

Prevalencia y distribución de patógenos respiratorios en los dos primeros años pospandémicos (2023-2024): experiencia en una institución.

Luna-Chagolla Mauricio*¹, Martínez-Padilla Moisés Adrián¹, Hernández-Blas Ana Isabel¹, Lopez-Sánchez Jesús Gerardo¹.

¹ Laboratorio de Análisis Clínicos Proquimed, León, Guanajuato, México.

Introducción

Las infecciones respiratorias agudas (IRA) constituyen una de las principales causas de morbilidad y mortalidad en el mundo, especialmente en lactantes, adultos mayores e inmunocomprometidos. Tras la pandemia de COVID-19 se ha observado un resurgimiento de virus y bacterias respiratorias, lo que ha reconfigurado el panorama epidemiológico. La similitud clínica entre agentes dificulta el diagnóstico diferencial y resalta la importancia de herramientas moleculares como la PCR multiplex-hibridación reversa para la vigilancia epidemiológica.

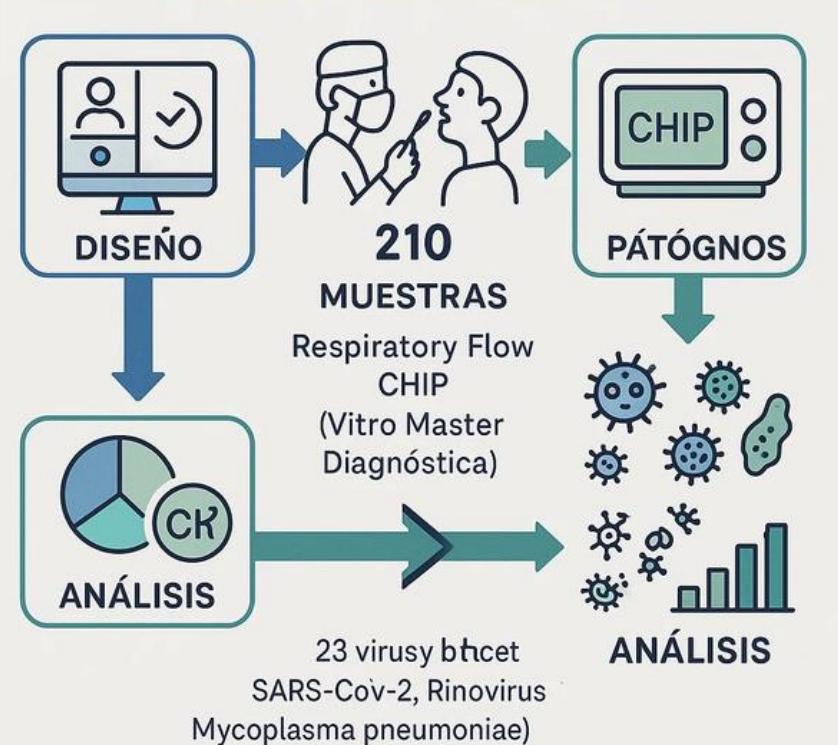
Objetivos

Determinar la prevalencia, distribución temporal y patrones de coinfección de patógenos respiratorios detectados por PCR multiplex-hibridación reversa en pacientes con infección respiratoria aguda atendidos en el laboratorio Proquimed (León, Guanajuato) durante 2023 y 2024.

