



**Universidad
Norbert Wiener**

Powered by **Arizona State University**

**FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD
PROGRAMA ACADÉMICO DE TECNOLOGÍA MÉDICA EN
LABORATORIO CLÍNICO Y ANATOMÍA PATOLÓGICA**

Tesis

Perfil de resistencia antimicrobiana de *Raoultella* spp. y características demográficas en aislamientos de pacientes atendidos en dos hospitales de Lima, 2019 – 2023

Para optar el Título Profesional de
Licenciada en Tecnología Médica en Laboratorio Clínico y Anatomía Patológica

Presentado por:

Autora: Ventura Ortiz de Izquierdo, Claudia Naomi

Código ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-2490-7937>

Asesora: Mg. Valenzuela Martínez, Stefany Saragoza

Código ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8659-1387>

Lima – Perú

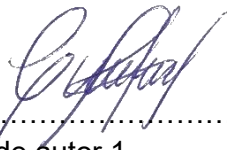
2025

 Universidad Norbert Wiener	DECLARACIÓN JURADA DE AUTORIA Y DE ORIGINALIDAD DEL TRABAJO DE INVESTIGACIÓN		
	CÓDIGO: UPNW-GRA-FOR-033	VERSIÓN: 01 REVISIÓN: 01	FECHA: 08/11/2022

Yo, Claudia Naomi Ventura Ortiz egresado de la Facultad de **Ciencias de la Salud** y Escuela Académica Profesional de **Tecnología Médica** de la Universidad privada Norbert Wiener declaro que el trabajo de investigación “Perfil de resistencia antimicrobiana de Raoultella spp. y características demográficas en aislamientos de pacientes atendidos en dos hospitales de Lima, 2019 – 2023” Asesorado por el docente: Stefany Saragoza Valenzuela Martínez, DNI ...74999519...ORCID : 0000-0003-2490-7937, tiene un índice de similitud de **10 (diez) %** con código oid:14912:495195485, verificable en el reporte de originalidad del software Turnitin.

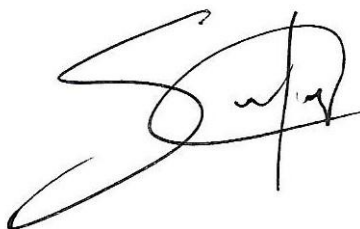
Así mismo:

1. Se ha mencionado todas las fuentes utilizadas, identificando correctamente las citas textuales o paráfrasis provenientes de otras fuentes.
2. No he utilizado ninguna otra fuente distinta de aquella señalada en el trabajo.
3. Se autoriza que el trabajo puede ser revisado en búsqueda de plagios.
4. El porcentaje señalado es el mismo que arrojó al momento de indexar, grabar o hacer el depósito en el turnitin de la universidad y,
5. Asumimos la responsabilidad que corresponda ante cualquier falsedad, ocultamiento u omisión en la información aportada, por lo cual nos sometemos a lo dispuesto en las normas del reglamento vigente de la universidad.



.....
 Firma de autor 1
 Claudia Naomi Ventura Ortiz
 DNI: 74999519

.....
 Firma de autor 2
 Nombres y apellidos del Egresado
 DNI:



.....
 Firma
 Nombres y apellidos del Asesor
 DNI: 46368715

Lima, 13 de Agosto de 2025

DEDICATORIA

Me agradezco a mí misma por creer en mí, por el
esfuerzo y la perseverancia.

Por no rendirme, por aprender de los errores y seguir
adelante.

Por dar lo mejor de mí en cada paso de este camino.
Este logro es el resultado de mi trabajo, mi paciencia y mi
determinación.

Gracias por no rendirte.

AGRADECIMIENTO

Agradezco a Dios por haberme permitido alcanzar esta meta tan anhelada. Asimismo, expreso mi gratitud al personal del laboratorio de Microbiología de los hospitales María Auxiliadora y Guillermo Almenara Irigoyen por su amabilidad y confianza; al Lic. Roky Champi y al Lic. Felipe Montenegro, por su apoyo y guía durante el desarrollo de este estudio; a Gatalina, por su compañía y, finalmente, a las personas que me han acompañado en este camino, iluminando mi trayectoria.

INDICE GENERAL

INTRODUCCIÓN	7
CAPÍTULO I: EL PROBLEMA	8
1.1. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA	8
1.2. FORMULACIÓN DEL PROBLEMA	10
1.2.1 <i>Problema general</i>	10
1.2.2 <i>Problemas específicos</i>	10
1.3. OBJETIVOS DE LA INVESTIGACIÓN	10
1.3.1 <i>Objetivo general</i>	10
1.3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	10
1.4. JUSTIFICACIÓN DE LA INVESTIGACIÓN	11
1.4.1 <i>Teórica</i>	11
1.4.2 <i>Metodológica</i>	11
1.4.3 <i>Práctica</i>	12
1.5. DELIMITACIONES DE LA INVESTIGACIÓN	12
CAPITULO II: MARCO TEÓRICO	14
2.1. ANTECEDENTES DE LA INVESTIGACIÓN	14
2.1.2. <i>Nacionales</i>	14
2.1.3. <i>Regionales</i>	15
2.1.4. <i>Internacionales</i>	17
2.2. BASES TEÓRICAS	21
2.2.1 <i>Aspectos taxonómicos.</i>	21
2.2.2 <i>Identificación</i>	22
2.2.3 <i>Aspectos patógenos.</i>	25
2.2.5 <i>Características demográficas y factores de riesgo.</i>	28
2.2.6 <i>Factores de virulencia.</i>	29
2.2.7 <i>Sensibilidad antibiótica.</i>	32
2.3. FORMULACIÓN DE HIPÓTESIS	34
2.3.1 <i>Hipótesis general</i>	34
3.1. MÉTODO DE LA INVESTIGACIÓN	35
3.2. ENFOQUE DE LA INVESTIGACIÓN	35
3.3. TIPO DE INVESTIGACIÓN	35
3.4. DISEÑO DE LA INVESTIGACIÓN	35
3.5. POBLACIÓN, MUESTRA Y MUESTREO	36
3.5.1. <i>Población</i>	36
3.5.2. <i>Muestra</i>	36
3.5.3. <i>Criterios de inclusión y exclusión</i>	36
3.5.4. <i>Muestreo</i>	37
3.6. OPERACIONALIZACIÓN DE VARIABLES	38
3.7. TÉCNICAS E INSTRUMENTOS DE RECOLECCIÓN DE DATOS	39
3.7.1. <i>Técnica</i>	39
3.7.2. <i>Descripción de instrumentos</i>	39

3.7.3. <i>Validación y confiabilidad</i>	40
3.8. PLAN DE PROCESAMIENTO Y ANÁLISIS DE DATOS	40
3.9. ASPECTOS ÉTICOS	41
CAPITULO IV: PRESENTACIÓN Y DISCUSIÓN DE RESULTADOS	42
4.1 RESULTADOS	42
4.1.1 ANÁLISIS DESCRIPTIVO DE RESULTADOS.	42
CAPITULO V: CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES	58
5.1. CONCLUSIONES	58
5.2. RECOMENDACIONES	59
4. REFERENCIAS	60
ANEXOS	71
ANEXO 1. MATRIZ DE CONSISTENCIA: “PERFIL DE RESISTENCIA ANTIMICROBIANA DE <i>RAOULTELLA</i> SPP. EN AISLAMIENTOS CLÍNICOS Y CARACTERÍSTICAS DEMOGRÁFICAS DE PACIENTES DE DOS HOSPITALES DE LIMA, 2019 - 2023.”	72
ANEXO 2. INSTRUMENTO DE ESTUDIO.	73
ANEXO 3. VALIDEZ DE INSTRUMENTO POR JUICIO DE EXPERTOS.	74
ANEXO 4 . APROBACIÓN DEL COMITÉ DE ÉTICA	77
ANEXO 5. CARTA DE APROBACIÓN DE LA INSTITUCIÓN PARA LA RECOLECCIÓN DE DATOS	78
ANEXO 6. INFORME DEL ASESOR DE TURNITIN	80

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1.	
Frecuencia de aislamientos de <i>Raoultella</i> spp. según hospital de estudio, 2020–2023	43
Tabla 2.	
Distribución de los aislamientos de <i>Raoultella</i> spp. según la procedencia de las muestras en los hospitales de estudio, 2020–2023.	47
Tabla 3.	
Susceptibilidad de aislamientos de <i>Raoultella planticola</i> en los hospitales de estudio, 2020-2023.	49
Tabla 4.	
Susceptibilidad de aislamientos de <i>Raoultella ornithinolytica</i> en los hospitales de estudio, 2020-2023.....	50

ÍNDICE DE GRÁFICOS

Figura 1.

Distribución de aislamientos de *Raoultella* spp. según la edad de los pacientes atendidos en los hospitales del estudio, 2020–2023.45

Figura 2.

Distribución de aislamientos de *Raoultella* spp. según el sexo de los pacientes atendidos en los hospitales del estudio, 2020–2023.46

Figura 3.

Distribución de los aislamientos de *Raoultella* spp. según el tipo de muestras en los hospitales de estudio, 2020–2023.48

RESUMEN

Las infecciones intrahospitalarias representan una preocupación creciente, especialmente en países de ingresos bajos y medianos. *Raoultella* spp., bacteria filogenéticamente relacionada con *Klebsiella* spp., ha sido reportada con mayor frecuencia en entornos hospitalarios, afectando gradualmente a pacientes hospitalizados. Su similitud con *Klebsiella* spp. plantea la necesidad de investigaciones que permitan diferenciarla adecuadamente y entender su perfil de resistencia antimicrobiana. **OBJETIVO:** Determinar el perfil de resistencia a los antimicrobianos y las características demográficas de *Raoultella* spp. en aislamientos clínicos de dos hospitales de Lima Metropolitana, entre 2019 y 2023. **MATERIAL Y MÉTODOS:** Estudio observacional, descriptivo y transversal. Se analizaron 60 registros de pacientes con aislamiento de *Raoultella planticola* y *Raoultella ornithinolytica*, identificados por el sistema VITEK 2 Compact entre julio de 2019 y julio de 2023. **RESULTADOS:** 90% del total de muestras eran de la especie *R. planticola* (54/60). Predominaron los casos en adultos mayores y en pacientes hospitalizados. Muestras como secreción traqueal (28.3%) y sangre (23.3%) fueron las más frecuentes. La mayor resistencia se observó frente a trimetoprima/sulfametoxazol en *R. planticola* (90.3%) y a cefazolina en *R. ornithinolytica* (66.7%). **CONCLUSIÓN:** *R. planticola* predominó en pacientes hospitalizados y vulnerables, con muestras respiratorias y hemocultivos como principales fuentes. Aunque mostró amplia sensibilidad antimicrobiana, destacó la alta resistencia a trimetoprima/sulfametoxazol y cefazolina, sugiriendo patrones clínicamente relevantes y posibles mecanismos intrínsecos aún no confirmados.

PALABRAS CLAVE: *Raoultella planticola*, *Raoultella ornithinolytica*, infecciones nosocomiales, resistencia antimicrobiana.

ABSTRACT

Nosocomial infections remain a growing concern, particularly in low- and middle-income countries. *Raoultella* spp., a bacterium phylogenetically related to *Klebsiella* spp., has been increasingly reported in hospital environments, progressively affecting inpatients. The similarity of *Raoultella* spp. to *Klebsiella* spp. underscores the need for research that enables proper differentiation and a better understanding of its antimicrobial resistance profile. **OBJECTIVE:** To determine the antimicrobial resistance profile and demographic characteristics of *Raoultella* spp. in clinical isolates from two hospitals in Metropolitan Lima between 2019 and 2023. **MATERIALS AND METHODS:** Observational, descriptive, cross-sectional study. Sixty records of patients with isolates of *R. planticola* or *R. ornithinolytica*, identified by the VITEK 2 Compact system between July 2019 and July 2023, were analyzed. **RESULTS:** Ninety percent of the isolates corresponded to *Raoultella planticola* (54/60). Cases were more frequent among older adults and hospitalized patients. Tracheal secretions (28.3%) and blood (23.3%) were the most common sample types. The highest resistance was observed to trimethoprim-sulfamethoxazole in *R. planticola* (90.3%) and to cefazolin in *R. ornithinolytica* (66.7%). **CONCLUSION:** *Raoultella planticola* predominated in hospitalized and vulnerable patients, with respiratory secretions and blood cultures as the main sources. Although it showed broad antimicrobial susceptibility, the marked resistance to trimethoprim-sulfamethoxazole and cefazolin stands out, suggesting clinically relevant patterns and possible intrinsic mechanisms that remain to be confirmed.

KEY WORDS: *Raoultella planticola*, *Raoultella ornithinolytica*, nosocomial infections, antimicrobial resistance

INTRODUCCIÓN

Para el correcto tratamiento de una infección, resulta crucial la identificación precisa del agente patógeno, a fin de proporcionar una adecuada intervención terapéutica y, posteriormente, contribuir a la vigilancia epidemiológica, facilitando futuros análisis por parte del personal de laboratorio. *Raoultella* spp. es una enterobacteria que ha mostrado un aumento progresivo en los reportes de casos, tanto en contextos hospitalarios como rurales, afectando a poblaciones vulnerables. No obstante, los estudios sobre *Raoultella* en América Latina, y específicamente en Perú, sigue siendo limitada[1,2].

El propósito de esta tesis fue describir el perfil de resistencia bacteriana de las principales especies de *Raoultella* spp., así como las características demográficas asociadas a los aislamientos bacterianos obtenidos en dos hospitales de Lima.

En el “**Capítulo I: El problema**” se aborda el planteamiento del problema y sus objetivos principales; en el “**Capítulo II: Marco Teórico**” se presentan los principales antecedentes y estudios relevantes sobre *Raoultella* spp. a nivel regional y mundial; en el “**Capítulo III: Metodología**” se detalla el diseño descriptivo–observacional del estudio, junto con el método de recolección de datos empleado; y, finalmente, en el “**Capítulo IV: Presentación y discusión de resultados**” se exponen los hallazgos obtenidos tras el análisis de la base de datos proveniente de ambos hospitales seleccionados.

CAPÍTULO I: EL PROBLEMA

1.1.Planteamiento del problema

Según un informe de la OMS, los países con ingresos altos poseerán el 7% de pacientes que contraerán al menos una infección al haber sido hospitalizados, mientras que en países de ingresos bajos a medianos esta proporción se eleva al 15%. De igual forma, menciona que los neonatos de los países en desarrollo tienen un mayor riesgo de infección en comparación con los países desarrollados, con tasas que pueden ser de tres a 20 veces más elevadas[3]. *Raoultella* spp. es una bacteria con semejanza filogenética a *Klebsiella* spp. que ha emergido como un patógeno de interés clínico en la literatura científica, puesto que se descubren casos de infecciones intrahospitalarias de relevancia médica causados por esta como bacteriemias, apendicitis e infecciones con úlceras orales, entre otros, en pacientes hospitalizados. Los primeros aislamientos de *Raoultella* spp. se desarrollaron en espacios naturales como en agua, plantas, y pocas veces eran aislados de mucosa de mamíferos. Sin embargo, una posible causa del aumento de infecciones por esta bacteria se debería a los recientes hallazgos en aguas residuales, entornos urbanos y agua de consumo humano, aumentando la tasa de infecciones intrahospitalarias de la región [4–6].

La proximidad taxonómica con el género *Klebsiella* ha impulsado a llevar mayores estudios sobre esta bacteria, para reducir los casos de identificaciones microbiológicas erróneas y llevar un tratamiento farmacológico adecuado[7]. El uso de pruebas bioquímicas implementado dentro de sistemas automatizados en el servicio laboratorial contribuyó a la rápida y efectiva detección de *Raoultella* spp. en aislados clínicos[8].

Además del aumento de incidencia de infecciones, existen reportes de aislamientos de *Raoultella* spp. poseedores de genes de resistencia a antimicrobianos que sitúa a varios pacientes con factores de riesgo de diversas edades en difíciles contextos de tratamiento farmacológico, haciendo su estancia hospitalaria prolongada y/o aumentando el riesgo de complicaciones mayores [9,10].

A nivel regional no contamos con suficiente información sobre el desenvolvimiento epidemiológico de esta bacteria, el avance obtenido hasta ahora en otros países es limitado: estudios realizados en un solo hospital especializado, y el análisis genómico de este patógeno, sin datos laboratoriales y demográficos necesarios en la práctica sanitaria. Como sostienen algunos autores, la consideración de *Raoultella* spp. como un patógeno de poca virulencia ha llevado a ser desestimado tanto el análisis epidemiológico como clínico de esta bacteria causante de infecciones en pacientes con complicaciones inmunológicas y con potencial de desarrollo multirresistente [2,11].

1.2 Formulación del problema

1.2.1 Problema general

El planteamiento del problema del presente estudio es el siguiente:

¿Cuál es el perfil de resistencia antimicrobiano de *Raoultella* spp y sus características demográficas en aislamientos de pacientes atendidos en dos hospitales de Lima, 2019 - 2023?

1.2.2 Problemas específicos

- Cuál es el perfil de resistencia antimicrobiano de *Raoultella* spp. aislado de pacientes atendidos en dos hospitales de Lima, 2019- 2023?
- Cuáles son las características demográficas de los pacientes con aislamiento de *Raoultella* spp. atendidos en dos hospitales Lima, 2019- 2023?

1.3 Objetivos de la investigación

1.3.1 Objetivo general

Determinar el perfil de resistencia antimicrobiano de *Raoultella* spp y sus características demográficas en aislamientos de pacientes atendidos en dos hospitales de Lima, 2019 -2023.

