Ciencia y Educación
(L-ISSN: 2790-8402 E-ISSN: 2707-3378)
Vol. 7 No. 12.1
Edición Especial XII 2026

ESTUDIO SOBRE STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE MULTIRRESISTENTE EN POBLACIÓN PEDIÁTRICA

STUDY OF MULTIDRUG-RESISTANT STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE IN THE PEDIATRIC POPULATION

Autores: [1]Byron Rafael Ñacato Anchaluisa y [2]Ana Carolina González Romero.
[1]ORCID ID: https://orcid.org/0009-0006-9957-8786
[2]ORCID ID: https://orcid.org/0000-0002-4899-6076
[1]E-mail de contacto: majrock1@yahoo.es
[2]E-mail de contacto: ana.gonzalez@unach.edu.ec
Afiliación: [1]*Universidad Nacional de Chimborazo, (Ecuador). [2*]Universidad de los Andes-Mérida, (Venezuela).
Artículo recibido: 5 de Octubre del 2026.
Artículo revisado: 15 de Noviembre del 2026.
Artículo aprobado: 15 de Noviembre del 2026.
[1]Licenciado en Laboratorio Clínico, graduado de la Universidad Nacional de Chimborazo, (Ecuador), con 20 años de experiencia laboral. Maestrante de la Maestría en Diagnóstico de Laboratorio Clínico y Molecular con mención en Bioquímica Clínica de la Universidad Nacional de Chimborazo, (Ecuador).
[2]Licenciada en Bioanálisis, Magister Sciantiae en Microbiología Clínica. Con 19 años de experiencia laboral. Doctora en Ciencias Médicas Fundamentales, Universidad de los Andes-Mérida, (Venezuela).

Resumen

El objetivo de este estudio fue analizar la frecuencia de la multirresistencia en población pediátrica, los perfiles de resistencia, los serotipos circulantes y el impacto de las vacunas neumocócicas conjugadas mediante una revisión sistemática de la literatura publicada durante los años 2020 a 2026. Para llevarlo a cabo, se empleó la metodología de la guía PRISMA 2020 y los criterios PICOS, seleccionando y extrayendo de manera estandarizada datos provenientes de 24 estudios observacionales y de vigilancia microbiológica obtenidos de bases de datos científicas internacionales. Los resultados evidenciaron una marcada variabilidad geográfica en la frecuencia de la multirresistencia, la cual resultó significativamente más elevada en regiones con esquemas de vacunación opcional o incompleta, con valores que oscilaron entre 23,2 % y 92,7 %, superando el 80 % de resistencia y estando sostenida principalmente por los determinantes genéticos erm(B), mef(A/E) y tet(M) frente a macrólidos y tetraciclinas. Finalmente, se concluye que, aunque las vacunas conjugadas reducen eficazmente la infección por los serotipos vacunales clásicos como 19F, 19A y 14, la presión selectiva generada ha propiciado el reemplazo por serotipos emergentes multirresistentes tales como 11A, 15B/C, 6C y 24F, haciendo indispensable la implementación de formulaciones de mayor valencia junto con una continua vigilancia epidemiológica.

Palabras clave: Streptococcus pneumoniae, Multirresistencia, Población pediátrica, Serotipos, Vacunas neumocócicas conjugadas

Abstract

The aim of this study was to analyse the prevalence of multidrug resistance in the paediatric population, resistance profiles, circulating serotypes and the impact of pneumococcal conjugate vaccines through a systematic review of the literature published between 2020 and 2026. To carry out this study, the methodology set out in the PRISMA 2020 guidelines and the PICO criteria were employed, and data were selected and extracted in a standardised manner from 24 observational and microbiological surveillance studies obtained from international scientific databases. The results revealed marked geographical variability in the frequency of multidrug resistance, which was significantly higher in regions with optional or incomplete vaccination programmes, with values ranging from 23.2 per cent to 92.7 per cent, exceeding 80 per cent resistance and being driven

primarily by the genetic determinants erm(B), mef(A/E) and tet(M) against macrolides and tetracyclines. Finally, it is concluded that, although conjugate vaccines effectively reduce infection by classic vaccine serotypes such as 19F, 19A and 14, the selective pressure generated has led to their replacement by emerging multidrug-resistant serotypes such as 11A, 15B/C, 6C and 24F, making it essential to introduce higher-valency formulations alongside continuous epidemiological surveillance.

Keywords: Streptococcus pneumoniae, multidrug resistance, paediatric population, serotypes, pneumococcal conjugate vaccines

Sumário

O objetivo deste estudo foi analisar a frequência da multirresistência na população pediátrica, os perfis de resistência, os sorotipos circulantes e o impacto das vacinas pneumocócicas conjugadas por meio de uma revisão sistemática da literatura publicada entre os anos de 2020 e 2026. Para realizá-lo, empregou-se a metodologia das diretrizes PRISMA 2020 e os critérios PICOS, selecionando e extraindo de maneira padronizada dados provenientes de 24 estudos observacionais e de vigilância microbiológica obtidos em bases de dados científicas internacionais. Os resultados evidenciaram uma acentuada variabilidade geográfica na frequência da multirresistência, a qual se mostrou significativamente mais elevada em regiões com esquemas de vacinação opcional ou incompleta, com valores que oscilaram entre 23,2% e 92,7%, ultrapassando 80% de resistência e sendo sustentada principalmente pelos determinantes genéticos erm(B), mef(A/E) e tet(M) frente a macrolídeos e tetraciclinas. Por fim, conclui-se que, embora as vacinas conjugadas reduzam eficazmente a infecção pelos sorotipos vacinais clássicos, como 19F, 19A e 14, a pressão seletiva gerada tem propiciado a substituição por sorotipos emergentes multirresistentes, tais como 11A, 15B/C, 6C e 24F, tornando indispensável a implementação de formulações de maior valência aliada a uma contínua vigilância epidemiológica.

Palavras-chave: Streptococcus pneumoniae, multirresistência, população pediátrica, serótipos, vacinas pneumocócicas conjugadas

Introducción

Streptococcus pneumoniae es un patógeno de importancia clínica responsable de diferentes infecciones, entre ellas otitis media, neumonía y enfermedad neumocócica invasiva, y mantiene especial relevancia en la población pediátrica (Losada-Castillo et al., 2024). La enfermedad neumocócica continúa constituyendo un problema de salud en los niños, particularmente durante los primeros años de vida, cuando se observan algunas de las mayores incidencias de enfermedad neumocócica invasiva (Scelfo et al., 2021).

Aunque la incorporación de las vacunas neumocócicas conjugadas ha modificado considerablemente la distribución de los serotipos circulantes y reducido la enfermedad asociada con determinados serotipos vacunales, la aparición y expansión de serotipos no vacunales resistentes continúa representando un desafío para el control de *S. pneumoniae* (Sempere et al., 2022). En este contexto, la resistencia antimicrobiana de *S. pneumoniae* ha adquirido especial relevancia debido a que puede limitar las alternativas disponibles para el tratamiento de las infecciones neumocócicas (Llor et al., 2023).

La clasificación *de S. pneumoniae* en serotipos se fundamenta principalmente en las diferencias antigénicas de su cápsula polisacárida. Actualmente se reconocen más de 100 serotipos, mientras que aquellos estrechamente relacionados pueden agruparse en serogrupos. Esta diferenciación posee importancia epidemiológica y clínica, ya que la distribución de los serotipos puede variar entre poblaciones y modificarse como consecuencia de la presión

ejercida por las vacunas neumocócicas. La identificación puede realizarse mediante métodos serológicos convencionales y técnicas moleculares, entre ellas la PCR, que permiten identificar serotipos o serogrupos específicos (Centers for Disease Control and Prevention [CDC], 2026).

A los cambios observados en la distribución de los serotipos se suma la creciente preocupación por la resistencia antimicrobiana. En este contexto, la Organización Mundial de la Salud (2024), incluyó a *S. pneumoniae* resistente a macrólidos entre los patógenos bacterianos de prioridad media, destacando su elevada carga de enfermedad y la necesidad de prestar especial atención a poblaciones vulnerables, entre ellas la pediátrica. Esta situación resulta particularmente importante porque la exposición y el uso de antimicrobianos ejercen presión selectiva sobre las poblaciones bacterianas, favoreciendo la persistencia y propagación de cepas resistentes.

En la población pediátrica, esta problemática se refleja en los niveles de resistencia registrados frente a diferentes grupos de antimicrobianos, tal como lo señalan Mohanty et al. (2023), quienes, mediante un estudio multicéntrico en el que analizaron un total de 7.605 aislamientos de S. pneumoniae, encontraron que la resistencia a una o más clases de antimicrobianos se presentó en el 56,8 % de los casos. Del total de aislamientos analizados, el 30,7 % presentó resistencia a dos o más clases de antimicrobianos, lo que evidencia que una proporción importante presentó resistencia simultánea frente a varios grupos de estos fármacos. Además, observaron una tendencia creciente de la resistencia a los macrólidos a lo largo del periodo de estudio. Estos datos muestran que, a pesar de los avances alcanzados en la prevención de la enfermedad neumocócica, la resistencia antimicrobiana continúa siendo un problema clínico importante en los niños. Dentro de esta problemática destaca *S. pneumoniae* multirresistente (MDR-SP), la cual implica una menor susceptibilidad frente a diferentes clases de antimicrobianos, generalmente definida como la falta de susceptibilidad adquirida a por lo menos un agente de tres o más categorías antimicrobianas, lo que puede dificultar la elección de una terapia adecuada (Sandoval et al., 2024). En niños pequeños, esta situación adquiere especial importancia, ya que el microorganismo puede colonizar la nasofaringe, transmitirse entre individuos y adquirir mecanismos de resistencia. Por ello, el análisis de los perfiles de susceptibilidad resulta fundamental para identificar los antimicrobianos frente a los cuales existe mayor resistencia y establecer la magnitud del problema en diferentes poblaciones pediátricas (Patil et al., 2023).

La colonización nasofaríngea tiene gran importancia en la epidemiología de S. pneumoniae, ya que suele ser asintomática y representa un reservorio para la transmisión del microorganismo (Lin et al., 2024). Los niños constituyen un grupo importante en este proceso, especialmente durante los primeros años de vida (Neal et al., 2022). De igual manera, un estudio realizado en Portugal, a partir de 1.450 muestras nasofaríngeas de niños de 0 a 6 años, encontró una prevalencia de colonización neumocócica del 60,2 % y un aumento de la resistencia a penicilina y macrólidos en el periodo posterior a la introducción de la PCV13.

