



UNIVERSIDAD PERUANA
CAYETANO HEREDIA

Facultad de
MEDICINA

DESEMPEÑO DIAGNÓSTICO DE MÉTODOS MOLECULARES PARA LA
DETECCIÓN DE GENES DE RESISTENCIA EN *Pseudomonas aeruginosa*:
UNA REVISIÓN DE ALCANCE

DIAGNOSTIC PERFORMANCE OF MOLECULAR METHODS FOR
DETECTION OF RESISTANCE GENES OF *Pseudomonas aeruginosa*: A
SCOPING REVIEW

TESIS PARA OPTAR POR EL TÍTULO PROFESIONAL DE LICENCIADO
EN TECNOLOGÍA MÉDICA EN LA ESPECIALIDAD DE LABORATORIO
CLÍNICO Y ANATOMÍA PATOLÓGICA

AUTORES

CAMILA FERNANDA VERA CUEVA
KAROLINE XIMENA RODRIGO CALDERON
LUIS ALVIN SANTILLAN SANTI

ASESOR

LIDIO EDGAR NEYRA VALDEZ

CO-ASESOR

LUIS ALEXANDER ORREGO FERREYROS

LIMA – PERÚ

2026

JURADO

Presidente: LIC. MARIA DEL CARMEN QUISPE MANCO

Vocal: LIC. DELIA MARGOT FAUSTINO ARIAS

Secretario: LIC. JAIME JOSE FIGUEROA TATAJE

Fecha de sustentación: 11 DE MARZO DEL 2026

Calificación: APROBADO

ASESORES DE TESIS

ASESOR

MG. LIDIO EDGAR NEYRA VALDEZ

Universidad Peruana Cayetano Heredia

ORCID: 0000-0003-2086-7245

CO-ASESOR

MG. LUIS ALEXANDER ORREGO FERREYROS

Universidad Peruana Cayetano Heredia

ORCID: 0000-0003-3502-2384

DEDICATORIA

Dedicamos este trabajo a nuestros padres, hermanos, abuelos y familiares en general, que a lo largo de este camino nos han mostrado su amor y apoyo incondicional. Les damos las gracias por siempre confiar en nosotros y estar por estar presentes en estos momentos tan importantes. A nuestras amigas y amigos, por hacer de esta etapa universitaria la mejor, con su compañía a lo largo de las clases y exámenes.

AGRADECIMIENTOS

Queremos expresar nuestro más profundo agradecimiento a nuestro asesor el Mg.

Lidio Edgar Neyra por su constante orientación, apoyo y conocimientos que fueron fundamentales en el desarrollo de este trabajo. De igual manera, queremos agradecer al Dr. Manuel Castillo por su paciencia y enseñanzas que contribuyeron en nuestra formación profesional y académica.

FUENTES DE FINANCIAMIENTO

Autofinanciado

DECLARACIÓN DE CONFLICTOS DE INTERÉS

Los autores declaran no tener ningún tipo de conflicto de interés

DECLARACIÓN DE ORIGINALIDAD



UNIVERSIDAD PERUANA
CAYETANO HEREDIA

DECLARACIÓN DE ORIGINALIDAD

Los egresados:

N°	APELLIDOS Y NOMBRES
1.	RODRIGO CALDERON KAROLINE XIMENA
2.	SANTILLAN SANTI LUIS ALVIN
3.	VERA CUEVA CAMILA FERNANDA

Pertenecientes al programa de la **CARRERA PROFESIONAL DE TECNOLOGÍA MÉDICA EN LA ESPECIALIDAD DE LABORATORIO CLÍNICO Y ANATOMÍA PATOLÓGICA**, autores del trabajo titulado: **DESEMPEÑO DIAGNÓSTICO DE MÉTODOS MOLECULARES PARA LA DETECCIÓN DE GENES DE RESISTENCIA EN Pseudomonas aeruginosa: UNA REVISIÓN DE ALCANCE** el cual ha sido elaborado, sustentado y aprobado, según corresponda, para optar por el **TÍTULO PROFESIONAL DE LICENCIADO EN TECNOLOGÍA MÉDICA EN LA ESPECIALIDAD DE LABORATORIO CLÍNICO Y ANATOMÍA PATOLÓGICA** bajo la modalidad de **TESIS**.

En calidad de docentes asesores de la Universidad Peruana Cayetano Heredia:

N°	APELLIDOS Y NOMBRES DEL DOCENTE	FACULTAD	NIVEL DE ASESORÍA
1.	NEYRA VALDEZ LIDIO EDGAR	MEDICINA	ASESOR
2.	ORREGO FERREYROS LUIS ALEXANDER	MEDICINA	CO-ASESOR

Declaramos que el contenido del presente documento es original y que las citas y referencias a otros autores cumplen con las normas académicas establecidas. En ese sentido, hacemos constar que:

- El documento presenta un porcentaje de similitud de **8 %**, según el reporte emitido por el software **Turnitin®** (identificador de entrega: **trn:oid:::1:3548068700**; fecha de entrega: **23-04-2026**).
- Tras una revisión detallada del reporte y del contenido del trabajo en cuestión, no se han identificado indicios de plagio.
- Se certifica que el documento respeta los principios de integridad académica y cumple con los requisitos institucionales de originalidad.

Lugar y fecha: **Lima, 23 de abril del 2026.**

Firma del asesor
N° DNI: 09608590
ORCID: 0000-0003-2086-7245

Firma del Co-asesor
N° DNI: 41202355
ORCID: 0000-0003-3502-2384



TABLA DE CONTENIDOS

RESUMEN

ABSTRACT

I.	Introducción	1
II.	Objetivos	7
III.	Materiales y métodos	8
IV.	Resultados	13
V.	Discusión	20
VI.	Conclusiones	23
VII.	Limitaciones	24
VIII.	Recomendaciones	25
IX.	Referencias bibliográficas	26
X.	Tablas, gráficos y figuras	32

Anexos

RESUMEN

Introducción: La *Pseudomonas aeruginosa* es una bacteria que, según la OMS, ha sido clasificada de alta prioridad en naciones subdesarrolladas y en vías de desarrollo, porque puede generar infecciones en pacientes graves, inmunocomprometidos o con enfermedades crónicas. Su tasa de mortalidad es cercana al 40% y está relacionada con su resistencia a múltiples antibióticos. Esta resistencia se produce por mutaciones de genes, así como por transferencia horizontal. En consecuencia, se han desarrollado diversos métodos moleculares que ofrecen mayor precisión y rapidez en la identificación de estos genes de resistencia. Sin embargo, persisten algunos desafíos como la falta de estandarización, escasa información sobre la sensibilidad, especificidad y tipo de muestra evaluada.

Objetivo general: Mapear la literatura científica sobre el desempeño diagnóstico de los métodos moleculares utilizados en la detección de genes de resistencia antimicrobiana en *Pseudomonas aeruginosa* en pacientes hospitalizados.

Materiales y métodos: La revisión de alcance se llevó a cabo siguiendo el Manual de Joanna Briggs para Revisiones Sistemáticas y declaración PRISMA-ScR. La estrategia de búsqueda que fue desde el 1 de enero de 2015 al 31 de agosto de 2025, se ajustó a las bases de datos consultadas, utilizando términos y operadores específicos. Para la búsqueda de información se utilizaron las bases de datos: Embase, PubMed y SCOPUS y se usaron términos del Medical Subject Heading (MeSH).

Resultados: Se incluyeron ocho artículos publicados entre los años 2015 y 2025, donde la mayoría fueron estudios experimentales. Dentro de los métodos reportados, destacan el LAMP, MicroArrays, PCR multiplex en tiempo real, mdPCR y PCR multiplex con una sensibilidad y especialidad elevada, a pesar de la variabilidad del método, tipo de muestra y gen detectado.

Conclusión: Los métodos moleculares muestran alto desempeño diagnóstico en la detección de genes de resistencia en *Pseudomonas aeruginosa*, aunque requiere mayor estandarización e implementación clínica.

Palabras clave: Diagnóstico molecular; Genes MDR; Pacientes hospitalizados; Sensibilidad y especificidad

ABSTRACT

Introduction: *Pseudomonas aeruginosa* is a bacterium that, according to the WHO, has been classified as a high priority in underdeveloped and developing nations because it can cause infections in critically ill, immunocompromised, or chronically ill patients. Its mortality rate is close to 40% and is related to its resistance to multiple antibiotics. This resistance occurs through gene mutations, as well as horizontal gene transfer. Consequently, various molecular methods have been developed that offer greater accuracy and speed in the identification of these resistance genes. However, some challenges remain, such as a lack of standardization and limited information on sensitivity, specificity, and the type of sample evaluated. **General objective:** To map the scientific literature on the diagnostic performance of molecular methods used in the detection of antimicrobial resistance genes in *Pseudomonas aeruginosa* in hospitalized patients. **Materials and methods:** The scoping review was carried out following the Joanna Briggs Manual for Systematic Reviews and the PRISMA-ScR statement. The search strategy, which ran from January 1, 2015, to August 31, 2025, was tailored to the consulted databases, using specific terms and operators. The Embase, PubMed, and Scopus databases were used for the information search, employing Medical Subject Headings (MeSH) terms. **Results:** Eight articles published between 2015 and 2025 were included, most of which were experimental studies. Among the reported methods, LAMP, MicroArrays, real-time multiplex PCR, mdPCR, and multiplex PCR stand out, demonstrating high sensitivity and specificity, despite the variability of the method, sample type, and gene detected. **Conclusion:** Molecular methods show high diagnostic performance in the detection of resistance genes in *Pseudomonas aeruginosa*, although further standardization and clinical implementation are required.