1.3.2 Objetivos específicos

- Identificar el perfil de resistencia antimicrobiano de *Raoultella* spp. aislado de pacientes atendidos en dos hospitales de Lima, 2019- 2023.

- Identificar las características demográficas de los pacientes con aislamiento de *Raoultella* spp. atendidos en dos hospitales Lima, 2019- 2023.

1.4 Justificación de la investigación

1.4.1 Teórica

Este trabajo sería el primer estudio de investigación sobre *Raoultella* spp. realizado con una población peruana, lo cual contribuirá a futuros estudios tanto dentro como fuera del país sobre infecciones relacionadas a este agente causal, transmitiendo un mayor entendimiento e información al personal de salud involucrado con la identificación y estudios de vigilancia de este[12]. En la actualidad, se dispone de poca información referente a la susceptibilidad bacteriana de *Raoultella* spp., y uno de los aportes de esta investigación es llenar ese vacío de conocimiento entorno a esta bacteria dentro del contexto peruano.

1.4.2 Metodológica

Uno de los objetivos de este estudio es reconocer las características bioquímicas de la bacteria, dado bajo el enfoque de la tarjeta de identificación del sistema automatizado VITEK, por lo tanto, no sólo consideramos la validación de la identificación realizada por el equipo, sino también al análisis de los sustratos bioquímicos que puede brindarnos mayores datos característicos de *Raoultella* spp. y su comportamiento en diferentes aislados clínicos e infecciones relacionadas a ésta.

1.4.3 Práctica

Los datos tanto laboratoriales como demográficos que ofrecerá este estudio entorno a las infecciones relacionadas a *Raoultella* spp. contribuirá significativamente al conocimiento epidemiológico local, permitiendo a los profesionales de la salud mejorar tanto en la identificación y diferenciación con el género *Klebsiella* spp., así como el suministro de antibióticos como parte del tratamiento de las infecciones asociadas a esta bacteria.

1.5 Delimitaciones de la investigación

1.5.1 Temporal

El estudio se delimitará al periodo comprendido entre julio de 2019 y julio de 2023, en función de la disponibilidad de registros microbiológicos obtenidos durante esos años.

1.5.2 Espacial

La investigación se desarrollará en dos hospitales de Lima Metropolitana: el Hospital María Auxiliadora y el Hospital Guillermo Almenara Irigoyen, donde se procesaron las muestras clínicas incluidas en el análisis.

1.5.3 Población o unidad de análisis

La población de estudio se conformó con los reportes de aislamientos clínicos de *Raoultella planticola* y *Raoultella ornithinolytica* identificados mediante el sistema automatizado VITEK 2 Compact en los laboratorios de los hospitales participantes del estudio y que correspondieron a pacientes atendidos en las instituciones mencionadas durante el periodo de estudio.

1.6 Limitaciones de la investigación

El análisis se restringió al periodo 2019-2023 debido a retrasos en la aprobación institucional de la Universidad, agravados por la gestión remota de solicitudes, lo que afectó la planificación inicial y retrasó la fase de ejecución.

No fue posible recuperar todos los registros de las bases de datos como las características bioquímicas de los aislados procesados por el sistema VITEK 2, debido a fallos técnicos en el equipo y el software, pese a la intervención del soporte técnico. Por este motivo, dicha variable fue excluida del análisis final, a pesar de haber estado considerada inicialmente en el diseño del estudio. Asimismo, no se pudo conocer el tamaño total de la población de registros de aislamientos de otras especies de Enterobacterales correspondiente al periodo de estudio, ya que la información fue previamente filtrada con solo los reportes de *Raoultella* spp. antes de ser entregada a la autora, lo que limitó un aporte estadístico relevante.

Por último, se observó variabilidad en los antibióticos evaluados por muestra, atribuible a criterios operativos del laboratorio y al cambio de personal durante el periodo de estudio. Ante ello, se mantuvo el análisis confiando en el criterio técnico del laboratorio, utilizando solamente los puntos de corte del CLSI correspondientes al año de cada aislamiento.

CAPITULO II: MARCO TEÓRICO

2.1. Antecedentes de la investigación

2.1.2. Nacionales

Martínez Montalvo et al. (2022) presentaron un caso clínico de neumonía por *Raoultella planticola* en un paciente con COVID-19, siendo el segundo caso documentado durante la pandemia. El paciente, con antecedentes de dislipidemia y sobrepeso, fue ingresado con un cuadro de neumonía que se confirmó radiológicamente con compromiso del parénquima pulmonar. La progresión del cuadro, caracterizada por infiltrados pulmonares y un aumento en la respuesta inflamatoria, condujo a la necesidad de ventilación mecánica invasiva. Un cultivo de una muestra de secreción orotraqueal reveló la coinfección por *Raoultella planticola* y *Enterobacter aerogenes*, ambas cepas sin resistencia a antibióticos. El tratamiento con cefepima resultó en una evolución clínica favorable, con el paciente siendo dado de alta un mes después. El estudio concluye resaltando la importancia de una correcta identificación y diferenciación de *Raoultella* spp. de *Klebsiella* spp. para un diagnóstico y tratamiento precisos [7].

Rondón et al. (2023) realizaron una encuesta de prevalencia en diez hospitales públicos peruanos con el objetivo de estimar el uso de antibióticos y la resistencia en patógenos claves. De los 1484 tratamientos prescritos, el 74.2% fue administrado de forma empírica y solo el 4.4% de manera específica. Las áreas con mayor consumo de antibióticos fueron la Unidad de Cuidados Intensivos (72.3%), cirugía (60.8%) y medicina interna (50.9%). Los antibióticos más recetados fueron las cefalosporinas de tercera generación. El estudio también encontró una resistencia preocupante en los aislamientos de *Klebsiella pneumoniae*, con un 72.7% de cepas resistentes a cefalosporinas de tercera generación y un 18.2% a meropenem. Los autores concluyeron que, a

pesar de la alta tasa de administración de antibióticos, la idoneidad del tratamiento fue baja, alcanzando solo un 49.5%. Esto contribuye a la alta resistencia bacteriana y subraya la necesidad de mejoras urgentes en la gestión antimicrobiana a nivel nacional [13].

Krapp et al. (2025) realizaron un estudio para analizar la epidemiología y la diversidad genética de *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos (CRKP) en Perú. Para ello, se recopilaron 66 aislamientos de hospitales de Lima y se compararon con 957 genomas públicos de Sudamérica, totalizando 1,023 muestras. Los métodos utilizados incluyeron secuenciación genómica, análisis de linajes clonales, detección de genes de resistencia y el estudio de plásmidos. Los resultados mostraron que la resistencia a los carbapenémicos fue mayormente mediada por el gen *bla_{NDM-1}* (69.7%), seguido por *bla_{KPC-2}* (21.2%). La mayoría de los aislamientos peruanos pertenecían a las líneas clonales ST45, ST11 y ST147, con una predominancia de ST45. Además, se identificó que el gen *bla_{NDM-1}* se encontraba en plásmidos conjugativos, lo que facilita su rápida transmisión entre bacterias. Se halló evidencia de múltiples clústeres genéticos, lo que sugiere la transmisión de estas cepas y sus genes de resistencia dentro de los hospitales. Los autores concluyeron que es urgente implementar vigilancia genómica y mejorar el control de infecciones para frenar la expansión de estas cepas emergentes en la región [14].

2.1.3. Regionales

Valiatti et al. (2022) hizo un estudio descriptivo - observacional de corte transversal en Brasil; cuyo objetivo fue caracterizar las cepas recuperadas de muestras diarreicas tipificadas en 1987 de manera errónea en un hospital terciario. Seis cepas fueron recuperadas, mediante técnica molecular se identificaron a 3 especies como *R. planticola* y 3 como *R. ornithinolytica*. Se hallaron genes involucrados en la captación de hierro y de adhesinas en todas las cepas de estudio. Se

realizaron pruebas fenotípicas para la detección de actividad hemolítica, formación de biopelículas, fenotipo de hipermucoviscosidad y la capacidad de adherencia a células Caco-2. Ninguna cepa dio positivo a las pruebas de actividad hemolítica e hipermucoviscosidad. Las seis cepas presentaban la capacidad de formar biopelícula, una demostró una fuerte capacidad de adherencia. En la prueba de adhesión a células Caco-2, demostraron una interacción positiva. Se halló que las cepas mostraban sensibilidad a todos los antibióticos usados en la actualidad. La mayoría mostraron un aumento de las CIM para ceftazidima e imipenem. Los autores concluyen que los resultados de este trabajo pueden guiar al personal de salud calificado a clarificar el importante papel patogénico de *Raoultella* spp. [15].

Motta et al. (2022) realizó un análisis descriptivo transversal cuyo objetivo fue “describir las características clínicas y microbiológicas en pacientes adultos con aislamiento de *Raoultella* spp. en un hospital de Bogotá”. Se realizó la revisión de expedientes clínicos de pacientes adultos con infección de *Raoultella* spp. entre 2015 a 2020, evaluando características demográficas, antecedentes, presentación clínica, así como comorbilidades. Se identificó 61 casos, 37.7% correspondían a infecciones por *R. ornithinolytica* y 62.3% por *R. planticola*. Fueron identificados por el sistema VITEK XL 2. 55.7% eran varones, la edad promedio fue 61.8 años. 21.3% eran muestras de orina y 39.3% eran de sala de urgencias. 21.3% eran infecciones urinarias, 16.3% bacteriemia y 16.3% traqueítis. 72.1% eran de origen nosocomial. Las comorbilidades más frecuentes fueron hipertensión arterial (40.9%), diabetes (29.5%), fallo cardíaco (29.5%), enfermedad renal crónica (18%) y desnutrición (13.1%). Como condiciones especiales se observó HIV (3.3%) enfermedades autoinmunes (1.6%) tuberculosis (1.6%), entre otros. 41 casos de los aislamientos fueron monomicrobianas, y las bacterias más asociadas fueron *Klebsiella oxytoca* (3.3%) y *Citrobacter freundii* (3.3%). Se halló betalactamasas AmpC (16.4%), KPC (4.9%), IRT

(1.6%), betalactamasa SHV-1 (1.6%). 68.9% fueron resistentes a ampicilina. Concluyeron que las infecciones por *Raoultella* spp. tienen una importancia clínica por sus hallazgos intrahospitalario y perfiles de resistencia multirresistentes, así como su asociación a casos de pacientes con inmunosupresión y hospitalizados [2].

2.1.4. Internacionales

Wang et al. (2019) hizo un estudio descriptivo - observacional cuya finalidad fue la caracterización de cepas aisladas de *R. ornithinolytica* productores de genes de resistencia hallados en muestras fecales de adultos sanos. Los datos de interés se recogen a partir de 1380 muestras fecales recolectadas en comunidades en julio del 2017; como parte de un proyecto multisectorial para la Contención de Resistencia a Antibióticos. Las muestras fueron congeladas y para este estudio, después de su descongelación, fueron sembradas y las cepas aisladas fueron identificadas usando MALDI-TOF MS y secuenciadas con el gen 16S rDNA. Se utilizó el método de Hodge modificado para hallar resistencia a carbapenémicos y el método de disco difusión para la detección de betalactamasas de espectro extendido (BLEE). Se identificaron cuatro cepas de *R. ornithinolytica*, una productora de carbapenemasas y 3 productoras de BLEE. Las cepas productoras de BLEE presentaron perfiles de resistencia similares, ya que todas tenían resistencia a gentamicina, tetraciclina, cefotaxima y trimetoprim sulfametoxazol. La secuenciación del genoma señaló que una cepa era resistente a carbapenémicos y fue definida como extremadamente resistente, y las tres cepas restantes productoras de BLEE eran multidrogoresistente. Se concluyó que estos hallazgos pueden ser prueba de la transmisión de genes de multirresistencia entre una especie del género *Klebsiella* y *R. ornithinolytica*, apoyado por la similitud genómica. La importancia de este estudio radica en que fueron aisladas de muestras de heces humanas de personas sanas [16]

Alampoondi Venkataramanan et al. (2021) publicó un estudio retrospectivo cuya finalidad fue la búsqueda de rasgos clínicos, factores de riesgo, así como la epidemiología y el desarrollo de infecciones del tracto urinario (ITU) causados por *Raoultella planticola*. La data de la información provino de los resultados de pacientes mayores de 18 años con ITU por *R. planticola* en un periodo de 5 años. Las muestras fueron identificadas, la sensibilidad microbiana analizada con el sistema VITEK 2 y confirmadas con API 20-E. Se obtuvo un total de 37 pacientes que cumplían con los criterios de inclusión. La edad promedio fue de 77 años, mayormente mujeres. 18 pacientes tenían antecedentes de enfermedad renal crónica, cuatro tenían historial clínico en intervenciones urológicas o dispositivos genitourinarios. Nueve pacientes tenían una anomalía estructural en el conducto urinario, y solo uno tenía historial de trasplante renal. 43.2% no tenían síntomas, 18.9% presentaban alteración mental, 13.5% fatiga y fiebre y 5.4% disuria. En el perfil de resistencia se identificó 35 aislados resistentes a ampicilina, y dos cepas eran MDR. En nueve aislados hubo el crecimiento concomitante de otras bacterias, entre ellos: *E. coli* (5), *P. aeruginosa* resistente a carbapenémicos (1), *Enterococcus* spp. (1). Ningún paciente tuvo hemocultivo positivo. 24 pacientes recibieron tratamiento, ciprofloxacino fue el antibiótico de mayor uso y lo administraron en nueve casos. En casos de MDR, se administró ceftazidima/avibactam. los autores concluyen que la ITU por *R. planticola* es posiblemente más frecuente en mujeres; la edad avanzada y enfermedades crónicas pueden ser un factor de riesgo relevante en el desarrollo de la enfermedad. Este estudio también demuestra una resistencia intrínseca a ampicilina [17].

Hong et al. (2020) realizaron un estudio retrospectivo observacional cuyo objetivo era “comparar las características clínicas y los resultados de los pacientes con infecciones en el torrente

sanguíneo por *Raoultella* spp. y *K. pneumoniae*” y “determinar la importancia clínica de *Raoultella* spp. en las infecciones humanas en comparación con la infección por *K. pneumoniae*”. Los autores consideraron las características demográficas, clínicas y microbiológicas obtenidas de historias clínicas de pacientes adultos internados por bacteriemia causados por *Raoultella* spp. o *K. pneumoniae* ingresados en un hospital de Corea, en el periodo de 8 años aproximadamente. Todos los aislados de *Raoultella* spp. y *K. pneumoniae* fueron identificados usando el sistema VITEK 2. De 1413 pacientes adultos con bacteriemia, 33 casos eran de *R. planticola* y cuatro de *R. ornithinolytica*. 71% eran varones, con una edad media de 71 años. Enfermedades del tracto biliar fue común en bacteriemias por *Raoultella* spp. (54%) y *Klebsiella* spp. (24%). 24% de las infecciones nosocomiales fueron causadas por *K. pneumoniae* y 62% de infecciones comunitarias por *Raoultella* spp. La tasa de mortalidad por *Raoultella* spp. fue de 11% y *K. pneumoniae* de 22%. *K. pneumoniae* tenía 33 cepas productoras de BLEE (21%) y una resistente a carbapenémicos. Todas las cepas aisladas de *Raoultella* spp. eran sensibles a cefalosporina de 4° gen. y carbapenémicos, y baja sensibilidad a cefalosporina de 1° y 2° generación y quinolonas. El estudio demostró que la sensibilidad a antibióticos de *Raoultella* spp. es más favorable en comparación a *K. pneumoniae* y que la presencia de las infecciones por *Raoultella* spp. es mayor en comunidades. Se concluye que ambos géneros guardan semejanza en factores de virulencia y rasgos biológicos pero difieren en factores de riesgo, lugar de infección y perfiles de susceptibilidad microbiana [18].

Chen et al. (2020) buscó identificar los aspectos clínicos, factores de riesgo y susceptibilidad microbiana de casos de sepsis neonatal por *R. planticola* reportados en la Unidad de Cuidados Intensivos Neonatales de un hospital de China. El periodo de análisis fue entre julio del 2014 y julio del 2019. Se identificó cuatro casos clínicos que cumplieran con los criterios

seleccionados. Tres casos eran neonatos prematuros y uno solo llegó a término, asimismo, todos los casos presentaban malformaciones congénitas y fueron puestos al uso de ventilación mecánica. Los síntomas fueron cianosis, apnea, taquicardia, letargo, desaturación y fiebre. Todos los pacientes presentaron diversos perfiles de resistencia antimicrobiana, como la resistencia a imipenem, cefepima, ciprofloxacino y gentamicina. La amikacina fue sensible en todos los casos. Los autores sugieren que la ventilación mecánica previa a la infección por *R. planticola* puede ser considerada un factor importante de riesgo. Se concluye que las características clínicas de sepsis neonatal ocasionadas por *Raoultella* spp. no cuentan con especificidad [9].

