Revista del Nacional (Itauguá)
ISSN 2072-8174 versión impresa
ISSN 2307-3640 version online
Rev. Nac. (Itauguá).2026;18:e1800115
http://dx.doi.org/10.18004/rdn2026.e1800115

Artículo Original

Gastroenteritis bacteriana: caracterización fenotípica y genotípica de patógenos entéricos aislados de muestras de heces. Paraguay. 2024-2025

Bacterial gastroenteritis. Phenotypic and genotypiccharacterizationofentericpathogensisolatedfromstoolsamples. Paraguay. 2024-2025

María Verónica Orrego Miranda[1]
Flavia Helena Ortiz Arce[1]
Mercedes Alvarez[1]
Ruth Duarte[2]
Jessi Colman[3]
Leticia Moreno[4]
Fátima Luisa Arza Sartorio[5]
Rossana Valeria Hamuy Ortega[6]
Natalie Weiler[1]

[1]Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social, Laboratorio Central de Salud Pública, Departamento de Bacteriología, Sección Enteropatógenos. Asunción, Paraguay.
[2]Instituto de Previsión Social, Hospital Central "Dr. Emilio Cubas", Dirección de Apoyo y Servicios, Servicio de Microbiología. Asunción, Paraguay.
[3]Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social, Hospital General Pediátrico "Niños de Acosta Ñu", Departamento de Bacteriología. San Lorenzo, Paraguay.
[4]Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social, Hospital General de San Lorenzo, Departamento de Bacteriología. San Lorenzo, Paraguay.

Autor correspondiente: *Natalie Weiler. Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social, Laboratorio Central de Salud Pública, Departamento de Bacteriología, Sección Enteropatógenos. Asunción, Paraguay. Correo electrónico: natalieweiler@gmail.com*
Artículo recibido: *24 de marzo de 2026.* ***Artículo aprobado:*** *01 de octubre de 2026*
Este es un artículo de acceso abierto, distribuido bajo los términos de Licencia de Atribución CreativeCommons, que permiteuso, distribución y reproducción en cualquier medio, siempre que se acredite el origen y la fuente originales.
Como citar este artículo: *Orrego Miranda MV, Ortiz Arce FH, Alvarez M, Duarte R, Colmán J, Moreno L, et al. Gastroenteritis bacteriana: caracterización fenotípica y genotípica de patógenos entéricos aislados de muestras de heces. Paraguay. 2024-2025. Rev. Nac. (Itauguá). 2026;18:e1800115.*

[5]Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social, Hospital General de Barrio Obrero. Asunción, Paraguay.

[6]Centro Médico La Costa, Departamento de Bacteriología. Asunción, Paraguay.

Editor responsable: Martha Rosa Lourdes Marín Ricart. Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social, Centro Médico Nacional- Hospital Nacional, Departamento de Laboratorio. Itauguá, Paraguay.

Revisor 1: Luis Antonio Merino. Universidad Nacional del Nordeste, Facultad de Medicina. Corrientes, Argentina.

Revisor 2: Olga Yolanda Heinichen Almada. Universidad Nacional de Asunción, Facultad de Ciencias Químicas. San Lorenzo, Paraguay.

RESUMEN

Introducción: la gastroenteritis infecciosa aguda sigue siendo una de las principales causas de morbilidad y mortalidad infantil en todo el mundo, especialmente en los países en desarrollo.

Objetivos: caracterizar fenotípica y genotípicamente los patógenos entéricos aislados de muestras de heces y evaluar la susceptibilidad antimicrobiana.

Metodología: estudio retrospectivo, observacional, descriptivo de corte transversal realizado en muestras de heces, remitidas en el periodo 2024-2025. Fueron realizados estudios de identificación y caracterización (métodos convencionales y métodos moleculares) y susceptibilidad antimicrobiana.

Resultados: de las muestras estudiadas, 28,7 % dieron positivo para algún patógeno entérico bacteriano. *E. coli* diarreogénicas 54.2 %, *Campylobacter* spp. 22.8 %, *Salmonella* spp. 17.8 %, *Shigella* spp. 5 % *y* coinfecciones 3.6 %. *E. coli* enteroagregativa fue de mayor frecuencia dentro de los patotipos estudiados; *Campylobacter jejuni* en un 93 % con presencia de factores de virulencia y una resistencia del 56 % a ciprofloxacina.20 serovariedades de *Salmonella* sp., fueron identificadas, con sensibilidad intermedia de 19 % para ciprofloxacina. De las *Shigella* spp., el 72 % correspondieron a *S. sonnei,* con resistencia antimicrobiana a trimetoprim-sulfametoxazol, ácido nalidixico y ampicilina**.**

Conclusión: los patógenos entéricos bacterianos continúan representando una causa relevante de gastroenteritis infecciosa en la población estudiada, con predominio de las *E. coli* diarreogénicas y *Campylobacter* spp. La diversidad de especies, serovariedades, factores de virulencia y perfiles de susceptibilidad identificados demuestra la necesidad de fortalecer la vigilancia epidemiológica y

laboratorial, ampliar el acceso a métodos diagnósticos especializados e implementar medidas de prevención y control adaptadas al contexto nacional.

Palabras clave: gastroenteritis, caracterización, patógenos bacterianos, susceptibilidad, Paraguay.

ABSTRACT

Introduction: acute infectious gastroenteritis remains a leading cause of childhood morbidity and mortality worldwide, particularly in developing countries.

Objectives: to phenotypically and genotypically characterize enteric pathogens isolated from stool samples and to evaluate antimicrobial susceptibility.

Methodology: a retrospective, observational, descriptive cross-sectional study was conducted on stool samples submitted between 2024 and 2025. Identification and characterization studies (using conventional and molecular methods) and antimicrobial susceptibility testing were performed.

Results: of the samples analyzed, 28.7 % tested positive for a bacterial enteric pathogen. The distribution was as follows: diarrheagenic *E. coli* (54.2 %), *Campylobacter* spp. (22.8 %), *Salmonella* spp. (17.8 %), *Shigella* spp. (5 %), and coinfections (3.6 %). Enteroaggregative *E. coli* was the most frequent pathotype identified*; Campylobacter jejuni* isolates frequently exhibited virulence factors (93 %) and ciprofloxacin resistance (56 %). Twenty *Salmonella* serovars were identified, with 19 % showing intermediate susceptibility to ciprofloxacin. Among *Shigella* spp., 72 % were *S. sonnei*, exhibiting antimicrobial resistance to trimethoprim-sulfamethoxazole, nalidixic acid, and ampicillin.

Conclusion: bacterial enteric pathogens remain a significant cause of infectious gastroenteritis in the study population, with a predominance of diarrheagenic *E. coli* and *Campylobacter* spp. The diversity of species, serovars, virulence factors, and susceptibility profiles identified highlights the need to strengthen epidemiological and laboratory surveillance, expand access to specialized diagnostic methods, and implement prevention and control measures tailored to the national context.

Keywords: gastroenteritis, characterization, bacterial pathogens, susceptibility, Paraguay.