Este incremento estuvo asociado principalmente con linajes correspondientes a serotipos no incluidos en la vacuna. Estos resultados refuerzan la importancia de mantener la vigilancia de la colonización y de los patrones

de resistencia después de la introducción de las vacunas neumocócicas conjugadas (Candeias et al., 2024). De manera similar, Shi et al. (2024), analizaron en China 566 cepas de *S. pneumoniae* obtenidas del tracto respiratorio de niños hospitalizados entre 2012 y 2021. Los autores identificaron una importante circulación de serotipos no vacunales y analizaron genes vinculados con la resistencia. De igual manera, sus resultados mostraron que el perfil de susceptibilidad puede variar según el serotipo analizado, el contexto epidemiológico y la exposición a las vacunas neumocócicas. Estos hallazgos refuerzan la necesidad de mantener la vigilancia de las cepas que circulan en la población.

Esta situación también se ha observado en América Latina, destacando que, en Lima, Perú, la evaluación de niños sanos con colonización nasofaríngea después de la introducción de la PCV13 mostró una disminución en la frecuencia de colonización y de los serotipos incluidos en la vacuna; sin embargo, la resistencia antimicrobiana de S. pneumoniae aumentó en comparación con el periodo previo a la introducción de la PCV7. Este hallazgo mostró que los cambios producidos por la vacunación no eliminan el problema de la resistencia, ya que pueden ocurrir modificaciones en la distribución de los serotipos circulantes y mantenerse cepas resistentes (Gonzales et al., 2023).

En Ecuador también se ha evidenciado la circulación de serotipos resistentes en la población pediátrica, destacando que, un estudio realizado en población infantil indígena Kichwa de los Andes ecuatorianos después de la introducción de la PCV10 encontró que los serotipos 19A y 6C se encontraban entre los más frecuentes, con una proporción del 10,9 % para cada uno. Asimismo, el 20,3 % de las cepas identificadas presentó perfiles de multirresistencia o resistencia extensa, y una proporción importante de los aislamientos pertenecientes a los serotipos 19A y 6C mostró estos perfiles (Regalado L et al., 2021). Otro estudio desarrollado en Ecuador identificó una amplia distribución de serotipos de *S. pneumoniae*, entre los cuales 19A, 14 y 3 figuraron entre los más prevalentes, junto con porcentajes importantes de resistencia a trimetoprim-sulfametoxazol, eritromicina y clindamicina (Salazar et al., 2022). Estos resultados muestran que el problema también está presente en el contexto nacional y justifican la necesidad de interpretar la situación ecuatoriana dentro del panorama internacional de resistencia neumocócica.

Desde la perspectiva microbiológica, la resistencia de *S. pneumoniae* se presenta mediante diferentes mecanismos que favorecen una menor susceptibilidad del microorganismo frente a los antimicrobianos. En el caso de la penicilina y otros β-lactámicos, la resistencia no se debe a la producción de β-lactamasas, sino principalmente a modificaciones estructurales de las proteínas de unión a penicilina (PBP), que disminuyen su afinidad por estos antimicrobianos (Zahari et al., 2023). Las alteraciones más relevantes se presentan en PBP1a, PBP2b y PBP2x, cuyos genes pueden adquirir secuencias mosaico mediante procesos de recombinación homóloga. PBP2x y PBP2b constituyen determinantes principales de la disminución de la susceptibilidad, mientras que las alteraciones adicionales de PBP1a se relacionan frecuentemente con niveles más elevados de resistencia.

La combinación de estas modificaciones puede producir diferentes concentraciones mínimas inhibitorias según el *β*-lactámico evaluado, por lo que su efecto no es idéntico frente a

penicilina, amoxicilina, cefotaxima o ceftriaxona (Gibson et al., 2022). En cuanto a los macrólidos, los genes erm(B) y mef(A/E) constituyen dos de los principales determinantes moleculares de resistencia. El gen erm(B) codifica una metilasa del ARN ribosomal que modifica el ARNr 23S e interfiere con la unión del antimicrobiano, dando lugar al fenotipo MLSB, caracterizado por resistencia cruzada a macrólidos, lincosamidas como la clindamicina y estreptograminas B (Zhou et al., 2022). De manera similar, mef(A/E) participa en un sistema de eflujo asociado con el fenotipo M, que confiere resistencia principalmente a macrólidos de 14 y 15 miembros y, a diferencia del fenotipo MLSB, mantiene generalmente la susceptibilidad a clindamicina (Shawrob et al., 2025).

Además de los mecanismos de resistencia, la comparación entre estudios requiere considerar los procedimientos utilizados para identificar S. pneumoniae y evaluar su susceptibilidad antimicrobiana. La identificación convencional se basa principalmente en la susceptibilidad a la optoquina y la solubilidad en bilis; sin embargo, pueden presentarse resultados atípicos que dificultan su diferenciación de especies estrechamente relacionadas del grupo Streptococcus mitis. MALDI-TOF MS constituye una herramienta útil para la identificación bacteriana, aunque la diferenciación de S. pneumoniae frente a otros integrantes de este grupo continúa siendo un desafío y puede requerir pruebas complementarias (Nix et al., 2021)

La susceptibilidad antimicrobiana de S. pneumoniae puede evaluarse mediante la concentración mínima inhibitoria (CMI), utilizando métodos como la microdilución en caldo o pruebas de gradiente, entre ellas el E-test. Las condiciones del medio constituyen un aspecto relevante, debido al empleo de medios suplementados con sangre de caballo lisada en la microdilución y de medios enriquecidos con sangre de caballo o de oveja en las pruebas de gradiente, de manera que estas variaciones metodológicas pueden influir en los valores de CMI obtenidos, especialmente cuando se encuentran próximos a los puntos de corte establecidos para definir la susceptibilidad o resistencia (Martens et al., 2024).

Por esta razón, la comparación de los resultados no depende únicamente del método utilizado para determinar la CMI, sino también de los criterios empleados para interpretarla. En este sentido, CLSI establece para la penicilina parenteral puntos de corte diferentes según se trate de meningitis o de infecciones no meníngeas: en meningitis, una CMI ≤0,06 µg/mL se considera susceptible y ≥0,12 µg/mL resistente, mientras que en infecciones no meníngeas los valores corresponden a ≤2 µg/mL para susceptible, 4 µg/mL para intermedio y ≥8 µg/mL para resistente. Por su parte, EUCAST emplea las categorías susceptibles (S), susceptible con exposición incrementada (I) y resistente (R), cuya interpretación considera la exposición al antimicrobiano. En consecuencia, al comparar investigaciones es necesario identificar tanto el estándar como la versión utilizados, puesto que los resultados obtenidos mediante criterios CLSI y EUCAST no deben asumirse como directamente equivalentes (Clinical and Laboratory Standards Institute, 2026; European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing, 2026) .

Otra forma de realizar la caracterización capsular es mediante la reacción de Quellung, la aglutinación en látex y métodos moleculares como PCR o qPCR multiplex, que identifican

serotipos o serogrupos específicos (CDC, 2026). En su conjunto, estas diferencias en la identificación bacteriana, en la determinación de la CMI, en los criterios de interpretación y en la serotipificación pueden introducir heterogeneidad entre los estudios, y, por tanto, dichos aspectos deben ser tenidos en cuenta a la hora de interpretar evidencias de *S. pneumoniae* multirresistente. De forma generalista, la evidencia accesible muestra una epidemiología de *S. pneumoniae* resistente en la población pediátrica cambiante y no uniforme entre países. La introducción de las vacunas neumocócicas conjugadas ha reducido la circulación de alguno de los serotipos vacunales, aunque junto a este avance se han visto cambios en la circulación de otros serotipos, algunos de los cuales asociados a resistencia o multirresistencia. Además, las diferencias geográficas considerando los usos locales de antimicrobianos y la heterogeneidad de los procedimientos microbiológicos usados para su identificación, serotipificación y evaluación de la susceptibilidad de los aislamientos.

Frente a este panorama, el presente estudio tiene como objetivo analizar, mediante una revisión sistemática, la frecuencia de Streptococcus pneumoniae multirresistente en la población pediátrica, los principales perfiles de resistencia antimicrobiana, los serotipos asociados con la multirresistencia y los cambios reportados en la distribución de serotipos y los patrones de resistencia en relación con la introducción de las vacunas neumocócicas conjugadas, a partir de estudios publicados entre 2020 y 2026. Debido al carácter descriptivo de la investigación, no se plantea una hipótesis, ya que se busca caracterizar el comportamiento de la multirresistencia de *S. pneumoniae* a partir de la evidencia científica disponible durante el periodo establecido.

Materiales y Métodos

Se realizó una revisión sistemática de la literatura científica con enfoque descriptivo. Para documentar el proceso de búsqueda y selección de los estudios, se siguieron las recomendaciones de la guía PRISMA 2020 (*Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses*) (Page et al., 2021). La revisión tuvo como objetivo describir la frecuencia de multirresistencia en los aislamientos pediátricos de *Streptococcus pneumoniae* (MDR-SP), los perfiles de resistencia antimicrobiana y la distribución de los serotipos. Asimismo, se examinó la evidencia sobre los beneficios de la vacunación neumocócica conjugada que aportaron los estudios incluidos.

