

## Artículo Original

### Bacteriología

Kasmera 52:e5239614 2024

ISSN 0075-5222 E-ISSN 2477-9628

[doi:https://doi.org/10.56903/kasmera.5239614](https://doi.org/10.56903/kasmera.5239614)



## Microorganismos aislados en pacientes con COVID-19

### *Microorganisms isolated from patients with COVID-19*

Castellano-González, Maribel Josefina<sup>1</sup>✉, Chirinos Cárdenas, Mairelin Delia<sup>2</sup>, Sanz-Ferrer, Rosmery Carolay<sup>2</sup>, Sandoval-Castellano Isabelle Virginia<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Universidad del Zulia. Facultad de Medicina. Escuela de Bioanálisis. Departamento de Microbiología. Cátedra de Bacteriología General. Maracaibo, Zulia-Venezuela. <sup>2</sup>Universidad del Zulia. Facultad de Medicina. Escuela de Bioanálisis. Departamento de Microbiología. Cátedra de Bacteriología General. Maracaibo, Zulia-Venezuela. <sup>3</sup>Universidad del Zulia. Facultad de Medicina. Escuela de Medicina. Maracaibo, Zulia-Venezuela.

### Resumen

Este estudio tiene como objetivo identificar los microorganismos (bacterias y/o levaduras) aislados de muestras provenientes de pacientes recluidos en la Unidad de Cuidados Intensivos de un Hospital Centinela de la ciudad de Maracaibo, con diagnóstico confirmado de COVID-19, durante el periodo comprendido entre el 01 de enero del 2020 y el 31 de mayo de 2021. Se evaluó, igualmente, la susceptibilidad antimicrobiana de los microorganismos aislados. La edad promedio de los pacientes fue de 54,42 años, con predominio del sexo masculino (56,00%) y adultos (66,00%). El 41,75% (89/206) de los cultivos resultó positivo. En el 72% (36/50) de los pacientes se obtuvo cultivos mixtos con bacterias y levaduras. En las bacterias, la tasa de resistencia observada a todos los antibióticos resultó elevada ( $\geq$  al 50,00%). Todas las cepas resultaron multiresistentes. La resistencia antifúngica fue variable según el fármaco empleado, voriconazol (8,57%), fluconazol (3,57%); mientras que, para caspofungina, se observó total sensibilidad (100,00%). Los microorganismos más frecuentes fueron: Complejo *Candida albicans* (17,45%), Complejo *Acinetobacter baumannii/calcoaceticus* (15,30%) y *Klebsiella pneumoniae* (13,96%), resultados que evidencian el predominio de estos patógenos oportunistas como posibles causantes de colonización y/o coinfecciones en los pacientes afectados por COVID-19; así como también, su manifiesta resistencia a múltiples antimicrobianos.

**Palabras claves:** coronavirus, COVID-19, SARS-CoV-2, coinfección, bacterias, levaduras, unidades de cuidados intensivos.

### Abstract

This study aims to identify microorganisms (bacteria and/ or yeasts) isolated from samples from patients held in the Intensive Care Unit of a Sentinel Hospital in the city of Maracaibo, with a confirmed diagnosis of COVID-19, during the period between January 1, 2020 and May 31, 2021. The antimicrobial susceptibility of the isolated microorganisms was also evaluated. The average age of the patients was 54.42 years, with a predominance of males (56.00%) and adults (66.00%). 41.75% (89/206) of the cultures were positive. In 72% (36/50) of patients, mixed cultures with bacteria and yeast were obtained. In bacteria, the observed resistance rate to all antibiotics was high ( $\geq$  50.00%). All strains were multi-resistant. Antifungal resistance was variable according to the drug used, voriconazole (8.57%), fluconazole (3.57%); whereas, for caspofungin, total sensitivity (100.00%) was observed. The most frequent microorganisms were: *Candida albicans* Complex (17.45%), *Acinetobacter baumannii/calcoaceticus* Complex (15.30%) and *Klebsiella pneumoniae* (13.96%), results that show the predominance of these opportunistic pathogens as possible causes of colonization and / or co-infections in patients affected by COVID-19; as well as its manifest resistance to multiple antimicrobials.

**Keywords:** coronavirus, COVID-19, SARS-COV-2, coinfection, bacteria, yeasts, intensive care unit.

**Recibido:** 25/05/2023

**Aceptado:** 13/11/2023

**Publicado:** 13/10/2024

**Como Citar:** Castellano-González, MJ, Chirinos-Cárdenas, MD, Sanz-Ferrer, RC, Sandoval-Castellano IV. Microorganismos aislados en pacientes con COVID-19. Kasmera. 2024;52:e5239614. doi: [10.56903/kasmera.5239614](https://doi.org/10.56903/kasmera.5239614)

**Autor de Correspondencia:** Castellano-González, Maribel Josefina. E-mail: [mjcastellano@gmail.com](mailto:mjcastellano@gmail.com)

Una lista completa con la información detallada de los autores está disponible al final del artículo.