INTRODUCCIÓN

La gastroenteritis infecciosa aguda continúa siendo una de las principales causas de morbilidad y mortalidad infantil en el mundo y constituye una causa frecuente de hospitalización, especialmente en países en desarrollo[1,2], a pesar de los avances en el manejo y la prevención de las diarreas.Los agentes etiológicos más frecuentes incluyen bacterias, virus y, en menor proporción, parásitos. Entre los patógenos bacterianos entéricos de mayor relevancia se encuentran las *Escherichia coli* diarreogénicas, *Salmonella* spp., *Shigella* spp. y *Campylobacter* spp[3,4].

En Paraguay, los niños menores de 5 años representan el grupo más afectado por las enfermedades diarreicas agudas, sin embargo, la limitada incorporación de métodos diagnósticos para la detección rutinaria de *Campylobacter* spp. y *E. coli* diarreogénicas en muchos laboratorios clínicos dificulta establecer su verdadera frecuencia. En este contexto, la vigilancia microbiológica y epidemiológica resulta fundamental para determinar la magnitud del problema, caracterizar los aislamientos circulantes y orientar medidas de prevención y control[4,5].

El presente estudio tuvo como objetivo determinar caracterizar fenotípica y genotípicamente los aislamientos y evaluar sus perfiles de susceptibilidad antimicrobiana, siendo, el conocimiento de estos aspectos de especial relevancia para la salud pública, debido a que contribuye al fortalecimiento de la vigilancia de las enfermedades transmitidas por alimentos y de las infecciones gastrointestinales, favorece la optimización del abordaje diagnóstico y terapéutico y proporciona evidencia para la implementación de medidas de prevención y control adaptadas al contexto epidemiológico nacional.

METODOLOGÍA

Estudio retrospectivo, observacional, descriptivo, de corte transversal, realizado en muestras de heces provenientes de 5 centros colaboradores de la Red de Vigilancia Laboratorial de Enteropatógenos perteneciente al Laboratorio Central de Salud Pública (LCSP) durante el periodo comprendido enero 2024 y diciembre de 2025. Las muestras fueron analizadas para la detección de patógenos entéricos bacterianos, su caracterización fenotípica y genotípica, y la evaluación de la susceptibilidad antimicrobiana.

Se consideraron muestras de heces con características patológicas, definidas por la presencia de leucocitos (leucocitos mayor a 10 por campo), con o sin hematíes en el examen microscópico.

Se estudiaron 3154 muestras de heces diarreicas con características patológicas. Estas fueron sometidas a procesamiento microbiológico, mediante siembra en medios selectivos y diferenciales

para aislamiento de patógenos entéricos. Se empleó agar Salmonella-Shigella (SS) (Britania®, Argentina) para el aislamiento de *Salmonella* spp. y *Shigella* spp.; agar Skirrow modificado(Oxoid®, España) para *Campylobacter* spp.; y agar MacConkey sorbitol (MCS) (Britania®, Argentina) para la detección de *Escherichia coli* diarreogénicas.

Estudio fenotípico de patógenos entéricos aislados

***Salmonella* spp.:** las colonias sospechosas de *Salmonella* spp. (colonias negras visualizadas en el agar SS), fueron sometidas a pruebas bioquímicas convencionales para la identificación de género y especie, posteriormente los aislamientos fueron serotipificados según el esquema de *Kauffmann-White (o White-Kauffmann-Le Minor)*[6],mediante pruebas serológicas con antisueros comerciales de la marca DebenDiagnosticsLtd., de procedencia Reino Unido.

***Shigella* spp.:** Las colonias sospechosas de *Shigella* spp. (colonias transparentes visualizadas en el agar SS), fueron identificadas mediante pruebas bioquímicas convencionales y confirmadas por serotipificación utilizando antisueros comerciales de la marca DebenDiagnosticsLtd., de procedencia Reino Unido.

***Campylobacter* spp.:** Las colonias características observadas en el agar MSK fueron evaluadas mediante Tinción de Gram, de marca Britania, de procedencia CABA - Argentina, para la observación de características microscópicas. La identificación de la especie se realizó mediante la prueba fenotípica de Hidrólisis de hipurato, de marca Sigma-Aldrich® de procedencia alemana. La detección de factores de virulencia se llevó a cabo mediante Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) de punto final según protocolo de Talukder *et al*.[7].

Estudio de la susceptibilidad antimicrobiana

El estudio de la susceptibilidad antimicrobiana se realizó mediante el método de difusión en disco (Kirby-Bauer) para los aislamientos de *Salmonella* spp., y *Shigella* spp. Para los aislamientos de *Campylobacter* spp., la susceptibilidad antimicrobiana se evaluó mediante difusión en disco Kirby-Bauer y determinación de CIM mediante E-test.

La interpretación de los resultados se realizó de acuerdo con puntos de corte establecidos por el Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI)**,** según los documentos CLSI M100 y CLSI M45[8,9].

***E. coli* diarreogénicas:** las colonias características de *E. coli* (colonias rosadas visualizadas en el agar MCS), fueron sometidas a pruebas bioquímicas convencionales para la identificación de género y especie. La detección de los patotipos de *E. coli* diarreogénicas (detección de factores de virulencia específicos) se realizó por Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) de punto final.

La extracción de ADN se efectuó por el método de lisis bacteriana por ebullición durante 10 minutos de una suspensión bacteriana de aproximadamente 0,5 Mac Farland en 150 uL de Triton 1x, centrifugada posteriormente a 10.000 rpm por 10 minutos. La detección de genes permitió la identificación de los principales patotipos de *E. coli* diarreogénicas: ETEC (*lt, st*), EPEC (*eae*), EAEC (*aggR*), EIEC (*ipaH*) y STEC (*stx1, stx2*)**.** La amplificación de los genes de virulencia se realizó siguiendo el protocolo validado por el Laboratorio Regional de Referencia INEI–ANLIS "Dr. Carlos G. Malbrán" (Argentina)[10]. Las reacciones de amplificación de los genes se realizaron en un termociclador TC-PRO (BOECO Germany) y los productos de amplificación se analizaron mediante electroforesis en gel de agarosa al 2 % en tampón TAE buffer (PanReac AppliChem – ITW Reagents). Las imágenes de los patrones electroforéticos fueron obtenidas con el equipo fotodocumentador Gel DocTM EZ Imager (BIO-RAD) y analizadas con el programa Image Lab 6.0 (BIO-RAD).

Consideraciones éticas

El protocolo fue aprobado por el Comité de Ética en Investigación del Laboratorio Central de Salud Pública del Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social, Dictamen CEI-LCSP N° 269/2025.

RESULTADOS

Del total de las muestras estudiadas, 906 (28,7 %) resultaron positivas para al menos un patógeno entérico bacteriano. *E. coli* diarreogénicas presentan una mayor prevalencia 54.2 % (491/906), seguido de especies de *Campylobacter* 22.8 % (207/906), especies de *Salmonella* 17.8 % (162/906) y especies de *Shigella* 5 % (46/906). También se observó presencia de coinfecciones entre los patógenos mencionados en 33 de los casos (3.6 %).