Se utilizó el marco PICOS para formular la pregunta de investigación y delimitar los criterios de selección. La población (P) comprendió a niños y adolescentes de 0 a 18 años con colonización o infección por *S. pneumoniae*. Como exposición o intervención (I), se consideraron la resistencia de los aislamientos a distintas clases de antimicrobianos y la vacunación neumocócica conjugada como medida preventiva. Cuando los estudios aportaron un grupo de comparación (C), se examinaron las diferencias entre aislamientos multirresistentes y no multirresistentes, así como las diferencias según el serotipo, la región geográfica, el período de observación o el estado de vacunación. Los resultados de interés (O) comprendieron la frecuencia de multirresistencia, los antimicrobianos frente a los cuales se identificó resistencia, los serotipos asociados y los desenlaces relacionados con la vacunación neumocócica conjugada. En cuanto al tipo de estudio (S), se consideraron investigaciones observacionales originales, entre ellas estudios transversales y de cohortes, así como

investigaciones de vigilancia microbiológica que analizaron la colonización nasofaríngea o la enfermedad neumocócica invasiva. Se incluyeron artículos originales disponibles en texto completo, publicados entre el 1 de enero de 2020 y el 15 de octubre de 2026, que analizaron muestras clínicas o aislamientos de *S. pneumoniae* procedentes de participantes de 0 a 18 años. Para su inclusión, los estudios debían aportar datos sobre susceptibilidad, resistencia o multirresistencia antimicrobiana, o sobre los mecanismos relacionados con la resistencia. También se consideraron los estudios con participantes pediátricos y adultos cuando presentaron por separado los resultados de la población pediátrica. De los trabajos que cumplieron estos criterios se recogió, cuando estuvo disponible, información sobre los serotipos, las características epidemiológicas y la relación de la vacunación neumocócica conjugada con la enfermedad o la resistencia antimicrobiana. Se excluyeron las revisiones, los estudios realizados exclusivamente en adultos y aquellos en los que los resultados pediátricos no pudieron distinguirse de los correspondientes a la población adulta. También se descartaron las investigaciones centradas en otros microorganismos, las que carecían de información sobre la resistencia o la susceptibilidad antimicrobiana de *S. pneumoniae* y aquellas cuyo texto completo era inaccesible o contenía información insuficiente para responder a los objetivos de la revisión. Se eliminaron los registros duplicados y se excluyeron las publicaciones que reproducían los mismos datos de una población previamente analizada. La búsqueda bibliográfica se realizó en Scopus, PubMed/MEDLINE, SciELO, LILACS a través de la Biblioteca Virtual en Salud (BVS), Redalyc y Google Scholar. Se orientó a la identificación de estudios sobre resistencia antimicrobiana de *S. pneumoniae* en población pediátrica, con interés en la frecuencia de multirresistencia, los perfiles de susceptibilidad, la distribución de serotipos y los resultados relacionados con la vacunación neumocócica conjugada. La última búsqueda se efectuó el 15 de octubre de 2026.

Tabla 1. *Estrategias de búsqueda, filtros aplicados y número de registros recuperados por base de datos.*

Base de datos	Cadena de búsqueda	Estudios
Scopus	TITLE-ABS-KEY ("Streptococcus pneumoniae" OR pneumococc*) AND TITLE-ABS-KEY (child* OR pediatric* OR paediatric* OR infant* OR adolescent*) AND TITLE-ABS-KEY ("antimicrobial resistance" OR "antibiotic resistance" OR "multidrug resistance" OR "multidrug-resistant" OR MDR OR "antimicrobial susceptibility")	34
PubMed/MEDLINE	("Streptococcus pneumoniae"[MeSH] OR "Streptococcus pneumoniae"[tiab] OR pneumococc*[tiab]) AND (child*[tiab] OR pediatric*[tiab] OR paediatric*[tiab] OR infant*[tiab] OR adolescent*[tiab]) AND ("Drug Resistance, Bacterial"[MeSH] OR "antimicrobial resistance"[tiab] OR "antibiotic resistance"[tiab] OR multidrug-resistant[tiab] OR "multidrug resistance"[tiab] OR MDR[tiab] OR "antimicrobial susceptibility"[tiab])	29
SciELO	("Streptococcus pneumoniae" OR pneumococo) AND (niño* OR pediátric* OR child* OR pediatric*) AND ("resistencia antimicrobiana" OR "resistencia antibiótica" OR multirresistencia OR MDR)	21
LILACS (BVS)	("Streptococcus pneumoniae" OR pneumococo) AND (niño* OR pediátric* OR adolescente* OR child*) AND ("resistencia antimicrobiana" OR "resistencia a antibióticos" OR multirresistencia OR susceptibilidad)	18
RedALyC	("Streptococcus pneumoniae" OR pneumococo) AND ("población pediátrica" OR niños OR adolescentes) AND ("resistencia antimicrobiana" OR multirresistencia OR "susceptibilidad antimicrobiana")	24
Google Académico	"Streptococcus pneumoniae" AND (children OR pediatric OR niños) AND ("antimicrobial resistance" OR "multidrug resistance" OR multirresistencia)	60
Total, General	—	**186**

Fuente: Elaboración propia.

La búsqueda y selección de los documentos se desarrolló en tres fases consecutivas (Identificación, Cribado y Elegibilidad). Los registros identificados se exportaron a [Zotero / Mendeley], eliminándose los duplicados mediante un procedimiento automatizado respaldado por verificación manual. En total, se identificaron preliminarmente 186 registros. Tras eliminar 28 duplicados y 6 registros por otras causas, 152 artículos fueron sometidos a

cribado inicial. De estos, se excluyeron 103 por no cumplir con los criterios de selección, recuperándose 45 de los 49 artículos solicitados a texto completo. Finalmente, tras aplicar los criterios de elegibilidad detallados, se excluyeron 33 estudios y se incluyeron 12 en la síntesis final. Todo el flujo de selección se encuentra documentado en el diagrama PRISMA 2020 (Figura 1).

La extracción de datos fue realizada de manera independiente por dos revisores mediante un formulario preestablecido, piloteado previamente en [n] estudios. En casos de información faltante o incompleta, se contactó vía correo electrónico a los autores de correspondencia. Para responder a los objetivos específicos del estudio, los datos extraídos se consolidaron en tres matrices estandarizadas: Magnitud de la multirresistencia y perfiles de resistencia antimicrobiana (Tabla 3, Objetivo Específico 1): Compila las variables de autor y año, país, características de la población o rango de edad, número total de aislamientos de Streptococcus pneumoniae (n), proporción de aislados con fenotipo multirresistente (MDR-SP en$\boldsymbol{n}$y%), y la frecuencia de no susceptibilidad frente a penicilina, eritromicina, clindamicina, tetraciclina y trimetoprim-sulfametoxazol (TMP-SMX).

Distribución de serotipos vacunales y no vacunales asociados a multirresistencia Consolida la relación entre la diversidad capsular y los perfiles de resistencia. Incluye autor y año, país, serotipos identificados, frecuencia por serotipo, frecuencia y porcentaje de multirresistencia por serotipo perfiles de resistencia o determinantes genéticos/moleculares asociados y la clasificación del serotipo según las fórmulas vacunales (vacunales: PCV7, PCV10, PCV13, PCV15, PCV20; o no vacunales/emergentes).

Las características epidemiológicas y contexto de vacunación neumocócica: Registra el contexto determinante en la circulación de cepas resistentes, incluyendo autor y año, país o región, grupo de edad, distribución por sexo, cobertura de vacunación neumocócica en la población, presentación clínica (enfermedad neumocócica invasiva, no invasiva o portación nasofaríngea asintomática), ámbito del estudio. (hospitalario, ambulatorio o comunitario), periodo respecto a la introducción de la vacuna conjugada (pre-PCV, transición o post-PCV) y la prevalencia global de MDR-SP.

Además, en todas las matrices se registraron los métodos de identificación y susceptibilidad antimicrobiana, el estándar interpretativo (p. ej., CLSI, EUCAST) y su versión, el punto de corte empleado para penicilina (meníngeo, no meníngeo u oral), la definición técnica de MDR utilizada por los autores y el método de serotipificación. La información compilada se analizó mediante una síntesis descriptiva y cuantitativa, evaluando las variaciones temporales, geográficas y serotípicas en función de los esquemas de inmunización.

La probabilidad de sesgo y la calidad metodológica de los estudios seleccionados fueron analizadas con las herramientas de evaluación crítica del Joanna Briggs Institute (JBI), eligiendo la lista de verificación que corresponde al tipo de diseño de cada investigación. Se revisó la selección de la población, la medición de las variables, la identificación y el control de los factores de confusión, el análisis estadístico y la validez de los resultados que se exponen de forma exhaustiva. El análisis se llevó a cabo de manera independiente entre los dos revisores, solucionando las discrepancias por consenso. Al tratarse de una revisión sistemática basada exclusivamente en el análisis de fuentes

secundarias de literatura publicadas,no se realizaron intervenciones directas en seres humanos ni se manejan datos personales identificables. Se garantizó la integridad científica y el respeto a la propiedad intelectual mediante la citación precisa de las fuentes originales. A continuación, se identifica la Figura 1 del Diagrama PRISMA utilizado.

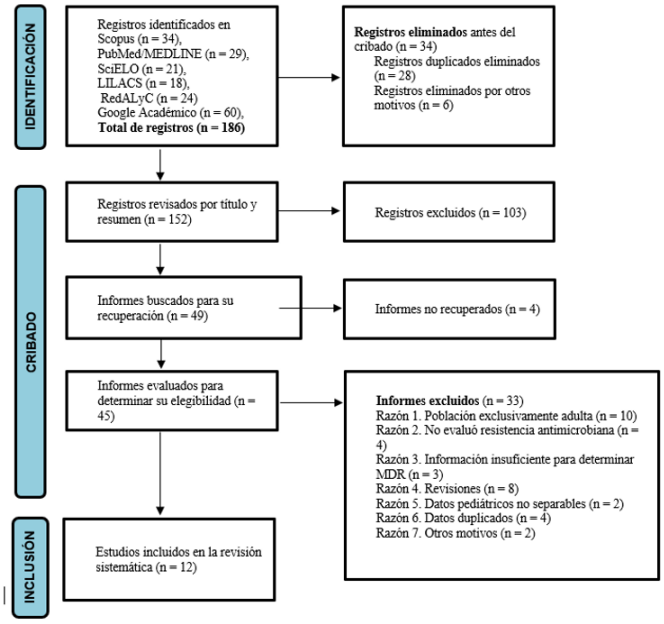

Figura 1. *Diagrama de flujo PRISMA del proceso de selección de estudios.*

Fuente: Elaboración propia.