©2024. Los Autores. **Kasmera**. Publicación del Departamento de Enfermedades Infecciosas y Tropicales de la Facultad de Medicina. Universidad del Zulia. Maracaibo-Venezuela. Este es un artículo de acceso abierto distribuido bajo los términos de la licencia Creative Commons atribución no comercial (<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/>) que permite el uso no comercial, distribución y reproducción sin restricciones en cualquier medio, siempre y cuando la obra original sea debidamente citada.



## Introducción

En diciembre del 2019, en la ciudad Wuhan, provincia de Hubei (China) se originó un brote de casos de neumonía de origen desconocido. La secuenciación del genoma viral del agente causal (*Gen Bank*, código de acceso MN 908947.3) permitió identificar la relación entre este y los miembros de una especie conocida como Coronavirus (CoV) causantes del síndrome respiratorio agudo severo (SARS, por sus siglas en inglés), por lo que el virus fue denominado SARS-CoV-2 por el Comité Internacional de Taxonomía de Virus. La enfermedad, fue denominada en consecuencia, COVID-19, que significa (*Corona Virus Disease 2019*, según sus siglas en inglés). El aumento progresivo de casos a nivel mundial condujo a que la Organización Mundial de la Salud, el 11 de marzo del 2020, declarara esta infección viral como una pandemia (1).

En la gran mayoría de los casos, la infección por SARS-CoV-2 produce síntomas similares a la influenza; pero en pacientes con edad avanzada o con enfermedad crónica preexistente, la enfermedad puede progresar hasta una forma grave de neumonía intersticial, de rápida evolución que puede conducir a la muerte en el 2 al 5% de los casos (1-4).

La situación de pandemia de COVID-19 se asocia a la probabilidad de infección conjunta con otros patógenos respiratorios frecuentes en pacientes con criterios de ingreso hospitalario (3,4). Un alto porcentaje de los pacientes con COVID-19 podrían estar coinfectados con uno o más de otros patógenos, generalmente bacterias; pero también se ha reportado la coexistencia con otros virus respiratorios, como el de Influenza, con similar presentación clínica, mecanismo de transmisión y coincidencia estacional (1).

Las infecciones bacterianas o fúngicas secundarias son un factor de riesgo importante para los resultados adversos de la COVID-19. Estudios han mostrado que un número significativo de pacientes hospitalizados por esta enfermedad desarrollan infecciones secundarias peligrosas, como neumonía y sepsis. Las pruebas de diagnóstico microbiológico han permitido identificar la presencia de estas infecciones; además de un incremento notable de la resistencia antimicrobiana, lo que desempeña un papel fundamental en la respuesta de la salud pública en el curso de la pandemia (1-4).

Las coinfecciones bacterianas y/o fúngicas representan una seria amenaza para los pacientes con COVID-19 y, otros factores, como las comorbilidades y la edad coadyuvan en la aparición de complicaciones severas, potencialmente mortales, elementos que han indicado a la comunidad médica, pautas importantes para direccionar la terapéutica en estos pacientes (1).

La pandemia de COVID-19 no solo constituye un reto sin precedentes en todos los aspectos de la atención sanitaria, sino también en el uso efectivo de los antibióticos y el manejo de las enfermedades infecciosas. La prescripción excesiva o inadecuada de tratamientos antibióticos en el curso de la pandemia podría promover

la aparición de bacterias multidrogaresistentes (MDR) y reducir la eficacia de futuros tratamientos, por lo que se debe reforzar la prudencia en la utilización de este tipo de agentes terapéuticos. Si bien la COVID-19 es una infección viral y, en consecuencia, los antibióticos están contraindicados, hay pacientes diagnosticados en los que existe confirmación o elevada sospecha de coinfección bacteriana. En estos cuadros clínicos, es ineludible la administración de terapia antimicrobiana (5-7).

Las infecciones secundarias, con bacterias, virus y otros patógenos, son fenómenos bien descritos en influenza, SARS (Síndrome respiratorio agudo severo), MERS (Coronavirus del Síndrome Respiratorio del Oriente Medio) y otras enfermedades virales respiratorias; sin embargo, la información sobre las coinfecciones en la COVID-19, es todavía limitada y continúa apareciendo. A pesar del uso empírico común de los antimicrobianos de amplio espectro en pacientes con infecciones respiratorias asociadas al coronavirus, no existen suficientes datos que sustenten la asociación significativa de la coinfección bacteriana o fúngica a la COVID-19; por lo que es urgente la producción de evidencia prospectiva que sirva de base para establecer políticas antimicrobianas e intervenciones apropiadas y específicas para la pandemia (2).

Sobre las bases de las consideraciones anteriores, se realizó la presente investigación en las instalaciones de la Sección de Bacteriología del Laboratorio Clínico de la Escuela de Bioanálisis de la Universidad del Zulia (LCEBLUZ) con la finalidad de determinar cuáles son los microorganismos aislados en muestras procedentes de pacientes con COVID-19 cuyos cultivos fueron procesados en la institución. De igual manera, se evaluó la susceptibilidad de los microorganismos aislados frente a los agentes antimicrobianos de uso clínico frecuente en la terapéutica clínica, durante el curso de la pandemia de COVID-19.