Se incluyeron en el estudio pacientes de todas las edades. Del total de 906 pacientes analizados, 872 (96,2 %) contaban con información disponible sobre la edad y fueron considerados para el análisis de la distribución por grupos etarios. Entre estos pacientes, la mayor frecuencia de gastroenteritis infecciosa atribuible a alguno de los patógenos estudiados se observó en el grupo de 1 a 5 años, con 44,2 % (385/872), seguido del grupo de 6 a 10 años, con 12,6 % (110/872), y de los pacientes de 65 años o más, con 5,6 % (49/872).

Caracterización de *E. coli* diarreogénicas

Las *Escherichia coli* diarreogénicas representaron la mayor proporción de patógenos entéricos identificados, con 491 aislamientos (54,2 %), en los cuales se detectó al menos un gen de virulencia asociado a alguno de los patotipos estudiados.

La distribución de los patotipos fue la siguiente: *E. coli* enteroagregativa (ECEA) 39 % (193/491)**,** *E. coli* enteropatógena (EPEC) 33 % (162/491)**,** *E. coli* enterotoxigénica (ETEC) 14 % (70/491)**,** *E. coli* enteroinvasiva (ECEI) 12 % (58/491) **y** E. *coli* productora de toxina Shiga (STEC) 1,6 % (8/491) (Gráfico 1).

En los aislamientos de ETEC, el *gen lt* fue el más frecuentemente detectado (80 %; 56/70).

Las cepas STEC, aunque representaron una baja proporción de los aislamientos (1,6 %; 8/491), presentan especial relevancia clínica. En estas cepas se identificaron los genes de virulencia *eae* y *stx1* en 62,5 % (5/8) de los aislamientos, y la combinación *eae* y *stx2* en 37,5 % (3/8). Estos aislamientos se detectaron principalmente en niños menores de 5 años.

Fuente: Laboratorio Central de Salud Pública. Departamento de Bacteriología. Sección Enteropatógenos

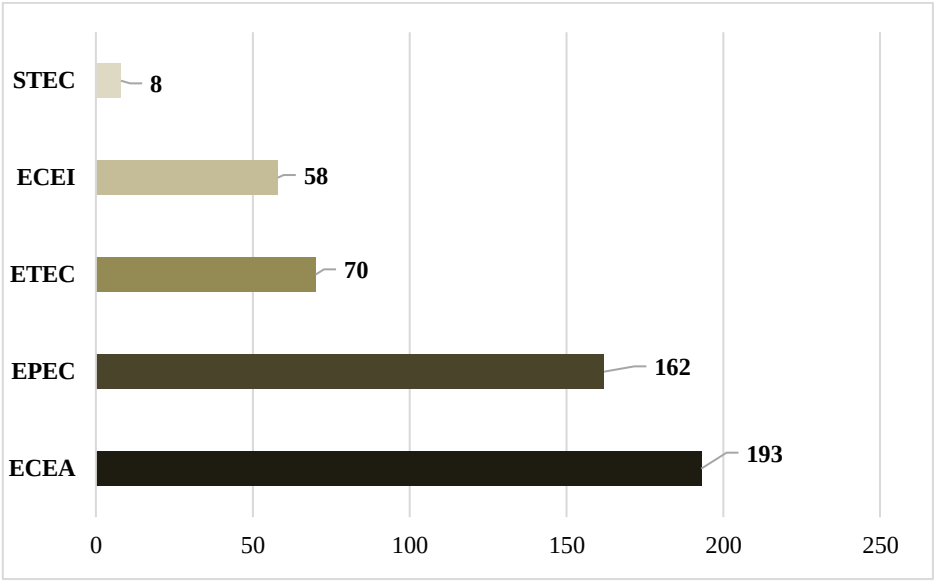


Gráfico 1: Distribución de *E. coli* diarreogénicas. ECEA: *E. coli* enteroagregativa; EPEC: *E. coli* enteropatógena; ETEC: *E. coli* enterotoxigénica; ECEI: *E. coli* enteroinvasiva; STEC: *E. coli* productora de toxina shiga.

Caracterización de *Campylobacter* spp.

Campylobacter spp., fue el segundo patógeno entérico más aislado en este estudio, con 207 aislamientos (22.8 %). La especie predominante fue *Campylobacter jejuni*, que representó un 93 % (192/207); seguida de *Campylobacter coli* en un 4 % (8/207). En 3 % (7/207) de los casos no fue posible identificar a especie debido a la pérdida de viabilidad de las cepas.

Entre los factores de virulencia asociados a la patogenicidad de *Campylobacter* spp., se encuentran

los genes *cdtC, cdtB* y *wlaN*. En este estudio, estos genes fueron detectados únicamente en aislamientos de Campylobacter *jejuni*. El análisis se realizó en 89 cepas de *C. jejuni*, observándose una mayor frecuencia del gen *cdtB* 72 % (64/89); 46 % (41/89) del gen *cdtC*, y un 7.8 % (7/89) del gen *wlaN*.

En cuanto a la susceptibilidad antimicrobiana, el análisis se realizó 197 aislamientos de *Campylobacter* spp. (197/207). Se observó resistencia a ciprofloxacina en 110 aislamientos (56,0 %), a tetraciclina en un 13% mientras que no se observó resistencia a eritromicina (Tabla 1).

Tabla 1: Susceptibilidad antimicrobiana de *Campylobacter* spp.

Antimicrobiano	Rango CIM (mg/L)	Puntos de corte CIM (mg/L) *			Frecuencia (%)		
		S	I	R	S	I	R
Eritromicina 15 ug.	0.0016 - 256	≤ 8	16	≥ 32	197 (100)	-	0 (0)
Tetraciclina 30 ug.	0.0016 - 256	≤ 4	8	≥ 16	171 (87)	-	26 (13)
Ciprofloxacina 5 ug.	0.002 - 32	≤ 1	2	≥ 4	87 (44)	-	110 (56)

*Valores de punto de corte de CLSI M45 CIM. CLSI, Instituto de Estándares Clínicos y de Laboratorio. CIM, concentración inhibitoria mínima; S, sensible; I, intermedio; R, resistente.

Fuente: Laboratorio Central de Salud Pública. Departamento de Bacteriología. Sección Enteropatógenos

Caracterización de Salmonella entérica subespecie entérica

Una amplia variedad de serovariedades fue identificada en este estudio, sin embargo, el 13 % (21/162) de los aislamientos no pudieron ser serotipificadas, probablemente debido a variaciones antigénicas, pérdida de expresión de antígenos o limitaciones inherentes al método serológico aplicado.Las serovariedades más prevalentes fueron *Salmonella* Typhimurium 14 % (23/162), *Salmonella* Saintpaul 13.5 % (22/162) y *Salmonella* Javiana 10.5 % (17/162) (Tabla 2).

