 50 participantes en la revista *International Journal of Antimicrobial Agents* y otras publicaciones de prestigio, explicando claramente el contexto y justificando

sus limitaciones. A pesar de estas últimas, el estudio aporta varias implicaciones relevantes para la salud pública. Nuestros hallazgos, aunque no tienen la potencia estadística necesaria para un análisis multivariable, proporcionan datos de referencia fundamentales para esta población desatendida.

La inesperada asociación inversa entre la desnutrición crónica grave y el estado de portador de carbapenemasas podría deberse a alteraciones en la microbiota o a una menor exposición a la atención sanitaria en los pacientes más desnutridos, pero este hallazgo debe confirmarse en cohortes más amplias. Debido al diseño transversal y al reducido tamaño de la muestra, las asociaciones observadas en este estudio deben interpretarse como generadoras de hipótesis, más que como causales, y requieren confirmación en estudios longitudinales futuros.

Entre las principales limitaciones se incluyen: (1) la falta de correlación fenotípica, toda vez que la detección de genes no confirma la expresión de RAM (se necesitaría un antibiograma con la concentración mínima inhibitoria [CMI]/cultivo); (2) la falta de identificación de la especie (identificación genérica de Enterobacterales/*Enterococcus*)[26,27]; ambas inherentes a la vigilancia molecular mediante PCR en hospitales rurales que carecen de infraestructura. Estos aspectos no invalidan los datos descriptivos preliminares sobre la prevalencia genotípica[4,10]. La elevada prevalencia del gen ERV observada en nuestro hospital concuerda con los informes pediátricos en Etiopía[26–28].

Implicaciones: Existe una necesidad urgente de inversión en capacidad diagnóstica, control de infecciones y uso racional de los antimicrobianos en los hospitales rurales africanos[1,15]. La vigilancia en entornos infrarrepresentados es fundamental para orientar las estrategias globales contra la RAM[2,3]. Dada la elevada prevalencia de malnutrición (65%) y de estado de portador de genes de RAM en esta cohorte, sería conveniente incorporar herramientas estandarizadas de evaluación del neurodesarrollo en estudios futuros para analizar mejor el impacto combinado de estos factores en el desarrollo a largo plazo. Este aspecto fundamental no se ha podido abordar en el presente estudio debido a las limitaciones logísticas y escasez de recursos propias de los entornos rurales africanos. Investigaciones futuras deberían priorizar estudios de cohortes multicéntricos de mayor tamaño que exploren la transmisión (vertical/ambiental), así como las tendencias de los ERV en África en comparación con Europa[13,29,30].

Estos resultados apuntan a la necesidad de adoptar un enfoque integral de salud pública adaptado al contexto local. En concreto, la alta prevalencia observada de portadores intestinales (CTX-M: 80%; NDM: 37,5%; vanA: 32,5%) justificaría el desarrollo de protocolos locales de antibioterapia basados en la evidencia. Lo que, en el Hospital General Rural de Gambo, podría implicar priorizar el uso de ß-lactámicos a los que no afecta la actividad de las BLEE para infecciones graves, con revisión temprana del tratamiento para proceder a su desescalada cuando sea posible, así como la aplicación de criterios estrictos para asegurar el uso limitado y esporádico de carbapenémicos y vancomicina, que solo están disponibles a través de donaciones ocasionales de cooperantes extranjeros[5,8].

También es fundamental poner en marcha programas de optimización de antimicrobianos (PROA) adaptados a entornos con recursos limitados. Las medidas adoptadas deben incluir formación sobre el uso racional de antibióticos, criterios de reducción gradual del tratamiento basados en datos locales y el seguimiento del consumo de antibióticos. En particular, dada la disponibilidad sumamente limitada de carbapenémicos en el Hospital General Rural de Gambo—que depende por completo de donaciones irregulares de cooperantes internacionales—los PROA deben priorizar la reserva estratégica de estos recursos escasos para los casos confirmados mediante cultivo en los que no existan opciones terapéuticas alternativas, maximizando su impacto y evitando contribuir a la selección de resistencias.

De manera complementaria, se pueden implementar medidas realistas de control de infecciones (como reforzar la higiene de manos, la separación básica de los pacientes colonizados y la formación del personal sanitario) que son factibles incluso en hospitales rurales y pueden mitigar la transmisión nosocomial de genes de resistencia[11,13].

Conclusiones

Se observó una prevalencia elevada de genes de RAM en muestras fecales de pacientes pediátricos hospitalizados en una zona rural Etiopía (mayo-junio 2024). Estos datos preliminares evidencian la necesidad de reforzar la vigilancia y las medidas de control de infecciones y de implementar medidas adaptadas de optimización de antimicrobianos en entornos con recursos limitados.