Keywords: Molecular diagnosis; MDR genes; Hospitalized patients; Sensitivity and specificity

I. INTRODUCCIÓN

La resistencia antimicrobiana se define como la habilidad de los microorganismos para evitar o neutralizar el efecto de los antibióticos (1). Las bacterias la pueden adquirir de dos formas: resistencia mutacional y transferencia horizontal de genes. En el primero, se ha observado que las alteraciones de los genes *oprD*, *mexA*, *mexB*, *oprN*, *oprM*, *mexY*, *gyrA*, *gyrB*, *parC* y *parE* contribuyen a la resistencia (2,3,4,5,6,7). En cuanto al segundo tipo, se puede obtener por conjugación, transformación o transducción, pues existen componentes (plásmidos, transposones, integrones e islas de resistencia) que contienen genes de resistencia (8).

En la actualidad, la resistencia antimicrobiana representa una amenaza creciente, pues según la Organización Panamericana de la Salud (OPS/OMS) causa más de 700 mil muertes anuales y se estima que en 25 años más, las cifras de muertes pueden alcanzar los 10 millones (9). A raíz de esta problemática, diversos estudios han reportado variaciones significativas a nivel epidemiológico. De acuerdo a la literatura encontrada, se menciona que desde el año 2015 se visualizó incrementos en la presencia de genes de resistencia evaluados mediante métodos moleculares (10). Asimismo, un artículo indica que, en el año 2016 en el Perú, un 66% y 57% de casos de infecciones por *Pseudomonas aeruginosa* mostraron una resistencia a carbapenémicos, mencionando como antibióticos principales al meropenem e imipenem (11).

En el año 2024 la Organización Mundial de la Salud (OMS) actualizó la relación de bacterias resistentes que presentan una amenaza contra la salud, donde detallan

que *Pseudomonas aeruginosa* se la clasificó de alta prioridad en naciones subdesarrolladas y en vías de desarrollo (12). Pues, frecuentemente suele detectarse en los pacientes hospitalizados con cuadros infecciosos, inmunocomprometidos o enfermedades crónicas (13). Aproximadamente, su tasa de mortalidad alcanza el 40%, pues presenta una gran resistencia a los antimicrobianos, sobre todo a los carbapenémicos, es por ello que se la considera una amenaza para la salud pública (14). La prevalencia general de infección por *Pseudomonas aeruginosa* multirresistente es más del 40% en Latinoamérica, en Europa alcanzó el 28.4%, en África hasta un 50.9% y Asia un 44.3% (15,16). En algunos países se mostraron variaciones importantes como por ejemplo en Colombia (38%), EEUU (20.6%), México (7.9%), Paraguay (7.76%), Egipto (29.9%), Irán (44.8%) y Nigeria (30.5%) (14,15). En nuestro país, no existen estudios que indiquen la prevalencia de infección por *Pseudomonas aeruginosa*; sin embargo, desde el año 2000 hasta el 2019 se reportaron 84 cepas en los hospitales de Lima (17).

En *Pseudomonas aeruginosa* se ha encontrado genes que codifican enzimas Betalactamasas de Espectro Extendido (BLEE), carbapenemasas de clase A y D, como también las Metallo- β - lactamasas (MBL) (clase B) (18,19). La diseminación de estos genes se ha documentado a través de los años. Por ejemplo: en 1991 se reportó el gen *blaIMP*₁ en Japón y unos años más tarde en Italia en 1997 se detectó el gen *blaVIM*₁ (20). Mientras que, en 2006, se encontraron 4 tipos del gen *blaGES* (*blaGES*_{1,2,8,9}), adicionalmente, el gen *blaGES*₅ fue descubierto en China en un aislado de *P. aeruginosa* y en el 2007 el primer caso de *blaKPC* fue en Colombia (21,22). Por otra parte, en una revisión sistemática de 19 años en el Perú se identificaron los genes *blaIMP*, *blaVIM* y *blaGES* (17).

La identificación de genes de resistencia antimicrobiana en agentes etiológicos bacterianos ha sido un gran desafío a través del tiempo, ya que se carecía de métodos diagnósticos con un tiempo reducido. En este contexto, resulta fundamental el uso de métodos moleculares que brinden no solo rapidez sino también sensibilidad al detectar los genes de las bacterias resistentes a medicamentos, lo cual facilita orientar tratamientos con antibióticos mejorando así las acciones de control. Además, cada determinado periodo de tiempo, se observa una evolución sostenida de estos; sin embargo, estas también presentan tanto ventajas como limitaciones (23,24).

Para ello, una manera de determinar la efectividad de un método es mediante el desempeño diagnóstico. Estudios como los de Yung et. al. y Gomez et. al. coinciden en que para medir el desempeño se deben utilizar parámetros como sensibilidad, especificidad analítica, valor predictivo positivo y valor predictivo negativo (25,26). En cuanto a los métodos moleculares, estos son utilizados para evaluar ácidos nucleicos, identificar genes de resistencia antimicrobiana y microorganismos genotípicamente diferentes (27). Dentro de estos, la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) es una de las más usadas. También, se menciona su variante, la PCR en tiempo real, Amplificación isotérmica mediada por bucles (LAMP), MicroArrays, secuenciación del genoma completo (WGS) y secuenciación de próxima generación (NGS) (23).

Artículos como el de Paz et al, desarrollado en México, señalan que a partir de la revisión de diferentes fuentes, se describe que aproximadamente desde 1986 se vienen estudiando la resistencia de *P. aeruginosa* sobre todo en los mecanismos de la misma, pues herramientas moleculares como la PCR han permitido la

caracterización e identificación de genes que confieren este tipo de resistencia frente a los antibióticos; de tal manera que en ese mismo año a partir de cepas aisladas, se detectan genes como el *blaIMP₁₅* y *blaIMP₁₈*, ambas son productoras de diferentes betalactamasas de espectro extendido. Además, se detectaron genes de resistencia antimicrobiana como el *blaVIM₂* y *blaOXA₁₄₁*; encontrados en un paciente con fibrosis quística (28).

Diversos estudios han evidenciado la utilidad de estos métodos moleculares. En Kenia entre 2015 y 2020, donde se adquirieron muestras de infecciones bacterianas de piel, tejidos blandos y tracto urinario de ciertos individuos, analizando así 56 aislamientos de *Pseudomonas aeruginosa*. Se realizó el análisis genómico, la tipificación de secuencias y el análisis filogenético con una secuenciación del genoma completo (WGS), donde se evidenciaron diversos genes de resistencia como *mex*, *mux*, *opr* del operón *mex-opm-opr*, *fosA*, *catB*, *aph(3')-IIb*, *arnA* y genes del grupo tri y los clasificados debido a las clases de antibióticos a los que presentan resistencia, como los betalactámicos, fenicoles, gliciliclinas, sulfonamidas, aminoglucósidos, fluoroquinolonas, macrólidos, trimetoprima y glucopeptido bleomicina (29).

Estudios como el de Tapia, desarrollado en México, indicaron un aumento de casos con cepas resistentes, haciendo mayor énfasis en las que son productoras de carbapenemasas. Por medio del desarrollo de una PCR-multiplex se logró identificar con mayor frecuencia, a partir de los 44 aislados bacterianos positivos a carbapenémicos (CRPA), los genes de resistencia *blaOXA₅*, *blaOXA₁* y *blaVIM*, en muestras obtenidas del Hospital Centenario Miguel Hidalgo (30).

Ante este escenario los métodos moleculares son de gran utilidad, si bien, estos ofrecen una mejor alternativa en comparación con las técnicas fenotípicas tradicionales, no se ha logrado un consenso en cuanto al uso de una plataforma diagnóstica única que cumpla las demandas clínicas. Debido a la falta de pruebas rápidas que detecten este tipo de genes de resistencia, se han ido desarrollando distintos métodos o técnicas que emplean la biología molecular. La poca cantidad de artículos que nos brindan información acerca del desempeño diagnóstico, son el principal problema, ya que aún no existe un protocolo de estandarización para la obtención de resultados o si lo hacen, son de manera incompleta o de una manera no tan detallada. A pesar de que, se logra detectar ciertas porciones de material genético que codifican para genes de resistencia antimicrobiana, es necesario un reporte completo del desempeño diagnóstico, ya que parámetros como valores predictivos negativos, valores predictivos positivos, sensibilidad y especificidad, nos aseguran la identificación de los genes y, por ende, la confiabilidad de la prueba (23). Por ejemplo, estudios comparativos han demostrado que métodos como PCR, PCR cuantitativa en tiempo real (qPCR) y NGS ofrecen alta sensibilidad, especificidad y reproducibilidad (31).

Este *scoping review* brindará información en el desarrollo de futuras investigaciones para la implementación de las técnicas de mejor desempeño en la identificación de genes de resistencia antimicrobiana que busquen ser más accesibles.

Pregunta de investigación

¿Qué se ha reportado en la literatura sobre las características del desempeño diagnóstico de los métodos moleculares utilizados para detectar genes de resistencia antimicrobiana en *Pseudomonas aeruginosa* aislados de pacientes hospitalizados?

II. OBJETIVOS

Objetivo general:

Mapear la literatura científica sobre el desempeño diagnóstico de los métodos moleculares utilizados en la detección de genes de resistencia antimicrobiana en *Pseudomonas aeruginosa* en pacientes hospitalizados.

Objetivos específicos:

1. Caracterizar los artículos de acuerdo con el país, áreas hospitalarias y tipo de establecimiento de atención médica.
2. Describir los métodos moleculares empleados en la detección de genes de resistencia en *Pseudomonas aeruginosa*.
3. Explorar los datos reportados sobre el desempeño diagnóstico, incluyendo sensibilidad, especificidad y el tipo de muestra de los métodos moleculares empleados.

a. Hipótesis:

No Aplica.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

a. Diseño de estudio

Estudio secundario de tipo revisión de alcance (*scoping review*). El acrónimo PCC fue utilizado como base para la estructuración de la pregunta de investigación (Ver Anexo N°1).

b. Protocolo y registro

Este trabajo se realizó siguiendo las pautas del Manual de Joanna Briggs Institute que fue complementado con la declaración PRISMA-ScR para la apropiada presentación y reporte de resultados (32).