## Métodos

**Tipo y diseño de investigación:** la presente investigación es del tipo descriptivo, observacional y no experimental, transversal, de campo y retrospectiva (8-10).

**Población y muestra:** la población y muestra para la presente investigación estuvo representada por la totalidad de pacientes recluidos en la Unidad de Cuidados Intensivos (UCI) de un Hospital Centinela de la ciudad de Maracaibo (Venezuela), con diagnóstico confirmado de COVID-19; a partir de los cuales se obtuvieron muestras para cultivo microbiológico, durante el periodo de estudio (n=50).

**Aislamiento, identificación y pruebas de susceptibilidad antimicrobiana:** las cepas fueron aisladas siguiendo la metodología convencional para el cultivo de muestras clínicas. A este fin, se inocularon en los medios de cultivo habituales, de acuerdo al origen de la muestra, y fueron incubadas apropiadamente. Para la

identificación bacteriana, se efectuaron pruebas bioquímicas adicionales y se efectuó la coloración de Gram, en caso de ser necesario. Para la identificación presuntiva de levaduras, se utilizó adicionalmente, la prueba de generación de tubo germinales, producción de colonias en agar cromogénico (CHROM Agar *Candida*) y la filamentización en Corn Meal Agar (10).

Tanto para las bacterias como para las levaduras aisladas, se efectuó la determinación de la susceptibilidad antimicrobiana por el método de difusión en agar (Kirby & Baüer), siguiendo los lineamientos del Instituto para la Estandarización de Laboratorios Clínicos (CLSI) (11,12).

Para el control de calidad, se utilizaron las cepas de *Escherichia coli* ATCC®25922; *Pseudomonas aeruginosa* ATCC®27853; *Acinetobacter baumannii* ATCC®19606 y *Candida albicans* ATCC® 90028.

**Técnica de recolección de datos:** se revisó el registro de los resultados de todos los cultivos procesados en el LCEBLUZ durante el periodo estudiado. Los datos de los microorganismos aislados se asentaron en una planilla especialmente elaborada, en la que se incluyeron: la identificación del paciente, edad, categoría de edad del paciente, sexo, tipo de muestra biológica de origen, resultado del (los) cultivo (s), microorganismo (s) aislado (s) y perfil de susceptibilidad a los agentes antimicrobianos.

**Aspectos bioéticos:** este estudio se llevó a cabo de acuerdo con la Declaración de Helsinki modificada (13). Debido a la naturaleza del estudio, no se requirió el consentimiento escrito de los pacientes; pero sí se contó con la autorización de la Coordinación del LCEBLUZ para su ejecución. Los resultados de las pruebas y la información de los pacientes fueron codificados en acatamiento a las normas de bioética internacionales para investigación, salvaguardando el principio de confidencialidad del paciente.

**Análisis estadístico:** para el registro de la información y la determinación de los porcentajes de resistencia y sensibilidad, se utilizó el programa WHONET™, versión 2020 (World Health Organization, WHO). Los resultados obtenidos se presentan por distribuciones de frecuencia, en tablas o gráficos, según se considerara conveniente. Mediante el empleo del programa IBM® SPSS® Statistics para Windows, versión 27, se contrastaron los porcentajes, mediante las pruebas de chi cuadrado o prueba exacta de Fisher, cuando fuera necesario. Para todas las pruebas estadísticas se utilizó una significancia de 5% ( $\alpha = 0,05$ ).

## Resultados

Durante el periodo estudiado, se analizaron muestras provenientes de 50 pacientes diferentes con diagnóstico de COVID-19 y que permanecían reclusos en la UCI de un hospital centinela de la ciudad de Maracaibo. Casi la totalidad de los pacientes (94,00%), recibió, además, ventilación mecánica. De estos, el 56,00% (28/50) eran hombres y 44,00% (22/50) eran mujeres. La edad promedio de los pacientes fue de 54,42 años, con una desviación

estándar de  $14,24 \pm 0,2$ ; con un valor mínimo de 15; un valor máximo de 83 y, un rango de 68 años. La mayor cantidad de pacientes afectados correspondió a la categoría adultos (66,00%), seguidos de los pacientes geriátricos (32,00%) y, por último, los pediátricos (2,00%). En general, 11 pacientes fallecieron (22,00%); mientras que, 39 pacientes (78,00%) fueron dados de alta para el momento del análisis (Tabla 1).

**Tabla 1.** Características Clínico-Demográficas de los Pacientes

Características	Número o Promedio	Porcentaje o DS
Edad		
Años	54,42	14,24 $\pm$ 0,2
Categoría de Edad		
Pediátrico	1	2,00
Adulto	33	66,00
Geriátrico	16	32,00
Sexo		
Masculino	28	56,00
Femenino	22	44,00
Desenlace		
Dados de Alta	39	78,00
Fallecidos	11	22,00

DS: Desviación estándar

A partir de estos pacientes, se cultivaron 206 especímenes diferentes. En 12 pacientes (24,00%) se realizó un cultivo único y en 2 pacientes se obtuvieron cultivos pareados (4,00%); mientras que, en los 36 pacientes restantes (72,00%) se procesaron múltiples muestras, con un rango comprendido entre 3 y 14 cultivos por paciente (Tabla 2).