Pi et al. (2020) realizaron un estudio retrospectivo cuyo propósito fue analizar características clínicas de las infecciones pediátricas ocasionadas por *R. ornithinolytica* entre enero del 2013 y junio del 2019 en China. La muestra poblacional provino de bases de datos académicos, bases nacionales e historiales clínicos del hospital. Se recopiló el total de 14 casos. Todos los casos utilizaron sistemas comerciales como VITEK 2 y MicroScan para la identificación bacteriana y pruebas de susceptibilidad antibiótica. La proporción entre los géneros masculino y femenino fue de seis a ocho, con edades entre 18 horas de nacido hasta 16 años. La mayoría de las enfermedades fueron la presencia de tumoraciones y disfunción del sistema inmunitario, y el reducido grupo de recién nacidos presentaban en gran parte malformaciones congénitas. 42.9% de los casos fueron sometidos a ventilación mecánica, 35.7% presentaban catéteres de forma permanente, 21.43% fueron a cirugía y 21.43% a quimioterapia. Síntoma como la fiebre fue el más recurrente, después de disnea, eritema e hipoxemia. Las muestras fueron de origen sanguíneo, lavados bronco-alveolares y orina. 77% eran resistentes a ampicilina, 36% eran sensibles a cefepima y meropenem, 43% era susceptible a sulfametoxazol, 50% a levofloxacino y 57% a ciprofloxacino y amikacina. Hubo solamente un caso de muerte neonatal registrado en este estudio. Se concluye que la correcta

identificación de *R. ornithinolytica* en casos pediátricos es de gran importancia, para evitar la conducción a complicaciones graves como la sepsis e incluso, la muerte neonatal[19].

2.2 Bases Teóricas

2.2.1 Aspectos taxonómicos.

En 1981, se documentó la primera descripción de nuevas especies de *Klebsiella* spp. provenientes de muestras de hortalizas y del suelo, llamándose así *Klebsiella planticola* y *K. terrigena* respectivamente. Cuatro años después, se identificó otra nueva especie del género que tenía características no comunes del clúster taxonómico como ornitina e indol positivos, denominándolo grupo *Klebsiella* (47).

En 1989, fue renombrado como *Klebsiella ornithinolytica*. Es en el siglo pasado que diversos estudios hallaron ciertas diferencias bioquímicas entre estas tres especies halladas con las de mayor difusión en la literatura como *K. pneumoniae* y *K. oxytoca* [20–24]. Fue entonces en 2001, un estudio filogenético de nueve cepas del género *Klebsiella* y el secuenciamiento molecular de los genes 16S rARN y *rpoB* confirmaron la heterogeneidad taxonómica de *Klebsiella* spp. lo que generó a nuevo género denominado *Raoultella* spp. en honor al bacteriólogo francés Didier Raoult. Dentro de este género, se agrupan cuatro nuevas especies: *R. planticola*, *R. ornithinolytica*, *R. terrigena* y *R. eléctrica*. Perteneciente a la familia Enterobacteriaceae, *Raoultella* spp. son bacilos Gram negativos, no poseen movilidad, son encapsulados y pueden formar colonias mucoides semejantes a *Klebsiella* spp. por su estrecha similitud filogenética. Puede ser aislada del suelo, agua, plantas y mucosa de mamíferos, incluyendo al hombre. *R. planticola* es la especie con mayor cantidad de aislamientos clínicos reportados, por lo que posee la mejor descripción dentro del género[4,25,26].

Raoultella spp. posee un metabolismo anaerobio facultativo, logrando crecer entre los 5 a 40°C, además de tener como fuente de carbono a histamina y 3DL- betahidroxibutirico, a diferencia de *Klebsiella* spp. que utiliza etanolamina. Pueden crecer en medios nutritivos como diferenciales, no requiriendo condiciones especiales. Junto con *Klebsiella* spp. comparten algunas propiedades bioquímicas, lo cual no favorece al momento de diferenciarlas entre sí. Son catalasa positiva, tienen una reacción negativa a la oxidasa, reducen nitratos a nitritos, pueden fermentar la glucosa y lactosa, dando como producto a 2,3- butanodiol, sin embargo, no producen gas a partir de la lactosa a 44.5°C[12,25–27].

La prueba de Voges – Proskauer es positiva en todas las especies de este género, resulta negativo a las pruebas de degradación de pectato, fermentación de melezitosa, dando una reacción positiva a la hidrólisis de esculina. Las especies principales del género como *R. planticola* y *R. ornithinolytica* son positivo a citrato de Simmons, *R. terrigena* suele tener resultados variables. Pueden llegar al crecimiento y degradación de glucosa desde los 5°C[4,22].

2.2.2 Identificación

2.2.2.1 Identificación bioquímica

En 1985, Farmer *et al.* publicaron un estudio que documentó los microorganismos pertenecientes a la familia Enterobacteriaceae hasta esa fecha. Este estudio englobó la caracterización de nuevas especies del género, notables entre ellas *Klebsiella planticola*, *K. terrigena* y *K. ornithinolytica*. Para una identificación más precisa de estas especies recién descubiertas se implementaron un conjunto de pruebas bioquímicas y de asimilación de carbono. Estas evaluaciones comprendieron la determinación de la producción de indol, la actividad de

ornitina descarboxilasa, la capacidad de fermentación de la D-glucosa y el crecimiento en diferentes temperaturas, abarcando 5°C, 10°C, 41°C y 44.5°C[22].

En 1994 Monnet y Frenney diseñaron una serie de pruebas bioquímicas utilizando sustratos diferenciales con el objetivo de distinguir entre las diversas especies de *Klebsiella* spp. La batería bioquímica consistió en cuatro pruebas de asimilación de carbono: Etanolamina, histamina, D-melezitosa y DL-3-hidroxitbutirato, junto con dos pruebas convencionales: la prueba de indol y la actividad de ornitina descarboxilasa. Investigaciones posteriores revelaron que el sustrato Etanolamina no era exclusivo de todas las cepas identificadas como *R. planticola*, ya que algunas cepas de *K. pneumoniae* y *K. oxytoca* también reaccionaban positivo a ésta. En el estudio de Drancourt, que conllevó a la reorganización del género *Klebsiella* spp. y la introducción de *Raoultella* spp., se basó en otros criterios de pruebas para distinguir entre ambos géneros, incluyendo la reacción de Voges-Proskauer, el crecimiento de colonias a 10°C, y la capacidad de utilizar D-glucosamina, entre otras características fenotípicas. Investigaciones subsecuentes relacionadas con la identificación de especies de *Raoultella* spp. se construyeron sobre estos primeros hallazgos, incorporando otros sustratos de carbono con el propósito de perfeccionar las técnicas de identificación [4,28,29].

2.2.2.2 Sistema automatizado Vitek.

El sistema comercial VITEK 2, desarrollado por *Biomérieux* (Marcy-l'Étoile, Francia), ha sido diseñado con el propósito de mejorar la identificación precisa de más de cien microorganismos Gram negativos encontrados en muestras clínicas diversas. Su amplia base de datos microbiana proporciona ventajas significativas en comparación con otros equipos comerciales similares, permitiendo una identificación más precisa de bacterias patógenas. La Tarjeta GN, componente clave de este sistema, ofrece 47 pruebas bioquímicas y un control negativo, incluyendo cinco

pruebas específicas que son destacables en la diferenciación con algunas especies de *Klebsiella* spp., como ornitina descarboxilasa (ODC), b-N-acetil-galactosaminidasa (NAGA), D-tagatosa (dTAG), L-arabitol (IARL) y N-acetilglucosaminidasa (BNAG), realizadas en diversas concentraciones. La tarjeta de sensibilidad antibiótica (AST) asociada al sistema comprende una selección de 14 antibióticos y detecta mecanismos de resistencia como las BLEE. La elección adecuada de la tarjeta para el análisis depende del criterio profesional, particularmente después de conocer el origen de la muestra[8,30–32].

Es esencial mencionar que, aunque la base de datos del sistema considera solo a *R. ornithinolytica* y *R. planticola*, en casos donde se sospeche la presencia de *R. terrigena*, podría existir una identificación precisa a nivel de género, pero con posibles limitaciones en la especie. VITEK 2 ha demostrado una capacidad notable para identificar *Raoultella* spp. con una fiabilidad comparable a sistemas más avanzados, alcanzando niveles de sensibilidad superiores al 95% a nivel de género y un 96.6% a nivel de especie. Sin embargo, se han observado limitaciones en casos excepcionales, como la detección negativa de ODC en *R. ornithinolytica*, lo que requiere pruebas adicionales para la identificación precisa de estas especies específicas[33,34].

2.2.2.3. Identificación por métodos moleculares.

El análisis del ARNr 16S se destaca por su amplia distribución genética entre varios géneros bacterianos. La secuenciación de este marcador ha permitido en años anteriores diferenciar *Raoultella* spp. de su género previamente asociado, *Klebsiella* spp. No obstante, esta característica puede resultar limitante en situaciones donde exista homología dentro del género bacteriano. Es en tales circunstancias que se recurre a otros genes como marcadores específicos para lograr la identificación a nivel de especie. Entre estos, el *rpoB*, subunidad Beta de la ARN polimerasa, se destaca por ofrecer resultados de mayor calidad en comparación con el ARNr 16S en numerosos

casos, además de desempeñar un papel notable en genotipificación y filogenia[4,35]. A pesar de que el ARNr 16S arroja resultados positivos en la identificación de esta bacteria, la secuenciación del *rpoB* posibilita una identificación precisa a nivel de especie, reduciendo los posibles márgenes de error. De esta manera, la utilización de estos marcadores primarios brinda al investigador una mayor confianza en la identificación de bacterias previamente no analizadas, considerándose un método de referencia[8,34–36].

Además, se ha demostrado que la utilización de genes como gen *pehX* y gen *bla* contribuye a la diferenciación entre *R. ornithinolytica* y *R. planticola*, mientras que *rpoB*, *gyrA* y *parC* pueden ser útiles en la identificación de *R. terrigena*. No obstante, una secuenciación de genoma completo, como la NGS (Next Generation Sequence), proporciona una ubicación más precisa de esta bacteria a nivel de la familia Enterobacteriaceae[10,34,37].

2.2.3 Aspectos patógenos.

2.2.3.1 Producción de histamina.

La detección del gen *hdc* en casos de infecciones bacterianas es un hallazgo altamente significativo por ser factor responsable de la conversión de L- histidina a histamina, llevando a que el organismo pueda manifestar diversos cuadros alérgicos como prurito, rubor cutáneo, etc. La evidencia de este gen dentro del genoma de *Raoultella* en muestras de consumo humano como productos derivados del pescado y muestras fecales lleva a esclarecer la hipótesis de que los cuadros alérgicos es uno de los síntomas ignorados por este género y propias del mismo, siendo confundido en varias oportunidades con *Klebsiella*, a causa de su alto porcentaje de semejanza genética. Los primeros avances de investigación de este tema dedujeron que las especies *R.*

planticola y *R. ornithinolytica* eran las principales cepas con la capacidad de producir histamina, además hubo mayores reportes de hallazgos de cepas clínicas de *Raoultella* spp. portadoras del gen mas no manifestaban ningún síntoma clínico asociado a este (26,35–38). Estos reportes pudieron ser constatados en casos de pacientes con antecedentes clínicos relevantes para una infección con *Raoultella* spp., en otras fueron halladas en casos de pacientes sanos y sin historial clínico relacionado[5,38–40]. Si bien detectar este gen dentro del laboratorio requiere de técnicas de mayor complejidad y preparación del personal, el uso de pruebas bioquímicas como lo sugerido por Monnet y Frenney podría considerarse como una alternativa capaz de emitir resultados positivos en la determinación si la cepa en estudio es productora de histamina[28].

2.2.3.2 Presencia en aguas residuales.

Los estudios de identificación de plásmidos y genes de resistencia antimicrobiana presentes en enterobacterias localizadas en aguas residuales, sobre todo, hospitalarias, brindan información primordial para la salud pública actual. Perú carece de una infraestructura específica para el tratamiento de aguas residuales hospitalarias, lo que resulta en la descarga común de dichos efluentes en un cuerpo de agua cercano, habitualmente un río. Esto significaría un alto riesgo de contaminación y propagación de genes de resistencia en comunidades habitantes de la rivera, expandiéndose la posibilidad de infecciones con menores posibilidades de acceder a un tratamiento antibiótico eficaz. Un estudio nacional pone en manifiesto que un gran porcentaje de enterobacterias aisladas en muestras de efluentes hospitalarios de dos hospitales de Lima eran multirresistentes y portadoras de genes de resistencia a betalactámicos y carbapenémicos. Investigaciones provenientes de China, Irlanda y Suecia identificaron la presencia de cepas de *R. planticola* y/o *R.ornithinolytica* resistentes a antibióticos así como genes de resistencia a los principales medicamentos de terapia antimicrobiana actual, y también genes que codificaban la

formación de biofilms, siendo preocupantemente aislados no solo en aguas de descarga, sino en materia fecal de aves costeras, parques urbanos, agua de mar superficial y aguas de consumo humano y animal[6,41–45].

2.2.4 Infecciones intrahospitalarias y en comunidad por *Raoultella* spp.

En el entorno hospitalario, la permanencia de la bacteria *Raoultella* spp. se ve propiciada por sus bajos requerimientos nutricionales, lo que acelera su proceso de adaptación en áreas de alta actividad médica[30]. Esta circunstancia ha sido corroborada en investigaciones que han documentado el aislamiento de cepas de *Raoultella* spp. en localizaciones quirúrgicas y de intenso uso por parte del personal de salud, como unidad de cuidados intensivos, salas de operaciones y lavabo de manos. Este fenómeno convierte el entorno hospitalario en un reservorio de cepas capaces de adquirir y transmitir genes y plásmidos de resistencia antibiótica entre sí, dando lugar a casos de infecciones multirresistentes, especialmente asociadas a prolongadas estancias hospitalarias[46].

Estas circunstancias, que representan un riesgo significativo para los pacientes que requieren hospitalización, podrían mitigarse mediante la aplicación de una solución desinfectante de peróxido de hidrógeno al 0.8%. Dicha solución podría demostrar una capacidad efectiva para inhibir completamente el crecimiento celular de *Raoultella* spp. , contribuyendo así a la prevención y control de infecciones nosocomiales en el entorno hospitalario del mencionado patógeno[47].

Las infecciones de *Raoultella* spp. en el entorno comunitario pueden manifestarse con una incidencia equiparable a la que se registra en los establecimientos de atención médica, no obstante, se ha planteado la posibilidad de una correlación entre este tipo de infecciones y la exposición a elementos contaminados con aguas residuales que puedan albergar cepas de esta bacteria. Por

consiguiente, en diversos estudios se observa una variabilidad en el porcentaje de casos de infecciones asociadas a la estancia hospitalaria en comparación con aquellas en la comunidad, debido a las diferencias en los contextos sociales y ambientales en los que estos pacientes se desenvuelven[1,30].

Los tipos de infecciones más frecuentemente observados en pacientes hospitalizados son de naturaleza gastrointestinal y hepatobiliar, posteriormente por aquellos que tienen su origen en el sistema urinario, seguidos por las infecciones del tracto respiratorio, infecciones cutáneas y de heridas, así como bacteriemias, entre otras[30]. Esta información puede proporcionar al profesional clínico evidencia de que la evolución y los patrones de infección asociados a la bacteria *Raoultella* spp. pueden experimentar variaciones significativas en diversos contextos clínicos, sin manifestar una predisposición exclusiva hacia ninguna de estas categorías específicas de infección[48].

2.2.5 Características demográficas y factores de riesgo.

Varios estudios indican que el segmento de pacientes con una edad igual o superior a 70 años que presentaban infecciones causadas por *Raoultella* spp. exhibía una incidencia aproximadamente el doble en comparación con grupos etarios más jóvenes. No se halló diferencias significativas entre los dos géneros [1,30]. Se han documentado datos notables en las poblaciones pediátricas donde los recién nacidos prematuros presentan una mayor propensión a la exposición. Del mismo modo, bajo circunstancias particulares, los casos registrados en pacientes con edades superiores a los 20 años han demostrado antecedentes clínicos que han influido en su respuesta inmunitaria frente al mencionado microorganismo[1,19,38].

Los antecedentes más frecuentes en pacientes infectados incluyen la presencia de comorbilidades relacionadas con enfermedades crónicas como diabetes, hipertensión y enfermedades renales, entre otras. Además, la inmunosupresión por diversas razones, como neoplasias malignas, el descubrimiento de malformaciones congénitas y la exposición a cirugías o procedimientos invasivos, etc. aumentan las posibilidades de mortalidad que en estudios anteriores, calculan un aproximado del 5%[17,30]

No obstante, se destaca que también se han documentado casos de pacientes que no presentan antecedentes clínicos relevantes o similares a los mencionados anteriormente, y en ocasiones, las infecciones pueden manifestarse sin una causa aparente identificable[5].

2.2.6 Factores de virulencia.

El potencial virulento de *Raoultella* spp. aún no se encuentra completamente esclarecido, a pesar de la existencia de diversos estudios de investigación desde finales de la década de 1990. La información recopilada hasta la fecha emana del análisis de numerosos casos clínicos y las conclusiones derivadas de los respectivos autores. En consecuencia, se han formulado diversas hipótesis que abordan el nivel de patogenicidad de *Raoultella* spp. en comparación con su homólogo, *Klebsiella* spp. [49,50].

2.2.6.1 Formación de biopelículas.

Todas las especies de *Raoultella* spp., a excepción de *R. eléctrica*, han demostrado competencia en la formación de biopelículas, especialmente en dispositivos quirúrgicos como catéteres urinarios procedentes de pacientes sometidos a prolongadas hospitalizaciones[43,51–53]. Además, se ha constatado la presencia de estas biopelículas en muestras de agua estancada en las inmediaciones de áreas urbanas. La eficacia en la formación de biopelículas por parte de *R.*

ornithinolytica se asemeja a la observada en *K. pneumoniae*, mientras que *R. planticola* y *R. terrigena* han exhibido niveles comparables a las biopelículas formadas por *K. oxytoca*. Es crucial señalar que, aunque la capacidad de *R. ornithinolytica* para generar biopelículas es destacada, presenta características divergentes en comparación con aquellas formadas por *K. pneumoniae*, esta última caracterizada por una resistencia significativamente superior[49,52,53].