El protocolo fue revisado y aprobado el 2 de octubre del 2025, en el Sistema Descentralizado de Información y Seguimiento a la Investigación (SIDISI) – Dirección Universitaria de Investigación, Ciencia y Tecnología y fue aprobado por el Comité de Ética de la UPCH el día 6 de octubre del 2025.

c. Criterios de elegibilidad

Criterios de inclusión:

- Artículos o Estudios primarios que incluyan pacientes hospitalizados sin restricción de edad que presenten infección con *Pseudomonas aeruginosa*.
- Artículos o Estudios primarios que evalúen genes de resistencia antimicrobiana de *Pseudomonas aeruginosa*.

- Estudios publicados en revistas indexadas en inglés, español.
- Artículos o estudios primarios que detallen el desempeño diagnóstico de los métodos moleculares.
- Se incluirán estudios cuyo diseño sea:
 - Estudios observacionales (transversales, cohorte) que reporten desempeño diagnóstico de los métodos moleculares.
 - Ensayos de validación y evaluación diagnóstica.
 - Estudios de implementación de los métodos moleculares
- Estudios publicados desde el 1 de enero de 2015 al 31 de agosto de 2025.

Criterios de exclusión:

- Estudios primarios o artículos que evalúen resistencia en otras bacterias.
- Cartas al editor o resúmenes de congresos.
- Artículos o estudios que no involucren genes de resistencia de *Pseudomonas aeruginosa*.
- Estudios que sean únicamente de métodos fenotípicos sin análisis molecular.
- Estudios en ambientes no hospitalarios.

d. Definición de variables (Ver Anexo N°2)

e. Estrategia de búsqueda

Fuentes de información

En la investigación se usaron tres bases de datos desde el 1 de enero de 2015 al 31 de agosto de 2025. Las bases de datos escogidas para la búsqueda abarcan Embase, PubMed, SCOPUS. A su vez, se realizó la búsqueda de la literatura gris a través de Google Scholar y ALICIA.

Búsqueda de información

De acuerdo a la pregunta de investigación, se usaron operadores junto con términos MeSH y DeCS, que se adecuaron a las bases de datos escogidas. El PCC (Población, Concepto y Contexto) se tomó como referencia y en base a ello se incluyeron estudios observacionales, ensayos de validación y evaluación diagnóstica. Para ello, se emplearon las siguientes palabras claves: *Pseudomonas aeruginosa*, Genes MDR, Molecular diagnostic Techniques, Sensitivity and specificity, Hospital patient, Intensive care unit y para que la búsqueda sea eficaz se emplearon los operadores booleanos “AND”, “OR” y “AND NOT” y en el caso de la literatura gris se escogieron términos libres. La revisión de literatura se llevó a cabo en el periodo de 4 semanas, desde el 7 de octubre del 2025 al 7 de noviembre del 2025

Selección de fuentes de evidencia

La selección se realizó por los investigadores (CVC, KRC, LSS) mediante estrategias de búsqueda basadas en los criterios de elegibilidad. Dentro de los estudios que se incorporaron, fueron estudios primarios como: observacionales (transversal, retrospectivo, descriptivo y analítico) y experimentales (ensayos de validación, estudio comparativo, estudio analítico, evaluación diagnóstica relacionados al desempeño diagnóstico de los métodos moleculares). Por ello, después de la búsqueda en las bases de datos escogidas. Los artículos fueron importados al gestor de referencias Zotero, con el que se eliminaron los artículos duplicados. Luego, se revisaron los resúmenes y títulos de los artículos. Aquellos que no cumplieron con nuestros criterios o que no estuvieran relacionados con el tema fueron descartados. Seguidamente, se evaluaron los textos completos, donde los estudios que no se rigieran de acuerdo con los criterios de inclusión o que estén incompletos, se rechazaron.

Esto fue plasmado en el diagrama de flujo según el protocolo PRISMA-ScR.

f. Plan de análisis

En este trabajo, se realizaron tablas de contenido a través del programa Microsoft Excel, las cuales nos fueron de utilidad en la recopilación, organización y síntesis de resultados. En una primera

fase, se construyó una tabla resumen donde se incluyeron los datos de cada artículo revisado: título, autores, año de publicación, país de origen, idioma, tipo de investigación, enfoque (cualitativo o cuantitativo), diseño y tipo de estudio, objetivos, población, tamaño muestral, tipo de muestra, método molecular, sensibilidad, especificidad, gen de resistencia antimicrobiana detectado, concepto, contexto y limitaciones.

Después, en una segunda tabla se clasificaron los artículos por el tipo de método molecular usado y se presentó un resumen de los parámetros (sensibilidad y especificidad del método molecular con el que se detectó el gen de resistencia) y el tipo de muestras clínicas empleadas para su análisis.

IV. RESULTADOS

Se obtuvo un total de 3237 artículos en las bases de datos: PubMed, Scopus, Embase y como literatura gris en ALICIA y Google Scholar, se obtuvieron 2841 artículos. De los que al eliminar los duplicados por medio del gestor Zotero, quedaron 3229 estudios para su respectiva selección. Durante la evaluación independiente por parte de los tres autores de acuerdo con los títulos y resúmenes de los estudios, se excluyeron 3199 estudios que no cumplían con los criterios establecidos: estudios desarrollados en otras bacterias, tratamientos farmacológicos, resúmenes, cartas al editor, estudios con población como animales y cuyos ambientes no eran hospitalarios. Quedando 30 registros que fueron recuperados para su respectiva evaluación, pero 6 publicaciones no fueron recuperadas. Por ende, 24 registros fueron evaluados a texto completo, de estos se excluyeron 17 estudios: 9 eran estudios que no evaluaban como bacteria de interés a *Pseudomonas aeruginosa*, 5 no usaban métodos moleculares y 4 no incluían genes de resistencia antimicrobiana, quedándonos un total de 6 artículos.

En el caso de literatura gris, de manera complementaria en Google Scholar solo se consideraron las 10 primeras páginas de resultados, lo que generó 100 registros iniciales, de los cuales solo se recuperaron 20 publicaciones, pero 7 registros no estaban a texto completo. De los 13 artículos se excluyeron: 2 no reportaron genes de resistencia, 2 no usaron métodos moleculares y 7 no evaluaban el desempeño diagnóstico, por lo que, solo se quedaron 2 artículos. Finalmente, 8 artículos en total cumplieron con los criterios de inclusión (Ver anexo 5).

En la tabla 1 se indicaron datos generales de los estudios incluidos en este *scoping review*. De todos los artículos, 7 son estudios experimentales y 1 observacional. También, se encontró que por continentes: 4 estudios fueron realizados en Asia en los países de Tailandia (n=1), Japón (n=1) y Corea del sur (n=2), en Europa se reportaron 2 estudios en España (n=2), un estudio en América en México (n=1) y un estudio en Oceanía en Australia (n=1). Esta revisión incluye artículos con fecha de publicación desde el 2015 hasta el 2025 y durante este periodo de tiempo, hay dos estudios del 2015 (2/8) y 2019 (2/8), estudios del 2023 (1/8) y 2025 (1/8), y 2/8 estudios del año 2024. Por otro lado, los artículos fueron clasificados de acuerdo al idioma en el que fueron publicados, 5/8 están en inglés y 3/8 en español. Así mismo, en cuanto al tipo de diseño de los estudios el 90% (7/8) fueron de carácter experimental y un 10% (1/8) observacional.

Resultados de acuerdo con el tipo de muestra (tabla 2)

De los estudios evaluados, solo tres especificaron haber trabajado con muestra biológicas directas, mientras que, los demás no lo detallan o mencionan que utilizaron aislamientos clínicos o cepas aisladas. En términos generales, el desempeño diagnóstico de los métodos moleculares fue alto, puesto que, 7/8 estudios presentan una sensibilidad y especificidad mayor al 90%. Aun así, se observan diferencias importantes. Los estudios que usaron hisopados multicéntricos utilizaron tecnologías basadas en MicroArrays y PCR multiplex en tiempo real, mostrando en ambos casos una sensibilidad y especificidad del 100%. Por otro lado, un único estudio analizó muestras como: sangre, orina, piel/tejidos

blandos, mediante PCR multiplex. Respecto a su desempeño, este varió, pues para el PCR multiplex la sensibilidad fue del 80.6% y la especificidad del 100% (30).

En cuanto a los métodos de PCR digital Multiplex (mdPCR) y PCR múltiplex en tiempo real mediado por ácido nucleico peptídico (PNA), mostraron un desempeño diagnóstico del 100% en sensibilidad y especificidad, con una mínima variación en el caso del segundo método en cuanto a su especificidad. Una limitación de esta comparación fue que en ambos estudios no se reportaron el tipo de muestra que utilizaron. Por último, el estudio de Torres I. et al., que analizó hemocultivos positivos, por medio del MicroArrays presentó un desempeño superior en comparación con las matrices previamente mencionadas (43).

Características de los métodos moleculares incluidos (tabla 3)

Se realizó una descripción de los métodos moleculares utilizados en cada estudio tomando en cuenta su aplicación, técnica, regiones amplificadas y los reactivos o marcas reportados. Tanto Tapia A., como Chavada R. y Maley M, aplicaron un PCR multiplex; sin embargo, la aplicabilidad del método no fue la misma para ambos. Para Tapia A. el PCR multiplex se basó en determinar de manera conjunta, dos o tres genes codificantes, pero para Chavada R. y Maley M. fue detectar genes de resistencia en gram negativos multirresistentes, mediante la técnica del PCR en tándem multiplex (MT) comercial. En el primer estudio se detallaron las regiones que amplificaron como el *bla*OXA-51 (223pb), *bla*OXA-1 (320 pb), *bla*NDM (720 pb), *bla*IMP (336 pb), *bla*GES (416 pb), *bla*VIM (80 pb), *bla*KPC (800 pb) y *bla*OXA-48 (335 pb), por el contrario, el último artículo, no mencionan las regiones de amplificación, pero sí el uso del kit de AusDiagnostic (30, 40). Por otro lado, los

trabajos de Chamizo F. et al, Hong J. et al. y Jeong S. et al. también emplearon el PCR multiplex en tiempo real como método molecular. Chamizo F. y Hong J. hicieron uso de este método para amplificar simultáneamente diversos genes diana en un único tubo de reacción, pero el primero hizo uso de los cebadores que flanquearon al gen IMP (IMP-Forward, IMP-Reverse) y el Kit comercial Quantabio qScriptXLT. A diferencia del primer autor, Hong J. et al. aplicó el método con análisis de la curva de fusión basado en sondas de PNA y utilizó el kit de detección PANA qPCRTM CPE (PANAGENE); a pesar de ello, no se especificó las regiones amplificadas (42, 44). Contrario a Hong J. et al., Jeong S. et al., quien aplicó el método exclusivamente para la identificación de genes de resistencia antimicrobiana, amplificando fragmentos de los genes GES (124pb), IMP (120pb), VIM (91 pb), OXA-58 (76 pb) mediante kits de PCR multiplex en tiempo real y kits de PCR multiplex en tiempo real basados en sondas de ácido nucleicos peptídico (45).