**Tabla 2.** Cultivos Procesados por Paciente

Número de Cultivos Procesados	Pacientes	
	Número	Porcentaje
1	12	24,00
2	2	4,00
3	16	32,00
4	7	14,00
5	1	2,00
6	2	4,00
7	3	6,00
8	2	4,00
9	-	-
10	2	4,00
11	-	-
12	1	2,00
13	-	-
14	2	4,00
Total	50	100,00

Del total de cultivos procesados (n=206), 86 resultaron positivos (41,75%), repartidos como se presenta a continuación: 24/33 secreciones traqueales (72,73%); 21/40 urocultivos (52,50%); 17/92 hemocultivos (18,47%); esputos 15/20 (75,00%); 4/6 exudados faríngeos (66,67%); 3/3 secreciones de úlceras de cúbito (100,00%) y, finalmente, 2/3 puntas de catéter (66,67%). Ningún cultivo

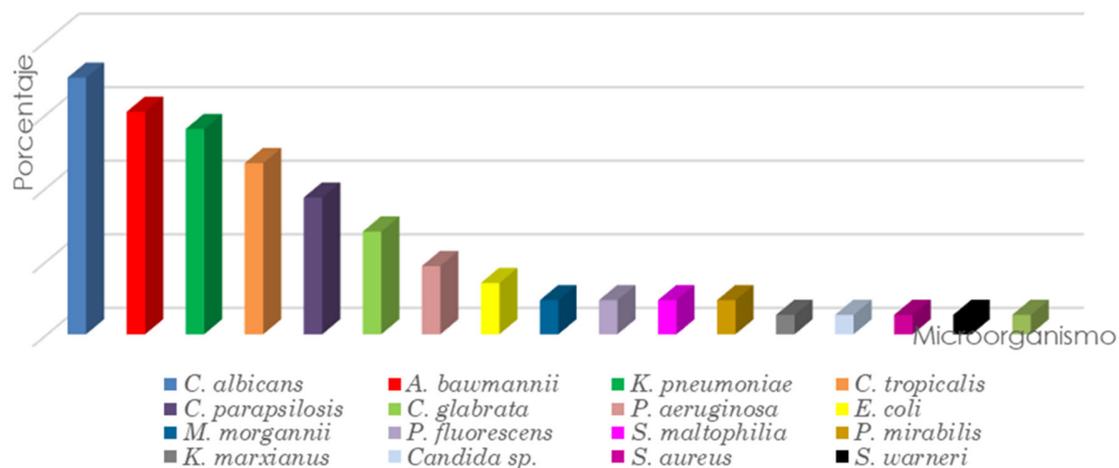
de heces, líquido pleural y exudado nasal resultó positivo (Tabla 3).

**Tabla 3.** Resultados de los Cultivos según Tipo de Muestra

Tipo de Muestra	Resultado de los Cultivos				Total	
	Positivos		Negativos		No.	%
	No.	%	No.	%		
Sangre	17	18,47	75	81,52	92	44,66
Orina	21	52,50	19	47,50	40	19,42
Secreción Traqueal	24	72,73	9	27,27	33	16,02
Espujo	15	75,00	5	25,00	20	9,71
Exudado Faríngeo	4	66,67	2	33,33	6	2,91
Heces	-	-	4	100,00	4	1,94
Líquido Pleural	-	-	4	100,00	4	1,94
Úlcera de decúbito	3	100,00	-	-	3	1,46
Punta de catéter	2	66,67	1	33,33	3	1,46
Exudado Nasal	-	-	1	100,00	1	0,49
Total	86	41,75	120	58,25	206	100,00

De los 86 cultivos positivos, en 15 (17,45%) se recuperaron cepas del Complejo *C. albicans*; en 13 (15,13%) se aislaron miembros del Complejo *Acinetobacter baumannii/calcoaceticus* (CABC); en 12

(13,96%) se obtuvo crecimiento de *Klebsiella pneumoniae* (*K. pneumoniae*); en 10 (11,64%) se detectó *Candida tropicalis* (*C. tropicalis*); en 8 (9,30%) *Candida parapsilosis* (*C. parapsilosis*); en 6 (6,99%) se encontró *Candida glabrata* (*C. glabrata*) y en 4 (4,64%) creció *Pseudomonas aeruginosa* (*P. aeruginosa*). Dos cultivos (2,32%) resultaron positivos para cada uno de los siguientes microorganismos: *Morganella morganii* (*M. morganii*), *Pseudomonas fluorescens* (*P. fluorescens*), *Stenotrophomonas maltophilia* (*S. maltophilia*), *Proteus mirabilis* (*P. mirabilis*) y *Providencia stuartii* (*P. stuartii*), respectivamente; mientras que, un solo cultivo (1,16%) mostró positividad para cada uno de los siguientes casos: *Citrobacter freundii* (*C. freundii*), *Kluyveromyces marxianus* (*K. marxianus*), *Staphylococcus aureus* (*S. aureus*) y *Staphylococcus warneri* (*S. warneri*). En un urocultivo (1,16%), se produjo el desarrollo de una levadura que solo pudo identificarse como perteneciente al género *Candida*, por lo que se registró como *Candida* sp. (Figura 1).