Financiación

Financiado parcialmente por Werfen Ltd., que suministró reactivos para biología molecular, el estudio se llevó a cabo en el marco del proyecto de investigación «Búsqueda de Nuevos Compuestos con Propiedades Antimicrobianas Frente a Patógenos Multirresistentes o con Tratamientos Poco Eficaces» (Hospital Universitario Príncipe de Asturias).

Conflicto de Intereses

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses.

Agradecimientos

Los autores desean expresar su agradecimiento al personal del Hospital General Rural de Gambo y al Programa de Máster de Medicina Tropical y de Salud International (Universidad Autónoma de Madrid) por el apoyo recibido.

Bibliografía

1. Organización Mundial de la Salud. Global antimicrobial resistance and use surveillance system (GLASS) report: early implementation 2020. Ginebra: OMS; 2022 [consultado 2022] Disponible en: https://www.who.int/publications/i/item/9789240062702

2. Yahaya AA, Fuller W, Kithinji D, Mazengiya YD, Gahimbare L, Bishikwabo-Nsarhaza K. Perspectives on the regional strategy for implementation of national action plans on antimicrobial resistance in the WHO African region. Antibiotics (Basel). 2024;13:943, http://dx.doi.org/10.3390/antibiotics13100943.
3. Murray CJL, Ikuta KS, Sharara F, Swetschinski L, Robles Aguilar G, Gray A, et al. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. Lancet. 2022;399:629–55, http://dx.doi.org/10.1016/S0140-6736(21)02724-0.
4. Zhou X, Willems RJL, Friedrich AW, Rossen JWA, Bathoorn E. Enterococcus faecium: from microbiological insights to practical recommendations for infection control and diagnostics. Antimicrob Resist Infect Control. 2020;9:130, http://dx.doi.org/10.1186/s13756-020-00770-1.
5. Hanchi H, Mottawea W, Sebei K, Hammami R. The genus Enterococcus: between probiotic potential and safety concerns—an update. Front Microbiol. 2018;9:1791, http://dx.doi.org/10.3389/fmicb.2018.01791.
6. Fiore E, Van Tyne D, Gilmore MS. Pathogenicity of Enterococci. Microbiol Spectr. 2019;7, http://dx.doi.org/10.1128/microbiolspec.gpp3-0053-2018.
7. Nordmann P, Poirel L, Walsh TR, Livermore DM. The emerging NDM carbapenemases. Trends Microbiol. 2011;19:588–95, http://dx.doi.org/10.1016/j.tim.2011.09.005.
8. Queenan AM, Bush K. Carbapenemases: the versatile beta-lactamases. Clin Microbiol Rev. 2007;20:440–58, http://dx.doi.org/10.1128/CMR. 00001-07.
9. Geleta D, Abebe G, Tilahun T, Gezahegn D, Workneh N, Beyene G. Phenotypic bacterial epidemiology and antimicrobial resistance profiles in neonatal sepsis at Jimma Medical Center, Ethiopia: Insights from prospective study. PLoS One. 2024;19:e0310376, http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0310376.
10. Seiffert SN, Hilty M, Perreten V, Endimiani A. Extended-spectrum cephalosporin-resistant Gram-negative organisms in livestock: an emerging problem for human health? Drug Resist Updat. 2013;16:22–45, http://dx.doi.org/10.1016/j.drup.2012.12.001.
11. Courvalin P. Vancomycin resistance in gram-positive cocci. Clin Infect Dis. 2006; 42 Suppl 1:S25–34, http://dx.doi.org/10.1086/491711.
12. Bender JK, Cattoir V, Hegstad K, Sadowy E, Coque TM, Westh H, et al. Update on prevalence and mechanisms of resistance to linezolid, tigecycline, and daptomycin in enterococci in Europe: towards a common nomenclature. Drug Resist Updat. 2018;40:25–39, http://dx.doi.org/10.1016/j.drup.2018.10.002.
13. Alemayehu T, Hailemariam M. Prevalence of vancomycin-resistant Enterococcus in Africa in One Health approach: a systematic review and meta-analysis. Sci Rep. 2020;10:20542, http://dx.doi.org/10.1038/s41598-020-77696-6.
14. Williams PCM, Isaacs D, Berkley JA. Antimicrobial resistance among children in sub-Saharan Africa. Lancet Infect Dis. 2018;18:e33–44, http://dx.doi.org/10.1016/S1473-3099(17)30467-X.
15. Ayukekbong JA, Ntemgwa M, Atabe SD. The proliferation of drug-resistant bacteria in sub-Saharan Africa: a fight against invisible killers. Biomedical Care. 2017;3:31.
16. Tola MA, Abera NA, Gebeyehu YM, Dinku SF, Tullu KD. High prevalence of extended-spectrum beta-lactamase-producing Escherichia coli and Klebsiella pneumoniae fecal carriage among children under five years in Addis Ababa Ethiopia. PLoS One. 2021;16:e0258117, http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0258117.