En otro estudio como el de Rattanachak N. et al. se empleó el PCR digital multiplex (mdPCR) para la identificación de múltiples genes de mex en *Pseudomonas aeruginosa*, amplificando fragmentos de los genes *mexB* (199 pb), *mexD* (131pb) y *mexY* (168 pb) mediante el kit de PCR de sonda QIAcuity (39). Por su parte, Torres I. et al. aplicó la amplificación por PCR multiplex con cebadores biotinilados, seguida de una hibridación inversa con sondas específicas, conocida como Microarrays, cuya aplicación dentro del estudio fue la detección simultánea de múltiples genes de resistencia antimicrobiana (AMR). Además, no se especificó que regiones amplificó, pero si el uso del AMR Direct Flow Chip Kit (43). En contraste, Mikita K. et al., utilizó el LAMP DNA Chromatography para la

identificación y diferenciación de genes de carbapenemasa en aislados clínicos mediante una técnica de detección basada en hibridación ADN-ADN en la que los productos LAMP se pueden visualizar fácilmente con líneas coloreadas. En este método no se mencionan las regiones amplificadas y no se especificó el kit comercial utilizado, pero sí el uso de ciertos cebadores como F3, B3, Etiqueta FIP b, BIP-biotina a, LF, LB (41).

Resultados de los estudios de acuerdo con el entorno y área hospitalaria de donde se extrajeron las muestras (tabla 4)

Se presentan los artículos caracterizados de acuerdo con el entorno y área hospitalaria. Se evidenció que en 6/8 estudios refieren como entorno a hospitales mientras que 2/8 no se menciona el entorno de procedencia. En estos últimos, algunos estudios no especificaron el entorno clínico de procedencia de los aislamientos, por lo que fueron clasificados como entornos no específicos. De los 6 estudios que sí mencionan el entorno, 2 especifican como contexto el área de hospitalización, incluyendo el servicio de Unidad de cuidados intensivos (UCI); por otro lado, 6/8 no detallan el área hospitalaria de procedencia.

Resultados en cuanto a los tipos de genes identificados (tabla 5).

La variabilidad en los resultados de los estudios incluidos se explica principalmente por las diferencias entre los métodos moleculares empleados y los genes seleccionados. Por ejemplo, los métodos que se basaron en PCR, ya sea incluyendo sus diversas variantes (PCR múltiple, PCR múltiple en tiempo real) revelaron alta sensibilidad y especificidad que oscilan entre el 80% y 100%. Estos permitieron la detección de múltiples genes de resistencia, que en su mayoría fueron los genes

de carbapenemasas. En el estudio de Tapia A., logró detectar una gama de genes de resistencia (*bla*OXA-51, *bla*OXA-1, *bla*VIM, *bla*OXA-48, *bla*IMP, *bla*KPC, *bla*NDM y *bla*GES) de *Pseudomonas aeruginosa* con PCR múltiple con una sensibilidad del 80.61% y especificidad del 100% (30). En comparación, con PCR múltiple evaluada por Chavada R. y Maley R., reveló una buena sensibilidad con una detección del 95% y una especificidad del 96.7% para la identificación del gen *bla*VIM (40).

Por su parte, Jeong S. et al., evaluaron un kit para PCR múltiple en tiempo real mediado por sondas de PNA, el cual identificó los genes *bla*GES, *bla*IMP, *bla*VIM, *bla*OXA₂₃ y la combinación de 2 genes *bla*OXA₄₈ like-*bla*IMP y sus variantes con una sensibilidad de 100% para todos y especificidades del 100%, 99.3%, 99.3%, 100% y 100% para cada gen. De manera similar, Hong J. et al. analizaron un kit diferente (kit PANA RealTyper™ CRE), también diseñado para PCR múltiple en tiempo real, pero con análisis de la curva basado en PNA, que detectó con el 100% de sensibilidad a los genes *bla*IMP y *bla*GES y con especificidad del 99.8% y 100% respectivamente (44, 45). Asimismo, métodos emergentes como el mdPCR y LAMP-DNA cromatografía alcanzaron buenos resultados en sus desempeños. Rattanachak N. et al., fueron los únicos en detectar genes que no eran de carbapenemasas. Mediante mdPCR identificaron los genes *mex*B, *mex*D y *mex*Y (bombas de eflujo) con el 100% de sensibilidad y especificidad (39). Otro ejemplo de ello, Torres I. et al., con la tecnología de MicroArrays identificó los genes *bla*VIM, *bla*IMP, *bla*GIM, *bla*SPM y *bla*OXA-58 con 100% de sensibilidad y especificidad (43). Finalmente, Mikita K. et al., demostraron que el método LAMP-DNA cromatografía, alcanzó una sensibilidad y especificidad del 100% en la

detección de los genes *blaIMP* y *blaVIM*, reforzando su potencial como herramienta diagnóstica (41).

V. DISCUSIÓN

En la revisión se encontró que los estudios mencionan haber extraído muestras de hospitales y de UCI sin especificar si incluyeron a pacientes ambulatorios, lo que explica la limitada información que se tiene sobre este tipo de pacientes (30, 39, 40, 42, 43, 45). Pues, *Pseudomonas aeruginosa* al ser un patógeno que tiende a adaptarse a entornos difíciles como el hospitalario, suele atacar a pacientes inmunocomprometidos o con largos periodos de hospitalización. Además, las cepas de *P. aeruginosa* multirresistentes (MDR) pueden desarrollarse por la presión de selección de los antibióticos que hay en los hospitales (46). En contraste, las infecciones de esta bacteria en pacientes ambulatorios no suelen ser comunes, lo que reduce estudios moleculares enfocados en este grupo. Por otra parte, durante esta revisión, se evidenció que, entre la gama de métodos moleculares empleados en la detección de genes de resistencia antimicrobiana, la PCR multiplex y multiplex qPCR fueron las herramientas más utilizadas (30, 40, 42, 44, 45). De manera complementaria se identificó el LAMP, MicroArrays y mdPCR, aunque su aplicación aún continúa siendo limitada (39, 41, 43). Además, en base a los resultados, la mayoría de los métodos lograron un desempeño diagnóstico cercano al 100%, lo que demuestra que pueden llegar a ser métodos ideales en el diagnóstico. No obstante, es importante la interpretación de estos hallazgos, puesto que, gran parte de los estudios se han realizado con fines experimentales y de validación diagnóstica, lo cual hace que carezcan de contextualización y relevancia en entornos clínicos reales (39-45). En contraste, se incluyó un estudio con diseño observacional, proveniente de Tapia A, el cual aporta información en un contexto clínico real; sin embargo, este tipo de diseño no permite la evaluación del

desempeño diagnóstico de los métodos moleculares, sino la descripción de patrones clínicos y epidemiológicos, lo cual limita su comparabilidad con los estudios de tipo experimental.

Se han identificado más paneles moleculares diseñados para la detección de genes de carbapenemasas (*bla*OXA₅₁, *bla*OXA₁, *bla*VIM, *bla*OXA₄₈, *bla*IMP, *bla*KPC, *bla*NDM, *bla*GES, *bla*OXA₅₈ y *bla*OXA₂₃) frente a otros tipos de resistencia. Esta tendencia se explica, porque estos tipos de genes, al localizarse en componentes genéticos móviles tienden a diseminarse con mayor facilidad (47). Esta información también ha sido abordada en revisiones recientes donde se destaca la distribución global de las carbapenemasas y su variabilidad según el tipo, identificando a NDM, KPC, IMP, VIM y OXA-48, como las más significativas debido a su importancia clínica y epidemiológica (48). Asimismo, estudios recientes han reportado que los genes que codificaban carbapenemasas eran idénticos en diferentes especies de bacterias, es decir, las regiones que poseen son conservadas, lo que otorga mayor estabilidad en su amplificación (49). Por otra parte, solo se encontró un estudio que identificó genes asociados a bombas de eflujo, pues al ser producto de cambios mutacionales, tienden a modificar sus dianas y por ende dificulta su detección mediante los paneles comerciales (19).

Otro aspecto importante, es la diversidad en el tamaño y la región de fragmentos amplificados en los genes diana, pues este factor puede modificar la sensibilidad y especificidad del desempeño. Estudios que emplearon PCR multiplex en tiempo real basados en sondas de ácido nucleico peptídico, se resaltó la necesidad de usar fragmentos cortos y de baja variabilidad, lo que aumenta la probabilidad de detectar

las variantes de un gen (45). Caso contrario, en otros métodos como mdPCR o PCR multiplex tradicional, los fragmentos son más largos, porque permiten la evaluación de regiones funcionales conservadas, lo cual podría influir en los resultados (30, 39).