Materiales y métodos

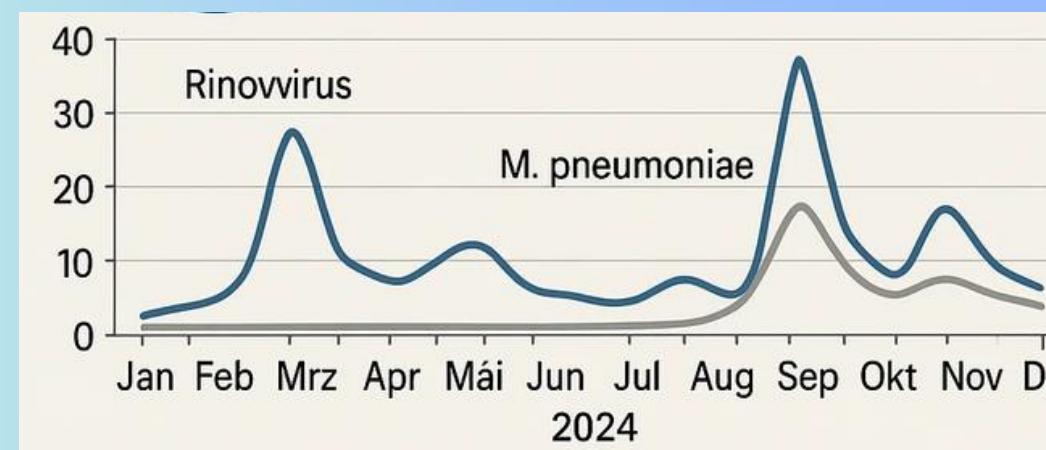
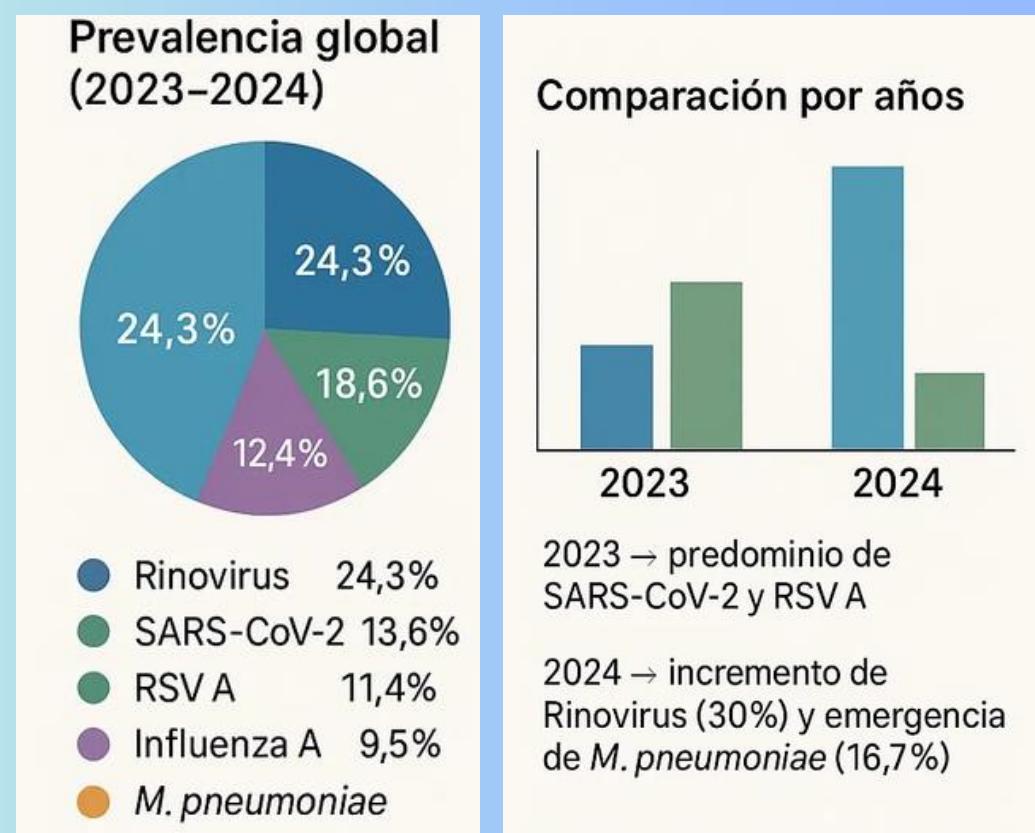
Se realizó un estudio transversal, observacional y retrospectivo. Se analizaron 210 muestras de exudado nasofaríngeo obtenidas entre enero 2023 y diciembre 2024.

El procesamiento se efectuó con el kit Respiratory Flow CHIP (Vitro Master Diagnóstica), que permite la detección simultánea de 23 virus y bacterias. Se calcularon prevalencias con IC95% y se evaluaron diferencias entre años mediante prueba de Chi².



Resultados

Prevalencias Globales: Rinovirus fue el agente más frecuente (24.3%), seguido de SARS-CoV-2 (18.6%), RSV A (12.4%), Influenza A H3 (11.4%), RSV B (10.9%) y *Mycoplasma pneumoniae* (9.5%). En 2023 predominaron SARS-CoV-2 (23.3%) y RSV A (17.8%), mientras que en 2024 se observó un incremento significativo de Rhinovirus (30%, p=0.02), RSV B (17.5%, p=0.001) y la emergencia de *M. pneumoniae* (16.7%, p<0.001). Las coinfecciones se detectaron en 39.1% de los casos, siendo más comunes las combinaciones virus-virus (67.5%), seguidas de virus-bacteria (28.9%).



Conclusiones

El estudio evidencia un cambio epidemiológico en Guanajuato tras la pandemia: SARS-CoV-2 pierde protagonismo, mientras que Rinovirus y *M. pneumoniae* emergen como agentes principales. La alta frecuencia de coinfecciones subraya su relevancia clínica.