Tabla 2: Distribución de serovariedades de *Salmonella entérica* subespecie entérica

***Salmonella* spp.**	**Números absolutos**	**Porcentaje %**
Salmonella Typhimurium	23	14
Salmonella Saintpaul	22	13.5
Salmonella sp.	21	13
Salmonella Javiana	17	10.5
Salmonella Newport	12	7.4
Salmonella Braenderup	11	6.7
Salmonella Infantis	9	5.5
Salmonella Enteritidis	8	5
Salmonella Agona	6	3.7
Salmonella Poona	6	3.7
Salmonella Sandiego	6	3.7
Salmonella Oranienburg	5	3
Salmonella Anatum	4	2.5
Salmonella Livingstone	3	1.8
Salmonella Schwarzengrund	2	1.3
Salmonella Corvallis	2	1.3
Salmonella Cerro	1	0.6
Salmonella Dublin	1	0.7
Salmonella Minnesota	1	0.7
Salmonella Senftenberg	1	0.7
Salmonella Ohio	1	0.7

Fuente: Laboratorio Central de Salud Pública. Departamento de Bacteriología. Sección Enteropatógenos

En cuanto a la susceptibilidad antimicrobiana de *Salmonella* spp., se observó una sensibilidad superior al 91 % a ampicilina (AMP), cefotaxima (CTX) y trimetoprim sulfametoxazol (SXT). Para ciprofloxacina (CIP) y ácido nalidíxico (NAL) se registraron porcentajes de sensibilidad del 79 % y 85 % respectivamente. Además, se observó sensibilidad intermedia de 19 % para ciprofloxacina y 12 % para ácido nalidíxico. Respecto a la resistencia antimicrobiana, ampicilina (AMP) y ácido nalidixico (NAL) presentaron resistencia del 7.4 % y 6.7 % respectivamente. (**Gráfico 2**).

Caracterización de *Shigella* spp.

Se aislaron 46 cepas de *Shigella*, de las cuales 72 % (33/46) correspondieron a *Shigella sonnei* y 28 % (13/46) a *Shigella flexneri*.

La distribución de los serotipos de *S. flexneri* fue la siguiente: serotipo 2a 61 % (8/13)**,** serotipo3a 15 % (2/13)**,** serotipo 4 a 15 % (2/13) **y** serotipo 1b7, 6 % (1/13)**.**

En cuanto a la susceptibilidad antimicrobiana, se observó 100 % de sensibilidad a cefotaxima**.** La sensibilidad fue de 69 % a ampicilina**,** 30 % a ácido nalidíxico**,** 26 % a trimetoprim-sulfametoxazol y 24 % a ciprofloxacina. Se registró además 74 % de sensibilidad intermedia a ciprofloxacina**.**

En relación con la resistencia antimicrobiana, trimetoprim-sulfametoxazol, ácido nalidíxico y ampicilina presentaron 69 %, 67 % y 30 % de resistencia, respectivamente (**Gráfico 2**).

Valores de punto de corte de CLSI M100 Instituto de Estándares Clínicos y de Laboratorio. S, sensible; I, intermedio; R, resistente. Antimicrobianos: ampicilina (AMP), cefotaxima (CTX), trimetoprim sulfametoxazol (SXT), ciprofloxacina (CIP), ácido nalidíxico (NAL).

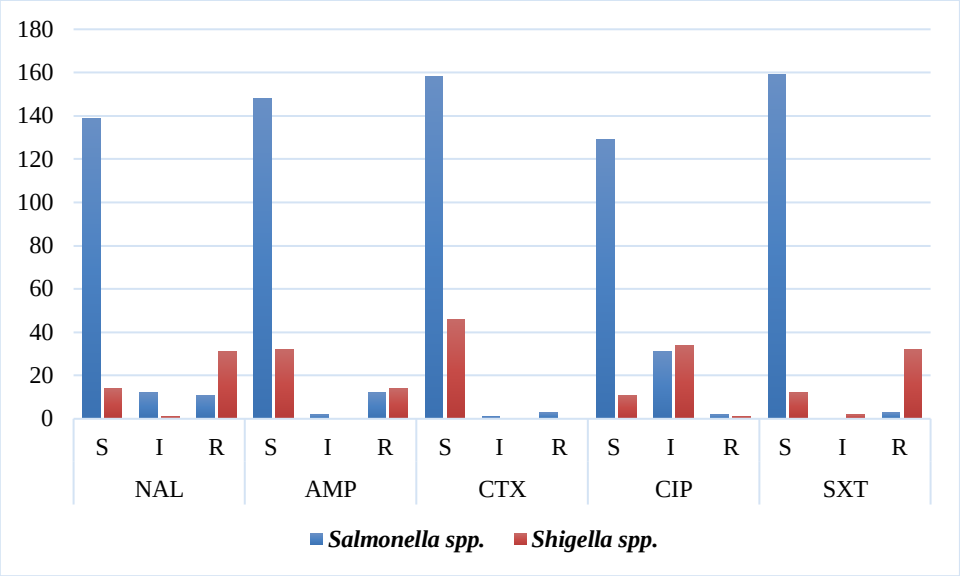


Gráfico 2: Susceptibilidad antimicrobiana de *Salmonella* spp y *Shigella* spp.

Co-infecciones

Las coinfecciones bacterianas identificadas en este estudio representaron 3.6 % (33/906) de los aislamientos. La combinación más frecuente fue *Campylobacter* spp., con *E. coli* enteroagregativa 39 % (13/33) y *E. coli* enteroagregativa con *E. coli* enteropatógena 18 % (6/33). La distribución de los aislamientos correspondientes a coinfecciones se presenta en el Gráfico 3.

Fuente: Laboratorio Central de Salud Pública. Departamento de Bacteriología. Sección Enteropatógenos

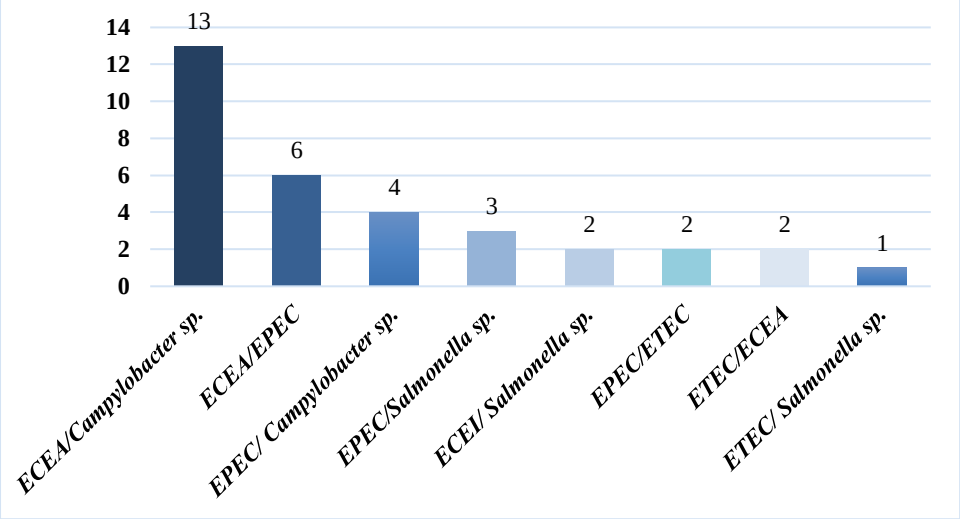


Gráfico 3: Distribución de coinfecciones entéricas bacterianas. Fuente: Laboratorio Central de Salud Pública. Departamento de Bacteriología. Sección Enteropatógenos

DISCUSIÓN

La gastroenteritis bacteriana infecciosa presenta características microbiológicas que orientan su diagnóstico, cómo la presencia de leucocitos con o sin hematíes en heces. Este criterio constituye un posible sesgo de selección en estudios de esta naturaleza. En este estudio trabajamos incluyendo solo muestras de heces con características patológicas.