Además, el tipo de muestra analizado también constituye un punto relevante en la evaluación del desempeño diagnóstico. En este sentido, algunos estudios que utilizaron muestras directas, como hisopados o hemocultivos, reportando una sensibilidad y especificidad del 100% a diferencia de aquellos que no especificaron el tipo de muestra empleada, limitando de esta forma la asociación a la demás información (42, 43). Por otro lado, el uso predominante de aislamientos clínicos y no de muestras directas también puede afectar la evaluación de ciertos parámetros, dado que no hay variabilidad en la carga bacteriana. Este patrón también fue observado en un estudio que evaluó la evolución de un kit basado en una PCR multiplex con hibridación reversa tipo dot blot en arrays de ADN, el cual empleó hisopados nasales y rectales como muestras, reportando en la primera una sensibilidad del 100% y especificidad del 97%, mientras que los hisopados rectales una sensibilidad y especificidad del 100%. Lo cual da a notar que, frente a los hisopados como tipo de muestra, los porcentajes de los parámetros tanto de sensibilidad como de especificidad son altos (50).

VI. CONCLUSIONES

- De acuerdo a los artículos revisados se encontró que la mayoría se desarrollaron en países asiáticos y europeos (75%), en comparación a los países latinoamericanos y Oceanía (25%), donde la información aún es escasa.
- El 75% de los artículos refieren como contexto de estudio a los hospitales, pero no hay información completa sobre las áreas hospitalarias.
- Los métodos que amplificaron regiones cortas (76 pb - 124 pb), mostraron altos valores de sensibilidad y especificidad, mientras que, los que amplificaron regiones más extensas (168 pb - 800 pb), a pesar de permitir una detección más amplia, tienden a variaciones en su desempeño.
- El mdPCR evidenció un desempeño diagnóstico del 100% para genes de bombas de eflujo. Las técnicas de LAMP, MicroArrays y qPCR multiplex mostraron valores óptimos (100%; 99.3%-100%), para en genes de carbapenemasas. Los PCR multiplex convencionales presentaron una sensibilidad entre 80.61% al 95% y una especificidad del 96.7% al 100%.
- Existe poca información en cuanto al tipo de muestra, lo cual dificulta establecer la reproducibilidad en la mayoría de los métodos. Pero, aquellos que sí lo mencionaron, reportaron que al usar hisopados multicéntricos y hemocultivos obtuvieron un 100% en su desempeño diagnóstico.

VII. LIMITACIONES

El estudio presenta ciertas limitaciones a tomar en cuenta. En primer lugar, la reducida información sobre la evaluación del desempeño diagnóstico de los métodos moleculares, particularmente en la descripción de las regiones amplificadas, los kits y los tipos de muestras utilizados, dificultando la comparación entre metodologías y cómo la escasez de esos datos podría influir en la evaluación del desempeño diagnóstico. En segundo lugar, en esta revisión otra limitante fue la falta de estandarización de los métodos moleculares en los contextos clínicos.

VIII. RECOMENDACIONES

- Promover más estudios en centros hospitalarios y catalogarlos como zonas referenciales
- Promover más estudios en América Latina, donde existe escasa información sobre este tema
- Desarrollar más paneles moleculares, pero que estén enfocados en genes de *Pseudomonas aeruginosa*.

-

IX. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Giono S, Santos J, Rayo Morfín M, Torres F, Alcántar M. Resistencia antimicrobiana. Importancia y esfuerzos por contenerla. Gac. Méd. Méx [Internet]. abril de 2020 [Citado el 9 de julio de 2025]; 156(2): 172-180. Disponible en: https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0016-38132020000200172
2. Rashid A, Mansour N. Study of Antibiotic-Resistant Genes in *Pseudomonas aeruginosa* Isolated from Burns and Wounds. Arch Razi Inst [Internet]. febrero de 2022 [Citado el 9 de julio de 2025]; 77(1): 403–11. Disponible en: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9288643/>
3. Gotoh N, Tsujimoto H, Tsuda M, Okamoto K, Nomura A, Wada T, et al. Characterization of the *mexC-mexD-oprJ* Multidrug Efflux System in *mexA-mexB-oprM* Mutants of *Pseudomonas aeruginosa*. Antimicrob Agents Chemother [Internet]. agosto de 1998 [Citado 9 de julio de 2025]; 42(8): 1938–1943. Disponible en: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC105713/pdf/ac001938.pdf>
4. Kolayli F, Karadenizli A, Savli H, Ergen K, Hatirnaz O, Balikci E, et al. Effect of carbapenems on the transcriptional expression of the *oprD*, *oprM* and *oprN* genes in *Pseudomonas aeruginosa*. J Med Microbio [Internet]. 2004 [Citado el 10 de julio de 2025]; 53(9): 915–20. Disponible en: <https://citeseerx.ist.psu.edu/document?repid=rep1&type=pdf&doi=59aac28c2ab11685c5957c1fe20fd363ada87449>
5. Hocquet D, Nordmann P, El Garch F, Cabanne L, Plésiat P. Involvement of the *mexXY-oprM* Efflux System in Emergence of Cefepime Resistance in Clinical Strains of *Pseudomonas aeruginosa*. Antimicrob. Agents Chemother [Internet]. abril de 2006 [Citado el 11 de julio de 2025]; 50(4): 1348–50. Disponible en: <https://journals.asm.org/doi/epub/10.1128/aac.50.4.1347-1351.2006>
6. Bruchmann S, Dotsch A, Nouri B, Chaberny I, Häussler S. Quantitative Contributions of Target Alteration and Decreased Drug Accumulation to *Pseudomonas aeruginosa* Fluoroquinolone Resistance. Antimicrob. Agents Chemother [Internet]. 2013 [Citado el 11 de julio de 2025]; 57(3): 1361-1368. Disponible en: <https://journals.asm.org/doi/full/10.1128/aac.01581-12>
7. Berrazeg, M. Jeannot, K. et al. Mutations in b-lactamase AmpC Increase Resistance of *Pseudomonas aeruginosa* Isolates to Antipseudomonal Cephalosporins. Antimicrob Agents Chemother [Internet]. 2015 [Citado el 9 de julio de 2025]; 59(10): 6248-6255. Disponible en: <https://journals.asm.org/doi/full/10.1128/aac.00825-15>
8. Breidenstein E, De la Fuente-Núñez C, Hancock R. *Pseudomonas aeruginosa*: all roads lead to resistance. Trends Microbiol [Internet]. agosto de 2011 [Citado el 9 de julio de 2025]; 19(8): 419-426. Disponible en: <https://cmdr.ubc.ca/bobh/wp-content/uploads/2016/11/453.-Breidenstein-2011.pdf>
9. Organización Mundial de la Salud. La resistencia antimicrobiana pone en riesgo la salud mundial. Bogotá: OMS; 2021. Disponible en:

<https://www.paho.org/es/noticias/3-3-2021-resistencia-antimicrobiana-pone-riesgo-salud-mundial>

10. Martínez A, Sigüenza M, Toalongo J. Evolución de la resistencia antibiótica de *Pseudomonas aeruginosa* en Latinoamérica. Una revisión de alcance. Revista Vive [Internet]. 2025 [Citado 24 de setiembre de 2025];8 (23): 1-25. Disponible en: <https://revistavive.org/index.php/revistavive/article/view/642/1462>
11. Instituto de evaluación de tecnologías en salud e investigación. Eficacia y seguridad del uso de ceftolozano/tazobactam en pacientes adultos con neumonía bacteriana adquirida en el hospital o neumonía bacteriana asociada al ventilador causada por *Pseudomonas aeruginosa* resistente a carbapenémicos y resistente/falta de respuesta a colistina. Dictamen Preliminar de Evaluación de Tecnología Sanitaria N.º055-DETS-IETSI-2023. Perú. Lima: Essalud; 2023. 30p https://ietsi.essalud.gob.pe/wp-content/uploads/2024/03/DICT-N%C2%B0-055-DETS-IETSI-2023_compressed.pdf
12. World Health Organization. WHO updates list of drug-resistant bacteria most threatening to human health [Internet]. mayo de 2024 [Citado el 7 de julio de 2025]. Disponible en: <https://www.who.int/news/item/17-05-2024-who-updates-list-of-drug-resistant-bacteria-most-threatening-to-human-health>
13. Reynolds D, Kollef M. The Epidemiology and Pathogenesis and Treatment of *Pseudomonas aeruginosa* Infections: An Update. Drugs [Internet]. 2021 [Citado 7 de julio de 2025]; 81(18): 2117–2131. Disponible en: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC8572145/> doi: <https://doi.org/10.1007/s40265-021-01635-6>
14. Miranda M, Lucas E. Prevalencia de *Pseudomonas aeruginosa* productora de Carbapenemasa en pacientes de cuidados intensivos en hospitales de Latinoamérica. Rev Cient Arb Multidisc Pentaciencias [Internet]. marzo de 2023 [Citado el 7 de julio de 2025]; 5(3): 343-357. Disponible en: <https://editorialalema.org/index.php/pentaciencias/article/view/546/739>
15. Li Y, Roberts J, Walker M, Aslan A, Harris P, Sime F. The global epidemiology of ventilator-associated pneumonia caused by multi-drug-resistant *Pseudomonas aeruginosa*: A systematic review and meta-analysis. Int J of Infect Dis [Internet]. febrero de 2024 [Citado el 7 de julio de 2025]; 139: 78-85. Disponible en: [https://www.ijidonline.com/article/S1201-9712\(23\)00785-3/fulltext](https://www.ijidonline.com/article/S1201-9712(23)00785-3/fulltext)
16. Salleh M, Zuraina N, Deris Z, Mohamed Z. Current trends in the epidemiology of multidrug-resistant and beta-lactamase-producing *Pseudomonas aeruginosa* in Asia and Africa: a systematic review and meta-analysis. PeerJ [Internet]. febrero de 2025 [Citado el 8 de julio de 2025]; 13: 1-31. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/40017659/>
17. Angles E, Huaranga J, Sacsquispe R, Pampa L. Panorama de las carbapenemasas en Perú. Rev Panam Salud Publica [Internet]. 23 de setiembre de 2020 [Citado 27 de agosto de 2025]; 44: e61. Disponible en: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7498286/#:~:text=FIGURA%203.,del%20Per%C3%BA%2C%202000%2D2019.&text=En%20P%20aer>