**Figura 1.** Distribución de Microorganismos aislados en pacientes con COVID-19

Para comprobar la tasa de resistencia se probaron 19 antibióticos a los organismos Gramnegativos y 13, a los Grampositivos; mientras que, para las levaduras se evaluaron 3 agentes antifúngicos (Tablas 4 y 5, respectivamente). En todos los bacilos Gramnegativos evaluados, la resistencia observada a todos los antimicrobianos resultó elevada (mayor al 50,00%). Todas las cepas probadas resultaron MDR; detectándose en 9 cepas (10,47%) la producción de  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido (BLEE); 6 cepas resultaron productoras de carbapenemasas (6,98%) y, 3 de metalo- $\beta$ -lactamasas. Las cepas BLEE (+) estuvieron representadas por: 4 *K. pneumoniae* (44,44%); 2 *P. stuartii* (22,22%) y 1

(11,11%) de *C. freundii*; *M. morganii* y *P. mirabilis*, respectivamente. Por su parte, las cepas productoras de carbapenemasas correspondieron, en su mayoría, a *K. pneumoniae* (83,33%), seguidas del CABC (16,67%) y, las metalo- $\beta$ -lactamasas fueron producidas, exclusivamente, por miembros del género *Pseudomonas*: 2 cepas de *P. aeruginosa* (66,67%) y una (33,33%) de *P. fluorescens*. En el caso de las levaduras, no se detectó resistencia a caspofungina (100,00% de sensibilidad); mientras que, para los azoles, la resistencia observada fue de 8,57% para voriconazol y 3,57% para fluconazol (Tabla 5)

**Tabla 4.** Resistencia Antimicrobiana en Bacterias aisladas de pacientes con COVID-19

Antibiótico	Cepas Probadas	Cepas Resistentes	% Resistencia	%R 95% IC
Amoxicilina/ácido clavulánico	14	11	78,57	48,80-94,30
Ampicilina/sulbactam	34	29	85,29	68,20-94,50
Piperacilina/tazobactam	21	17	80,95	57,40-93,70
Cefazolina	20	17	85,00	61,10-96,00
Cefoperazona	34	26	76,47	54,40-88,60
Ceftazidima	37	29	78,37	61,30-89,60
Ceftriaxona	24	19	79,16	57,30-92,10
Cefotaxima	21	16	76,19	52,40-90,90
Cefepime	37	27	72,97	55,60-85,60
Aztreonam	39	30	76,92	60,30-88,30
Imipenem	36	24	66,67	48,90-80,90
Meropenem	35	23	65,71	47,70-80,30
Amikacina	44	30	68,20	52,30-80,90
Gentamicina	39	28	71,80	54,90-84,50
Ácido Nalidíxico	17	13	76,47	49,80-92,20
Ciprofloxacina	43	38	88,40	74,10-90,60
Levofloxacina	46	38	82,60	68,00-91,70
Trimetoprim/sulfametoxazol	24	15	62,50	40,80-80,50
Tetraciclina	18	14	77,80	51,90-92,60
Penicilina G	2	2	100,00	5,50-100,00
Cefoxitina	2	2	100,00	19,80-100,00
Eritromicina	2	2	100,00	19,80-100,00
Azitromicina	2	2	100,00	19,80-100,00
Clindamicina	2	2	100,00	19,80-100,00
Rifampicina	2	0	0,00	0,00-94,50
Cloranfenicol	2	0	0,00	0,00-94,50

%R: Porcentaje de resistencia IC: Índice de confianza

**Tabla 5.** Resistencia Antimicrobiana en especies de *Candida* aisladas de pacientes con COVID-19

Antifúngico	Cepas Probadas	Cepas Resistentes	% Resistencia	%R 95% IC
Voriconazol	35	3	8,57	0,20-20,20
Fluconazol	35	1	3,57	7,20-34,30
Caspofungina	28	0	0,00	0,00-94,50

%R: Porcentaje de resistencia IC: Índice de confianza

En relación a las muestras de origen: el Complejo *C. albicans* fue más frecuente en muestras de orina (5; 33,33%), secreción traqueal, sangre y esputo, con 3 aislamientos para cada tipo de muestra (20,00%), respectivamente. Para el CABC, la frecuencia fue mayor en muestras de secreción traqueal (8;61,54%) y hemocultivos (3;23,08%) hemocultivos. Por su parte, *K. pneumoniae* prevaleció en muestras de origen traqueal (8;66,68%); mientras que, *C. tropicalis* se aisló, principalmente, en 4 muestras de orina (40,00%), 3 de sangre (30,00%) y 2 traqueales (20,00%). En el caso de *C. parapsilosis*, la frecuencia fue superior en orina (4;50,00%) y esputos (3;37,50%). La especie *C. glabrata*, predominó en muestras de orina con 4 aislamientos (66,67%) (Tabla 6).