Resultados y Discusión

El análisis consolidado de la evidencia científica comprendida entre 2020 y 2026 demuestra que la resistencia antimicrobiana en Streptococcus pneumoniae en la población pediátrica se mantiene como un desafío prioritario en salud pública. A pesar del avance alcanzado con la inclusión de las vacunas neumocócicas conjugadas, la dinamia microbiológica ha favorecido la aparición y propagación de fenotipos multirresistentes. La frecuencia de aislados de MDR-SP presenta una importante heterogeneidad geográfica y regional. En países con baja cobertura o inclusión opcional de la vacuna en los programas públicos de inmunización, se informan tasas de multirresistencia extremas. De esta manera, en Asia, Zhou et al. (2023) documentaron una prevalencia de cepas resistentes a eritromicina de más del 90 % en el caso de la MDR-SP en China, mientras que Bui et al. (2026) describen un 65,5 % en Vietnam; Lin et al. (2024), continuando la línea de trabajo del Sur y Sudeste Asiático, documentan frecuencias de multirresistencia que varían entre el 4 % hasta el 92,3 % dependiendo de la ubicación y el tipo de muestra. En contraste, en las regiones con esquemas de vacunación bien desarrollados, la prevalencia es más baja, aunque todavía importante: Mohanty et al. (2023) encontraron un 30,7 % de aislamiento multirresistente a dos y más clases de antimicrobianos en Estados Unidos; Candeias et

al. (2024) identificaron un 23,2 % de MDR-SP en niños que asistían a guarderías en Portugal, y Russomando et al. (2025) hallaron un 25,2 % de aislados de multirresistencia en Paraguay.

Tabla 2. *Frecuencia de Streptococcus pneumoniae multirresistente y patrones de resistencia antimicrobiana en población pediátrica*

Autor, año	**País**	**Población**	**Aislamientos de *S. pneumoniae* (n)**	**MDR-SP (n)**	**MDR-SP (%)**	**Penicilina (%)**	**Eritromicina (%)**	**Clindamicina (%)**	**Tetraciclina (%)**	**TMP-SMX (%)**
Zhao et al., 2025	China (Chongqing)	Población pediátrica (desde lactantes hasta etapa preescolar/escolar)	17,180	*No especificado de forma global en el texto principal (enfocado en tasas generales de resistencia)*	*N/D*	16.3% no susceptibles total (14.8% PISP + 1.5% PRSP)	*Elevada* (con tendencia a la baja en el periodo)	*Elevada* (con tendencia a la baja en el periodo)	93.6% *(según datos generales reportados en la cohorte)*	Presente (con tendencia descendente general)
Mohanty et al., 2023	Estados Unidos	Pacientes pediátricos (+18 años)	7,605	2,336	30.7%	39.6%	39.9%	*No especificado*	11.0%	*No especificado*
Llorente et al., 2026	España	Pediátrica (+ 15 años)	4,455 (totales)	No especificado	No especificado	32.73% *(sensibilidad reducida)*	29.27% *(resistentes)*	No evaluado	Variable según el año (~20% - 35%)	No evaluado
Teatero et al., 2025	Canadá (Calgary y Toronto)	Pediátrica (≤ 17 años)	818 (totales en cohorte combinada)	No reportado	No reportado	P1: 1.5% P2: 6.8% P3: 3.0%	P1: 7.4% P2: 14.6% P3: 29.3%	No especificado	No especificado	P1: 18.4% P2: 20.4% P3: 21.2%
Fang et al., 2026	China (Zhejiang)	Pediátrica (+ 5 años: 71.4%)	119	No especificado globalmente	No especificado globalmente	No susceptibilidad/resistencia: 31.9% (según puntos de corte para meningitis) / 6.7% (intermedia)	Resistencia: 99.2% (respaldado por la alta detección del gen *ermB* al 99.2%)	No especificado	Resistencia: 82.4% (respaldado por el gen *tet(M)* al 97.5%)	Resistencia: 64.3%
Russomando et al., 2025	Paraguay	Niños sanos de 2 a 59 meses y adultos convivientes en el mismo hogar	131 aislamientos analizados	33	25.2%	52.7% (punto de corte para meningitis) / 19.1% (resistentes con punto de corte oral)	36.6%	22.9%	18.3%	29.8%
Candeias et al., 2024	Portugal	Niños de ≤ 6 años que asisten a guarderías	873 (durante el periodo NIP-PCV13)	No especificado explícitamente como "MDR-SP (n)"	23,2% (multirresistencia general)	18,8% (resistencia intermedia) y 2,4% (alta resistencia)	19,5%	18,1% (lincosamidas)	16,6%	32,9%
Gonzales et al., 2023	Perú (Lima)	Niños sanos ≤ 2 años (2 a 24 meses)	208 (en el periodo post-PCV13)	No especificado numéricamente como "MDR-SP (n)" en el texto principal	No reportado	75,5% (por difusión en disco / método oxacilina) y 74,5% (resistente por CMI con punto de corte para meningitis)	50,0% (azitromicina)	28,9%	38,5%	75,5%
Bui et al., 2026	Vietnam	Niños hospitalizados de 2 meses a 15 años	58	38	65.5%	63.3% (R)	65.5% (R)	39.7% (R)	100.0% (R)	No incluido / No disponible
Rahmati et al., 2025	Irán	Niños de 6 meses a 14 años	48	28	58.3%	41.7%	No evaluado *(Azitromicina: 45.8%)*	58.3%	No evaluado	No evaluado
Zhou et al., 2023	China *(Noreste de China)*	Pacientes de diversas edades *(predominantemente niños ≤ 5 años)*	1,240 *(aislamientos resistentes a eritromicina)*	1,150	92.74%	*Variable según edad/tipo (ej. resistencia global alta en meningitis/IPD)*	98.57% *(Resistencia global analizada)*	No evaluado individualmente *(Fenotipo cMLSB: 98.47%)*	95.56%	>70% en todos los grupos
Lin et al., 2024	Sur y Sudeste Asiático *(15 países/territorios)*	Niños *(predominantemente ≤ 5 años)*	Heterogéneo *(sumatoria de 95 estudios regionales)*	N/D *(No reportado como una suma global única)*	4% a 92.3% *(según estudio y tipo de muestra)*	0% a 100% *(de resistencia/no susceptibilidad)*	12% a 100% *(Resistencia de 12% a 100% / Susceptibilidad 0-88%)*	No consolidado individualmente en el texto	Amplia resistencia reportada en la región	Amplia resistencia reportada en la región

Fuente: Elaboración propia.

Con respecto a la resistencia, los macrólidos son uno de los grupos que muestra porcentajes más altos de resistencia entre algunos de los estudios revisitados. En China, Fang et al. (1996) hallaron una resistencia a eritromicina del 99,2 % y una alta detección de genes de resistencia asociados (erm(B) 99,2 %; tet(M) 97,5 %), lo que indicaría la circulación de determinantes genéticos de resistencia a los macrólidos y a las tetraciclinas. La resistencia a penicilina es un aspecto que requiere una lectura cautelosa, como indican Gonzales et al. (2023) en Perú, que encontraron un 74,5 % de no susceptibilidad aplicando los puntos de corte en infecciones meníngeas y, por otro lado, Russomando et al. (2025) en Paraguay con un 52,7 % bajo criterios meníngeos y un 19,1 % bajo criterios orales. Las diferencias observadas entre ambos estudios identifican que la susceptibilidad a penicilina se puede clasificar de forma que depende del lugar de la infección y del punto de corte aplicado.

Tabla 3. *Distribución de serotipos vacunales y no vacunales asociados con Streptococcus pneumoniae multirresistente en población pediátrica.*

Autor, año	País	Serotipo	Aislamientos del serotipo (n)	Aislamientos MDR (n)	MDR (%)	Perfil de resistencia	Clasificación del serotipo
Zhao et al., 2026	China	19F, 14, 19A, 6B, 1	19F: 207; 14: 65; 19A: 61; 6B: 59; 1: 52	No especificado numéricamente por serotipo individual	Alto en serotipos principales	Resistente a penicilina, eritromicina, clindamicina, cotrimoxazol, cefotaxime y cefepime	Incluidos en vacunas (PCV7, PCV10, PCV13)
Mohanty et al., 2023	Estados Unidos	*No disponible* (Estudio basado en antibiogramas de rutina sin tipificación capsular)	*No disponible*	*No disponible*	30.7% *(MDR global a* ≥ **2** *clases de fármacos)*	Resistencia global evaluada por clases (ej. Macrólidos 39.9%, Penicilina 39.6%, Tetraciclina 11.0%)	*No aplica*
Llorente et al., 2026	España	24F, 19A, 11A, 33F, 19F, 14, 23B, 15A, 16F, 15B (Principales serotipos analizados)	No especificado numéricamente de forma individual en el texto (datos presentados en gráficos de distribución)	No especificado globalmente por serotipo	No reportado globalmente	Sensibilidad reducida a penicilina, eritromicina y tetraciclina; multirresistencia asociada a clones específicos (ej. linaje PMEN3 en 11A)	Combinación de serotipos incluidos en PCV13, PCV15, PCV20 y serotipos emergentes no vacunales (ej. 24F)
Teatero et al., 2025	Canadá (Calgary y Toronto)	Serotipos principales: 19A, 3, 22F, 33F, 15B/C, 14, 6B, 19F, 23F, 18C, 7F	No especificado numéricamente de forma individual por cada serotipo en el texto principal (la cohorte total incluye 818 aislamientos pediátricos)	No reportado	No reportado	Resistencia incrementada a macrólidos (eritromicina) y baja resistencia/no susceptibilidad a penicilina y TMP-SMX; presencia de genes como *ermB* y *mefA/msrD*	Combinación de serotipos vacunales (PCV7 y PCV13) persistentes (ej. 19A, 3) y serotipos no vacunales emergentes por reemplazo serotípico (ej. 22F, 33F, 15B)
Fang et al., 2026	China (Zhejiang)	Principales: 19F (26.1%), 14 (15.1%), 19A (11.8%), 6F (10.9%), además de otros 18 serotipos identificados (total de 119 aislamientos)	• Serotipo 19F: 31 aislamientos • Serotipo 14: 18 aislamientos • Serotipo 19A: 14 aislamientos • Serotipo 6F: 13 aislamientos	No especificado numéricamente como conteo global de MDR en el estudio	No reportado globalmente como porcentaje de MDR	Alta resistencia genética a macrólidos y tetraciclinas (genes *ermB* 99.2% y *tet(M)* 97.5%), con susceptibilidad moderada a penicilina y ceftriaxone, y 100% de susceptibilidad a linezolid, vancomicina, levofloxacina y moxifloxacina	Predominio sostenido de serotipos vacunales incluidos en PCVs (19F, 14, 19A, 6F) en un contexto de política de vacunación no obligatoria.
Russomando et al., 2025	Paraguay	Serotipos principales identificados en portadores: 6A/B, 11A, 19A, 6C, 15B/C	No especificado numéricamente de forma individual para cada serotipo en el estudio (el total de aislamientos recuperados para pruebas de susceptibilidad fue de 131)	No especificado de manera individual por cada serotipo (total general de 33 aislamientos MDR en la cohorte)	25.2% (global para los aislamientos evaluados)	Resistencia elevada a betalactámicos (penicilina y cefotaxime), macrólidos (eritromicina 36.6%), trimetoprim-sulfametoxazole (29.8%), clindamicina (22.9%) y tetraciclina (18.3%).	Incluye tanto serotipos vacunales (PCV10/PCV13, destacando el agrupamiento de aislamientos MDR pediátricos en 19F y 19A) como serotipos no vacunales emergentes por reemplazo (ej. 6C, 11A, 15B/C).
Candeias et al., 2024	Portugal	15B/C	137 (aprox. 15,7% de 873 aislamientos)	No especificado numéricamente por serotipo individual en el	No especificado por serotipo	Mayormente susceptibles, con	Adicional de PCV20 / No PCV13