2.2.6.2 Síntesis de LPS y producción de endotoxinas.

La repercusión de las endotoxinas en la patogenicidad de las bacterias gramnegativas confiere un distintivo de singular importancia a este grupo de microorganismos. Este fenómeno se deriva, en gran medida, de la influencia de la porción lipídica del lipopolisacárido bacteriano, conocida como lípido A, que emerge como un potente desencadenante de las respuestas inflamatorias y de fase aguda. Estas respuestas pueden evolucionar hacia estados clínicos más severos, como septicemia, shock séptico e incluso resultar en la fatalidad del huésped[54,55].

La identificación primordial de la presencia de lipopolisacárido (LPS) sintetizado por cepas de *Raoultella* spp. en cuadros infecciosos, consignada en su genoma, sugiere la posibilidad de la manifestación documentada de bacteriemia. No obstante, es esencial señalar que la producción de LPS puede hallarse sujeta a variaciones genéticas, presumiblemente con la finalidad de eludir la respuesta inmunológica del huésped y, en consecuencia, propiciar la perpetuación de la infección[52].

2.2.6.3 Cápsula y producción de moco.

La cápsula bacteriana emerge como un elemento de virulencia de primordial significancia en el ámbito de la investigación bacteriológica. Su función preponderante abarca tanto la resistencia antifagocítica como la capacidad de adhesión a las superficies tisulares del

hospedero[54,56]. La identificación de similitudes genómicas entre *R. planticola* y *K. pneumoniae*, especialmente la presencia de genes como *wzi*, *rscB*, *kpsS* y *rscA*, suscita la hipótesis acerca del potencial de la primera especie en la síntesis, regulación y ensamblaje de la cápsula bacteriana, lo cual conduce a la manifestación de un fenotipo mucoide que contribuiría a su elusión del sistema inmunitario[52].

No obstante, es imperativo destacar que la investigación adicional, incluyendo la identificación de otros genes reguladores vinculados al fenotipo mucoide (*rmpA* y *rmpA2*) y la consideración de los serotipos específicos (K70), sustentaría la conclusión de que la composición de la cápsula mucoide entre estos dos géneros difiere significativamente. Cabe resaltar que, bajo condiciones de crecimiento bacteriano controladas, podrían surgir cepas que carecen de cápsula, debido a la ausencia de presión selectiva por parte del sistema inmunológico[50].

2.2.6.4 Producción de sideróforos.

Las cepas de *R. planticola* han sido objeto de diversos informes en relación con la producción de enterobactina, en asociación con *K. pneumoniae*, especialmente en condiciones de restricción de hierro[12,50]. Investigaciones recientes, basadas en técnicas moleculares, han identificado en el material genético de *R. planticola* y *R. ornithinolytica* la presencia de genes asociados con el sistema de captación de hierro, tales como *aero1*, *aero2*, *iutA*, *entB* y *bts*[15]. Esta observación sugiere la existencia de una mayor capacidad para la producción de sideróforos, permitiendo así su utilización en beneficio del crecimiento bacteriano[55].

2.2.6.5 Resistencia al efecto bactericida del suero humano.

La escasa pero significativa información concerniente al efecto bactericida del Suero Humano Normal (NHS) en cepas de *R. planticola* ha permitido deducir que su nivel de respuesta

es análogo al observado en *K. pneumoniae*[50]. Este discernimiento se ha visto facilitado por la identificación del gen *gnd*, el cual está relacionado con la supervivencia y colonización dentro del hospedero, dando paso al desarrollo de posibles infecciones sistémicas[43,55].

2.2.6.6 Adhesión celular y fimbrias.

Las adhesinas situadas en los extremos de las fimbrias revisten gran importancia para la supervivencia del microorganismo. Las fimbrias, al propiciar la adhesión de la bacteria a otros patógenos bacterianos o a las células tisulares del huésped, representan un factor crucial en la virulencia de la cepa de estudio.[54] Un análisis in silico de los genes de virulencia de las especies de *Raoultella* spp. y *Klebsiella* spp. reveló similitudes entre los componentes de las fimbrias tipo uno y tres de ambos géneros bacterianos[52]. No obstante, la variabilidad intrínseca a *Raoultella* spp. ejerce influencia en su capacidad de adhesión a las células huésped y de evasión del sistema inmunológico[56]. Se llevaron a cabo estudios de adhesión celular para demostrar esta eficacia, utilizando células Caco-2 de origen gastrointestinal, y se obtuvo una interacción positiva con las cepas de *R. ornithinolytica* y *R. planticola*[15,49].

2.2.7 Sensibilidad antibiótica.

Un estudio inicial sobre cepas mal identificadas de *Raoultella* spp. identificadas en el año 1987 señaló una marcada sensibilidad a múltiples antibióticos[15]. No obstante, en el 2001, se identificaron cepas con betalactamasas de clase A y resistencia intrínseca a amoxicilina y ticarcilina, a excepción de *R. terrigena* que reportó resistencia intrínseca a fosfomicina. La sensibilidad se observó en la mayoría de los antimicrobianos de uso clínico[57]. El descubrimiento pionero de un gen de resistencia en una cepa de *Raoultella* spp. data de 2009, donde se identificó el gen responsable de la hidrólisis y consiguiente falla terapéutica de los carbapenémicos[58].

Posteriormente, en 2013, un análisis molecular en la India reportó el primer caso de *R. ornithinolytica* portadora del gen *bla*_{NDM-1}, seguido por el hallazgo en 2014 de una cepa portadora de IMP-8 en *R. planticola*[59,60]. En 2016, se descubrió que la evolución de la resistencia antibiótica en *Raoultella* spp. condujo al desarrollo de cepas portadoras de genes de betalactamasas y carbapenemasas, aunque todavía no se expresaban fenotípicamente de manera simultánea[1,61].

Un porcentaje significativo de bacteriemias positivas a *Raoultella* spp. ya demostraban menor efectividad con cefalosporinas de 3^o generación, así como resistencia a combinaciones como trimetoprima/sulfametoxazol (16.7%), aminoglucósidos (11.8%), y ciprofloxacino (7%)[36]. Sin embargo, se reportaron casos similares con sensibilidad a carbapenémicos y aminoglucósidos[1]. En el caso de las infecciones pediátricas, se observaron patrones de sensibilidad a ciprofloxacino, amikacina, levofloxacina y sulfametoxazol, aunque también se documentaron casos de resistencia a ampicilina en infantes[19]. El avance progresivo de cepas portadoras de genes de resistencia puede atribuirse a la posible transferencia de genes y/o plásmidos resistentes provenientes de *Klebsiella* spp. dada su semejanza taxonómica y molecular. Este suceso podría explicar casos de resistencia en *Raoultella* spp. donde pruebas anteriores demostraron aislamientos de *K. pneumoniae* portadoras de *bla*_{VIM} y *bla*_{CTX-M1} en un mismo tipo de muestra analizada[16,46]. Hoy en día, la mayoría de las cepas de *Raoultella* presentan resistencia a cefalosporinas de 1^o y 2^o generación, quinolonas, aminoglucósidos, betalactámicos específicos y combinaciones como amoxicilina/ácido clavulánico, piperacilina/tazobactam y ampicilina/sulbactam[1,11,58,59]. El consenso actual de la CLSI solo considera la resistencia intrínseca de *Raoultella* spp. a ampicilina y ticarcilina [62], pero un estudio reciente descubrió que *R. eléctrica* puede presentar resistencia a colistina[63].

La adquisición progresiva de genes de resistencia en *Raoultella* spp. de los últimos años ha conllevado que la terapia antimicrobiana se vea limitada frente a estos factores, limitando al empleo actual de cefalosporinas de 3° a 4° generación, fluoroquinolonas para infecciones del tracto urinario, penicilinas con inhibidores de betalactamasa como amoxicilina/ácido clavulánico y recientes combinaciones de gran efectividad como ceftazidima/avibactam y carbapenémicos en casos de cepas multirresistentes[7,46,64]

2.3 Formulación de hipótesis

2.3.1 Hipótesis general

Por la naturaleza del estudio, no se considera la aplicación de una hipótesis.

CAPITULO III: METODOLOGÍA

3.1.Método de la investigación

Este estudio emplea el método analítico con razonamiento inductivo, ya que, a partir de la información obtenida de las bases de datos de los hospitales incluidos, se realizó la desagregación de los aislamientos de *Raoultella* spp. en sus distintas características demográficas y microbiológicas para su posterior análisis [65].

3.2.Enfoque de la investigación

El enfoque de este estudio es cuantitativo, buscó cuantificar las características demográficas y microbiológicas de los aislamientos, considerando lo expuesto en el marco teórico, utilizando instrumentos creados para la recolección de datos numéricos [65].

3.3.Tipo de investigación

Es una investigación de tipo aplicada, ya que buscó generar conocimiento útil sobre la epidemiología de *Raoultella* spp. en Perú, con el propósito de aportar evidencia que pueda ser empleada en la práctica clínica y en la vigilancia epidemiológica [65].

3.4.Diseño de la investigación

El presente estudio tuvo un diseño no experimental, de corte transversal y alcance descriptivo, al centrarse en la caracterización de las variables demográficas y microbiológicas de la muestra, sin manipular procesos ni resultados y sin establecer relaciones causales, durante el periodo de estudio [65].

3.5. Población, muestra y muestreo

3.5.1. Población

La población estuvo conformada por todos los registros de aislamientos de especies de *Raoultella* a partir de muestras de pacientes que se realizaron un cultivo y que fue procesado en el área de Microbiología del Hospital María Auxiliadora y Hospital Nacional Guillermo Almenara Irigoyen, en el periodo de estudio comprendido entre julio 2019 y julio 2023, siendo una población de 67 registros.

3.5.2. Muestra

La muestra estuvo conformada por los registros de pacientes que presentaron aislamientos de especies de *Raoultella ornithinolytica* o *Raoultella planticola*, que fueron identificados por el sistema de identificación automatizado VITEK 2 Compact del área de Microbiología del Hospital María Auxiliadora y del Hospital Nacional Guillermo Almenara Irigoyen, en el periodo de tiempo entre julio 2019 y julio 2023. La muestra fue seleccionada a partir de la población que cumplió con los criterios de inclusión y exclusión, siendo considerado para este propósito solo 60 unidades muestrales.

3.5.3. Criterios de inclusión y exclusión

3.5.3.1. Criterio de inclusión:

- Se incluyeron reportes de pacientes sin distinción de edad o género, cuya muestra se haya obtenido en el centro hospitalario de estudio.
- Cultivos microbiológicos con aislamientos polimicrobianos, entre ellos *Raoultella* spp.

- Aislamientos identificados como *Raoultella* spp. o alguna de sus especies conocidas, a través del sistema VITEK 2 del centro hospitalario.
- Aislamientos de *Raoultella* spp. identificados por el sistema VITEK 2 del centro hospitalario y que contaban con resultados de pruebas de sensibilidad a los antibióticos.

3.5.3.2. Criterios de exclusión:

- Aislamientos provenientes o derivados de otros centros hospitalarios fuera del estudio.
- Aislamientos identificados como *Raoultella* spp. pero sin datos demográficos completos como edad y/o género.

3.5.4. Muestreo

Para la selección de muestras se aplicó un muestreo no probabilístico por conveniencia, porque se seleccionó la muestra accesible y conveniente al estudio dentro de las bases de datos disponibles de ambos centros hospitalarios, lo cual no implicó un cálculo formal del tamaño de muestra basado en principios estadísticos.

3.6. Operacionalización de variables

Variable 1: Características demográficas

Matriz operacional de la variable 1:

Dimensiones	Definición Conceptual	Definición operacional	Indicadores	Escala de Medición	Escala valorativa
Edad	Tiempo de vida de personas [66]	Edad de pacientes registrados en el informe del laboratorio	Grupos etarios según MINSA	De intervalo	G1: 0- 11 años G2: 12- 17 años G3: 18- 29 años G4:30-59 años G5: 60 a más
Género	Grupos humanos de acuerdo al sexo biológico [67]	Género de los pacientes registrados en el informe laboratorial.	Sexo de nacimiento reportado en el laboratorio de hospital en estudio.	Nominal	Masculino Femenino
Procedencia de las muestras	Departamento o área hospitalaria que emite la petición de análisis laboratorial de una muestra[68]	Información registrada en el informe laboratorial o registro de ingreso de muestra.	Origen de la muestra reportada en informe laboratorial del hospital en estudio.	Nominal	Hospitalario Ambulatorio

Variable 2: Características microbiológicas

Matriz operacional de la variable 2:

Dimensiones	Definición Conceptual	Definición operacional	Indicadores	Escala de Medición	Escala valorativa
Especie bacteriana	Grupos de cepas con características comunes pertenecientes a un género bacteriano[69]	Especies de <i>Raoultella spp.</i> identificadas en sistema VITEK.	Nombres de especies del género <i>Raoultella spp.</i> reportados en los informes laboratoriales del hospital en estudio.	Nominal	R. <i>ornithinolytica</i> R. <i>planticola</i>
Tipo de muestra	Identificación del origen corporal de la muestra analizada en el laboratorio[70]	Información registrada en el informe laboratorial o registro de ingreso de muestra.	Tipo de muestra registrada en el informe laboratorial del hospital en estudio.	Nominal	-orina -sangre -esputo -heces -herida -piel -D. quirúrgico -otros
Susceptibilidad antimicrobiana	Método semicuantitativo para la determinación de susceptibilidad bacteriana[71]	Identificación de la CIM e interpretación en el antibiograma realizada por VITEK	Valor de CIM reportado e interpretación registrada en el informe laboratorial de hospital de estudio.	Ordinal	-Sensible -Intermedio -Resistente

3.7. Técnicas e instrumentos de recolección de datos

3.7.1. Técnica

El presente estudio se basó en un análisis documental de los registros laboratoriales y microbiológicos de los pacientes admitidos en los hospitales seleccionados, durante el periodo comprendido entre julio de 2019 y julio de 2023. Cabe señalar que el sistema automatizado VITEK 2 Compact fue instalado en distintos momentos: en el Hospital Nacional Guillermo Almenara Irigoyen desde 2019, y en el Hospital María Auxiliadora desde 2020. En ese sentido, solo se analizaron los datos correspondientes a aislamientos de *Raoultella* spp. registrados a partir de la fecha de instalación del equipo en cada hospital, hasta el periodo de cierre del estudio. Los datos microbiológicos fueron obtenidos de la base de datos generada por el sistema VITEK 2 Compact en ambos hospitales, mientras que los datos demográficos se extrajeron de los informes de ingreso registrados en dicho sistema y en los archivos del servicio de microbiología del hospital correspondiente.

3.7.2. Descripción de instrumentos

La presente investigación diseñó y utilizó una ficha de recolección de datos que incluyó ítems formulados acorde a las variables de estudio. Se diseñó en el programa Microsoft Excel (Anexo 2). La ficha no incluyó información directa de la identificación de los pacientes, sino que han sido identificados en el estudio por medio de las iniciales del hospital de origen, mes y año de recolección de la muestra acorde la información presentada en el sistema hospitalario.

3.7.3. Validación y confiabilidad

Para garantizar la validez de contenido del instrumento, se aplicó la técnica de juicio de expertos, contando con la participación de tres especialistas en el área, todos con trayectoria profesional en microbiología clínica y métodos cuantitativos. Cada experto recibió una descripción detallada del objetivo del instrumento, así como una guía estructurada con criterios predefinidos para su evaluación, considerando claridad, pertinencia, representatividad y relevancia de los ítems en función de las variables de estudio.

La evaluación se realizó de forma individual, y los expertos coincidieron en que la ficha cumplía con los criterios esperados, lo que permitió su aprobación sin requerir modificaciones sustanciales. Por este motivo, se procedió a su implementación en la fase de recolección.

La confiabilidad del instrumento se respalda en su estructura categórica, con ítems cerrados y definidos, así como en la uniformidad de los criterios aplicados durante todo el proceso de recolección de datos. Adicionalmente, al haberse empleado una fuente de datos estandarizada y automatizada como el sistema VITEK 2 Compact, se asegura la estabilidad y consistencia técnica de los registros extraídos. Por su diseño, el instrumento puede ser aplicado por otros evaluadores en condiciones similares sin alterar la información registrada, lo cual refuerza su aplicabilidad y reproducibilidad en investigaciones equivalentes.

3.8. Plan de procesamiento y análisis de datos

Se recopiló la información objetivo de la base de datos del Software VITEK2 del equipo automatizado del mismo nombre. Esta fue filtrada de acuerdo con el objetivo del estudio directamente en la base de datos antes de ser extraída por el mismo personal de laboratorio del

hospital antes de haber sido entregada, y posteriormente se registró una base de datos de Microsoft Excel. Finalmente, los datos fueron procesados en el programa estadístico SPSS versión 29.0. La variable edad fue clasificada como cualitativa discreta por agrupamiento etario. Las variables cualitativas y categóricas, como edad, sexo, especie bacteriana, procedencia de muestra, tipo de muestra y sensibilidad antimicrobiana fueron analizadas mediante frecuencias absolutas y relativas. No se aplicó media ni desviación estándar, dado que no se utilizaron variables numéricas continuas.

3.9.Aspectos éticos

El proyecto de investigación fue enviado al Comité de Ética de la Universidad Privada Norbert Wiener y posterior a su aprobación, al Comité de Ética del Hospital Nacional Guillermo Almenara Irigoyen ubicado en el distrito de La Victoria, y el Hospital María Auxiliadora, ubicado en el distrito de San Juan de Miraflores de acuerdo con los requisitos solicitados por ambas instituciones. El proyecto de investigación fue aprobado por los comités de ética de cada institución, quienes emitieron cada uno un documento con la autorización para la ejecución del proyecto. (Anexo 5).