Resulta preocupante, a nivel nacional, la limitada implementación del diagnóstico de *Campylobacter* spp., y *Escherichia coli* diarreogénica en la rutina de los laboratorios clínicos. El elevado costo y la complejidad técnica de los métodos de aislamiento e identificación constituyen factores que limitan su incorporación a la rutina diagnóstica. En este contexto, la Red de Enteropatógenos perteneciente al Laboratorio Central de Salud Pública brinda apoyo a los laboratorios integrantes de la red mediante la recepción de muestras para la búsqueda, aislamiento y detección de dichos patógenos. No obstante, ésta limitada capacidad diagnóstica podría contribuir al subdiagnóstico de estas infecciones, generando sesgos en la estimación de su verdadera prevalencia en el país.

Una limitación importante del estudio fue la ausencia de información sociodemográfica detallada, lo que impidió incorporar variables socioeconómicas, sanitarias y geográficas en los análisis realizados. Esto se debe a que los datos remitidos por los laboratorios participantes se restringieron a variables básicas, tales como edad, sexo y características microbiológicas de las muestras analizadas.

El aislamiento y la detección de bacterias entéricas patógenas requieren metodologías de recuperación, identificación y caracterización específicas y varía según el microorganismo involucrado.

Salmonella spp., *Shigella* spp. y *Campylobacter s*pp. pueden recuperarse mediante técnicas convencionales de cultivo, seguidas de la identificación fenotípica.

Sin embargo, *Escherichia coli* diarreogénicas no pueden diferenciarse de las cepas comensales únicamente mediante pruebas convencionales de cultivo, ya que estas solo permiten identificar la especie *Escherichia coli*. Considerando que *E. coli* forma parte de la microbiota intestinal habitual del ser humano, la discriminación de cepas patógenas requiere la detección de factores de virulencia específicos mediante técnicas moleculares.

En este estudio, los patógenos entéricos más frecuentes detectados fueron *E. coli* diarreogénicas y *Campylobacter* spp., coincidiendo con un estudio realizado en el país en el año 2019 por Huber*et al*., y con países como Singapore, donde Keng *et al.* encontró predominio de *E. coli* diarreogénicas. Gaspar *et al.* realizó un estudio en América del sur, donde se destaca la prevalencia de patógenos entéricos, principalmente, *E. coli* diarreogénicas, *Campylobacter* spp., y *Salmonella* spp. Así también, Rojas-Renjifo et al., yCuesta*et al*. Sin embargo, un estudio realizado por Galeano *et. al*. en el país reporto una distribución diferente de patógenos. Estas discrepancias podrían explicarse por diferencias en el grupo etario estudiado, al periodo de estudio y el tipo de muestra estudiadas (muestra de heces diarreicas patológicas o no patológica) [4,5,11-14]

La mayor presentación de gastroenteritis infecciosa se observó en la población pediátrica, especialmente en niños menores de 5 años coincidiendo con estudios de países de la región, Gaspar *et al*., Zenebe *et al*., Gutierrez *et al*., Piguave R. *et al*.[15-18]. Este hallazgo reafirma la vulnerabilidad de este grupo etario frente a infecciones entéricas bacterianas.

En relación con *E. coli* diarreogénicas, la prevalencia observada coincide con estudios previos realizados en Paraguay por Weiler *et al*., y en otros países de la región Molina *et al*., Pajuelo *et al.*[19-21]. Hemos observado que, autores Bueris *et al*. y Esquivel *et al*., presentaron frecuencias de infección mayores[22,23]. Esto podría explicarse por diferencias en la población estudiada y en las metodologías utilizadas, particularmente en el número de genes de virulencia analizados.

La distribución de los patotipos mostró un predominio de *E. coli* enteroagregativa y *E. coli* enteropatógena, lo cual coincide con diversos estudios que señalan a estos patógenos como causas frecuentes de diarrea infantil, aunque *E. coli* enteroagregativa también se asocia a diarrea en adultos[23,24].

Los patotipos ETEC y EIEC presentaron frecuencias de 14,2 % y 11 %, respectivamente, valores similares a los reportados en estudios regionales[18,19,23,24]. No obstante, la frecuencia atribuida a EIEC debe interpretarse con cautela, considerando que el *gen ipaH* es compartido con especies de *Shigella*. Por lo tanto, su detección podría reflejar la presencia de cualquiera de estos patógenos entéricos, particularmente al no disponer del aislamiento bacteriano correspondiente.

Las cepas STEC presentaron una baja frecuencia en este estudio, aunque su relevancia clínica es elevada debido a su asociación con diarrea sanguinolenta, colitis hemorrágica y síndrome urémico hemolítico (SUH). Estos resultados son concordantes con estudios realizados previamente en Paraguay, así como en otros países[18,25,26,27].

Las especies *Campylobacter jejuni* y *Campylobacter coli* son patógenos entéricos ampliamente reconocidos a nivel mundial, especialmente en países en desarrollo. La mayoría de los casos en este estudio fueron presentaciones esporádicas. La prevalencia observada coincide con estudios realizados en distintos países Fernández H. *et al.,* Porte *et al.,*St Jean *et al*., Tamborini *et al.*[28-31]. Esto destaca la importancia de este estudio, incentivándonos a la implementación del diagnóstico de *Campylobacter* spp., en los laboratorios del país. Respecto a la susceptibilidad antimicrobiana de *Campylobacter* spp., encontramos una importante resistencia a las fluoroquinolonas, reportado también en estos anteriores [32,33].

Diversos factores de virulencia que podrían estar involucrados en la patogenia de *Campylobacter* spp., entre ellos los más importantes serían las citotoxinas de distensión (CDT) compuesta por tres subunidades codificadas por los *genes cdtA, cdtB y cdtC,* y el *gen wlaN* presumiblemente involucrado en la expresión de los "mimics" de gangliósidos en el síndrome de Guillian-Barré. Talukder *et al*., Portes *et al*. [7,34]. En este estudio se detectaron *genes cdt* con una alta frecuencia, así como la detección del *gen wlaN*., coincidiendo con estudios anteriores realizados por este equipo de trabajo, así como otros países [32,34,35,36].

Salmonella spp., representó el tercer patógeno entérico bacteriano más frecuente en este estudio. Se identificaron un total de 20 serovariedades distintas, con predominio, *S.* Typhimurium, *S.* Javiana y *S.* Saintpaul. Otros estudios como de Huber *et al.,*Mai *et al.,* Amparo *et al*., Rosso *et al*., coinciden con estos resultados[5,37,38,39]. En cuanto a la susceptibilidad antimicrobiana, se observó sensibilidad a la mayoría de los antimicrobianos testados y de primera línea en el tratamiento, nos deja en alerta la sensibilidad disminuida a ciprofloxacina encontrada. La misma tendencia se registró en el estudio realizado por Ortiz *et al.,* Xiang *et al*. En cambio, Mai *et al*, reporto en su estudio, alta resistencia a cefalosporinas, así como a ampicilina y trimetoprim sulfametoxazol[37,40,41].