				texto principal (asociado mayormente a susceptibilidad excepto SXT/lincosamidas)		presencia de resistencia a eritromicina	
		11A	98 (11,2% de 873 aislamientos)	No especificado numéricamente por serotipo individual	No especificado por serotipo	Principal responsable de la resistencia de alto nivel a penicilina y resistencia a eritromicina en este grupo	Adicional de PCV20 / No PCV13
		23B	86 (9,9% de 873 aislamientos)	No especificado numéricamente por serotipo individual	No especificado por serotipo	Presenta resistencia intermedia a penicilina	No PCV20 (No incluido en vacunas actuales)
		23A	67 (7,7% de 873 aislamientos)	No especificado numéricamente por serotipo individual	No especificado por serotipo	Mayormente susceptibles a los antimicrobianos	No PCV20 (No incluido en vacunas actuales)
		19F	41 (4,7% de 873 aislamientos)	No especificado numéricamente por serotipo individual	No especificado por serotipo	Asociado a resistencia a eritromicina en linajes específicos	Incluido en PCV13
Gonzales et al., 2023	Perú	15C	24 (12,4%)	No especificado por serotipo	No reportado	Resistencia general del estudio: 75,5% penicilina, 50% azitromicina, 75,5% TMP/SMX	Emergente / No PCV13
		19A	21 (10,9%)	No especificado por serotipo	No reportado	Resistencia general del estudio: 75,5% penicilina, 50% azitromicina, 75,5% TMP/SMX	Incluido en PCV13
		6C	21 (10,9%)	No especificado por serotipo	No reportado	Resistencia general del estudio: 75,5% penicilina, 50% azitromicina, 75,5% TMP/SMX	No PCV13 (Protección cruzada 6A)
		23A	17 (8,8%)	No especificado por serotipo	No reportado	Resistencia general del estudio: 75,5% penicilina, 50% azitromicina, 75,5% TMP/SMX	No PCV13
		15B	15 (7,8%)	No especificado por serotipo	No reportado	Resistencia general del estudio: 75,5% penicilina, 50% azitromicina, 75,5% TMP/SMX	No PCV13 (Adicional PCV20)
		Otros serotipos combinados (15A, 11A, 16F, 23B, 34, 10A, 35B, 13, 19F, 24F, 38, NT, 6B, 6A, 23F, 35F, 3, 9V, 7C, 33F, 35A, 19B, 31)	85 (43,9% en conjunto)	No especificado por serotipo	No reportado	Resistencia general del estudio: 75,5% penicilina, 50% azitromicina, 75,5% TMP/SMX	Mezcla de incluidos en PCV13 y no incluidos
Bui et al., 2026	Vietnam	No especificado en el estudio	No disponible	38	65.5%	Resistente a tetraciclina (100%), eritromicina (65.5%), penicilina (63.3%), cefepime (52.2%), clindamicina (39.7%) y cloramphenicol (32.0%).	No disponible
Rahmati et al., 2025	Irán	N/D *(No se realizó serotipificación)*	N/D *(Total de aislados globales: 48)*	N/D *(Total de aislados MDR globales: 28)*	N/D *(MDR global: 58.3%)*	N/D *(Perfiles globales en el texto: Pen+Azm+Cli [35.7%], Pen+Cfx+Cli [28.6%], Azm+Cli+Rif [21.4%])*	N/D *(Sin datos de vacunales / no vacunales)*
Zhou et al., 2023	China *(Noreste)*	19F	334 *(83 IPD + 251 no IPD)*	Elevada MDR *(325 con doble gen ermB+mefA)*	>90%	Resistente a Eritromicina, Clindamicina, Azitromicina, Tetraciclina y Cotrimoxazol *(Penicilina variable)*	Vacunal *(PCV7, PCV10, PCV13)*
		19A	269 *(129 IPD + 140 no IPD)*	Elevada MDR *(267 con doble gen ermB+mefA)*	>90%	Resistente a Eritromicina, Clindamicina, Azitromicina, Tetraciclina, Cotrimoxazol y Meropenem *(Penicilina variable)*	Vacunal *(PCV13)*
		14	219 *(85 IPD + 134 no IPD)*	Elevada MDR *(47 con doble gen ermB+mefA)*	>90%	Resistente a Eritromicina, Clindamicina, Azitromicina, Tetraciclina y Cotrimoxazol	Vacunal *(PCV7, PCV10, PCV13)*

		23F	149 *(60 IPD + 89 no IPD)*	Elevada MDR *(47 con doble gen ermB+mefA)*	>90%	Resistente a Eritromicina, Clindamicina, Azitromicina, Tetraciclina y Cotrimoxazol	Vacunal *(PCV7, PCV10, PCV13)*
		6B	85 *(38 IPD + 47 no IPD)*	Elevada MDR *(10 con doble gen ermB+mefA)*	>90%	Resistente a Eritromicina, Clindamicina, Azitromicina, Tetraciclina y Cotrimoxazol	Vacunal *(PCV7, PCV10, PCV13)*
		6A	41 *(8 IPD + 33 no IPD)*	Elevada MDR *(Aislados detectados)*	>90%	Resistente a Eritromicina, Clindamicina, Tetraciclina y Cotrimoxazol	Vacunal *(PCV13)*
		Otros (17 serotipos) *(p. ej., 9V, 15, 11, 3, 18C, 4, 5, 7F, etc.)*	144 *(58 IPD + 86 no IPD)*	Elevada MDR *(8 con doble gen ermB+mefA + otros)*	>85%	Resistente a Eritromicina, Clindamicina, Tetraciclina y Cotrimoxazol	Mezcla de Vacunales y No Vacunales
Lin et al., 2024	Sur y Sudeste Asiático Sur y Sudeste Asiático	19A	N/D *(Serotipo predominante en enfermedad clínica en varios países, ej. Taiwán hasta 90.9%)*	N/D	Elevada	Asoc. a resistencia a Penicilina, Macrólidos y Ceftriaxona	Vacunal *(PCV13, PCV15, PCV20)*
		19F	N/D *(Prevalente en enfermedad y portación, ej. Vietnam hasta 67.5%)*	N/D	Elevada	Asoc. a multirresistencia (Penicilina, Macrólidos, Cotrimoxazol)	Vacunal *(PCV7, PCV10, PCV13, PCV15, PCV20)*
		14	N/D *(Prevalente en enfermedad, ej. India hasta 30.6% y Tailandia 25.6%)*	N/D	Elevada	Asoc. a resistencia a Penicilina y Macrólidos	Vacunal *(PCV7, PCV10, PCV13, PCV15, PCV20)*
		6B	N/D *(Frecuente en portación nasofaríngea y enfermedad)*	N/D	Elevada	Asoc. a multirresistencia	Vacunal *(PCV7, PCV10, PCV13, PCV15, PCV20)*
		6A	N/D *(Frecuente en meningitis y portación nasofaríngea)*	N/D	Elevada	Asoc. a multirresistencia	Vacunal *(PCV13, PCV15, PCV20; y Pneumosil)*
		23F	N/D *(Frecuente en portación y enfermedad)*	N/D	Elevada	Asoc. a multirresistencia	Vacunal *(PCV7, PCV10, PCV13, PCV15, PCV20)*
		1, 3, 5	N/D *(Prevalentes principalmente en enfermedad invasiva)*	N/D	Variable	Asoc. a patogenicidad e infecciones invasivas	Vacunal *(1 y 5: PCV10/13; 3: PCV13/15/20)*
		15A, 15B/C, 10A, 35B	N/D *(Serotipos de emergencia no cubiertos por vacunas conjugadas estándar)*	N/D	Variable	Resistencia emergente a macrólidos y otros agentes	No vacunal *(Emergentes no PCV13; 15B en PCV20)*

Fuente: Elaboración propia

El análisis de la diversidad capsular indica que existen dos fenómenos o procesos concurrentes, el de la existencia de serotipos vacunales multirresistentes y el de que la multirresistencia por serotipos vacunales tradicionales es reemplazada por cepas no vacunales emergentes. Los serotipos 19F, 19A y 14 continúan siendo los principales determinantes de la multirresistencia a nivel mundial. En China, Zhou et al. (2023) y Zhao et al. (2026) observaron 19F y 19A como los serotipos más prevalentes con niveles superiores al 90 % de MDR portadores de los genes erm(B) y mef(A/E). La falta de inclusión universal de las PCV en los sistemas de salud propicia la circulación activa de serotipos clásicos. Por otro lado, la presión selectiva ejercida por las vacunas conjugadas (PCV10 y PCV13) ha promovido la expansión epidemiológica de serotipos no vacunales. En Portugal, Candeias et al. (2024) evidenció que el aumento de la resistencia post-PCV13 estuvo potenciado por serotipos emergentes como 11A (implicado en resistencia de alto nivel a penicilina) y 15B/C. En España, Llorente et al. (2026) describieron la emergencia del serotipo no vacunal 24F y la expansión del linaje clonal PMEN3 en el serotipo 11A. En América Latina, Gonzales et

al. (2023) en Perú y Regalado L et al. (2021) en Ecuador identificaron los serotipos 15C, 6C y 11A en los linajes no vacunales con perfiles de multirresistencia de mayor difusión. Estos resultados se explican por el fenómeno de reemplazo serotípico, mediante el cual la disminución de determinados serotipos tras la introducción de la vacunación conjugada puede ir acompañada de un cambio en la distribución relativa de otros serotipos. No obstante, la existencia de serotipos no vacunales tras la vacunación no implica que esta haya dado lugar a su aparición, por sí sola, ni que todos ellos presenten multirresistencia. Para establecer estas relaciones resulta importante la dinámica temporal de los serotipos, sus perfiles de susceptibilidad, la estructura poblacional de los aislamientos y las características de las vacunas empleadas (Apodaca et al., 2025; Candeias et al., 2024).