La recolección de los datos contempló información relevante a las variables involucradas en este estudio, esto mediante el uso de la información recopilada y analizada en SPSS 29.0. Para mantener la confidencialidad de la identidad, no se registraron datos de identificación personal como nombres del paciente, lo cual por parte del estudio se procedió a una codificación por cada muestra analizada y añadida al estudio. Asimismo, la autora de este proyecto conoce la declaración de Helsinki y la presente investigación respeta estas normas.

CAPITULO IV: PRESENTACIÓN Y DISCUSIÓN DE RESULTADOS

4.1 Resultados

4.1.1 Análisis descriptivo de resultados.

Tabla 1. Frecuencia de aislamientos de *Raoultella* spp. según hospital de estudio, 2020–2023.^{a, b}

				Especie bacteriana		Total anual
				<i>Raoultella planticola</i>	<i>Raoultella ornithinolytica</i>	
2020	Hospital	HNGAI	n	5	1	6
		HMA	n	2	0	2
	Total		n			8
			%			13.3%
2021	Hospital	HNGAI	n	1		1
		HMA	n	21		21
	Total		n			22
			%			36.7%
2022	Hospital	HNGAI	n	5	0	5
		HMA	n	6	2	8
	Total		n			13
			%			21.7%
2023	Hospital	HNGAI	n	6	3	9
		HMA	n	8	0	8
	Total		n			17
			%			28.3%
Hospital		HNGAI	n			21
		HMA	n			39
Total		n	54	6	60	
		%	90%	10%	100%	

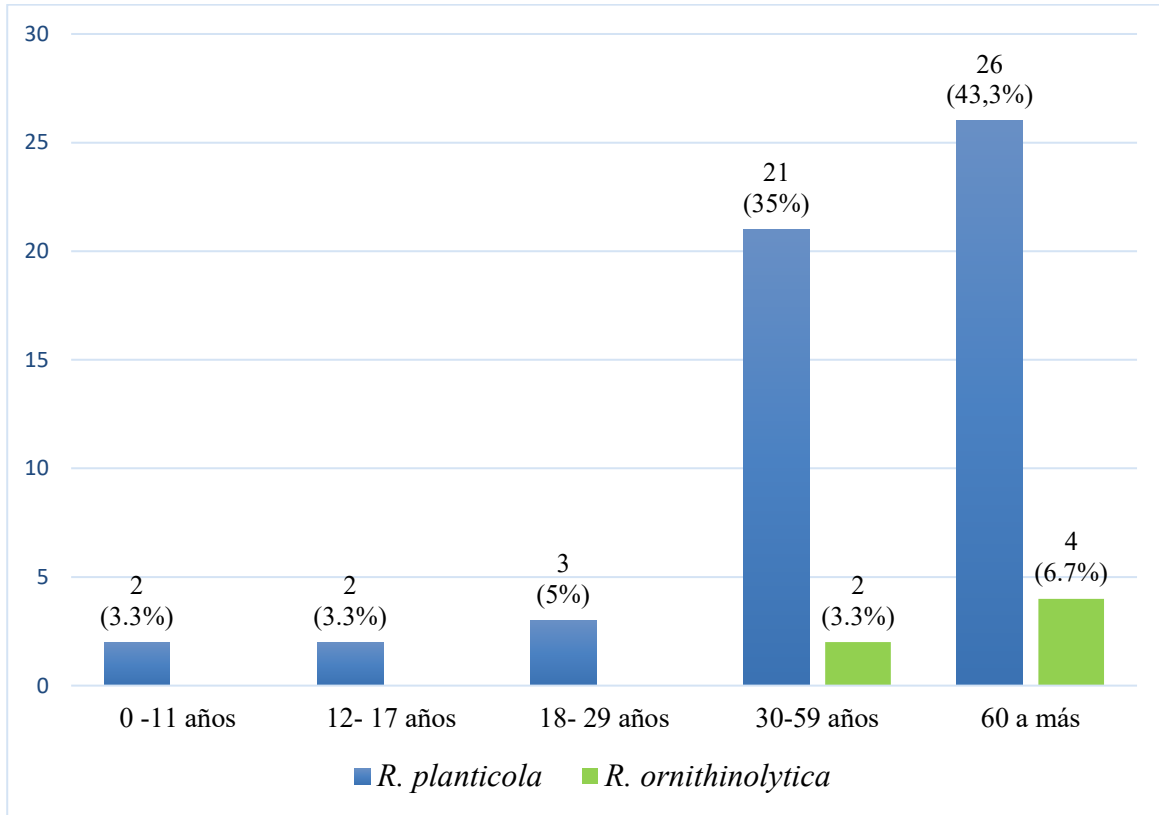
a. HNGAI: Hospital Nacional Guillermo Almenara Irigoyen

b. HMA: Hospital María Auxiliadora

Fuente: Elaboración propia

Se identificaron 60 aislamientos clínicos de *Raoultella* spp durante el periodo de estudio. Se consideraron muestras del 2020 en adelante del Hospital Nacional Guillermo Almenara Irigoyen puesto que no hubo aislamientos en el año de instalación. De estos, 54 aislamientos (90%) correspondieron a *Raoultella planticola* y seis aislamientos (10%) a *Raoultella ornithinolytica*. El mayor número de casos se concentró en el Hospital María Auxiliadora (65%, n=39), siendo los años 2021 (n=22, 36.7%) y 2023 (n=17, 28.3%) los periodos con mayor frecuencia de aislamientos documentados. En cuanto a la distribución bacteriana, *R. planticola* predominó ampliamente en todos los años evaluados, mientras que *R. ornithinolytica* fue identificada en menor proporción, principalmente en 2020 y 2021.

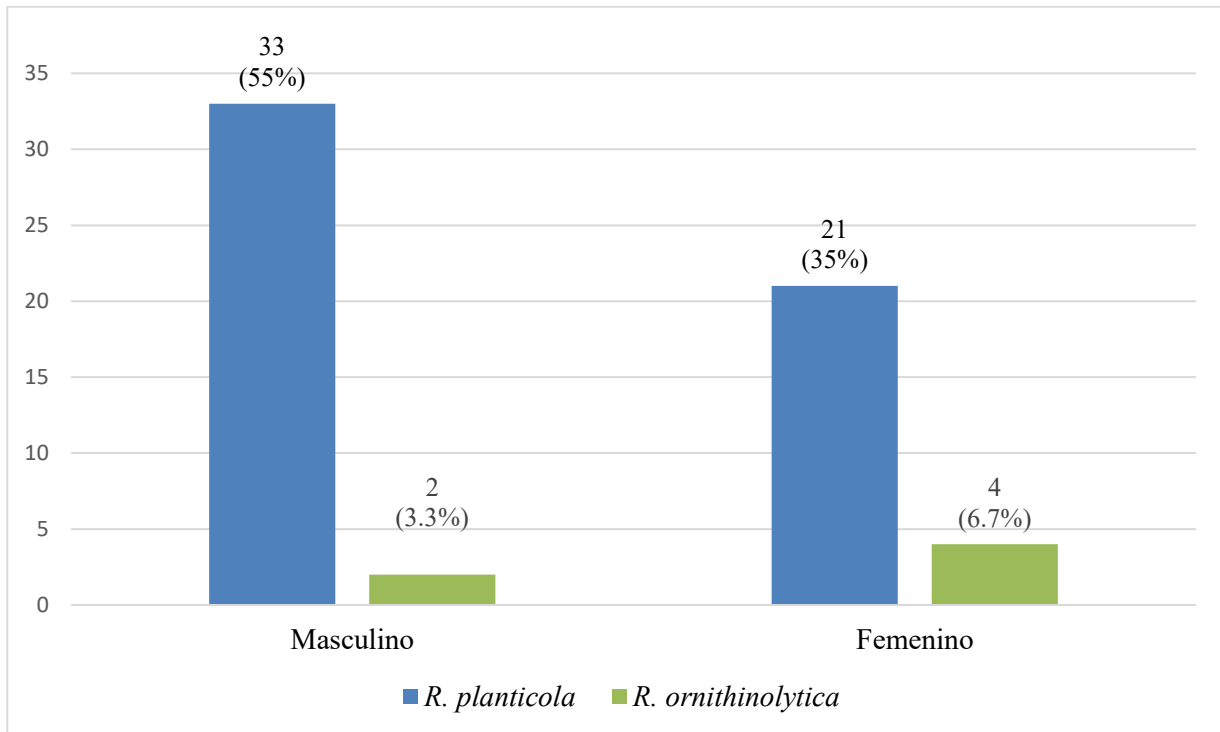
Figura 1. Distribución de aislamientos de *Raoultella* spp. según la edad de los pacientes atendidos en los hospitales del estudio, 2020–2023.



Fuente: Elaboración propia

Según los intervalos de edad establecidos, la mayor frecuencia de registros se observó en el grupo de 60 años a más (n=30, 50%), seguido por el intervalo de 30 a 59 años (n=23,38.3%) y el de 18 a 29 años (n=3, 5%). Los casos menos frecuentes correspondieron al grupo de 0 a 17 años (n=4, 6.6%). Se identificó que *Raoultella planticola* fue la única especie identificada en los intervalos etarios más jóvenes.

Figura 2. Distribución de aislamientos de *Raoultella* spp. según el sexo de los pacientes atendidos en los hospitales del estudio, 2020–2023.



Fuente: Elaboración propia

El sexo masculino representó el 58.3% (n=35) del total de registros, mientras que el sexo femenino correspondió al 41.7% (n=25) del total de registros. En los aislamientos correspondientes a *R. planticola*, predominó el sexo masculino, no obstante, en *R. ornithinolytica* el género femenino fue el doble al opuesto.

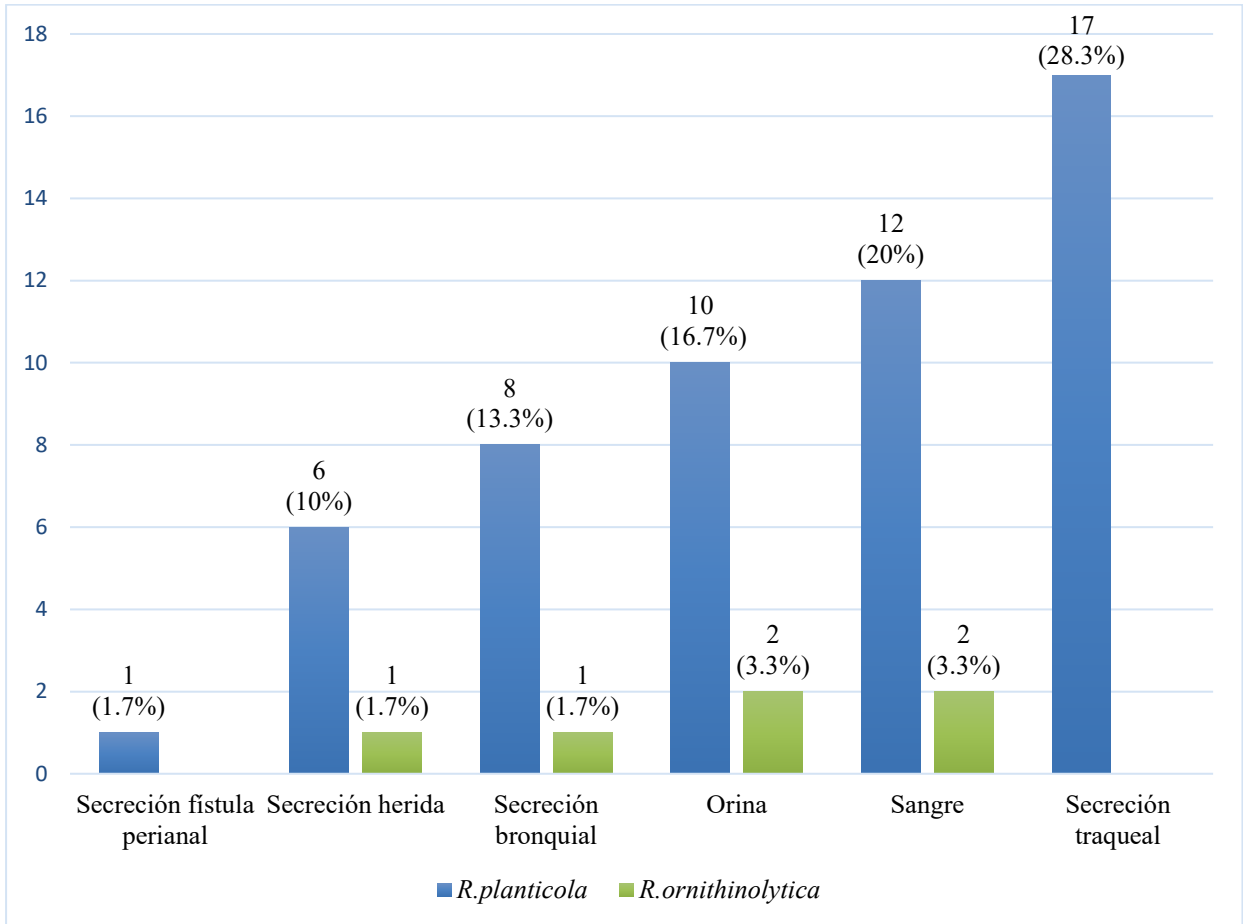
Tabla 2. Distribución de los aislamientos de *Raoultella* spp. según la procedencia de las muestras en los hospitales de estudio, 2020–2023.

			Especie bacteriana		Total
			<i>Raoultella planticola</i>	<i>Raoultella ornithinolytica</i>	
Procedencia de muestra	Hospitalario	n	44	4	48
		%			80%
	Ambulatorio	n	10	2	12
		%			20%
Total		%	90%	10%	100%

Fuente: Elaboración propia

La distribución de los aislamientos según la procedencia de la muestra mostró un predominio del entorno hospitalario, que concentró el 80% de los registros (n=48), en comparación con el 20% provenientes del ámbito ambulatorio (n=12).

Figura 3. Distribución de los aislamientos de *Raoultella* spp. según el tipo de muestras en los hospitales de estudio, 2020–2023.



Fuente: Elaboración propia

Según el tipo de muestra, la mayor proporción de aislamientos se obtuvo a partir de secreciones traqueales (n=17, 28.3%), seguida de muestras de sangre (n=12, 20%), muestras de orina (n=10, 16.7%), secreciones bronquiales (n=9, 15%) y secreciones de herida (n=7, 11.7%). Adicionalmente, se reportó un caso aislado procedente de secreción de fístula perianal (1.7%). No se identificaron aislamientos de *Raoultella ornithinolytica* en muestras de secreción traqueal ni de fístula perianal.

Tabla 3. Susceptibilidad de aislamientos de *Raoultella planticola* en los hospitales de estudio, 2020-2023.

Antibiótico	Especie bacteriana			
	<i>R. planticola</i> (n=54)			
	N° aislamientos	% Sensible	% Intermedio	% Resistente
amikacina	54	100%		
aztreonam	12	100%		
ceftazidima	54	98.1%	1.9%	
ciprofloxacino	54	83.3%	5.6%	11.1%
ceftriaxona	42	95.2%	2.4%	2.4%
cefazolina	42	28.6%	69%	2.4%
ceftazidima avibactam	49	100%		
ertapenem	54	96.3%		3.7%
cefepima	54	100%		
gentamicina	42	97.6%		2.4%
imipenem	52	100%		
meropenem	54	98.1%	1.9%	
ampicilina sulbactam	54	87%	3.7%	9.3%
tigeciclina	33	100%		
piperacilina tazobactam	46	97.8%		2.2%
trimetoprima sulfametoxazol	31	9.7%		90.3%

Fuente: Elaboración propia

Del total de aislamientos de *R. planticola*, la resistencia más significativa se observó a trimetoprima sulfametoxazol, con un porcentaje de resistencia de 90.3% de los 31 aislamientos evaluados para este antibiótico. Por otra parte, ciprofloxacino presentó una resistencia notable del 11.1%, mientras que un 5.6% mostró una respuesta intermedia. Entre los antibióticos comúnmente utilizados como ampicilina/sulbactam se observó un 9.3% de resistencia. Finalmente, los siguientes antibióticos mostraron una menor resistencia: ertapenem (3.7%), ceftriaxona (2.4%), piperacilina tazobactam (2.2%), gentamicina (2.4%) y cefazolina (2.4%).

Tabla 4. Frecuencia de susceptibilidad de aislamientos de *Raoultella ornithinolytica* en los hospitales de estudio, 2020-2023.

Antibiótico	Especie bacteriana			
	<i>R. ornithinolytica</i> (n =6)			
	N° de aislamientos	% Sensible	% Intermedio	% Resistente
amikacina	6	100%		
ceftazidima	6	83.3%		16.7%
ciprofloxacino	6	50%	33.3%	16.7%
cefazolina	3		33.3%	66.7%
ertapenem	6	100%		
cefepima	6	100%		
nitrofurantoína	2	50%	50%	
imipenem	6	100%		
meropenem	6	100%		
ampicilina sulbactam	5	80%		20%
piperacilina tazobactam	4	100%		

Fuente: Elaboración propia

Del total de aislamientos de *R. ornithinolytica*, la resistencia más significativa se observó a cefazolina, con un porcentaje de resistencia de 66.7% de los tres aislamientos que se evaluaron. Por otra parte, ampicilina sulbactam presentó una resistencia notable del 20%, mientras que ceftazidima y ciprofloxacino mostraron una resistencia del 16.7%. Entre estos últimos, ciprofloxacino tuvo además un 33.3% de respuesta intermedia. Entre los antibióticos evaluados, nitrofurantoína no mostró resistencia, pero el 50% de los casos tuvieron una respuesta intermedia. Entre los antibióticos con 0% de resistencia, se encuentran amikacina, ertapenem, nitrofurantoína, cefepima, imipenem, meropenem y piperacilina/tazobactam.