- [uginosa%20se%20identificaron.son%20metalobetalactamasas%20\(figura%204\). doi: <https://doi.org/10.26633/RPSP.2020.61>](#)
18. Bolaños C, Iannacone J. Vista de patrones fenotípicos de resistencia en *Pseudomonas aeruginosa* de muestras clínicas a nivel de Sudamérica. Cátedra Villarreal. 18 de junio de 2016 [Citado 10 de julio de 2025]; 4(1): 48–55. Disponible en: <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=9345680>
 19. Pang Z, Raudonis R, Glick BR, Lin TJ, Cheng Z. Antibiotic resistance in *Pseudomonas aeruginosa*: mechanisms and alternative therapeutic strategies. *Biotechnol Adv* [Internet]. 1 de enero de 2019 [Citado 10 de julio de 2025]; 37(1): 177–92. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0734975018301976?via%3Dihub>
 20. Lauretti L, Letizia M, et al. Cloning and Characterization of *bla*VIM, a New Integron-Borne Metallo- β -Lactamase Gene from a *Pseudomonas aeruginosa* Clinical Isolate. *Antimicrob Agents Chemother*[Internet]. 1999 [Citado el 11 de julio de 2025]; 43(7): 1584-1590. Disponible en: <https://journals.asm.org/doi/epub/10.1128/aac.43.7.1584>
 21. Piersigilli L, Enrico M. Cecilia, Bongiovanni M, Bilbao E, Martínez G, Ledesma M. Aislados clínicos de *Pseudomonas aeruginosa* productores de β -lactamasa de espectro extendido en un centro privado de Córdoba. *Rev. chil. infectol.* [Internet]. 2009 [Citado 11 de julio de 2025]; 26(4): 331-335. Disponible en: [http://dx.doi.org/10.4067/S0716-10182009000500004](http://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0716-10182009000500004&lng=es. doi: <u><a href=).
 22. López Velandia D, Torres Caycedo M, Prada Quiroga C. Genes de resistencia en bacilos Gram negativos: Impacto en la salud pública en Colombia. *Univ. Salud* [Internet]. 2016 [Citado 11 de julio de 2025];18(1):190-202. Disponible en: <https://revistas.udenar.edu.co/index.php/usalud/article/view/2735>
 23. Gerace E, Mancuso G, Midiri A, Poidomani S, Zummo S, Biondo C. Recent Advances in the Use of Molecular Methods for the Diagnosis of Bacterial Infections. *MDPI* [Internet]. 2022 [citado 7 de julio de 2025]; 11(6): 1-13. Disponible en: <https://www.mdpi.com/2076-0817/11/6/663> doi: <https://doi.org/10.3390/pathogens11060663>
 24. Pelegrin A, Palmieri M, Mirande C, Oliver A, Moons P, Goossens H, et al. *Pseudomonas aeruginosa*: a clinical and genomics update. *FEMS Microbiology Reviews* [Internet]. 1 de noviembre de 2021[Citado 11 de julio de 2025]; 45(6): 1-20. Disponible en: <https://academic.oup.com/femsre/article/45/6/fuab026/6273131>
 25. Yung N, Chi H, Yan K, Cowling B, Leung G, Kai D. Diagnostic performance of different sampling approaches for SARS-CoV-2 RT-PCR testing: a systematic review and meta-analysis. *Lancet Infect Dis* [Internet]. 12 de abril de 2021 [Citado 24 de setiembre de 2025]; 21(9): 1233-1245. Disponible en: <https://www.thelancet.com/action/showPdf?pii=S1473-3099%2821%2900146-8>

26. Gomez J, Castellanos J, Rodriguez A, Cardona J, Forero J, Mattar S, Esparza G, Consenso de grupo Ad-hoc sobre recomendaciones para la evaluación y controles de calidad para el diagnóstico molecular y serológico de la infección humana por SARS CoV-2. Infectio [Internet]. 2020 [Citado 24 de setiembre de 2025]; 24(3): 5-10. Disponible en: <http://www.scielo.org.co/pdf/inf/v24n3s1/0123-9392-inf-24-03-s1-5.pdf>
27. Mellado OMD. 5. Técnicas de biología molecular en el diagnóstico de enfermedades infecciosas [Internet]. NPunto [Internet]. 2020 [Citado 11 de julio de 2025]; 3(30): 88-111. Disponible en: <https://www.npunto.es/content/src/pdf-articulo/5f69a919884e7Art5.pdf>
28. Paz-Zarza V, Mangwani-Mordani S, Martínez-Maldonado A, Álvarez-Hernández D, Solano-Gálvez SG, Vázquez-López R. *Pseudomonas aeruginosa*: patogenicidad y resistencia antimicrobiana en la infección urinaria. Rev chil infectol [Internet]. abril de 2019 [Citado 10 de julio de 2025]; 36(2): 180–9. Disponible en: https://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0716-10182019000200180
29. Kiyaga S, Kyany'a C, Muraya A, Smith H, Mills E, Kibet C, Mboowa G, Musila L. Genetic Diversity, Distribution, and Genomic Characterization of Antibiotic Resistance and Virulence of Clinical *Pseudomonas aeruginosa* Strains in Kenya. [Citado 11 de julio de 2025]; 13: 1-12. Disponible en: <https://www.frontiersin.org/journals/microbiology/articles/10.3389/fmicb.2022.835403/full>
30. Tapia A. Diagnóstico molecular de resistencia antimicrobiana, epidemiología y desenlaces clínicos de infecciones causadas por *Pseudomonas aeruginosa* resistente a carbapenémicos y carbapenemasas asociadas en el Centenario Hospital Miguel Hidalgo, México. [Tesis de especialidad en medicina interna]. Aguascalientes: Universidad Autónoma de Aguascalientes; 2024. 64 p. Disponible en: <http://bdigital.dgse.uaa.mx:8080/xmlui/bitstream/handle/11317/2913/468627.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
31. Chen JW, Lau YY, Krishnan T, Chan KG, Chang CY. Recent Advances in Molecular Diagnosis of *Pseudomonas aeruginosa* Infection by State-of-the-Art Genotyping Techniques. Front Microbiol [Internet]. 28 de mayo de 2018 [Citado 11 de julio de 2025]; 9: 1-8. Disponible en: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC5985333/>
32. Aromataris E, Lockwood C, Pilla B, Jordan Z. JBI Manual for Evidence Synthesis. 2nd ed. Adelaide: JBI; 2024 [Citado 31 de agosto de 2025]. Disponible en: <https://synthesismanual.jbi.global>
33. EsSalud. Manual de Procesos y Procedimientos Macroproceso M02.04.05 Procesos de Hospitalización [Internet]. Perú: EsSalud; 2020 [Citado 15 de julio de 2025]. Disponible en: https://www.essalud.gob.pe/transparencia/procesos_procedimientos/MPP_HNERM_de_Hospitalizacion.pdf
34. Instituto Nacional de Aprendizaje. Definición de Establecimiento de atención de la salud. INA [Internet]. [Citado 15 de julio de 2025]. Disponible en:

- https://www.inavirtual.ed.cr/pluginfile.php/2861379/mod_resource/content/4/definicion_de_establecimiento_de_atencion_de_la_salud.html
35. López J, Valenzuela G. Técnicas moleculares aplicadas al diagnóstico clínico. Rev. Cient. Salud [Internet]. 2024 [citado 16 de julio de 2025]; 4(3): 143-153. Disponible en: <https://soeici.org/index.php/biosana/article/view/165/294>
 36. Lumbreras P. Aplicación de técnicas de genómica y metagenómica a la caracterización molecular de enterobacteria resistentes a antibióticos carbapenémicos y el análisis del microbioma y resistoma fecal de pacientes con neoplasias hematológicas [Tesis doctoral en Internet]. Oviedo: Universidad de Oviedo, 2024. 210p. Disponible en: <https://digibuo.uniovi.es/dspace/handle/10651/72580>
 37. Goldowitz I, Worku T, Brown L, Fineberg H. Measures of Diagnostic Performance: Sensitivity, Specificity, and Predictive Value. En: A Long COVID Definition: A Chronic, Systemic Disease State with Profound Consequences [Internet]. National Academies Press (US); 2024 [Citado el 17 de julio de 2025]. Disponible en: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK605677/>
 38. National Institutes of Health. Definición de muestra biológica. NCI [Internet]. 2011 [Citado el 17 de julio de 2025]. Disponible en: <https://www.cancer.gov/espanol/publicaciones/diccionarios/diccionario-cancer/def/muestra-biologica>
 39. Rattanachak N, Weawsiangsang S, et al. A Novel and Quantitative Detection Assay (effluxR) for Identifying Efflux-Associated Resistance Genes Using Multiplex Digital PCR in Clinical Isolates of *Pseudomonas aeruginosa* [Internet]. Methods Protoc. 2023; 6(5): 96. Disponible en: <https://doi.org/10.3390/mps6050096>
 40. Chavada R, Maley M. Evaluation of a commercial multiplex PCR for rapid detection of multidrug resistant gram negative infections. Open Microbiol J [Internet]. 2015 [Citado 29 de octubre de 2025];9. Disponible en: 10.2174/1874285801509010125
 41. Mikita K, Tajjima M, et al. Development of a Simple Method to Detect the Carbapenemase-Producing Genes *bla*NDM, *bla*OXA-48-like, *bla*IMP, *bla*KPC, and *bla*VIM Using a LAMP Method with Lateral Flow DNA Chromatography. Diagnostic [Internet]. 2024 [Citado 29 de octubre de 2025]; 14, 1027. Disponible en: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/38786325/> doi: 10.3390/diagnostics14101027
 42. Chamizo F, Gutiérrez J, Rojo M, Borrego A, González A, et al. Development and Validation of a Multiplex Real-Time PCR Assay for Rapid Screening of Main Carbapenemase Genes in Clinicas Isolates and Surveillance Samples. Antibiotics [Internet]. 2025 [Citado 29 de octubre de 2025]; 14, 363. Disponible en: <https://www.mdpi.com/2079-6382/14/4/363> doi: <https://doi.org/10.3390/antibiotics14040363>
 43. Torres I, Tormo N, Borrás R, Buesa J, Gimeno C, Navarro D. Evaluation of the DNA microarray “AMR Direct Flow Chip Kit” for detection of antimicrobial resistance genes from Gram-positive and Gram-negative bacterial isolated colonies. Enferm Infecc Microbiol Clin [Internet]. 2019