Tabla 4. *Características epidemiológicas asociadas con la circulación de Streptococcus pneumoniae multirresistente en población pediátrica*

Autor, año	País/región	Edad	Sexo	Estado de vacunación	Tipo de presentación	Contexto	Periodo respecto a PCV	MDR (%)
Zhao et al., 2026	China (Chongqing)	Pacientes pediátricos +18 años (predominantemente preescolares, infantes y niños en etapa de toddler)	No especificado en el texto general	No especificado en detalle (baja cobertura general en el país debido a no estar incluido en el programa nacional de inmunización)	Infecciones respiratorias agudas comunitarias (CARTIs) y enfermedad neumocócica invasiva (IPD) / no invasiva (NIPD)	Estudio multicéntrico en hospitales pediátricos (2019–2024)	Pre y post-COVID-19 / Era de disponibilidad de PCV (PCV7, PCV10, PCV13) sin inclusión universal	No reportado como un porcentaje único global para MDR en el texto principal, pero documenta alta resistencia y cepas multirresistentes asociadas a serotipos prevalentes
Mohanty et al., 2023	Estados Unidos (multicéntrico nacional)	**+18** años (Desglose: **+2** años: 28.1%, **2 – 4** años: 36.9%, **5 – 17** años: 35.1%)	Femenino: 43.5%, Masculino: 56.5%	*No especificado* (El estudio evalúa aislamientos clínicos de rutina sin datos individuales de vacunación de los pacientes)	Invasiva (12.7%: sangre, LCR/neurológicas) y No invasiva (87.3%: respiratorias, ENT, heridas, orina)	Hospitalario y ambulatorio (219 centros hospitalarios de EE. UU.)	Posvacunación (periodo de estudio 2011–2020, consolidada la era post-PCV13)	30.7% *(Definido en el estudio como resistencia a ≥ **2** clases de fármacos)*
Llorente et al., 2026	España (nivel nacional)	Población pediátrica (+ 15 años)	No reportado *(no incluido en los datos de vigilancia pasiva)*	Cobertura poblacional general registrada (2 dosis: ~95%–98%; refuerzo: ~88%–96%)	Enfermedad neumocócica invasiva (ENI) *(aislamientos de meningitis excluidos)*	Estudio nacional de vigilancia longitudinal a través del Laboratorio de Referencia de Neumococos de España (SPRL) (2009–2023)	6 periodos: pre-PCV13, early PCV13, middle PCV13, late PCV13, COVID-19 y reapertura	No reportado como un porcentaje global único *(analiza separadamente sensibilidad reducida a penicilina [32.73%] y resistencia a eritromicina [29.27%])*
Teatero et al., 2025	Canadá (Calgary, Alberta y Toronto, Ontario)	Pediátrica (≤ 17 años; dividido en menores de 2 años, 2-4 años y 5-17 años)	Masculino y femenino (58.8% varones en Calgary)	Casos documentados incluso con esquemas completos de PCV13 (ej. casos de serotipo 19A con 4 dosis completas)	Enfermedad neumocócica invasiva (IPD)	Vigilancia activa poblacional en dos centros urbanos principales de Canadá	Periodos P1 (pre-PCV), P2 (PCV7 / PCV10) y P3 (PCV13)	No reportado como una cifra global consolidada de MDR-SP en el estudio
Fang et al., 2026	China (Provincia de Zhejiang, Hangzhou)	Pediátrica (71.4% menores de 5 años)	Masculino (58.0%)	Contexto de política de vacunación con PCV no obligatoria en China	Enfermedad neumocócica invasiva (IPD): 31.9% meningitis y 68.1% no meningitis (aislados principalmente de sangre 71.4% y LCR 25.2%)	Vigilancia genómica de 14 años (2011–2024) en un hospital infantil terciario	2011–2024 (periodo posterior a la introducción de PCVs bajo un programa no obligatorio)	No se especifica un porcentaje global consolidado para MDR-SP, aunque se detectaron tasas extremadamente altas de genes de resistencia a macrólidos (*ermB* 99.2%) y

								tetraciclina (*tet(M)* 97.5%).
Russomando et al., 2025	Paraguay (Departamento Central)	Niños sanos de 2 a 59 meses y adultos convivientes en el mismo hogar	Masculino y femenino (53% varones en niños; 95% mujeres en adultos, principalmente madres acompañantes)	97.9% de los niños contaban con las dosis adecuadas para su edad (PCV10/PCV13); el 63.8% estaban completamente vacunados	Portadores sanos (colonización nasofaríngea asintomática)	Estudio observacional en parejas de niños y adultos en el Hospital Pediátrico "Niños de Acosta Ñu"	Era post-vacunal (periodo de muestreo 2018–2019, tras la introducción de PCV10 en 2012 y PCV13 en 2017)	25.2% (de los aislamientos evaluados)
Candeias et al., 2024	Portugal (Municipio de Oeiras, área metropolitana de Lisboa)	Niños de ≤6 años (media de 2,7 ±1,5 años)	53,6% varones y 46,4% mujeres	94,2% con al menos 1 dosis de PCV13 (99,4% en +2 años); 5,7% no vacunados	Portación asintomática (muestras nasofaríngeas)	Asistentes a guarderías (privadas, semiprivadas y públicas)	Post-introducción de PCV13 en el Programa Nacional de Inmunización (NIP-PCV13, 2018–2020)	23,2%
Gonzales et al., 2023	Perú (Lima)	Menores de dos años (2 a 24 meses)	48,2% varones y 51,8% mujeres	89,4% vacunados con al menos una dosis de PCV13; 10,6% no vacunados	Portación asintomática (hisopado nasofaríngeo)	Asistentes a servicios de crecimiento y desarrollo (CRED) o vacunación de cinco hospitales de Lima	Post-introducción de PCV13 (enero 2018 a agosto 2019)	No reportado explícitamente como porcentaje de MDR global en el texto principal
Bui et al., 2026	Vietnam / Delta del Mekong (Can Tho)	2 meses a 15 años (mediana: 31 meses)	56,9% varones (33/58)	29,3% con antecedente de vacunación neumocócica (17/58)	Neumonía (79,3%) y sospecha de bacteriemia (20,7%); muestras principales: aspirado nasofaríngeo (86,2%) y sangre (13,8%)	Hospitalario (hospital pediátrico de referencia terciaria)	Contexto totalmente ingenuo a la vacuna PCV en el programa público. La vacuna no formaba parte del Programa Ampliado de Inmunización durante 2022–2024; solo estaba disponible de forma privada	65,5% (definición primaria)
Rahmati et al., 2025	Irán *(Bandar Abbas, Sur de Irán)*	6 meses a 14 años *(46.2% + 5 años)*	53.8% masculino 46.2% femenino	24.9% vacunados con PCV10 *(75.1% no vacunados)*	Portadores asintomáticos *(Portación nasofaríngea / Carga nasofaríngea)*	Pacientes ambulatorios con motivos de consulta no respiratorios	Cobertura vacunal muy baja / Etapa post-introducción de PCV10	58.3% *(52.6% en vacunados vs. 60.2% en no vacunados)*
Zhou et al., 2023	China *(Noreste de China)*	Clasificados en 5 grupos: • ≤ **2** años • **2** a ≤ **5** años • **5** a ≤ **14** años *(Predominio en niños ≤ **5** años)*	No reportado individualmente en el texto del artículo	Sin datos de antecedentes de vacunación individual en la cohorte *(se calculó la cobertura teórica por serotipos aislados: PCV13 > **88**%)*	Pacientes sintomáticos con ENI (Invasivos: bacteriemia, meningitis, derrame pleural) y No Invasivos (No ENI: neumonía, esputo, lavado broncoalveolar, otitis)	Muestras clínicas hospitalarias (Hospital Shengjing de la Universidad Médica de China y un hospital municipal) recolectadas entre 2000 y 2019	Periodo de 20 años que abarca etapas previa y posterior a la introducción de vacunas conjugadas (PCV7, PCV10 y PCV13) en China	92.74% *(1,150/1,240 aislados evaluados de S. pneumoniae resistente a eritromicina)*
Lin et al., 2024	Sur y Sudeste Asiático *(Brunei, Indonesia, Malasia, Filipinas, Singapur, Tailandia, Vietnam, Bangladesh, India, Nepal, Pakistán, Sri Lanka, Hong Kong, Taiwán, Myanmar)*	Infantes y niños menores de 5 años *(así como rangos amplios hasta 14–18 años según los estudios incluidos)*	No especificado globalmente *(datos agrupados de 95 estudios).*	Variable entre países *(coberturas subóptimas o bajas en varias naciones; inclusión dispar de PCV10/PCV13 en los programas nacionales de inmunización).*	Portación nasofaríngea asintomática y enfermedad neumocócica (invasiva - ENI y no invasiva - otitis, neumonía, meningitis, bacteriemia).	Revisión sistemática de literatura y datos de vigilancia epidemiológica en la región de 2012 a 2024.	Periodos previos y posteriores a la introducción de vacunas conjugadas (PCV10 / PCV13) según cada país analizado.	Variable según estudio y país *(desde un 4% en otorragia en Bangladesh hasta un 92.3% en otitis media en Taiwán).*

Fuente: Elaboración propia.

La circulación de *Streptococcus pneumoniae* multirresistente en la población pediátrica, es el producto de la interacción de varios factores epidemiológicos, los que incluyen la edad, el uso de centros infantiles, la portación nasofaríngea, el uso de antimicrobianos, la cobertura vacunal y las características de los serotipos circulantes. La edad es una de las características más relevantes porque los lactantes y los niños preescolares son capaces de participar en la transmisión comunitaria del neumococo (Sousa et al., 2026).