4.1.2. Discusión de resultados

En los últimos años, a nivel mundial se ha registrado un incremento gradual en los estudios sobre *Raoultella* spp., atribuido principalmente a la incorporación de tecnologías automatizadas en los laboratorios clínicos, como los sistemas VITEK 2, que permiten una mejor diferenciación e identificación de este género en comparación con *Klebsiella* spp., tal como sostiene De Alegría Puig *et al.*[34]. Sin embargo, persisten dificultades en el diagnóstico microbiológico, especialmente cuando el personal de laboratorio no dispone de información actualizada sobre su identificación ni sobre su relevancia clínica. Esto puede contribuir a que, en determinados contextos, *Raoultella* spp. continúe siendo interpretada como un contaminante, lo que retrasa su identificación como patógeno emergente. En el marco de esta investigación, se buscó describir el comportamiento microbiológico y el perfil de susceptibilidad de *Raoultella* spp. en dos hospitales de Lima, a partir de datos recabados a través de un sistema automatizado de uso cotidiano.

Se detectaron un total de 60 aislamientos procesados a través del sistema VITEK en ambos hospitales, de los cuales el 90% correspondió a *R. planticola* y el 10% a *R. ornithinolytica*. La mayoría de los aislamientos de *R. planticola* se identificaron en el Hospital María Auxiliadora (65%), mientras que *R. ornithinolytica*, a pesar de su menor frecuencia, se aisló principalmente en el Hospital Guillermo Almenara (35%). Estos resultados son coherentes con estudios regionales como el de Motta *et al.* (2) y con investigaciones internacionales realizadas por Hong *et al.* (16), Alampoondi Venkataramanan *et al.* (15) y Valiatti *et al.* (13), que también identificaron a *R. planticola* como la especie más común en hospitales de referencia.

Investigaciones previas han sugerido que la prevalencia de *Raoultella* spp. podría estar asociada a factores como la inmunosupresión, la hospitalización prolongada o la utilización de

dispositivos médicos invasivos. Sin embargo, este estudio podría presentar sesgos, ya que el acceso limitado a la información clínica no permitió una exploración precisa sobre si los pacientes padecían de inmunosupresión, comorbilidades u otras condiciones predisponentes. Por otra parte, investigaciones realizadas por Chen *et al.* (9) y Wang *et al.* (14) en áreas rurales evidenciaron una mayor frecuencia de *R. ornithinolytica*, lo que podría explicar su menor representación en este estudio. Si bien esta investigación no incluyó muestras de zonas rurales, este hallazgo sugiere la importancia de considerar contextos geográficos diversos en futuros estudios multicéntricos.

La distribución según la edad evidenció una mayor frecuencia de casos en el grupo de 60 años a más, seguido por el grupo de 30 a 59 años. Este patrón se alinea con las observaciones realizadas por Motta *et al.* (2), Martínez Montalvo *et al.* (7), Alampoondi Venkataramanan *et al.* (15) y Hong *et al.* (16), quienes documentaron edades entre 66 y 77 años en pacientes con aislamiento de *Raoultella* spp. De forma similar, Appel *et al.* (12) describió una edad media de 59 años para *R. planticola* y 33 años para *R. ornithinolytica*, cifras que se alinean con los resultados de la presente investigación. Cabe señalar que *R. planticola* también fue detectada en dos neonatos, lo que sugiere su posible capacidad patógena en etapas de vida vulnerables, como sostiene Chen *et al.* (9).

A nivel de género, se observó un predominio del sexo masculino en el total de casos reportados. No obstante, en el caso de *R. ornithinolytica*, se identificó una mayor proporción de aislamientos en mujeres, en coincidencia parcial con el estudio regional realizado en Colombia por Motta *et al.* (2), aunque en dicho estudio el predominio masculino persistió en ambas especies. Alampoondi Venkataramanan *et al.* (15) mostró una diferencia notable al reportar una mayor cantidad de pacientes mujeres, siendo este el único reporte con esta característica. Esto podría explicarse porque todas las muestras analizadas fueron de orina, siendo las infecciones urinarias

más comunes en mujeres. Es importante destacar que, aunque algunos estudios muestran diferencias por género, no hay suficiente evidencia que confirme que el sexo del paciente sea un factor clave en la infección por *Raoultella* spp. Por lo tanto, estas diferencias deben ser consideradas con precaución.

En el presente estudio, el 80% de las muestras analizadas provenían de servicios hospitalarios, hallazgo similar al de Wang *et al.* (14), cuyas proporciones variaron entre 60% y 100%. Esta coincidencia refuerza la asociación de *Raoultella* spp. con entornos intrahospitalarios. El estudio de Seng *et al.* (28), cuyo objetivo principal fue describir las características clínicas y biológicas de las infecciones humanas por *R. ornithinolytica* en cuatro hospitales franceses, asocia este comportamiento a su bajo requerimiento nutricional, lo que le facilita adaptarse rápidamente a ambientes clínicos. La elevada frecuencia observada en este estudio, por tanto, podría reflejar una circulación subestimada de esta bacteria en servicios hospitalarios, especialmente en pacientes con estancias prolongadas o con dispositivos invasivos.

Se encontró que las muestras más frecuentes fueron de sangre (20%), traqueal (28.3%) y orina (16.7%), evidenciando la diversidad de sitios clínicos asociados a *Raoultella* spp. Al analizar por especie, *R. planticola* predominó en muestras traqueales y orina, mientras que *R. ornithinolytica* se aisló principalmente en orina y sangre. Estos hallazgos fueron similares a los presentados por Sekowska *et al.* (44), donde *R. planticola* predominó en muestras del tracto respiratorio inferior (26.9%), orina (19.2%) y úlcera (11.5%), y *R. ornithinolytica* en heridas (24.1%) y orina (18.9%). La investigación de Appel *et al.* (12) incluyó aislamientos de *R. planticola* en zonas menos frecuentes, como hisopado conjuntival o fluido peritoneal (en casos de conjuntivitis y peritonitis). No se pudo confirmar si estos aislamientos correspondieron a infección

activa o colonización; sin embargo, los hallazgos respaldan su potencial de afectar múltiples sistemas, especialmente en pacientes hospitalizados y críticos.

La capacidad de *Raoultella* spp. para adquirir plásmidos de resistencia, facilitada por su cercanía genética con *Klebsiella* spp., ha sido documentada por Valiatti *et al.* (13) y Wang *et al.* (14). Este potencial adquiere mayor relevancia en entornos hospitalarios con alta presión antibiótica. En este estudio, realizado en dos hospitales públicos, la mayoría de los aislamientos provinieron de pacientes hospitalizados y de secreciones respiratorias, lo que plantea la posibilidad de una circulación poco documentada en áreas hospitalarias de alto riesgo.

Los resultados de las pruebas de sensibilidad se interpretaron según los lineamientos del manual vigente en el año 2025, no observándose cambios en la interpretación de los resultados de sensibilidad, ya que fueron similares. Esto garantiza que las observaciones en este estudio son válidas bajo los criterios actuales, un aspecto crucial para la orientación clínica.

A pesar de que en el presente estudio no se registraron aislamientos confirmados como productores de BLEE en los hospitales participantes, se identificó un aislamiento resistente a ceftazidima y ceftriaxona, y dos cepas resistentes a solo uno de estos antibióticos (ceftazidima y ceftriaxona). Si bien estos perfiles no incluían pruebas para cefotaxima, ni se contaba con testeo de cefoxitina en la base de datos, estos hallazgos, según los parámetros de la prueba de cribado de BLEE de CLSI, podrían sugerir la presencia de mecanismos relacionados con BLEE, aunque sin confirmación fenotípica o molecular. La ausencia de estas pruebas limitó una interpretación más certera del patrón observado, lo cual representa una debilidad en el análisis microbiológico de dichos casos.

La investigación de Motta *et al.* (2) en Colombia (2020), reportó un patrón de sensibilidad semejante para *R. planticola*, con altas tasas de sensibilidad a cefalosporinas de tercera y cuarta generación como cefepima (100% en ambos estudios), ceftazidima (100% en Motta *et al.* vs. 98.1% en este estudio) y ceftriaxona (97.4% en Motta *et al.* vs. 95.2% en este estudio). No obstante, se observaron diferencias notables en los porcentajes de sensibilidad a cefazolina (100% en Motta *et al.* vs. 28.6% en este estudio) y ertapenem (97.4 % en Motta *et al.* vs. 96.3% en este estudio) en comparación con el presente estudio. Las tasas de resistencia a ampicilina/sulbactam (10.5% vs. 9.3%) y ciprofloxacino (10% vs. 11.1%) fueron similares entre ambos. esta concordancia parcial podría reflejar un perfil regional compartido de susceptibilidad antimicrobiana, lo que justifica el seguimiento constante ante posibles variaciones en la expresión de mecanismos de resistencia.

Por otro lado, el estudio de Demiray *et al.* (1), que recopiló casos clínicos de *R. planticola* reportados en diversos países, notificó la presencia de cepas productoras de BLEE y también de carbapenemasas tipo KPC. En términos de sensibilidad, mostró porcentajes considerablemente más bajos para ceftazidima (40.5% en Demiray *et al.* vs. 98.1% en este estudio), ciprofloxacino (35.7% en Demiray *et al.* vs. 83.3% en este estudio) y amikacina (52.4% en Demiray *et al.* vs. 100% en este estudio), así como mayores tasas de resistencia a ampicilina/sulbactam (80% en Demiray *et al.* vs. 9.3% en este estudio) y piperacilina/tazobactam (57.1% en Demiray *et al.* vs. 2.2% en este estudio). Un hallazgo importante fue el alto porcentaje de resistencia a trimetoprima sulfametoxazol en ambos estudios (76.2% en Demiray *et al.* vs 90.3% en este estudio). En ambos estudios, los tipos de muestras no fueron muy diferentes, y la cantidad de aislamientos de *R. planticola* en orina fueron casi igual (11 aislamientos en Demiray *et al.* vs. 10 aislamientos en este estudio), sin embargo, la resistencia a este antibiótico de amplio espectro fue alta en ambas investigaciones. Aunque la naturaleza del estudio y su contexto geográfico difieren del presente

trabajo, sus resultados permiten visibilizar la variabilidad de perfiles fenotípicos que puede presentar esta especie, especialmente en entornos donde se han documentado mecanismos de resistencia clínicamente relevantes. Estas diferencias también ponen en relieve el valor potencial de aquellos antimicrobianos que, en este estudio, mostraron una mayor proporción de sensibilidad, (imipenem, tigeciclina, aztreonam, cefepima, etc) siempre que su uso se base en una interpretación cuidadosa del antibiograma y en una evaluación clínica integral.

Por otro lado, *R. ornithinolytica* ha sido la especie menos abordada en investigaciones originales que profundicen en su perfil de sensibilidad antimicrobiana. El estudio de Wang *et al.* (14), previamente citado, analizó 1380 muestras de origen rural con aislamiento de esta especie, pero no detalló los perfiles de sensibilidad, limitándose a reportar una cepa extremadamente resistente (XDR) y cuatro con patrón multidrogoresistente (MDR). Villacís *et al.* (11), en su investigación en Ecuador, se ha centrado en el análisis filogenético, reportó 69.2% de resistencia a ampicilina/sulbactam y piperacilina/tazobactam, así como siete cepas resistentes a ertapenem y dos a imipenem. Por su parte, Chun *et al.* [73] evaluó 16 aislamientos en una base de datos hospitalaria en Corea de un periodo de diez años; a diferencia de los anteriores, este estudio comparte similitudes metodológicas con nuestra investigación, En cuanto a los antimicrobianos evaluados, se observaron patrones similares de sensibilidad para amikacina (100% en ambos estudios), piperacilina/tazobactam (100% en ambos estudios), meropenem (100% en ambos estudios), imipenem (100% en ambos estudios), ceftazidima (93% en Chun *et al.* vs. 83.3% en este estudio), cefepima (94% en Chun *et al.* vs. 100% en este estudio), lo cual, pese a las diferencias geográficas, sugiere una tendencia fenotípica conservada. No obstante, se identificó una discrepancia en la sensibilidad a cefazolina: 14% de resistencia en el estudio de Chun *et al.* (71) frente a 66.7% de resistencia en el presente análisis. Finalmente, el estudio de Motta *et al.* (2),

también realizado en un contexto regional cercano, evidenció altos porcentajes de sensibilidad frente a carbapenémicos, así como a ampicilina/sulbactam (65.7% en Motta *et al.* vs 80% en este estudio) y cefepima (100% en ambos estudios). Sin embargo, se registró una menor susceptibilidad a ciprofloxacino (86.7% en Motta *et al.* vs. 16.7% en el presente estudio). En cuanto a cefazolina, ambos estudios coincidieron en un patrón de resistencia importante (50% en Motta *et al.* y 66.7% en este estudio).

R. ornithinolytica fue la especie con menor número de aislamientos en este estudio, lo que coincide con su limitada representación en la literatura científica hospitalaria. No obstante, tanto los hallazgos de Chun *et al.* (71), como los de Motta *et al.* (2), junto con los resultados del presente análisis, evidencian un patrón de sensibilidad antimicrobiana similar, especialmente frente a los carbapenémicos. Si bien existen reportes previos que describen la presencia del gen *bla_{OXA-48}* en cepas de *R. ornithinolytica*, en el presente estudio no se ha identificado. Esta especie mostró, en general, un patrón de mayor sensibilidad en comparación con *R. planticola*, lo cual podría estar relacionado con la mayor diversidad de muestras clínicas desde donde fue aislada esta última.

Si bien los estudios referenciados presentaron resultados similares con esta investigación y compartieron ciertos aspectos metodológicos, es necesario considerar que la variabilidad en los contextos clínicos, la posible exposición previa a antimicrobianos y las diferencias en los protocolos de laboratorio entre hospitales podrían haber influido en los porcentajes observados. Sin embargo, el presente estudio no cuenta con la información necesaria para confirmar estas posibles influencias debido a sus limitaciones.

CAPITULO V: CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

5.1. Conclusiones

- Primero, *Raoultella planticola* fue la especie predominante (90%), seguida de *Raoultella ornithinolytica*, entre los 60 aislamientos clínicos analizados entre 2020 y 2023, identificada con mayor frecuencia en pacientes de sexo masculino y en los extremos de edad.
- Segundo, el 80% de las muestras fueron procedentes de servicios de hospitalización, destacando como los más frecuentes traqueal, sangre y orina.
- Tercero, aunque la mayoría de las cepas fueron sensibles a los antibióticos evaluados, en las especies de *Raoultella* se observaron altos niveles de resistencia a antibióticos como trimetoprima/sulfametoxazol (90.3%), ampicilina sulbactam (20%) y ciprofloxacino (mayor a 11.1 %) y cefazolina (mayor a 66.7%).

5.2. Recomendaciones

1. **Se recomienda ampliar el tamaño muestral** a más centros hospitalarios de Lima y de otras regiones, incluyendo casos ambulatorios, lo cual permitiría una caracterización más representativa de la distribución de *Raoultella* spp. en contextos no hospitalarios y una mejor comprensión de las tendencias de resistencia a nivel nacional.
2. **Se sugiere diseñar estudios específicos** que se centren en poblaciones vulnerables, como recién nacidos y adultos mayores, con el fin de evaluar la asociación entre la edad y el comportamiento oportunista de *Raoultella* spp., así como posibles factores predisponentes clínicos o inmunológicos, ya que estas poblaciones fueron identificadas con una mayor frecuencia de aislamientos.
3. **Se recomienda explorar los mecanismos moleculares de resistencia**, especialmente frente a trimetoprima/sulfametoxazol, ampicilina/sulbactam, ciprofloxacino y cefazolina. Dada la alta resistencia fenotípica a estos antibióticos de amplio espectro, es fundamental ir más allá del análisis fenotípico y utilizar pruebas genotípicas para comprender si la resistencia en estas cepas es intrínseca o adquirida, lo que permitirá optimizar los esquemas terapéuticos en el ámbito hospitalario.

4. REFERENCIAS

1. Demiray T, Koroglu M, Ozbek A, Altindis M. A rare cause of infection, *Raoultella planticola*: emerging threat and new reservoir for carbapenem resistance. *Infection* 2016; 44:713–7. <https://doi.org/10.1007/s15010-016-0900-4>.
2. Motta JC, Ucros E, Rey MR, Gómez PD, Sánchez M. Características clínicas y microbiológicas de pacientes con aislamiento por *Raoultella* spp. en Bogotá, Colombia. *Med Clínica* 2022; 158:20–3. <https://doi.org/10.1016/j.medcli.2020.10.024>.
3. OECD. Stemming the Superbug Tide: Just A Few Dollars More. OECD; 2018. <https://doi.org/10.1787/9789264307599-en>.
4. Drancourt M, Bollet C, Carta A, Rousselier P. Phylogenetic analyses of *Klebsiella* species delineate *Klebsiella* and *Raoultella* gen. nov., with description of *Raoultella ornithinolytica* comb. nov., *Raoultella terrigena* comb. nov. and *Raoultella planticola* comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol* 2001; 51:925–32. <https://doi.org/10.1099/00207713-51-3-925>.
5. Chen X, Zhou X, Cao J, Ma K, Xia Z. A case report of community-acquired *Raoultella ornithinolytica* infection in a healthy, young individual. *BMC Infect Dis* 2021; 21:1095. <https://doi.org/10.1186/s12879-021-06799-w>.
6. Gibbon MJ, Couto N, David S, Barden R, Standerwick R, Jagadeesan K, et al. A high prevalence of blaOXA-48 in *Klebsiella* (*Raoultella*) *ornithinolytica* and related species in hospital wastewater in South West England. *Microb Genomics* 2021;7. <https://doi.org/10.1099/mgen.0.000509>.
7. Martínez Montalvo CM, Rojas Kozhakin DV, Villamil Forero MA, Rodríguez Giraldo M, Montenegro Vargas JG, Cabal N, et al. Neumonía por *Raoultella planticola* en paciente con

COVID-19 crítico. Acta Médica Peru 2022; 39:79–83.
<https://doi.org/10.35663/amp.2022.391.2200>.