La baja frecuencia de aislamiento de especies de *Shigella* (5 %), podría explicarse por dificultades en su aislamiento microbiológico o por un posible subdiagnóstico. Estudios previos en Paraguay y en otros países han reportado frecuencias mayores anteriores de Huber *et al.,* Galeano *et al.,*Grenon *et al.,* Bose *et al.,* se observó una frecuencia de aislamiento mayor [4,5,42,43]. En cuanto a la distribución de especies, se observó un predominio de *S. sonnei*, mientras que en décadas anteriores *S. flexneri* era la especie predominante. Los serotipos *S sonneiy S flexneri* 2a representaron el 95 % de los aislamientos. En cambio, observamos en estudios realizados en la actualidad, que permanece *S. flexneri* como predominante Grenon *et al.,* Nyarkoh *et al.*[42,44]. La sensibilidad intermedia a ciprofloxacina y la resistencia a trimetoprim sulfametoxazol, ácido nalidixico y ampicilina en especies de *Shigella,* son resultados observados y se corrobora en otros estudios como Kambire *et al*., Muse *et al.,* Sousa *et al.* [44-47].

Estos hallazgos tienen implicancias clínicas relevantes para el tratamiento empírico de las infecciones gastrointestinales en Paraguay. La identificación de sensibilidad disminuida a ciprofloxacina en aislamientos de *Salmonella* spp., junto con resistencia a ácido nalidíxico, trimetoprim-sulfametoxazol y ampicilina en *Shigella* spp., constituye una señal de alerta para la selección de antimicrobianos en pacientes que requieren tratamiento. En este contexto, los patrones locales de susceptibilidad deben considerarse conjuntamente con la presentación clínica, la edad, la gravedad del cuadro y los antecedentes epidemiológicos, y ser utilizados de manera a orientar el tratamiento dirigido una vez disponible el resultado microbiológico.

Finalmente, se identificaron coinfecciones bacterianas en 33 casos. En todos los casos se detectó la presencia simultánea de dos patógenos entéricos. Estos resultados coincidieron con el estudio de Molina *et al.,* Yacarini *et al*. [20,48].

CONCLUSIÓN

Los patógenos bacterianos entéricos continúan representando una causa importante de gastroenteritis infecciosa. Los resultados evidencian que las *E. coli* diarreogénicas y *Campylobacter* spp. constituyen los principales agentes bacterianos asociados a gastroenteritis infecciosa en la población estudiada.La caracterización fenotípica y genotípica realizada en este estudio permitió identificar los principales patógenos circulantes, sus factores de virulencia y sus perfiles de susceptibilidad antimicrobiana. Estos resultados resaltan la importancia de fortalecer la vigilancia epidemiológica y laboratorial, ampliar el acceso a métodos diagnósticos especializados y desarrollar estrategias de prevención y control a nivel nacional.

Resulta fundamental fortalecer e implementar estrategias de educación y difusión masiva orientadas a la prevención de las enfermedades diarreicas, promoviendo medidas básicas de higiene y seguridad alimentaria, tales como el consumo de agua potable, el lavado frecuente de manos con agua y jabón, la adecuada cocción de los alimentos y el correcto lavado y desinfección de frutas y verduras. En este contexto, el trabajo articulado entre el Ministerio de Salud Pública y Bienestar Social (MSPBS), el Laboratorio Central de Salud Pública (LCSP) y los laboratorios integrantes de la red resulta esencial para fortalecer las acciones de vigilancia, prevención y control de las gastroenteritis en el país.

Conflicto de interés

Todos los autores manifiestan no tener ninguno.

Fuente de financiamiento

Los autores declaran no haber recibido financiación externa para la realización de este trabajo.

Disponibilidad de datos y materiales

El conjunto de datos subyacente a este artículo está disponible en el repositorio público de acceso abierto: ZENODO: https://doi.org/10.5281/zenodo.21650165[49]; bajo los términos de Licencia Creative Commons Atribución 4.0 Internacional (CC-BY 4.0).

Declaración de contribución de autores:

Orrego M, María V: conceptualización, recolección y análisis de datos, desarrollo de la metodología, preparación del trabajo publicado, redacción de borrador original inicial, redacción, revisión y edición del trabajo final.

Weiler N: revisión crítica de trabajo (inicial y final), curación de datos, comentarios en las diferentes etapas previas o posteriores a la publicación, análisis formal de datos. Colaboración en la preparación, redacción, revisión y edición del escrito.

Ortiz F, Alvarez M, Duarte R, Colman J, Moreno L, Arza F, Hamuy R: aportaron materiales de estudio para la realización del trabajo (cepas bacterianas de acuerdo al objetivo), recolección y envío de cepas para el trabajo de investigación, apoyo en estudios genotípicos de los aislamientos

bajo investigación, revisión, análisis y comentarios de la versión final del manuscrito, validación y aprobación final de la versión que se publicará.

Los autores están en pleno conocimiento del contenido del manuscrito y autorizan su publicación en la Revista del Nacional (Itauguá).

Nota del editor jefe

Todas las afirmaciones expresadas, en este manuscrito, son exclusivamente las de los autores y no representan necesariamente las de sus organizaciones afiliadas, ni las del editor, los editores responsables y los revisores. Cualquier producto que pueda ser evaluado en este artículo, o afirmación que pueda hacer su fabricante, no está garantizado ni respaldado por el editor.

REFERENCIAS

1. Zhang SX, Zuo QY, Zheng JX, Wang JC, Chen MX, Qin Y, et al. Co-infection and interaction of enteric pathogens in acute diarrhea among children under five years: a large-scale multicenter observational study from China. Infect Dis Poverty. 2025 ;14(1):122. doi: 10.1186/s40249-025-01392-8.

2. Al-Mashahedah A, Dhahi R. Enteric pathogens implicated in acute infectious diarrhea among young children in resource-limited region with rapidly growing population: a hospital-based cross-sectional study. Clin ExpPediatr. 2025;68(5):379-387. doi: 10.3345/cep.2024.01333.