- [Citado 29 de octubre de 2025];37(7): 454-457. Disponible en: <https://www.scopus.com/pages/publications/85062439002?origin=resultslist> doi: <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2018.12.015>
44. Hong J, Kim D, Yoon E, Lee H, Jeong S. Performance evaluation of the PANA RealTyper™ CRE Kit for detecting carbapenemase genes in Gram-negative bacilli. *Journal of Global Antimicrobial Resistance* [Internet]. 2019 [Citado 29 de octubre de 2025];18: 100–3. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2213716519300426?via%3Dihub> doi: <https://doi.org/10.1016/j.jgar.2019.02.002>
 45. Jeong S, Kim J, Hoon S, Kwon I, Song W. Evaluation of peptide nucleic acid-mediated multiplex real-time PCR kits for rapid detection of carbapenemase genes in gram-negative clinical isolates. *Journal of Microbiological Methods* [Internet]. 2015 [Citado 29 de octubre de 2025]; 113: 4-9. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0167701215000986?via%3Dihub#section-cited-by> doi: <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2015.03.019>
 46. Paprocka P, Durnás B, Mankowska A, Król G, Wollny T, Bucki R. *Pseudomonas aeruginosa* infections in cancer patients. *Pathogens* [Internet]. 2022 [Citado 12 de enero de 2026]; 11(6): 1- 17. Disponible en: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC9230571/#:~:text=oncol%C3%B3gico%20%5B%2056%20%5D,-.P.,aeruginosa%20en%20pacientes%20con%20c%C3%A1ncer.> doi: [10.3390/pathogens11060679](https://doi.org/10.3390/pathogens11060679)
 47. Bonomo R, Burd E, et al. Carbapenemase-Producing Organisms: A Global Scourge, *Clinical Infectious Diseases* [Internet]. 2018 [Citado 11 de diciembre de 2025]; 66 (8): 1290-1297. Disponible en: <https://academic.oup.com/cid/article/66/8/1290/4554446> doi: <https://doi.org/10.1093/cid/cix893>
 48. Alvisi G, Curtoni A, et al. Epidemiology and Genetic Traits of Carbapenemase-Producing Enterobacteriales: A Global Threat to Human Health. *Genomic Analysis of Drug-Resistant Pathogens* [Internet]. 2025 [Citado 13 de diciembre de 2025]; 14(2): 141. Disponible en: <https://www.mdpi.com/2079-6382/14/2/141> doi: <https://doi.org/10.3390/antibiotics14020141>
 49. Janse I, Beeloo R, Swart A, Visser M, Schouls L, Duijkeren E, Passel M. The extent of carbapenemase-encoding genes in public genome sequences. *PeerJ* [Internet]. 2021 [Citado 11 de diciembre de 2025]; 9: 10. Disponible en: <https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC7953867/> doi: [10.7717/peerj.11000](https://doi.org/10.7717/peerj.11000)
 50. Rica A, Andres M, Estan G, Ruiz M, Rodriguez J, Gonzalo N, Galiana A. Evaluación clínica de un nuevo método molecular para la detección de microorganismos multirresistentes. *Enferm Infecc Microbiol Clin* [Internet]. 2022 [Citado el 13 de diciembre de 2025]; 40(7): 367-370. Disponible en: <https://www.elsevier.es/es-revista-enfermedades-infecciosas-microbiologia-clinica-28-articulo-evaluacion-clinica-un-nuevo-metodo-S0213005X21000033> doi: [10.1016/j.eimc.2020.12.001](https://doi.org/10.1016/j.eimc.2020.12.001)

X. TABLAS, GRÁFICOS Y FIGURAS

Figura 1 Diagrama de flujo PRISMA para la selección de artículos

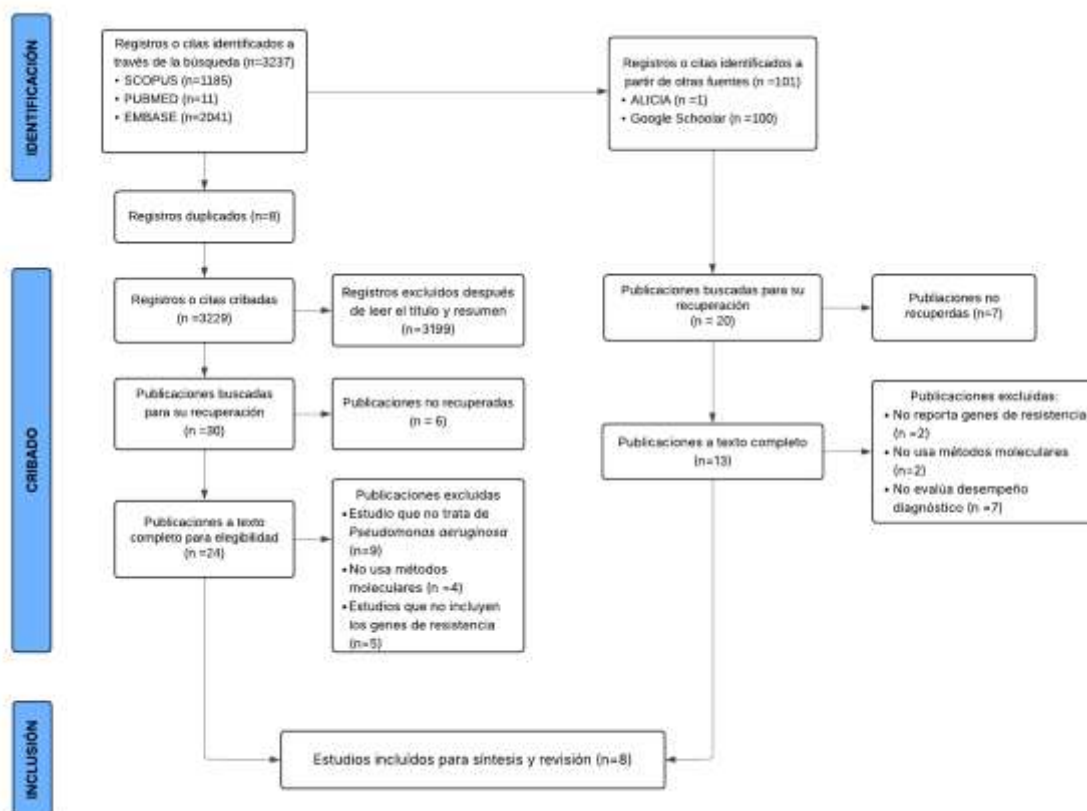


Tabla 1: Aspectos generales de los estudios incluidos en la revisión.

Año de publicación	Autor	Idiomas	Continentes	País de origen	Diseño	Objetivo del estudio	Población
2023	Rattanachak N. et al.	Inglés	Asia	Tailandia	Experimental de tipo metodológico	Este estudio tuvo como objetivo desarrollar y optimizar una nueva metodología, denominada "ensayo de detección de <i>effluxR</i> ", utilizando un sistema de PCR digital multiplex (mdPCR) para detectar los tres genes principales de la bomba de eflujo (<i>mexB</i> , <i>mexD</i> y <i>mexY</i>) y <i>P. aeruginosa</i> .	Cepas aisladas del hospital Kamphaeng Phet
2024	Tapia A	Español	América	México	Observacional - Retrospectivo, descriptivo y analítico, unicéntrico	Evaluar el desempeño diagnóstico de las pruebas moleculares para identificación genes de resistencia a carbapenémicos en cultivos bacterianos de <i>Pseudomonas aeruginosa</i>	54 aislados de <i>Pseudomonas aeruginosa</i>
2015	Chavada R, Maley M,	Español	Oceanía	Australia	Experimental - Analítico experimental de laboratorio	Evaluar la utilidad de un ensayo de PCR en tándem múltiple (PCR-TM) disponible comercialmente para la detección de la resistencia en bacterias gramnegativas.	567 microorganismos almacenados
2019	Torres I. et al.	Español	Europa	España	Experimental- Estudio de validación diagnóstica	Evaluar el rendimiento del chip de flujo directo para la detección de resistencia antimicrobiana (RAM) (Máster Diagnóstica, Granada, España), un ensayo basado en MicroArrays de ADN para la detección de genes de resistencia antimicrobiana en colonias bacterianas aisladas.	240 aislamientos clínicos

2024	Mikita K. et al.	Inglés	Asia	Japón	Experimental- Estudio de validación de método diagnóstico	Detectar mediante un ensayo LAMP combinado con cromatografía de ADN, cinco genes principales productores de carbapenemasas (<i>bla</i> NDM, <i>bla</i> OXA ₄₈ , <i>bla</i> IMP, <i>bla</i> KPC y <i>bla</i> VIM) y evaluar el método utilizando cepas clínicas aisladas de muestras de pacientes	73 colecciones de bacterias
2025	Chamizo F. et al.	Inglés	Europa	España	Experimental- Estudio de validación de método diagnóstico	Describir el diseño, la optimización y la validación de un PCR multiplex en tiempo real para la detección rápida y confiable de las carbapenemasas más frecuentes, es decir, NDM, VIM, IMP, KPC y OXA-48	206 aislados
2019	Hong J. et al.	Inglés	Asia	Corea del sur	Experimental- Estudio de validación diagnóstica	Se evaluó el rendimiento del nuevo kit PANA RealTyper™ CRE (PANAGENE, Daejeon, Corea del Sur) para la detección de seis genes comunes de carbapenemasas (<i>bla</i> KPC, <i>bla</i> GES, <i>bla</i> IMP, <i>bla</i> NDM, <i>bla</i> VIM y <i>bla</i> OXA ₄₈).	479 aislamientos clínicos
2015	Jeong S. et al.	Inglés	Asia	Corea del sur	Experimental- Estudio de validación diagnóstica	Evaluar kits de PCR multiplex en tiempo real basados en sondas de ácido nucleico peptídico (PNA) utilizados para la detección de genes de carbapenemasas	318 aislados clínicos