8. Park JS, Hong KH, Lee HJ, Choi SH, Song SH, Song K-H, et al. Evaluation of three phenotypic identification systems for clinical isolates of *Raoultella ornithinolytica*. J Med Microbiol 2011; 60:492–9. <https://doi.org/10.1099/jmm.0.020768-0>.
9. Chen X, Guo S, Liu D, Zhong M. Neonatal septicemia caused by a rare pathogen: *Raoultella planticola* - a report of four cases. BMC Infect Dis 2020; 20:676. <https://doi.org/10.1186/s12879-020-05409-5>.
10. Cortés-Ortíz IA, Mendieta-Condado E, Escobar-Escamilla N, Juárez-Gómez JC, Garcés-Ayala F, Rodríguez AA, et al. Multidrug-resistant *Raoultella ornithinolytica* misidentified as *Klebsiella oxytoca* carrying blaOXA β -lactamases: antimicrobial profile and genomic characterization. Arch Microbiol 2021; 203:5755–61. <https://doi.org/10.1007/s00203-021-02515-z>.
11. Villacís JE, Castelán-Sánchez HG, Rojas-Vargas J, Rodríguez-Cruz UE, Albán V, Reyes JA, et al. Emergence of *Raoultella ornithinolytica* in human infections from different hospitals in Ecuador with OXA-48-producing resistance. Front Microbiol 2023;14. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1216008>.
12. Appel TM, Quijano-Martínez N, De La Cadena E, Mojica MF, Villegas MV. Microbiological and Clinical Aspects of *Raoultella* spp. Front Public Health 2021; 9:686789. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2021.686789>.
13. Rondon C, Garcia C, Krapp F, Machaca I, Olivera M, Fernández V, et al. Antibiotic point prevalence survey and antimicrobial resistance in hospitalized patients across Peruvian

- reference hospitals. *J Infect Public Health* 2023; 16:52–60.
<https://doi.org/10.1016/j.jiph.2023.10.030>.
14. Krapp F, Cuicapuza D, Salvatierra G, Buteau JP, Amaro C, Astocondor L, et al. Emerging carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* in a tertiary care hospital in Lima, Peru. *Microbiol Spectr* 2025;13: e01825-24. <https://doi.org/10.1128/spectrum.01825-24>.
 15. Valiatti TB, Santos FF, Nunes PHS, Streling AP, Veiga R, Cayô R, et al. Decreased susceptibility to imipenem and ceftazidime in early virulent *Raoultella* spp. strains retrieved from human intestinal infections. *Braz J Microbiol* 2022; 53:785–9. <https://doi.org/10.1007/s42770-022-00699-0>.
 16. Wang S, Xu L, Chi X, Li Y, Kou Z, Hou P, et al. Emergence of NDM-1- and CTX-M-3-Producing *Raoultella ornithinolytica* in Human Gut Microbiota. *Front Microbiol* 2019; 10:2678. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02678>.
 17. Alampoondi Venkataramanan SV, George L, Sahu KK, Abraham GM. A 5-Year Retrospective Analysis of *Raoultella planticola* Bacteriuria. *Infect Drug Resist* 2021; 14:1989–2001. <https://doi.org/10.2147/IDR.S306632>.
 18. Hong K-W, Cheon Y-H, Moon K, Hong SI, Ryu B-H, Cho O-H, et al. Comparison of the clinical characteristics and outcomes of bloodstream infections caused by *Raoultella* species and *Klebsiella pneumoniae*. *Infect Dis* 2020; 52:489–97. <https://doi.org/10.1080/23744235.2020.1758764>.
 19. Pi D, Zhou F, Bai K, Liu C, Xu F, Li J. *Raoultella ornithinolytica* Infection in the Pediatric Population: A Retrospective Study. *Front Pediatr* 2020;8. <https://doi.org/10.3389/fped.2020.00362>.

20. Bagley ST, Seidler RJ, Brenner DJ. *Klebsiella planticola* sp. nov.: A new species of enterobacteriaceae found primarily in nonclinical environments. *Curr Microbiol* 1981; 6:105–9. <https://doi.org/10.1007/BF01569013>.
21. Izard D, Ferragut C, Gavini F, Kersters K, De Ley J, Leclerc H. *Klebsiella terrigena*, a New Species from Soil and Water. *Int J Syst Bacteriol* 1981; 31:116–27. <https://doi.org/10.1099/00207713-31-2-116>.
22. Farmer JJ, Davis BR, Hickman-Brenner FW, McWhorter A, Huntley-Carter GP, Asbury MA, et al. Biochemical identification of new species and biogroups of Enterobacteriaceae isolated from clinical specimens. *J Clin Microbiol* 1985; 21:46–76. <https://doi.org/10.1128/jcm.21.1.46-76.1985>.
23. Sakazaki R, Tamura K, Kosako Y, Yoshizaki E. *Klebsiella ornithinolytica* sp. nov., formerly known as ornithine-positive *Klebsiella oxytoca*. *Curr Microbiol* 1989; 18:201–6. <https://doi.org/10.1007/BF01570291>.
24. Monnet D, Freney J, Brun Y, Boeufgras JM, Fleurette J. Difficulties in identifying *Klebsiella* strains of clinical origin. *Zentralblatt Bakteriologie Int J Med Microbiol* 1991; 274:456–64. [https://doi.org/10.1016/s0934-8840\(11\)80081-2](https://doi.org/10.1016/s0934-8840(11)80081-2).
25. Vassallo J, Vella M, Cassar R, Caruana P. Four cases of *Raoultella planticola* conjunctivitis. *Eye* 2016; 30:632–4. <https://doi.org/10.1038/eye.2015.260>.
26. Sękowska A. The many faces of *Raoultella* spp: Różne oblicza *Raoultella* spp. *Adv Hyg Exp Med Postepy Hig Med Doswiadczalnej* 2019; 73:713–20. <https://doi.org/10.5604/01.3001.0013.6377>.

27. Westbrook GL, O'Hara CM, Roman SB, Miller JM. Incidence and Identification of *Klebsiella planticola* in Clinical Isolates with Emphasis on Newborns. *J Clin Microbiol* 2000; 38:1495–7. <https://doi.org/10.1128/jcm.38.4.1495-1497.2000>.
28. Monnet D, Freney J. Method for differentiating *Klebsiella planticola* and *Klebsiella terrigena* from other *Klebsiella* species. *J Clin Microbiol* 1994; 32:1121–2. <https://doi.org/10.1128/jcm.32.4.1121-1122.1994>.
29. Kanki M, Yoda T, Tsukamoto T, Shibata T. *Klebsiella pneumoniae* produces no histamine: *Raoultella planticola* and *Raoultella ornithinolytica* strains are histamine producers. *Appl Environ Microbiol* 2002; 68:3462–6. <https://doi.org/10.1128/AEM.68.7.3462-3466.2002>.
30. Seng P, Boushab BM, Romain F, Gouriet F, Bruder N, Martin C, et al. Emerging role of *Raoultella ornithinolytica* in human infections: a series of cases and review of the literature. *Int J Infect Dis* 2016; 45:65–71. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2016.02.014>.
31. Crowley E, Bird P, Fisher K, Goetz K, Boyle M, Benzinger, Jr MJ, et al. Evaluation of the VITEK 2 Gram-Negative (GN) Microbial Identification Test Card: Collaborative Study. *J AOAC Int* 2012; 95:778–85. https://doi.org/10.5740/jaoacint.CS2011_17.
32. Tarjeta de Identificación VITEK®2 GN. BioMérieux Esp n.d. <https://www.biomerieux.es/diagnostico-clinico/productos/tarjeta-de-identificacion-vitekr2-gn> (accessed December 8, 2023).
33. Sekowska A, Mikucka A, Gospodarek-Komkowska E. Identification of *Raoultella* spp.: Comparison of three methods. *Indian J Med Microbiol* 2018; 36:197–200. https://doi.org/10.4103/ijmm.IJMM_17_99.
34. de Alegría Puig CR, Torres MF, Marfil-Pérez E, Fernández MIR, Del Río MC, Balbín JA, et al. Comparison between Vitek MS, Bruker Biotyper, Vitek2, and API20E for differentiation

- of species of the genus *Raoultella*. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis Off Publ Eur Soc Clin Microbiol* 2019; 38:467–70. <https://doi.org/10.1007/s10096-018-03444-4>.
35. Bou G, Fernández-Olmos A, García C, Sáez-Nieto JA, Valdezate S. Métodos de identificación bacteriana en el laboratorio de microbiología. *Enfermedades Infecc Microbiol Clínica* 2011; 29:601–8. <https://doi.org/10.1016/j.eimc.2011.03.012>.
 36. Ponce-Alonso M, Rodríguez-Rojas L, Del Campo R, Cantón R, Morosini M-I. Comparison of different methods for identification of species of the genus *Raoultella*: report of 11 cases of *Raoultella* causing bacteraemia and literature review. *Clin Microbiol Infect Off Publ Eur Soc Clin Microbiol Infect Dis* 2016; 22:252–7. <https://doi.org/10.1016/j.cmi.2015.10.035>.
 37. Walckenaer E, Leflon-Guibout V, Nicolas-Chanoine M-H. How to identify *Raoultella* spp. including *R. ornithinolytica* isolates negative for ornithine decarboxylase? The reliability of the chromosomal *bla* gene. *J Microbiol Methods* 2008; 75:405–10. <https://doi.org/10.1016/j.mimet.2008.07.011>.
 38. Hajjar R, Ambaraghassi G, Sebahang H, Schwenter F, Su S-H. *Raoultella ornithinolytica*: Emergence and Resistance. *Infect Drug Resist* 2020; 13:1091–104. <https://doi.org/10.2147/IDR.S191387>.
 39. Lam PW, Salit IE. *Raoultella planticola* bacteremia following consumption of seafood. *Can J Infect Dis Med Microbiol* 2014;25: e83–4. <https://doi.org/10.1155/2014/439598>.
 40. Puerta-Fernandez S, Miralles-Linares F, Sanchez-Simonet MV, Bernal-Lopez MR, Gomez-Huelgas R. *Raoultella planticola* bacteraemia secondary to gastroenteritis. *Clin Microbiol Infect* 2013;19: E236–7. <https://doi.org/10.1111/1469-0691.12102>.
 41. Soriano-Moreno DR, Yareta J, Rojas-Cosi AF, Fajardo-Loyola A, León-Luna D, Castillo-Quezada I, et al. Efluentes hospitalarios como reservorio de enterobacterias productoras de

- betalactamasas y carbapenemasas. *Rev Peru Med Exp Salud Pública* 2021:302–7.
<https://doi.org/10.17843/rpmesp.2021.382.6202>.
42. Martínez Solís FE. Gestión de residuos sólidos y tratamiento de aguas residuales en dos hospitales de la Región Callao, año 2020. Universidad César Vallejo, 2020.
43. Li Y, Qiu Y, Gao Y, Chen W, Li C, Dai X, et al. Genetic and virulence characteristics of a *Raoultella planticola* isolate resistant to carbapenem and tigecycline. *Sci Rep* 2022; 12:3858.
<https://doi.org/10.1038/s41598-022-07778-0>.
44. Hooban B, Fitzhenry K, O'Connor L, Miliotis G, Joyce A, Chueiri A, et al. A Longitudinal Survey of Antibiotic-Resistant Enterobacterales in the Irish Environment, 2019–2020. *Sci Total Environ* 2022; 828:154488. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2022.154488>.
45. Woksepp H, Karlsson K, Börjesson S, Karlsson Lindsjö O, Söderlund R, Bonnedahl J. Dissemination of carbapenemase-producing Enterobacterales through wastewater and gulls at a wastewater treatment plant in Sweden. *Sci Total Environ* 2023; 886:163997.
<https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2023.163997>.
46. Sêkowska A, Bogiel T, Woźniak M, Gospodarek-Komkowska E. *Raoultella* spp. – reliable identification, susceptibility to antimicrobials and antibiotic resistance mechanisms. *J Med Microbiol* 2020; 69:233–8. <https://doi.org/10.1099/jmm.0.001150>.
47. Hajian Z, Ghasemi MF, Alikhani FE. The study of stress conditions on growth and proteome of *Raoultella planticola*: a new emerging pathogen. *Arch Microbiol* 2021; 203:3269–78.
<https://doi.org/10.1007/s00203-021-02312-8>.
48. Castillo-Macías A, Flores-Aréchiga A, Llaca-Díaz J, Pérez-Chávez F, Casillas-Vega N. [Microbiology of genus *Raoultella*, clinical features and difficulties in its diagnosis]. *Rev Medica Inst Mex Seguro Soc* 2019; 56:486–90.

49. Zou H, Berglund B, Xu H, Chi X, Zhao Q, Zhou Z, et al. Genetic characterization and virulence of a carbapenem-resistant *Raoultella ornithinolytica* isolated from well water carrying a novel megaplasmid containing blaNDM-1. *Environ Pollut Barking Essex* 1987 2020; 260:114041. <https://doi.org/10.1016/j.envpol.2020.114041>.
50. Podschun R, Fischer A, Ullman U. Expression of putative virulence factors by clinical isolates of *Klebsiella planticola*. *J Med Microbiol* 2000; 49:115–9. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-49-2-115>.
51. Djeribi R, Bouchloukh W, Jouenne T, Mena B. Characterization of bacterial biofilms formed on urinary catheters. *Am J Infect Control* 2012; 40:854–9. <https://doi.org/10.1016/j.ajic.2011.10.009>.
52. Blihar D, Phuu P, Kotelnikova S, Johnson E. Bacteremic cholangitis due to *Raoultella planticola* complicating intrahepatic bile duct stricture 5 years post-laparoscopic cholecystectomy: a case report. *J Med Case Reports* 2021; 15:152. <https://doi.org/10.1186/s13256-021-02762-0>.
53. Avcioglu NH, Sahal G, Bilkay IS. Antibiofilm effects of *Citrus limonum* and *Zingiber officinale* Oils on BIOFILM FORMATION of *Klebsiella ornithinolytica*, *Klebsiella oxytoca* and *Klebsiella terrigena* SPECIES. *Afr J Tradit Complement Altern Med AJTCAM* 2016; 13:61–7. <https://doi.org/10.21010/ajtcam.v13i6.10>.
54. Murray PR, Rosenthal KS, Pfaller MA. Mecanismos de Patogenicidad Bacteriana. *Microbiol. Médica* 9ª Ed. 9ª ed, Barcelona: Elsevier; 2021, p. 142–51.
55. Murray PR, Rosenthal KS, Pfaller MA. Enterobacteriaceae. *Microbiol. Médica* 9ª Ed. 9ª ed, Barcelona: Elsevier; 2021, p. 257–70.

56. Murray PR, Rosenthal KS, Pfaller MA. Clasificación, estructura y replicación de las bacterias. *Microbiol. Médica* 9ª Ed. 9ª ed, Barcelona: Elsevier; 2021, p. 114–26.
57. Stock I, Wiedemann B. Natural antibiotic susceptibility of *Klebsiella pneumoniae*, *K. oxytoca*, *K. planticola*, *K. ornithinolytica* and *K. terrigena* strains. *J Med Microbiol* 2001; 50:396–406. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-50-5-396>.
58. Castanheira M, Deshpande LM, DiPersio JR, Kang J, Weinstein MP, Jones RN. First Descriptions of blaKPC in *Raoultella* spp. (*R. planticola* and *R. ornithinolytica*): Report from the SENTRY Antimicrobial Surveillance Program. *J Clin Microbiol* 2009; 47:4129–30. <https://doi.org/10.1128/JCM.01502-09>.
59. Khajuria A, Praharaj AK, Grover N, Kumar M. First Report of blaNDM-1 in *Raoultella ornithinolytica*. *Antimicrob Agents Chemother* 2013; 57:1092–3. <https://doi.org/10.1128/AAC.02147-12>.
60. Tseng S-P, Wang J-T, Liang C-Y, Lee P-S, Chen Y-C, Lu P-L. First Report of blaIMP-8 in *Raoultella planticola*. *Antimicrob Agents Chemother* 2014; 58:593–5. <https://doi.org/10.1128/AAC.00231-13>.
61. Sękowska A. *Raoultella* spp. -clinical significance, infections and susceptibility to antibiotics. *Folia Microbiol (Praha)* 2017; 62:221–7. <https://doi.org/10.1007/s12223-016-0490-7>.
62. CLSI. Appendix B. Intrinsic Resistance. CLSI M100 ED35:2023 Performance Standards for Antimicrobial Susceptibility Testing, 33rd Edition n.d. <http://em100.edaptivedocs.net/PubSearch.aspx?scope=CLSI%20M100%20ED33%3A2023&text=Raoultella> (accessed November 10, 2023).