En la Tabla 7, se exponen los microorganismos aislados por paciente y tipo de muestra. En dicha tabla se aprecia que 36 pacientes (72,00%) de la población estudiada, resultaron positivos para coinfección; es decir, con cultivos que permitieron el aislamiento simultáneo de bacterias, levaduras o ambos, inclusive. La edad promedio de los pacientes que resultaron positivos a coinfección fue de

49,21 ± 17,02 años y un rango de 15 a 83 años. El 61,52% de los pacientes (52) correspondió al sexo masculino; mientras que, para el sexo femenino, la positividad fue de 38,80% (33 pacientes). De estos, 67 pacientes (78,80%) pertenecieron a la categoría adultos; 13 (15,30%) a los pacientes geriátricos y, apenas el 5,90% (5 pacientes) eran pediátricos.

De los 36 pacientes coinfectados, 17 produjeron un único cultivo positivo (47,22%); en 8 pacientes se lograron 2 cultivos positivos (22,22%); en 3 (8,33%) se obtuvo crecimiento microbiano a partir de 3 muestras diferentes y, en igual cantidad de pacientes, se logró recuperar microorganismos en 4 cultivos; solo 2 pacientes mostraron positividad en 2 cultivos (5,56%) y apenas en 1 paciente (0,62%) se encontró 7 cultivos positivos e igual cantidad de pacientes, resultó positivo en 12 cultivos diferentes (Tabla 7).

De los pacientes con 2 cultivos positivos, 5(62,50%) se aislaron microorganismos de origen fúngico (levaduras); mientras que, en los 3 remanentes (37,50%), los microorganismos recuperados fueron de origen

bacteriano. Para el grupo de pacientes con una terna de cultivos positivos, se obtuvo un 33,33% de aislamientos bacterianos, el mismo porcentaje mostró crecimiento

para levaduras y en igual cantidad, se detectaron cultivos mixtos de bacterias y levaduras. Ocho pacientes (22,22%) resultaron con cultivos positivos mixtos ([Tabla 7](#)).

**Tabla 6.** Microorganismo aislado según Tipo de Muestra

Mo.	SA		OR		TR		ES		EF		UC		CA		Total	
	No.	%	No.	%	No.	%	No.	%	No.	%	No.	%	No.	%	No.	%
CABC	3	23,08	-	-	8	61,54	1	7,69	-	-	1	7,69	-	-	13	15,13
CAL	3	20,00	5	33,33	3	20,00	3	20,00	1	6,67	-	-	-	-	15	17,45
CAN	-	-	1	100,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1,16
CFR	-	-	-	-	1	100,00	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1,16
CGL	-	-	4	66,66	-	-	1	16,67	-	-	-	-	1	16,67	6	6,99
CPA	-	-	4	50,00	-	-	3	37,50	-	-	-	-	1	12,50	8	9,30
CPS	-	-	-	-	-	-	1	100,00	-	-	-	-	-	-	1	1,16
CTR	3	30,00	4	40,00	2	20,00	1	10,00	-	-	-	-	-	-	10	11,64
ECO	-	-	1	-	-	-	-	-	2	-	-	-	-	-	3	3,49
KPN	1	8,33	1	8,33	8	66,68	1	8,33	-	-	1	8,33	-	-	12	13,96
MMO	1	50,00	-	-	-	-	1	50,00	-	-	-	-	-	-	2	2,32
PAE	-	-	1	25,00	1	25,00	1	25,00	-	-	1	25,00	-	-	4	4,64
PFL	2	100,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	2,32
PMA	-	-	-	-	-	-	1	50,00	1	50,00	-	-	-	-	2	2,32
PMI	-	-	-	-	1	50,00	1	50,00	-	-	-	-	-	-	2	2,32
PST	2	100,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	2	2,32
SAU	1	100,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1,16
SWA	1	100,00	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1,16
Total	17	19,76	21	24,42	24	27,91	15	17,44	4	4,65	3	3,49	2	2,33	86	100,00

Mo.: Microorganismo aislado en cultivo; No. : Número; %: Porcentaje; SA: Sangre; OR: Orina; TR: Secreción Traqueal; ES: Espudo; EF: Exudado Faríngeo; UC: Úlcera decúbito; CA: Punta de Catéter; CABC: Complejo *Acinetobacter baumannii/calcoaceticus*; CAL: Complejo *Candida albicans*; CAN: *Candida* sp.; CFR: *Citrobacter freundii*; CGL: *Candida glabrata*; CPA: *Candida parapsilosis*; CPS: *Kluyveromyces marxianus* (*Candida kefyr*); CTR: *Candida tropicalis*; ECO: *Escherichia coli*; KPN: *Klebsiella pneumoniae*; MMO: *Morganella morganii*; PAE: *Pseudomonas aeruginosa*; PFL: *Pseudomonas fluorescens*; PMA: *Stenotrophomonas maltophilia*; PMI: *Proteus mirabilis*; PST: *Providencia stuartii*; SAU: *Staphylococcus aureus*; SWA: *Staphylococcus warneri*.