3. ShaneA, Gonzalez M, Roy A, Preidis G, Woodworth M. State-of-the-Art Review: infectious diarrhea. Clin Infect Dis. 2025; 81 (5):250–262. doi: 10.1093/cid/ciaf356

4. Galeano N, El Haj F. Prevalencia de agentes productores de diarreas en pacientes con gastroenteritis que asisten al laboratorio central de microbiología del hospital de clínicas, Paraguay (2014-2017). Facultad de Ciencias Médicas. Universidad Nacional de Asunción, Paraguay. Discover Medicine. 2019;3(1): 25-30. Disponible en: https://revistascientificas.una.py/index.php/DM/article/view/3121/2722

5. Huber C, Orrego M, Ortiz F, Alvarez M, Weiler N. Prevalencia de patógenos causantes de enfermedad diarreica aguda en el área Metropolitana de Asunción y Central. Rev. salud pública Paraguay.2019;9(2):41-45. doi: 10.18004/rspp.2019.diciembre.41-45

6. Mileto I, Romano G, Gaiarsa S, Grassia G, Bagnarino J, Piralla A, et al. Whole genome sequencing as a reliable alternative for Salmonella serotyping: a comparative study with the gold-standard method. Front Microbiol. 2025;16:1685741. doi: 10.3389/fmicb.2025.1685741

7. Awad A, Ye H, Ramadan H, Rothrock MJ. Genotypic characterization, antimicrobial susceptibility and virulence determinants of Campylobacter jejuni and Campylobacter coli isolated from pastured poultry farms. Front Microbiol. 2023;14:1271551. doi: 10.3389/fmicb.2023.1271551

8. Mathers AJ, Lewis JS, Bryson AL, Alby K, Bobenchik AM, Campeau Sh, et al. CLSI M100-Ed35 Performance standards for antimicrobial susceptibility testing. Standards. 36th Ed, Clinical and Laboratory Standards Institute.2026.

9. Clinical and Laboratory Standards Institute. Methods for antimicrobial dilution and disk susceptibility testing of infrequently isolated or fastidious bacteria: M45. 3rd Ed. Wayne, Pennsylvania: Clinical and Laboratory Standards Institute. 2016; 16, 39 p. Disponible en: https://cdn.bfldr.com/YLD4EVFU/at/btqtmwvntgh75b26jv6tbgf3/m45ed3_sample.pdf

10. Orrego M. POE Aislamiento y Caracterización Fenotípica E. coli diarreogénicas spp. Procedimiento Operativo Estandar. Laboratorio Central de Salud Pública. 2019.

11. Wysok B, Wojtacka J, Hänninen ML, Kivistö R. Antimicrobial resistance and virulence-associated markers in Campylobacter strains from diarrheic and non-diarrheic humans in Poland. Front Microbiol. 2020;11:1799. doi: 10.3389/fmicb.2020.01799

12. Keng B, Han P, Low A, Aung KT, Khor WC, Maiwald M, et al. Epidemiology of diarrheagenic pathogens in acute hospitals in Singapore: a retrospective multicenter study. Microbiol Spectr. 2025;13(12):e0272525. doi: 10.1128/spectrum.02725-25.

13. Rojas-Renjifo K, Urrego L. Enfermedades transmitidas por alimentos: diarrea. Revista ReCiTeIA. 2021;19:25-40.

14. Cuesta J, Armijos J, Gallego O, Castilla R. Rehidratación en niños con gastroenteritis aguda, ¿oral o intravenosa? Polo del Conoc. 2022;7(11):2140-2151.

15. Gaspar C, Rios P, MoellerT. Landscape of Bacterial Enteric Disease and Traveler´s Diarrhea in South America. J Infect Dis. 2025;231(1): 10-–S18. doi: 10.1093/infdis/jiae594

16. Zenebe T, Endewunet E, Seman A, Eguale T, Abebe T. Epidemiology of Shigella, Salmonella, and Campylobacter amongdiarrheic under-five-year-old children in central Ethiopia. J Infect Dev Ctries. 2025;19(4):597-607. doi: 10.3855/jidc.19921

17. Acebo-Gutiérrez JM, Carreño-Palma NJ, Cañarte-Vélez JC. Epidemiología y diagnóstico de enteropatógenos asociados a gastroenteritis aguda. MQR Investigar. 2023;7(1):411–30. doi: 10.56048/MQR20225.7.1.2023.411-430

18. Piguave-Reyes J, Castellano-González M, Pionce-Pibaque M, Ávila-Ávila J. Etiología de la diarrea infantil en Shushufindi, Ecuador. Kasmera. 2019;47(1):21–8. Disponible en: https://drive.google.com/file/d/1YjiFtvLa0N13ijr2sb46QHtP9uL1WEo4/view

19. Weiler N, Orrego M, Alvarez M, Huber C. Detección molecular de Escherichia coli diarreogénica en pacientes pediátricos con síndrome diarreico agudo. Mem. Inst. Investig. Cienc. Salud. 2017; 15(1):16-21. doi: 10.18004/mem.iics/1812-9528/2017.015(01)16-021

20. Molina NB, Oderiz S, Vescina C, Córdoba A, Basualdo JA, Sparo MD. First report of diarrheagenic Escherichia coli in pediatric outpatient population with diarrhea in La Plata, Argentina. Rev ArgMicrobiol.2022;54(1):15-21. doi: 10.1016/j.ram.2021.02.006

21. Pajuelo MJ, Noazin S, Cabrera L, Toledo A, Velagic M, Arias L, et al. Epidemiology of enterotoxigenic Escherichia coli and impact on the growth of children in the first two years of life in Lima, Peru. Front Public Health. 2024;12:1332319. doi: 10.3389/fpubh.2024.1332319

22. Shahbazi G, Rezaee MA, Nikkhahi F, Ebrahimzadeh S, Hemmati F, Barzegarzadeh Namarvar B, et al. Characteristics of diarrheagenic Escherichia coli pathotypes among children under the age of 10 years with acute diarrhea. Gene Rep. 2021;25:101318. doi: 10.1016/j.genrep.2021.101318

23. Ohmura-Hoshino M, Miyaki Y, Yashima S. A one-step multiplex PCR-based assay for simultaneous detection and classification of virulence factors to identify five diarrheagenic Escherichia coli pathotypes. Heliyon. 2022;8(8):e10231. doi: 10.1016/j.heliyon.2022.e10231

24. Molina NB, Oderiz S, López MA, Basualdo JA, Sparo MD. Molecular characterization of diarrheagenic Escherichia coli from an outpatient pediatric population with diarrhea attended in two hospitals from Buenos Aires, Argentina. Rev. Argent. Microbiol. 2024;56(1):8-15. doi: 10.1016/j.ram.2023.06.002

25. Aquili V, González A, Spoleti MJ, Casabonne C. Detección molecular de patotipos de Escherichia coli productores de enfermedad diarreica aguda en niños en un hospital de Rosario, Argentina. Hechos Microbiol. 2023;14(1). doi: 10.17533/udea.hm.v14n1a03

26. Dato L, Mancuso MC, Daprai L, Ria T, Rossetti D, Callegaro A, et al. Bloody diarrhea, STEC infection, and HUS in the molecular microbiology era. Pediatr Nephrol. 2026;41(4):973–980. doi: 10.1007/s00467-025-06930-y

27. Zotta CM, Lavayén S, Deza N, Cepeda M, Zolezzi G, et al. Infecciones por Escherichia coli productora de toxina Shiga O121:H19 en pacientes atendidos en Mar del Plata. Acta Bioquím Clín Latinoam. 2019;53(2):193-201. Disponible en: https://www.scielo.org.ar/pdf/abcl/v53n2/v53n2a06.pdf