63. Aldeia C, Campos-Madueno EI, Sendi P, Endimiani A. Complete Genome Sequence of the First Colistin-Resistant *Raoultella electrica* Strain. *Microbiol Resour Announc* 2023;12:e0004723. <https://doi.org/10.1128/mra.00047-23>.
64. Ismail K, Abdeen Y. A Rare Case of Joint Infection due to *Raoultella planticola*. *Surg J N Y N* 2020;6: e185–7. <https://doi.org/10.1055/s-0040-1716683>.
65. Hernández Sampieri, R., Fernández Collado, C., Baptista Lucio, P. Metodología de la investigación. 6a. ed. México D.F.: McGraw-Hill Interamericana Editores S.A. de C.V.; 2014.
66. ASALE R-, RAE. edad | Diccionario de la lengua española. «Diccionario Leng Esp - Ed Tricentenario n.d. <https://dle.rae.es/edad> (accessed February 19, 2024).
67. ASALE R-, RAE. género | Diccionario de la lengua española. «Diccionario Leng Esp - Ed Tricentenario n.d. <https://dle.rae.es/género> (accessed February 19, 2024).
68. Laboratory Quality Stepwise Implementation tool n.d. <https://extranet.who.int/lqsi/es/content/elaborar-una-hoja-de-petici%C3%B3n-para-pruebas-anal%C3%ADticas> (accessed February 19, 2024).
69. Gobernado M, López-Hontangas JL. Identificación bacteriana. *Enfermedades Infecc Microbiol Clínica* 2003; 21:54–60.
70. Sistema de gestión de la calidad en el laboratorio: manual n.d. <https://www.who.int/es/publications/i/item/9789241548274> (accessed February 19, 2024).
71. Pruebas de sensibilidad o antibiogramas - Enfermedades infecciosas. Man MSD Versión Para Prof n.d. <https://www.msmanuals.com/es/professional/enfermedades-infecciosas/diagn%C3%B3stico-de-laboratorio-de-las-enfermedades-infecciosas/pruebas-de-sensibilidad-o-antibiogramas> (accessed February 19, 2024).

72. Reyes JA, Villavicencio F, Villacís JE, Pavón E, Campoverde N, Espinel M, et al. First report of a clinical isolate of blaOXA-48- carbapenemase producing *Raoultella ornithinolytica* in South America. *Rev Argent Microbiol* 2020; 52:82–3. <https://doi.org/10.1016/j.ram.2019.02.002>.
73. Chun S, Yun JW, Huh HJ, Lee NY. Clinical characteristics of *Raoultella ornithinolytica* bacteremia. *Infection* 2015; 43:59–64. <https://doi.org/10.1007/s15010-014-0696-z>.

ANEXOS

ANEXO 1. Matriz de consistencia: “Perfil de resistencia antimicrobiana de *Raoultella* spp. en aislamientos clínicos y características demográficas de pacientes de dos Hospitales de Lima, 2019 - 2023.”

FORMULACIÓN DEL PROBLEMA	OBJETIVOS	VARIABLES	DISEÑO METODOLÓGICO
<p>Problema general ¿Cuál es el perfil de resistencia antimicrobiana de <i>Raoultella</i> spp y sus características demográficas en aislamientos de pacientes atendidos en dos hospitales de Lima, 2019 - 2023?</p> <p>Problemas específicos Cuál es el perfil de resistencia antimicrobiano de <i>Raoultella</i> spp. aislado de pacientes atendidos en dos hospitales de Lima, 2019- 2023? - Cuáles son las características demográficas de los pacientes con aislamiento de <i>Raoultella</i> spp. atendidos en dos hospitales Lima, 2019- 2023?</p>	<p>Objetivo general Determinar el perfil de resistencia antimicrobiana de <i>Raoultella</i> spp y sus características demográficas en aislamientos de pacientes atendidos en dos hospitales de Lima, 2019 - 2023</p> <p>Objetivos específicos Establecer el perfil de resistencia antimicrobiano de <i>Raoultella</i> spp. aislado de pacientes atendidos en dos hospitales de Lima, 2019- 2023. - Analizar las características demográficas de los pacientes con aislamiento de <i>Raoultella</i> spp. atendidos en dos hospitales Lima, 2019- 2023.</p>	<p>-Demográficos -Microbiológicos</p>	<p>Método de investigación Descriptiva, ya que recogerá la información de las características importantes de las variables que analizará el estudio de investigación. .</p> <p>Enfoque de investigación Cuantitativo, ya que pretenderá medir los problemas de investigación, considerando lo investigado anteriormente, utilizando instrumentos para la recolección de datos numéricos.</p> <p>Tipo de investigación Aplicada, ya que busca generar conocimiento útil sobre la epidemiología de <i>Raoultella</i> spp.</p> <p>Diseño de investigación Descriptivo – transversal, ya que se busca analizar y describir las variables de estudio y llegar a conclusiones referentes a los datos obtenidos.</p> <p>Población y muestra Está conformada por los registros de los pacientes que presentaron aislamiento clínico e identificado como <i>Raoultella ornithinolytica</i> o <i>Raoultella planticola</i> según el sistema de identificación semiautomatizado VITEK 2, las cuales serán procesadas en el área de Microbiología de dos hospitales de Lima Metropolitana, en el periodo de tiempo entre julio 2019 y julio 2023.</p>

ANEXO 2. Instrumento de estudio.

FICHA DE RECOLECCION DE DATOS

Perfil de resistencia antimicrobiana de Raoultella spp. en aislamientos clínicos y características demográficas de pacientes atendidos en dos Hospitales de Lima, 2019 - 2023.

CÓDIGO DE MUESTRA (HA-HM /AA / MM / DD)							
DATOS DEMOGRÁFICOS							
EDAD DE PACIENTE	0-11 años		12-17 años		18-29 años		
	30-59 años		60 a más				
SEXO DEL PACIENTE	Masculino			Femenino			
PROCEDENCIA DE LA MUESTRA	Hospitalario			Ambulatorio			
TIPO DE MUESTRA	Orina		Sangre		Espuito		Heces
	Herida		Piel		D. quirúrgico		Otros (indicar)
DATOS MICROBIOLÓGICOS							
ESPECIE BACTERIANA	<i>Raoultella ornithinolytica</i>			<i>Raoultella planticola</i>			
CARACTERÍSTICAS BIOQUÍMICAS SEGÚN ESPECIE	ODC		NAGA		dTAG		
	IARL		BNAG				
SUSCEPTIBILIDAD ANTIMICROBIANA (S-I-R / CIM)							
Antibiótico	Categoría	CIM		Antibiótico	Categoría	CIM	
aztreonam				cefto/tazo			
amikacina				fosfomicina			
amp/sulb.				gentamicina			
cefalotina				imipenem			
cefazolina				meropenem			
cefepime				nitrofurán.			
ceftazidima				pip/tazo			
cefta/aviv				norfloxacina			
ceftriaxona				tigeciclina			
ciprofloxa.				trim/sulfa			
ertapenem							

ANEXO 3. Validez de instrumento por juicio de expertos.

VALIDACION DE INSTRUMENTO: JUICIO DE EXPERTOS.

Estimado:

(Dra. Delia Jessica Astete Medrano)

El suscrito **CLAUDIA VENTURA ORTIZ** estudiante de la escuela Tecnología médica solicita su opinión sobre la **Ficha de recolección de datos** de la investigación titulada **PERFIL DE RESISTENCIA ANTIMICROBIANA DE *RAOULTELLA SPP.* EN AISLAMIENTOS CLÍNICOS Y CARACTERÍSTICAS DEMOGRÁFICAS DE PACIENTES ATENDIDOS EN DOS HOSPITALES DE LIMA, 2019 - 2023.**” Para lo cual se adjunta el resumen del proyecto y el instrumento. Muchas gracias por su colaboración.

Indicaciones: Marque con una equis en la casilla según corresponda a su opinión respecto a cada criterio formulado.

ITEM N°	CRITERIO	SI	NO	Observación
1	La información permite dar respuesta al problema.	X		
2	El instrumento propuesto responde a los objetivos del estudio.	X		
3	El instrumento contiene a las variables de estudio.	X		
4	La estructura del instrumento es adecuada.	X		
5	El instrumento responde a la operacionalización de la variable.	X		
6	La secuencia presentada facilita el desarrollo del instrumento del instrumento.	X		
7	Los ítems son claros en lenguaje entendible	X		
8	El número de ítems es adecuado para su aplicación	X		

Opinión de aplicabilidad:

Aplicable ()

Aplicable después de corregir ()

No aplicable ()

Nombre del juez-experto: Dra. Delia Jessica Astete Medrano

Cargo: Microbiologo

Identificación (DNI u otro): 09635079

Fecha: Lima ...14 de Marzo del 2024



Firma

1 Pertinencia: el ítem corresponde al concepto teórico formulado.

2 Relevancia: el ítem es apropiado para representar al componente o dimensión específica del constructo.

3 Claridad: se entiende sin dificultad alguna el enunciado del ítem, es conciso, exacto y directo.

Nota. Suficiencia: se dice suficiencia cuando los ítems planteados son suficientes para medir la dimensión.

Observaciones (precisar si hay suficiencia):

Opinión de aplicabilidad:

Aplicable [x]

Aplicable después de corregir []

No aplicable []

Apellidos y nombres del juez validador: Dr. Benites Azabache Juan Carlos.

Número de documento de identidad: 25587488

Especialidad del validador: Microbiología

13 de marzo de 2025



Firma del experto informante

1 Pertinencia: el ítem corresponde al concepto teórico formulado.

2 Relevancia: el ítem es apropiado para representar al componente o dimensión específica del constructo.

3 Claridad: se entiende sin dificultad alguna el enunciado del ítem, es conciso, exacto y directo.

Nota. Suficiencia: se dice suficiencia cuando los ítems planteados son suficientes para medir la dimensión.

Observaciones (precisar si hay suficiencia):

Opinión de aplicabilidad:

Aplicable

Aplicable después de corregir []

No aplicable []

Apellidos y nombres del juez validador: Dr./Mg. Roky Champi Merino

Número de documento de identidad: DNI 09913796

Especialidad del validador: Especialista en Microbiología

Lima, 13 de marzo de 2025



Lic. Champi Merino Roky Giovanni
Especialista en
Microbiología
C.T.M.P. 3919 R.N.E. 00365

Firma del experto informante

Roky G. Champi Merino

ANEXO 4 . Aprobación del comité de ética



COMITÉ INSTITUCIONAL DE ÉTICA E INTEGRIDAD
CIENTÍFICA

CONSTANCIA DE APROBACIÓN

Lima, 26 de agosto de 2024

Investigador(a)
Claudia Naomi Ventura Ortiz
Exp. N°: 0462-2024

De mi consideración:

Es grato expresarle mi cordial saludo y a la vez informarle que el Comité Institucional de Ética e Integridad Científica de la Universidad Privada Norbert Wiener (CIEIC-UPNW) **evaluó y APROBÓ** los siguientes documentos:

- Protocolo titulado: “**Perfil de resistencia antimicrobiana de Raoultella spp. Y características demográficas en aislamientos de pacientes atendidos en dos hospitales de Lima, 2019 – 2023**” Versión 01 con fecha 11/06/2024.

El cual tiene como investigador principal al Sr(a) Claudia Naomi Ventura Ortiz.

La APROBACIÓN comprende el cumplimiento de las buenas prácticas éticas, el balance riesgo/beneficio, la calificación del equipo de investigación y la confidencialidad de los datos, entre otros.

El investigador deberá considerar los siguientes puntos detallados a continuación:

1. **La vigencia** de la aprobación es de **dos años (24 meses)** a partir de la emisión de este documento.
2. **El Informe de Avances** se presentará cada 6 meses, y el informe final una vez concluido el estudio.
3. **Toda enmienda o adenda** se deberá presentar al CIEIC-UPNW y no podrá implementarse sin la debida aprobación.
4. Si aplica, **la Renovación** de aprobación del proyecto de investigación deberá iniciarse treinta (30) días antes de la fecha de vencimiento, con su respectivo informe de avance.

Es cuanto informo a usted para su conocimiento y fines pertinentes.

Atentamente,

Raúl Antonio Rojas Ortega

Presidente

Comité Institucional de Ética e Integridad Científica
UPNW



ANEXO 5. Carta de aprobación de la institución para la recolección de datos



PERU

Ministerio
de Salud

Viceministerio
de Prestaciones y
Aseguramiento en Salud

Hospital
María Auxiliadora

"Año del Bicentenario, de la consolidación de nuestra Independencia y de la conmemoración de las heroicas batallas de Junín y Ayacucho"

CONSTANCIA

El que suscribe, el **Presidente del Comité Institucional de Ética en la Investigación del Hospital María Auxiliadora**, **CERTIFICA** que el **PROYECTO DE INVESTIGACION**, Versión del **23 de octubre del presente**; Titulado: **"PERFIL DE RESISTENCIA ANTIMICROBIANA DE RAOUTELLA SPP Y CARACTERISTICAS DEMOGRAFICAS EN AISLAMIENTOS DE PACIENTES ATENDIDOS EN DOS HOSPITALES DE LIMA, 2019 - 2023"**; con Código Único de Inscripción: **HMA/CIEI/054/2024**, presentado por la Investigadora: **Claudia Naomi VENTURA ORTIZ**.

Asimismo, concluyéndose con la **APROBACIÓN** expedida por el Comité Institucional de Ética en Investigación. No habiéndose encontrado objeciones de acuerdo con los estándares propuestos por el Hospital María Auxiliadora.

Esta aprobación tendrá **VIGENCIA** hasta el **22 de Octubre del 2025**. Los trámites para su renovación deben iniciarse por lo menos a 30 días hábiles previos a su fecha de vencimiento.

San Juan de Miraflores, 23 de Octubre del 2024.

Atentamente.


M.C. Alberta Emilia Zolezzi Francis.
Presidente
Comité Institucional de Ética en Investigación
Hospital María Auxiliadora

AZF/abf.
c.c. Investigador.
c.c. Archivo.

Av. Miguel Iglesias N.º 968
San Juan de Miraflores
T (01)2171818 – 3112
oadi@hma.gob.pe

www.hma.gob.pe

1



CARTA N° 77 CIEI-OIyD-GRPA-ESSALUD-2025

Lima, 21 de marzo del 2025

Doctor:
JOSÉ QUIÑONES LOZANO
Jefe de la Oficina de Investigación y Docencia
Red Prestacional Almenara - EsSalud
Presente -

Asunto: Revisión por parte del Comité Institucional de Ética en Investigación a Estudio Observacional

Es grato dirigirme a usted para saludarlo muy cordialmente y a la vez informarle que el Comité Institucional de Ética en Investigación del Hospital Nacional Guillermo Almenara Irigoyen, ha evaluado el proyecto de investigación:

N° 16-2025 Perfil de resistencia antimicrobiana de Raoultella spp. y características demográficas en aislamientos de pacientes atendidos en dos hospitales de Lima, 2019-2023.

Autor: Claudia Noemi Ventura Ortiz

Coinvestigador Responsable: Lic. T.M. Jair Villanueva Mendoza
Servicio de Microbiología - HNGAI


El Comité acordó **APROBARLO**, el estudio se llevará a cabo en el Hospital Nacional Guillermo Almenara Irigoyen, Departamento de Patología Clínica, Servicio de Microbiología, Área de Automatizado, que emitió la correspondiente carta en la que da el visto bueno a la realización del estudio.

Así mismo, se recuerda que el equipo de investigación deberá:

- Cumplir lo establecido por la Declaración de Helsinki y las Directivas de investigación de EsSalud **velando en todo momento por un tratamiento responsable y ético de los datos y de las personas involucradas en la investigación.**
- Ejecutar la investigación cumpliendo estrictamente con lo estipulado en el protocolo de investigación remitido a este Comité.
- Remitir las publicaciones respectivas.

Sin otro particular, me despido de usted.

Atentamente,

HOSPITAL NACIONAL GUILLERMO ALMENARA IRIGOYEN
COMITÉ INSTITUCIONAL DE ÉTICA EN INVESTIGACIÓN

DR. DEMETRIO MOCERO CASTRO
PRESIDENTE
ESSALUD

DMC/eli
Exp: 0175520250000633

ANEXO 6. Informe del asesor de Turnitin

Reporte de similitud

NOMBRE DEL TRABAJO

**INFORME FINAL DE TESIS VENTURA CL
AUDIA JULIO 2025 (1).docx**

AUTOR

Claudia Ventura

RECuento DE PALABRAS

12729 Words

RECuento DE CARACTERES

75344 Characters

RECuento DE PÁGINAS

76 Pages

TAMAÑO DEL ARCHIVO

1.1MB

FECHA DE ENTREGA

Aug 6, 2025 12:15 PM GMT-5

FECHA DEL INFORME

Aug 6, 2025 12:17 PM GMT-5

● 10% de similitud general

El total combinado de todas las coincidencias, incluidas las fuentes superpuestas, para cada base de datos.

- 9% Base de datos de Internet
- Base de datos de Crossref
- 6% Base de datos de trabajos entregados
- 3% Base de datos de publicaciones
- Base de datos de contenido publicado de Crossref

● 10% de similitud general

Principales fuentes encontradas en las siguientes bases de datos:

- 8% Base de datos de Internet
- Base de datos de Crossref
- 5% Base de datos de trabajos entregados
- 2% Base de datos de publicaciones
- Base de datos de contenido publicado de Crossref

FUENTES PRINCIPALES

Las fuentes con el mayor número de coincidencias dentro de la entrega. Las fuentes superpuestas no se mostrarán.

1	repositorio.uwiener.edu.pe Internet	3%
2	pesquisa.bvsalud.org Internet	<1%
3	Universidad Wiener on 2023-12-19 Submitted works	<1%
4	coursehero.com Internet	<1%
5	repositorio.unap.edu.pe Internet	<1%
6	alicia.concytec.gob.pe Internet	<1%
7	researchgate.net Internet	<1%
8	Universidad Wiener on 2025-08-22 Submitted works	<1%