## Discusión

La COVID-19 es una enfermedad emergente (nueva), que afecta a todas las regiones del mundo y se ha manifestado poblacionalmente como una pandemia. Esta entidad clínica muestra alta transmisibilidad y elevada letalidad en pacientes con enfermedades crónicas asociadas y en mayores de 60 años de edad ([14](#)). La edad constituye el principal factor de riesgo para desarrollar formas sintomáticas (no graves o graves) de la COVID-19. A mayor edad, se incrementa la probabilidad de que los pacientes padezcan previamente enfermedades crónicas no transmisibles, las que se han relacionado con un riesgo de mayor severidad del cuadro clínico ([15](#)).

En la presente investigación, se analizaron muestras provenientes de 50 pacientes hospitalizados con diagnóstico confirmado de COVID-19, encontrándose una edad promedio de 54,42 años (mínimo: 15; máximo: 83 años). Resultados comparables fueron reportados por Roblejo y col ([16](#)), en Cuba, quienes encontraron que la edad promedio fue de 45 años (mínimo: un año; máximo: 96 años). Al igual que en esta investigación, donde la mayor cantidad de pacientes afectados correspondió a la categoría adultos (66,00%), geriátricos (32,00%) y, finalmente, los pediátricos (2,00%), distribuidos uniformemente entre ambos sexos, los autores cubanos antes referidos, señalan que la mayoría de los pacientes

estudiados tenían entre 41 y 60 años, repartiéndose por igual entre ambos sexos. Estas observaciones difieren de las realizadas por Peña y col ([14](#)), también en Cuba, para quienes, el grupo etario de mayor frecuencia fue el de 15 a 29 años (42,90%), seguido de los de 30 a 44 años (28,60%) y una media de edad de 31 años.

En tal sentido, los casos notificados de COVID-19 varían entre el sexo en los distintos países del mundo, considerando el impacto en la salud, los determinantes biológicos y de las prácticas individuales. En España, Ruiz y col ([17](#)), muestran en su investigación que las mujeres fueron más afectadas de manera negativa por la COVID-19 que los hombres. A diferencia de lo aquí expuesto en donde fueron los hombres más afectados con un 56,00%. Resultado similar al obtenido por Oliva y col ([18](#)), quienes coinciden en que el sexo masculino presentó el mayor número de contagios. Por ello, para determinar la existencia de desigualdades de género en la atención sanitaria a la COVID-19, es clave contar con información conjunta del comportamiento asistencial por edad, comorbilidades y gravedad en cada sexo.

Por otra parte, la alta positividad de los cultivos realizados en las unidades de atención a los pacientes graves, según Bello y col ([19](#)), está determinada fundamentalmente, por la diversidad de las características sociodemográficas de los pacientes que

Tabla 7. Microorganismos aislados por Paciente y Tipo de Muestra

No. de Identificación Paciente	MO.	Tipo de muestra							Total	
		SA No.	OR No.	TR No.	ES No.	EF No.	UC No.	CA No.	No.	%
1	CABC	-	-	1	-	-	-	-	1	1,15
2	CABC			1					2	2,30
	KPN			1						
5	PMI				1				1	1,15
8	CGL		1						1	1,15
9	CABC			1					2	2,30
	SWA	1								
12	CPA		1						1	1,15
	CABC				1					
13	CAL	3	2						7	8,00
	KPN				1					
14	CABC			1					2	2,30
	KPN			1						
	CABC			1						
15	CGL		2							
	CTR	3	1						12	13,80
	PAE		1				1			
	PMI			1						
	PST	2								
16	CTR		1	1					2	2,30
17	CABC			1					1	1,15
	CABC			1						
18	CTR		1						5	5,75
	KPN			2			1			
	CAL				1	1				
20	ECO					1			5	5,75
	PMA				1	1				
21	CAN		1						2	2,30
	CPA		1							
24	PAE			1					1	1,15
25	CAL		1						1	1,15
27	KPN			3					3	3,45
28	CAL			1					1	1,15
29	CABC	1							1	1,15
	CTR		1	1						
30	ECO		1						4	4,60
	SAU	1								
31	KPN			2					3	3,45
	CFR			1						
32	CAL		1	1					2	2,30
33	MMO				1				1	1,15
	CAL			1						
34	PAE			1					4	4,60
	PFL	2								
36	CPA		1						1	1,15
38	CTR				1				1	1,15
40	CAL			1	1				2	2,30
42	CABC			1					1	1,15
	CABC	2		1					4	4,60
	CPA		1							
44	CABC						1		1	1,15
45	CAL		1						1	1,15
46	CGL				1			1	3	3,45
	CPS				1					
47	CGL		1						2	2,30
	CPA				1					
48	CPA			1	2				4	4,60
	KPN	1								
49	ECO					1			1	1,15
50	MMO	1							1	1,15
36									86	100,00

