

1. RESUMEN

Introducción: A medida que la transmisión de malaria se vuelve más focalizada en lugares de baja transmisión, resulta crucial la identificación precisa de las zonas con mayor transmisión ó hotspots de malaria que permita el diseño e implementación de intervenciones de control. Este estudio tuvo como objetivo determinar si los *hotspots* de malaria detectados utilizando marcadores serológicos e incidencia reportada de malaria estuvieron asociados con la incidencia de la malaria por *P. vivax* en el año siguiente en una zona de baja endemicidad de la costa norte peruana. **Métodos:** Después del censo poblacional y geo-referenciación de todos los episodios por *P. vivax* reportados entre junio de 2009 y mayo de 2010 (año 1), se llevó a cabo una encuesta serológica y parasitológica (junio de 2010). Mediante ELISA se detectaron anticuerpos IgG específicos a la proteína de superficie del merozoito 1-19 (PvMSP-119) y al antígeno de membrana apical-1 (PvAMA-1) de *P. vivax*. Después de la encuesta, una detección pasiva de casos (PCD) optimizada entre junio de 2010 y mayo de 2011 (año 2), permitió la detección de nuevos episodios por *P. vivax* en el área de estudio. Tanto el análisis espacial de la incidencia acumulada de *P. vivax* en el año 1, como el análisis espacial de la seropositividad a *P. vivax* al momento de la encuesta permitieron la identificación retrospectiva de hotspots. Se utilizó regresión logística para evaluar la asociación entre los hotspots y la incidencia de la malaria en el año siguiente. **Resultados:** La incidencia de malaria por *P. vivax* se redujo notablemente del año 1 (416 episodios) al año 2 (32 episodios). A pesar de esta reducción, la regresión logística encontró que los hogares (HH) ubicados dentro de los hotspots (identificados usando tanto marcadores serológicos como incidencia en el año 1) se asociaron significativamente con la aparición de episodios por *P. vivax* en HH en el año 2 ($p < 0.001$), y esta asociación se mantuvo después del análisis multivariado ajustado por edad media en HH, proporción de hombres en HH y la distancia del HH al dren. **Conclusiones:** Los resultados del estudio confirmaron que el análisis espacial utilizando marcadores serológicos permitieron la predicción precisa de hotspots de malaria por *P. vivax*. Estas herramientas pueden apoyar la estratificación del riesgo y la priorización de las intervenciones dirigidas a reducir la transmisión y avanzar hacia la eliminación de la malaria.