Tabla 2: Desempeño diagnóstico de los métodos moleculares para la detección de genes de resistencia de *Pseudomonas aeruginosa* de acuerdo con el tipo de muestra

Autor	Métodos moleculares	Genes de resistencia reportados	Sensibilidad	Especificidad	Muestras reportadas
Rattanachak N. et al.	mdPCR	<i>mexB, mexD y mexY</i>	100%	100%	Muestra hospitalaria no específica
Tapia A	PCR multiplex	<i>blaOXA₅₁, blaOXA₁, blaVIM, blaOXA₄₈, blaIMP, blaKPC, blaNDM, blaGES</i>	80.61%	100%	Sangre, orina, vías respiratorias y biopsia de piel/tejidos blandos
Chavada R, Maley M,	PCR multiplex	<i>blaVIM</i>	95%	96.7%	No específica
Torres I. et al.	MicroArrays	<i>blaVIM, blaIMP, blaSPM, blaGIM, blaOXA₅₈</i>	100%	100%	Hisopos rectales y nasofaríngeos, hemocultivos positivos
Mikita K. et al.	LAMP DNA Chromatography	<i>blaIMP, blaVIM</i>	100% - 100%	100% - 100%	No específica
Chamizo F. et al.	PCR multiplex en tiempo real	<i>blaIMP</i>	100%	100%	Hisopado rectal y faríngeo
Hong J. et al.	PCR múltiple en tiempo real	<i>blaIMP y blaGES</i>	100% -100%	99.8% - 100%	No específica

Jeong S. et al.	PCR multiplex en tiempo real	<i>bla</i> GES, <i>bla</i> IMP, <i>bla</i> VIM, <i>bla</i> OXA ₂₃ y <i>bla</i> OXA ₄₈ like y <i>bla</i> IMP	<i>bla</i> GES:100% <i>bla</i> IMP: 100% <i>bla</i> VIM: 100% <i>bla</i> OXA-23: 100% <i>bla</i> OXA ₄₈ like and <i>bla</i> IMP:100%	<i>bla</i> GES: 100% <i>bla</i> IMP:99.3% <i>bla</i> VIM:99.3% <i>bla</i> OXA ₂₃ : 100% <i>bla</i> OXA ₄₈ like and <i>bla</i> IMP:100%	Muestra hospitalaria no especifica
-----------------	-------------------------------------	---	---	--	------------------------------------

Tabla 3: Descripción de los métodos moleculares empleados

Año de publicación	Autor	Métodos moleculares	Aplicación	Técnica	Regiones amplificadas	Reactivos o marca
2023	Rattanachak N. et al.	mdPCR	Identificación de múltiples genes <i>mex</i> en <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .	PCR digital multiplex QIAcuity	Fragmentos de los genes <i>mexB</i> (199 pb), <i>mexD</i> (131 pb) y <i>mexY</i> (168 pb)	kit de PCR de sonda QIAcuity
2024	Tapia A.	PCR multiplex	Determina en cada uno, dos o tres genes codificantes	PCR múltiplex	<i>bla</i> OXA ₅₁ (223pb), <i>bla</i> OXA ₁ (320 pb), <i>bla</i> NDM (720 pb), <i>bla</i> IMP (336 pb), <i>bla</i> GES (416 pb), <i>bla</i> VIM (80 pb), <i>bla</i> KPC (800 pb) y <i>bla</i> OXA ₄₈ (335 pb)	No especifica

2015	Chavada R, Maley M,	PCR multiplex	Detección de genes de resistencia en GN multirresistentes	PCR en tándem multiplex (MT) comercial	No específica	kit de AusDiagnostic
2019	Torres I. et al.	MicroArrays	Detección simultánea de múltiples genes de resistencia antimicrobiana (AMR)	Amplificación por PCR multiplex con cebadores biotinilados, seguida de una hibridación inversa con sondas específicas	No específica	AMR Direct Flow Chip Kit
2024	Mikita K. et al.	LAMP DNA Chromatography	Identificación y diferenciación de genes de carbapenemasa en aislados clínicos	Detección basada en hibridación ADN-ADN en la que los productos LAMP se pueden visualizar fácilmente como líneas coloreadas	Cebadores F3, B3, Etiqueta FIP b, BIP-biotina a, LF, LB	No específica
2025	Chamizo F. et al.	PCR multiplex en tiempo real	Permite amplificar simultáneamente diversos genes diana en un único tubo de reacción	Utiliza una estrategia multiplex de un solo tubo	IMP: IMP-Forward, IMP-Reverse	Kit comercial Quantabio qScriptXLT

2019	Hong J. et al.	PCR multiplex en tiempo real	Permite amplificar simultáneamente diversos genes diana en un único tubo de reacción	Con análisis de la curva de fusión basado en sondas de ácido nucleico peptídico (PNA)	No específica	kit de detección PANA qPCRTM CPE (PANAGENE)
2015	Jeong S. et al.	PCR multiplex en tiempo real	Identificación de genes de resistencia antimicrobiana	Mediado por ácido nucleico peptídico (PNA)	Fragmentos de los genes GES (124pb), IMP (120pb), VIM (91 pb), OXA-58(76 pb)	kits de PCR multiplex en tiempo real y kits de PCR multiplex en tiempo real basados en sondas de ácido nucleico peptídico

Tabla 4: Caracterización de los estudios incluidos de acuerdo con el entorno y área hospitalaria

Año de publicación	Autor	Entorno	Área hospitalaria
2023	Rattanachak N. et al.	Hospital Kamphaeng Phet	No específica
2024	Tapia A	Hospital Centenario Miguel Hidalgo	Hospitalización que incluye el servicio de UCI
2015	Chavada R, Maley M,	Hospital	Hospitalización que incluye el servicio de UCI

2019	Torres I. et al.	Hospital	No especifica
2024	Mikita K. et al.	No especifica	No especifica
2025	Chamizo F. et al.	Hospital	No especifica
2019	Hong J. et al.	No especifica	No especifica
2015	Jeong S. et al.	Hospital	No especifica

Tabla 5: Desempeño diagnóstico de los métodos moleculares para la detección de genes de resistencia de *Pseudomonas aeruginosa*

Año de publicación	Autor	Métodos moleculares	Genes de resistencia reportados	Sensibilidad	Especificidad
2023	Rattanachak N. et al.	mdPCR	<i>mexB</i> , <i>mexD</i> y <i>mexY</i>	100%	100%
2024	Tapia A	PCR multiplex	<i>blaOXA₅₁</i> , <i>blaOXA₁</i> , <i>blaVIM</i> , <i>blaOXA₄₈</i> , <i>blaIMP</i> , <i>blaKPC</i> , <i>blaNDM</i> , <i>blaGES</i>	80.61%	100%

2015	Chavada R, Maley M,	PCR multiplex	<i>blaVIM</i>	95%	96.7%
2019	Torres I. et al.	MicroArrays	<i>blaVIM, blaIMP, blaSPM, blaGIM, blaOXA₅₈</i>	100%	100%
2024	Mikita K. et al.	LAMP DNA Chromatography	<i>blaIMP, blaVIM</i>	100% - 100%	100% - 100%
2025	Chamizo F. et al.	PCR multiplex en tiempo real	<i>blaIMP</i>	100%	100%
2019	Hong J. et al.	PCR múltiplex en tiempo real	<i>blaIMP y blaGES</i>	100% -100%	99.8% - 100%
2015	Jeong S. et al.	PCR multiplex en tiempo real	<i>blaGES, blaIMP, blaVIM, blaOXA₂₃ y blaOXA₄₈like y blaIMP</i>	<i>blaGES:100% blaIMP: 100% blaVIM: 100% blaOXA-23: 100% blaOXA₄₈like and blaIMP:100%</i>	<i>blaGES: 100% blaIMP:99.3% blaVIM:99.3% blaOXA₂₃: 100% blaOXA₄₈like and blaIMP:100%</i>

ANEXOS

ANEXO N°1: PCC

Población	Pacientes hospitalizados con infección por <i>Pseudomonas aeruginosa</i> .
Concepto	Desempeño diagnóstico de los métodos moleculares para la detección de genes de resistencia antimicrobiana.
Contexto	Entornos clínicos (hospitales y clínicas).

ANEXO N°2: Cuadro de definición de variables

Variables	Definición conceptual	Definición operacional	Indicador	Tipo y escala de medición
Áreas hospitalarias	Áreas donde se brindan cuidados al paciente con fines de diagnóstico y/o tratamiento médico-quirúrgico (33).	Entorno dentro del establecimiento de salud donde se recolectaron las muestras o se realizó el diagnóstico molecular.	<ul style="list-style-type: none">• UCI• Neonatal UCI	Cualitativa
Establecimiento de salud	Lugar público o privado que presta servicios de atención a la salud ambulatorio o	Unidad que se identifica en los estudios y que presta atención médica.	<ul style="list-style-type: none">• Hospital• Clínica	Cualitativa

	internamiento (34).			
Métodos moleculares	Métodos utilizados para conocer tanto la función, estructura y composición, como la expresión genética y regulación celular de moléculas esenciales como las proteínas, el ARN y el ADN, presentes en ciertos microorganismos (35).	Métodos empleados en los estudios incluidos para detectar genes de resistencia antimicrobiana en <i>P. aeruginosa</i> .	<ul style="list-style-type: none"> • PCR convencional • PCR multiplex • LAMP • Microarrays • WGS 	Cualitativa nominal
Genes de resistencia antimicrobiana	Segmentos de ADN que codifican proteínas que confieren resistencia a los antibióticos (36).	Genes detectados en los estudios.	Presencia o tipo de gen reportado (<i>blaVIM</i> , <i>blaIMP</i> , etc.)	Cualitativa nominal
Sensibilidad diagnóstica	Mide la probabilidad de que esté presente	Porcentaje reportado de sensibilidad por cada estudio	Porcentaje de sensibilidad	Cuantitativa continua