17. Gadisa E, Egyir B, Fekede E, Adu B, Danso J, Oclu A, et al. Epidemiology, antimicrobial resistance profile, associated risk factors and management of carbapenem resistant Klebsiella pneumoniae in children under 5 with suspected sepsis in Ethiopia. BMC Infect Dis. 2024;24:1458, http://dx.doi.org/10.1186/s12879-024-10366-4.
18. Kieffer N, Nordmann P, Aires-de-Sousa M, Poirel L. High prevalence of carbapenemase-producing Enterobacteriaceae among hospitalized children in Luanda, Angola. Antimicrob Agents Chemother. 2016;60:6189–92, http://dx.doi.org/10.1128/AAC.01201-16.
19. Githii S, Maingi JM, Nyaga T, Ndungu C, Nyongesa KW, Musyoki AM. Gastrointestinal carriage of carbapenemase-producing Enterobacterales among inpatient and outpatient children in Kenya. Sci Rep. 2024;14:30684, http://dx.doi.org/10.1038/s41598-024-78059-1.
20. Ogunbosi BO, Moodley C, Naicker P, Nuttall J, Bamford C, Eley B. Colonisation with extended-spectrum beta-lactamase-producing and carbapenem-resistant Enterobacterales in children admitted to a paediatric referral hospital in South Africa. PLoS One. 2020;15:e0241776, http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0241776.
21. Grundmann H, Glasner C, Albiger B, Aanensen DM, Tomlinson CT, Andrasević AT, et al. Occurrence of carbapenemase-producing Klebsiella pneumoniae and Escherichia coli in the European survey of carbapenemase-producing Enterobacteriaceae (EuSCAPE): a prospective, multinational study. Lancet Infect Dis. 2017;17:153–63, http://dx.doi.org/10.1016/S1473-3099(16)30257-2.
22. Tellevik MG, Blomberg B, Kommedal Ø, Maselle SY, Langeland N, Moyo SJ. High prevalence of faecal carriage of ESBL-producing Enterobacteriaceae among children in Dar es Salaam, Tanzania. PLoS One. 2016;11:e0168024, http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0168024.
23. Ayalneh ST, Beshah BY, Jeon Y, Teshome S, Getahun T, Gebreselassie S, et al. Extended-spectrum beta-lactamase and carbapenemase-producing Escherichia coli O157:H7 among diarrheic patients in Shashemene, Ethiopia. PLoS One. 2024;19:e0306691, http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0306691.
24. Seifert H, von Linstow ML, Janssen H, Dowzicky M. Antimicrobial susceptibility among Gram-negative isolates in pediatric patients in Europe from 2013-2018 compared to 2004-2012: results from the ATLAS Surveillance Study. Int J Antimicrob Agents. 2021;58:106441, http://dx.doi.org/10.1016/j.ijantimicag.2021.106441.
25. López-Siles M, Moure Z, Muadica AS, Sánchez S, Cruces R, Ávila A, et al. Fecal carriage of extended-spectrum beta-lactamase-producing Enterobacterales in healthy Spanish schoolchildren. Front Microbiol. 2023;14:1035291, http://dx.doi.org/10.3389/fmicb.2023.1035291.
26. Abera A, Tilahun M, Tekele SG, Belete MA. Prevalence, antimicrobial susceptibility patterns, and risk factors associated with Enterococci among pediatric patients at Dessie Referral Hospital, Northeastern Ethiopia. Biomed Res Int. 2021;2021:5549847, http://dx.doi.org/10.1155/2021/5549847.
27. Toru M, Beyene G, Kassa T, Gizachew Z, Howe R, Yeshitela B, et al. Prevalence and phenotypic characterization of Enterococcus species isolated from clinical samples of pediatric patients in Jimma University Specialized Hospital, southwest Ethiopia. BMC Res Notes. 2018;11:281, http://dx.doi.org/10.1186/s13104-018-3382-x.
28. Ashagrie D, Genet C, Abera B. Vancomycin-resistant Enterococci and coagulase-negative Staphylococci prevalence among patients attending at Felege Hiwot Comprehensive Specialized Hospital, Bahir Dar Ethiopia. PLoS One. 2021;16:e0249823, http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0249823.

29. Von Baum H, Schehl J, Geiss HK, Schaefer F. Prevalence of vancomycin-resistant Enterococci among children with end-stage renal failure. Clin Infect Dis. 1999;29:912–6. Disponible en: http://www.jstor.org/stable/4461026
30. Ayobami O, Willrich N, Reuss A, Eckmanns T, Markwart R. The ongoing challenge of vancomycin-resistant Enterococcus faecium and Enterococcus faecalis in Europe: an epidemiological analysis of bloodstream infections. Emerg Microbes Infect. 2020;9:1180–93, http://dx.doi.org/10.1080/22221751.2020.1769500.