La portación nasofaríngea asintomática constituye un reservorio importante para la circulación de *S. pneumoniae,* pudiendo el microorganismo ser transmitido en ausencia de síntomas clínicos. En lugares de convivencia cotidiana como guarderías o escuelas, el contacto íntimo entre los niños puede facilitar la transmisión de las cepas neumocócicas. Otro aspecto importante para desarrollar es el de los antimicrobianos, ya que la exposición a ellos puede generar presión selectiva sobre las poblaciones bacterianas, favoreciendo el mantenimiento o la expansión de cepas resistentes de dicho microorganismo (Sousa et al., 2026; Syriopoulou et al., 2026).

La vacunación neumocócica también es un elemento importante en el contexto epidemiológico, ya que la introducción de vacunas de este tipo puede reducir la circulación de los serotipos incluidos en cada formulación y modificar la composición de las poblaciones neumocócicas, cambios que pueden venir acompañados de variaciones en la frecuencia de serotipos no vacunales –algunos de los cuales pueden tener perfiles de resistencia relevantes (Kobayashi et al., 2023

Conclusiones

La prevalencia de aislados MDR-SP presenta una marcada heterogeneidad global, con un rango que oscila entre el 23.2 % y el 92.7 %. Las tasas más preocupantes y altas se registran en zonas y centros donde la cobertura vacunal se encuentra muy por debajo de lo establecido donde las vacunas conjugadas no forman parte de la inmunización pública universal, a diferencia de un menor, pero bastante alto porcentaje de prevalencia que se documenta en países con programas de vacunación capaces de minimizar las tasas de aislamiento.

La resistencia a los macrólidos (eritromicina y azitromicina) y tetraciclinas se encuentra en tasas preocupantes que superan el 80 % a 90 % bajo presión selectiva elevada proveniente de determinantes genéticos erm (B), mef(A/E) y tet(M) de forma molecular. La susceptibilidad a los β-lactámicos se presenta con las variaciones metodológicas que dependen de la localización anatómica de la serie del aislamiento y del estándar interpretativo de los resultados del aislado.

Los serotipos vacunales clásicos 19F, 19A y 14 permanecen como los principales perfiles de multirresistencia a escala global. En paralelo, la presión selectiva ha permitido la emergencia y expansión de serotipos no vacunales como el 11A (con resistencia de alto nivel a penicilina) o los serotipos 15B/C, 6C y 24F, los cuales se encuentran en aumento como consecuencia de la expansión del fenómeno de reemplazo capsular tras la aplicación de las vacunas. Las vacunas neumocócicas conjugadas han mostrado elevada eficacia para reducir la carga de enfermedad neumocócica invasiva y limitar la circulación de clones vacunales multirresistentes, aunque para poder frenar el efecto del reemplazo serotípico y de la persistencia de cepas resistentes se impone la

necesidad de seguir avanzando hacia formulaciones de mayor valencia (PCV15 y PCV20), así como en el desarrollo de programas de vigilancia epidemiológica y genómica de carácter permanente.

Referencias Bibliográficas

Apodaca, K., Grant, L. R., Perdrizet, J., Daigle, D., Mircus, G., & Gessner, B. D. (2025). Real-world impact of pneumococcal conjugate vaccines on vaccine serotypes and potential cross-reacting non-vaccine serotypes. *Vaccines, 13*(6), Article 651. https://doi.org/10.3390/vaccines13060651

Candeias, C., Almeida, S. T., Paulo, A. C., Simões, A. S., Ferreira, B., Cruz, A. R., Queirós, M., Touret, T., Brito-Avô, A., de Lencastre, H., & Sá-Leão, R. (2024). *Streptococcus pneumoniae* carriage, serotypes, genotypes, and antimicrobial resistance trends among children in Portugal, after introduction of PCV13 in National Immunization Program: A cross-sectional study. *Vaccine, 42*(22), Article 126219. https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2024.126219

Centers for Disease Control and Prevention. (2026, 6 de julio). *Streptococcus pneumoniae detection and serotyping using PCR*. https://www.cdc.gov/strep-lab/php/pneumococcus/serotyping-using-pcr.html CDC

Clinical and Laboratory Standards Institute. (2026). *Performance standards for antimicrobial susceptibility testing* (36.ª ed., CLSI M100). https://clsi.org/shop/standards/m100/ clsi.org

European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing. (2026). *Breakpoint tables for interpretation of MICs and zone diameters* (versión 16.1). https://www.eucast.org/bacteria/clinical-breakpoints-and-interpretation/clinical-breakpoint-tables/ eucast.org

Fang, C., Zhou, Z., Li, J., Zhang, X., Xia, J., Liu, S., Zhao, Y., Zhou, M., & Chen, Y. (2026). Fourteen-year genomic surveillance of pediatric invasive *Streptococcus pneumoniae*: Genomic and pan-genomic characterization. *BMC Microbiology, 26*(1), Article 551. https://doi.org/10.1186/s12866-026-05095-4 PubMed

Gibson, P. S., Bexkens, E., Zuber, S., Cowley, L. A., & Veening, J.-W. (2022). The acquisition of clinically relevant amoxicillin resistance in *Streptococcus pneumoniae* requires ordered horizontal gene transfer of four loci. *PLOS Pathogens, 18*(7), Article e1010727. https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1010727

Gonzales, B. E., Mercado, E. H., Castillo-Tokumori, F., Montero, A. E., Luna-Muschi, A., Marcelo-Ragas, M., Campos, F., Chaparro, E., Del Águila, O., Castillo, M. E., Saenz, A., Reyes, I., Hernandez, R., & Ochoa, T. J. (2023). Pneumococcal serotypes and antibiotic resistance in healthy carriage children after introduction of PCV13 in Lima, Peru. *Vaccine, 41*(28), 4106–4113. https://doi.org/10.1016/j.vaccine.2023.05.042

Kobayashi, M., Pilishvili, T., Farrar, J. L., Leidner, A. J., Gierke, R., Prasad, N., Moro, P., Campos-Outcalt, D., Morgan, R. L., Long, S. S., Poehling, K. A., & Cohen, A. L. (2023). Pneumococcal vaccine for adults aged ≥19 years: Recommendations of the Advisory Committee on Immunization Practices, United States, 2023. *MMWR Recommendations and Reports, 72*(RR-3), 1–39. https://doi.org/10.15585/mmwr.rr7203a1

Lin, T.-Y., Chiu, C.-H., Woo, P. C., Razak Muttalif, A., Dhar, R., Choon Kit, L., Morales, G., & Ozbilgili, E. (2024). Pneumococcal serotype prevalence and antibiotic resistance in children in South and Southeast Asia, 2012–2024. *Human Vaccines & Immunotherapeutics, 20*(1), Article 2417554. https://doi.org/10.1080/21645515.2024.2417554

Llor, C., Hoyos Mallecot, Y., Moragas, A., Troncoso-Mariño, A., Bjerrum, L., & Villmones, H. C. (2023). New paradigms on antibiotic recommendations for community-acquired infections in Spain. *Atención*

Primaria, 55(8), Article 102648. https://doi.org/10.1016/j.aprim.2023.102648

Llorente, J., Sempere, J., Llamosí, M., Pérez-García, C., Úbeda, A., Vidal-Alcántara, E. J., Sanz, J. C., Domenech, M., & Yuste, J. (2026). Emergence of antibiotic-resistant pneumococcal serotypes causing invasive pneumococcal disease in children, Spain. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy, 70*(2), Article e01530-25. https://doi.org/10.1128/aac.01530-25 journals.asm.org

Losada-Castillo, I., Santiago-Pérez, I., Juiz-Gonzalez, P. M., Méndez-Lage, S., Purriños-Hermida, M. J., Malvar, A., & Agulla-Budiño, J. A. (2024). Progresión temporal de la distribución de los serotipos de *Streptococcus pneumoniae* productores de enfermedad neumocócica invasiva en Galicia (España) y su relación con la resistencia a antibióticos (periodo 2011-2021). *Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica, 42*(4), 179–186. https://doi.org/10.1016/j.eimc.2022.12.007

Martens, S., Cuypers, L., Bélik, F., Briers, P.-J., Ceyssens, P.-J., Denis, O., Huang, T.-D., Magerman, K., Strypens, T., Van den Abeele, A.-M., & Desmet, S. (2024). Multicenter comparison of Etest, Vitek2 and BD Phoenix to broth microdilution for beta-lactam susceptibility testing of *Streptococcus pneumonia*. *European Journal of Clinical Microbiology & Infectious Diseases, 43*(7), 1375–1381. https://doi.org/10.1007/s10096-024-04847-2

Mohanty, S., Feemster, K., Yu, K. C., Watts, J. A., & Gupta, V. (2023). Trends in *Streptococcus pneumoniae* antimicrobial resistance in US children: A multicenter evaluation. *Open Forum Infectious Diseases, 10*(3), Article ofad098. https://doi.org/10.1093/ofid/ofad098

Neal, E. F. G., Chan, J., Nguyen, C. D., & Russell, F. M. (2022). Factors associated with pneumococcal nasopharyngeal carriage: A systematic review. *PLOS Global Public Health, 2*(4), Article e0000327. https://doi.org/10.1371/journal.pgph.0000327

Nix, I. D., Idelevich, E. A., Schlattmann, A., Sparbier, K., Kostrzewa, M., & Becker, K. (2021). MALDI-TOF mass spectrometry-based optochin susceptibility testing for differentiation of *Streptococcus pneumoniae* from other *Streptococcus mitis* group streptococci. *Microorganisms, 9*(10), Article 2010. https://doi.org/10.3390/microorganisms9102010

Page, M. J., McKenzie, J. E., Bossuyt, P. M., Boutron, I., Hoffmann, T. C., Mulrow, C. D., Shamseer, L., Tetzlaff, J. M., Akl, E. A., Brennan, S. E., Chou, R., Glanville, J., Grimshaw, J. M., Hróbjartsson, A., Lalu, M. M., Li, T., Loder, E. W., Mayo-Wilson, E., McDonald, S., … Moher, D. (2021). The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. *BMJ, 372*, Article n71. https://doi.org/10.1136/bmj.n71 bmj.com