28. Galarce N, Sánchez F, Escobar B, Lapierre L, Cornejo J, Alegría-Morán R et al. Genomic epidemiology of shiga toxin-producing Escherichia coli isolated from the live stock-food-human interface in South America. Animals (Basel). 2021;11(7):1845. doi: 10.3390/ani11071845

29. Liu F, Lee SA, Xue J, Riordan SM, Zhang L. Global epidemiology of campylo bacteriosis and the impact of COVID-19. Front Cell Infect Microbiol. 2022;12:979055. doi: 10.3389/fcimb.2022.979055

30. Porte L, Pérez C, Barbé M, Varela C, Vollrath V, Legarraga P, Weitzel T, et al. Campylobacter spp. Prevalence in Santiago, Chile: a study based on molecular detection in clinical stool samples from 2014 to 2019. Pathogens. 2023;12(3):504. doi: 10.3390/pathogens12030504

31. St Jean D, Herrera R, Pérez C, Gutiérrez L, Vielot NA, González F, et al. Clinical characteristics, risk factors, and population attributable fraction for campylo bacteriosis in a Nicaraguan birth cohort. Am J Trop Med Hyg. 2021;104(4):1215-1221. doi: 10.4269/ajtmh.20-1317

32. Schreyer ME, Olivero CR, Rossler E, Soto LP, Frizzo LS, Zimmermann JA, et al. Prevalence and antimicrobial resistance of Campylobacter jejuni and C. coli identified in a slaughterhouse in Argentina. Curr Res Food Sci. 2022;5:590-597. doi: 10.1016/j.crfs.2022.03.005

33. Orrego MV, Weiler N, Alvarez M, Ortiz F, Martinez J, Duarte R, et al. Perfil de virulencia y resistencia antimicrobiana en cepas de Campylobacter spp., aislados de pacientes con síndrome diarreico agudo en el Laboratorio Central de Salud Pública, periodo 2020 - 2021. Rev. salud pública Parag. 2023;13(2):22-28.doi: 10.18004/rspp.2023.agost.05

34. Portes AB, Panzenhagen P, Pereira dos Santos AM, Junior CAC. Antibiotic resistance in Campylobacter: asystematic review of South American Isolates. Antibiotics (Basel). 2023; 12(3):548. doi: 10.3390/antibiotics12030548

35. Shahbazova M, Çiftçi N, Türk H, Arslan U. Investigation of Virulence Genes in Campylobacter Species Isolated from Patients with Acute Diarrhea. Mikrobiyol Bul. 2025;59(1):1–14. doi: 10.5578/mb.20250192

36. Tikhomirova A, McNabb ER, Petterlin L, Bellamy GL, Lin KH, Santoso CA, et al. Campylobacter jejuni virulence factors: update on emerging issues and trends. J Biomed Sci. 2024;31(1):45. doi: 10.1186/s12929-024-01033-6

37. Mai Q, Lai W, Deng W, Guo J, Luo Y, Bai R, et al. Prevalence, Serotypes and Antimicrobial resistance of Salmonella isolated from children in Guangzhou, China, 2018-2023. Infect Drug Resist. 2024;17:4511-4520. doi: 10.2147/IDR.S486907

38. Amparo L, Machado S, Salles D. Salmonella serovars associated with human salmonellosis in Brazil. Research, Society and Development. 2022;11(8):e28011830533. doi: 10.33448/rsd-v11i8.30533

39. Rosso F, Rebellón-Sánchez DE, Llanos-Torres J, Hurtado-Bermudez LJ, Ayerbe L, Suárez JH, et al. Clinical and microbiological characterizationof Salmonella spp. Isolates from patients treated in a university hospital in South America between 2012–2021: a cohortstudy. BMC Infect Dis. 2023;23(1):625. doi: 10.1186/s12879-023-08589-y

40. Ortiz F, Weiler N, Alvarez M, Orrego MV, Kawabata A, Riera E, et al. Resistencia serovariedades a múltiples de antibióticos en salmonella aisladas de muestras clínicas y alimentos. Mem. Inst. Investig. Cienc. Salud. 2021;19(1): 37-47. doi:10.18004/mem.iics/1812-9528/2021.019.01.37

41. Xiang Y, Zhu K, Min K, Zhang Y, Liu J, Liu K, et al. Characterization of a Salmonella enteric serovar Typhimurium lineagewith rough colonymorphology and multidrugresistance. Nat Commun. 2024;15(1):6123. doi: 10.1038/s41467-024-50331-y

42. Grenon, S, Leguizamón L, Del Valle A, Pallares S, Salvi M, Von M. Prevalence and antimicrobial profile of Shigella causing acute diarrheal disease in pediatrics in Posadas, Misiones. RECyT. 2022;38(1): 71–75. doi: 10.36995/j.recyt.2022.38.009

43. Bose P, Chowdhury G, Halder G, Ghosh D, Deb AK, Kitahara K, et al. Prevalence and changing antimicrobial resistance profiles of Shigella spp. Isolated from diarrheal patients in Kolkata during 2011–2019. PLoS Negl Trop Dis. 2024;18(2):e0011964. doi: 10.1371/journal.pntd.0011964

44. NyarkohR, Odoom A,DonkorE. Prevalence of Shigella species and antimicrobial resistance patterns in Africa: systematic review and meta-analysis. BMC Infect Dis.2024;24(1217):2-15. doi: 10.1186/s12879-024-09945-2

45. Gonzales JC, Seribelli AA, Gomes CN, Rodrigues DP, Campioni F, Passaglia J, et al. A high number of multidrug-resistant and predominant genetically related cluster of Shigella flexneri strains isolated over 34 years in Brazil. Braz J Microbiol. 2020;51(4):1563-1571. doi: 10.1007/s42770-020-00332-y

46. Kambiré D, Ouédraogo O, Tondé I, Sankara F, Tamboura M, Paré R, et al. Antibiotics susceptibility of Salmonella spp and Shigella spp strains isolated from coprocultures. Int J Curr Microbiol Appl Sci. 2024;13(10):174–184. doi: 10.20546/ijcmas.2024.1310.022

47. Muse K, Urgessa K, Shume T, Tahir B, Weldegebreal F. Prevalence, associated factors and antimicrobial susceptibility patterns of Salmonella and Shigella species among diarrheic under five children in Sultan Sheik Hassan Yabere referral Hospital, Jigjiga, Eastern Ethiopia. BMC Pediatr. 2024;24: 311. doi: 10.1186/s12887-024-04755-6

48. Yacarini A, Arriaga E, Beltrán RA. Detección de patotipos de cepas de Escherichia coli causantes de diarrea infantil de establecimientos de salud de la región Lambayeque-Perú, 2018. Rev Cuerpo Méd HNAAA. 2020; 13(3):299-302. doi: 10.35434/rcmhnaaa.2020.133.741

49. Orrego M, Ortiz F, Alvarez M, Duarte R, Colman J, Moreno L, Hamuy R, Weiler N, et al. Datase ton the etiological characterization of acute diarrheal disease cases in Paraguay, 2024-2025. [Dataset]. Zenodo. https://doi.org/10.5281/zenodo.21650165