Patil, S., Chen, H., Lopes, B. S., Liu, S., & Wen, F. (2023). Multidrug-resistant *Streptococcus pneumoniae* in young children. *The Lancet Microbe, 4*(2), e69. https://doi.org/10.1016/S2666-5247(22)00323-8 pubmed.ncbi.nlm.nih.gov

Regalado L, D., Rivera-Olivero, I. A., Garcia-Bereguiain, M. A., Tana, L., Hernandez, I., Zurita, J., Vidal, J. E., Terán, E., & de Waard, J. H. (2021). Pneumococcal carriage among indigenous Kichwa children from the Ecuadorian Andes after the 10-valent pneumococcal vaccine introduction. *The Pediatric Infectious Disease Journal, 40*(11), e427–e433. https://doi.org/10.1097/INF.0000000000003291 pubmed.ncbi.nlm.nih.gov

Russomando, G., Fariña, N., Amour, S., Grau, L., Guillen, R., Abente, S., Aldama, M., Hahn, I., Castro, H., Messaoudi, M., Sanchez, Z., Picot, V., Komurian-Pradel, F., & Milenkov, M. (2025). *Streptococcus pneumoniae* carriage, antimicrobial resistance, and serotype distribution in children and adults from Paraguay in the post-vaccinal era. *Frontiers in Public Health, 13*, Article 1584857.

https://doi.org/10.3389/fpubh.2025.1584857 frontiersin.org

Salazar, G. J., Galarza, M., Soria, C., Zurita, J., & Salgado, J. (2022). 1183. Serotype prevalence and antimicrobial resistance patterns of *Streptococcus pneumoniae* in Ecuador. *Open Forum Infectious Diseases, 9*(Suppl. 2), ofac492.1018. https://doi.org/10.1093/ofid/ofac492.1018

Sandoval, M. M., Ruvinsky, S., Palermo, M. C., Alconada, T., Brizuela, M. E., Wierzbicki, E. R., Cantos, J., Bardach, A., Ciapponi, A., & Gagetti, P. (2024). Antimicrobial resistance of *Streptococcus pneumoniae* from invasive pneumococcal diseases in Latin American countries: A systematic review and meta-analysis. *Frontiers in Public Health, 12*, Article 1337276. https://doi.org/10.3389/fpubh.2024.1337276

Scelfo, C., Menzella, F., Fontana, M., Ghidoni, G., Galeone, C., & Facciolongo, N. C. (2021). Pneumonia and invasive pneumococcal diseases: The role of pneumococcal conjugate vaccine in the era of multi-drug resistance. *Vaccines, 9*(5), Article 420. https://doi.org/10.3390/vaccines9050420

Sempere, J., Pérez-García, C., Lago, D., Hita, S., Domenech, M., & Yuste, J. (2022). IE-7950. Contribución de las vacunas conjugadas antineumocócicas y el SARS-CoV-2 a la resistencia a antibióticos en *Streptococcus pneumoniae* en España durante el periodo 2004-2020. *Vacunas, 23*, 17. https://doi.org/10.1016/j.vacun.2022.09.025

Shawrob, K. S. M., Dhariwal, A., Salvadori, G., Gladstone, R. A., & Junges, R. (2025). Large-scale global molecular epidemiology of antibiotic resistance determinants in *Streptococcus pneumoniae*. *Microbial Genomics, 11*(7), Article 001444. https://doi.org/10.1099/mgen.0.001444

Shi, X., Patil, S., Wang, Q., Liu, Z., Zhu, C., Wang, H., Chen, Y., Li, L., Yang, L., Zheng, Y., Dong, S., & Bao, Y. (2024). Prevalence and resistance characteristics of multidrug-resistant *Streptococcus pneumoniae* isolated from the respiratory tracts of hospitalized children in Shenzhen, China. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 13*, Article 1332472. https://doi.org/10.3389/fcimb.2023.1332472

Sousa, I. O., Leite, J. L. P., Melo, A. O. D. S., Monteiro, A. S. S., Xavier, C. F. C., Santos, V. J., Lemos, A. P. S., Almeida, S. C. G., Menezes, A. P. O., Cordeiro, S. M., & Reis, J. N. (2026). Nasopharyngeal carriage of *Streptococcus pneumoniae* in children aged two to five years old in the conjugate vaccine era: A cross-sectional study in Salvador, Brazil. *PLOS ONE, 21*(9), Article e0357903. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0357903 journals.plos.org

Syriopoulou, V. P., Daikos, G. L., Koutouzis, E. I., Tatsi, E. B., Georgakopoulou, T., Koutouzi, F. I., Stathi, A., Spyridopoulou, K., Sideri, A., Doudoulakakis, A., Kalogeras, G., Liakopoulou, T., Koukou, D. M., Asimaki, C., Tsapra, E., Lebessi, E., Zachariadou, L., Papadogeorgaki, E., & Michos, A. (2026). The impact of pneumococcal conjugate vaccines on disease epidemiology, serotype distribution, and antimicrobial resistance in children. A 25-year observational study in Athens, Greece (1996–2021). *Human Vaccines & Immunotherapeutics, 22*(1), Article 2608399. https://doi.org/10.1080/21645515.2025.2608399 pubmed.ncbi.nlm.nih.gov

Teatero, S., McGeer, A., Plevneshi, A., Ricketson, L. J., Kellner, J. D., & Fittipaldi, N. (2025). Evolving genomic landscape of pediatric pneumococcus in two Canadian urban centers following conjugate vaccination. *Frontiers in Microbiology, 16*, Article 1642658. https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1642658 public-pages-files-2025.frontiersin.org

World Health Organization. (2024). *WHO bacterial priority pathogens list, 2024: Bacterial pathogens of public health importance to guide research, development and strategies to prevent and control antimicrobial resistance*. https://www.who.int/publications/i/item/9789240093461 who.int

Zahari, N. I. N., Engku Abd Rahman, E. N. S., Irekeola, A. A., Ahmed, N., Rabaan, A. A., Alotaibi, J., Alqahtani, S. A., Halawi, M. Y., Alamri, I. A., Almogbel, M. S., Alfaraj, A. H., Ibrahim, F. Al, Almaghaslah, D., Alissa, M., & Yean, C. Y. (2023). A review of the resistance mechanisms for β-lactams, macrolides and fluoroquinolones among *Streptococcus pneumoniae*. *Medicina, 59*(11), Article 1927. https://doi.org/10.3390/medicina59111927

Zhao, J., Jing, C., Yu, X., Xiong, Z., Xiang, Y., Liu, F., & Li, X. (2026). Epidemiology, changing resistance trends and serotypes of *Streptococcus pneumoniae* in children in Chongqing, China, 2019–2024: A multicenter study. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 15*, Article 1700449. https://doi.org/10.3389/fcimb.2025.1700449 pubmed.ncbi.nlm.nih.gov

Zhou, X., Liu, J., Zhang, Z., Cui, B., Wang, Y., Zhang, Y., Xu, H., Cheng, G., Liu, Y., & Qin, X. (2022). Characterization of *Streptococcus pneumoniae* macrolide resistance and its mechanism in Northeast China over a 20-year period. *Microbiology Spectrum, 10*(5), Article e00546-22. https://doi.org/10.1128/spectrum.00546-22

Esta obra está bajo una licencia de Creative Commons Reconocimiento-No Comercial 4.0 Internacional. Copyright © Byron Rafael Ñacato Anchaluisa y Ana Carolina González Romero.

Declaraciones éticas y editoriales del artículo
Contribución de los autores (Taxonomía CRediT) Byron Rafael Ñacato Anchaluisa: Conceptualización de la investigación, diseño metodológico, curación y organización de los datos, desarrollo del proceso investigativo, análisis formal de los datos, validación de los resultados obtenidos, Ana Carolina González Romero: Elaboración de representaciones gráficas y visualización de los datos, provisión de recursos académicos y materiales, redacción del borrador original del manuscrito, revisión crítica del contenido científico, administración del proyecto y supervisión general del estudio.
Declaración de conflicto de intereses El autor declara que no existe conflicto de intereses en relación con la investigación presentada, la autoría del manuscrito ni la publicación del presente artículo.
Declaración de financiamiento La presente investigación no recibió financiamiento específico de agencias públicas, comerciales o de organizaciones sin fines de lucro. En caso de existir financiamiento institucional o externo, este deberá ser declarado explícitamente por los autores en esta sección.
Declaración del editor El editor responsable certifica que el proceso editorial del presente artículo se desarrolló conforme a los principios de integridad científica, transparencia y buenas prácticas editoriales. El manuscrito fue sometido a un proceso de evaluación mediante revisión por pares doble ciego, garantizando la confidencialidad de la identidad de los autores y revisores durante todo el proceso de dictamen académico. Asimismo, el editor declara que el artículo cumple con los criterios científicos, metodológicos y éticos establecidos por la revista.
Declaración de los revisores Los revisores externos que participaron en la evaluación del presente manuscrito declaran haber realizado el proceso de revisión de manera objetiva, independiente y confidencial. Asimismo, manifiestan que no mantienen conflictos de interés con los autores ni con la investigación evaluada, y que sus observaciones y recomendaciones se fundamentan exclusivamente en criterios científicos, metodológicos y académicos.
Declaración ética de la investigación El autor declara que la investigación se desarrolló respetando los principios éticos de la investigación científica, garantizando la confidencialidad de los datos y el respeto a los participantes del estudio. En los casos en que la investigación involucre seres humanos, los procedimientos deben ajustarse a los principios éticos establecidos en la Declaración de Helsinki y a las normativas institucionales correspondientes.
Declaración sobre el uso de inteligencia artificial Los autores declaran que el uso de herramientas de inteligencia artificial, en caso de haberse utilizado durante el proceso de investigación o redacción del manuscrito, se realizó únicamente como apoyo técnico para mejorar la claridad del lenguaje o el análisis de información, manteniendo siempre la responsabilidad intelectual sobre el contenido del artículo. Las herramientas de inteligencia artificial no fueron utilizadas como autoras del manuscrito ni sustituyen la responsabilidad académica de los investigadores.
Disponibilidad de datos Los datos que respaldan los resultados de esta investigación estarán disponibles previa solicitud razonable al autor de correspondencia, respetando las normas éticas y de confidencialidad establecidas por la investigación.