Mo.: Microorganismo aislado en cultivo; No.: Número; %: Porcentaje; SA: Sangre; OR: Orina; TR: Secreción Traqueal; ES: Espujo; EF: Exudado Faríngeo; UC: Úlcera decúbito; CA: Punta de Catéter; CABC: Complejo *Acinetobacter baumannii/calcoaceticus*; CAL: Complejo *Candida albicans*; CAN: *Candida sp.*; CFR: *Citrobacter freundii*; CGL: *Candida glabrata*; CPA: *Candida parapsilosis*; CPS: *Kluyveromyces marxianus*; (*Candida kefyri*); CTR: *Candida tropicalis*; ECO: *Escherichia coli*; KPN: *Klebsiella pneumoniae*; MMO: *Morganella morganii*; PAE: *Pseudomonas aeruginosa*; PFL: *Pseudomonas fluorescens*; PMA: *Stenotrophomonas maltophilia*; PMI: *Proteus mirabilis*; PST: *Providencia stuartii*; SAU: *Staphylococcus aureus*; SWA: *Staphylococcus warneri*

ingresan, el tipo de infección que presentan al momento de su hospitalización, de las infecciones adquiridas durante su estancia intrahospitalaria (por bacterias multirresistentes, generalmente), de la presencia de múltiples enfermedades concomitantes, el estado de inmunosupresión del hospedero, el uso frecuente de dispositivos invasivos, así como del fracaso de múltiples tratamientos antimicrobianos (20). En este sentido, se mostró del total de cultivos procesados, que 86 resultaron positivos (41,75%), correspondientes según la frecuencia a secreciones de úlceras de cúbite (3/3) 100,00%, esputo (15/20) 75,00% y secreción traqueal (24/33) 72,73%. En contraposición a lo obtenido por Silva y col (21), en cuyo estudio realizado en pacientes de un hospital de Caracas, Venezuela con COVID-19, se aislaron bacterias patógenas sólo en el 7,00% y 35,00% tuvieron muestras para cultivo, siendo el principal, el hemocultivo. Igualmente, Bello y col (22,23) en Cuba, mostraron en su trabajo que el 70,74% de los pacientes sometidos a cultivos bacteriológicos presentó infecciones del tracto urinario.

Ahora bien, las infecciones secundarias son un factor importante que no puede ser ignorado, principalmente, en aquellos pacientes que presentan comorbilidades como Diabetes Mellitus, Hipertensión, Obesidad, Enfermedad Cardiovascular y Enfermedad Pulmonar Obstructiva Crónica, así como, una estancia hospitalaria prolongada; estas condiciones favorecen al desarrollo de coinfecciones bacterianas o fúngicas y a tener un mayor riesgo de enfermar gravemente y de requerir ingreso en la Unidad de Cuidados Intensivos, ameritando ventilación mecánica, nutrición parenteral, tratamiento antimicrobiano de amplio espectro, uso de catéteres venosos centrales permanentes o catéteres vesicales, corticosteroides, entre otros. La cifra de coinfección fúngica y bacteriana con SARS-CoV-2 es proporcional a la gravedad de la enfermedad y esto irá deteriorando el estado de los pacientes (24).

En este orden de ideas, las especies de *Candida* son la causa más importante de micosis oportunistas en el mundo, constituyendo un problema de salud pública con una alta mortalidad cuando se complica con shock séptico siendo, además, una causa importante de muerte en inmunosuprimidos. En la presente investigación, de acuerdo a la distribución de microorganismos aislados en pacientes con COVID-19, se recuperaron mayormente cepas micóticas, resaltando en un 15,13% el Complejo *Candida albicans*. Resultados semejantes a lo obtenido por Salehi y col (24), quienes investigaron a 53 pacientes hospitalizados en Irán con COVID-19 y candidiasis orofaríngea asociada, encontrando que *C. albicans* era el patógeno más común en un 70,70%. Estos resultados difieren de los expuestos por Azoulay y col (25), donde los principales microorganismos aislados causales de infección en pacientes con insuficiencia respiratoria aguda fueron *Pneumocystis jirovecii*, *Aspergillus* spp. y *Cryptococcus* spp.

Por otra parte, de los microorganismos aislados dentro del grupo bacteriano, creció principalmente el Complejo

*A. baumannii* (13,96%) seguido de *K. pneumoniae* (11,64%). Resultados similares fueron reportados por Nebreda y col (26), quienes mostraron un brote por *A. baumannii*, el cual fue determinante en la incidencia de la infección y en la morbimortalidad de los pacientes de UCI. Así mismo, Ly y col (27) encontraron en un estudio realizado en pacientes reclusos de un hospital de la ciudad de Wuhan, China con diagnóstico de COVID-19, que las bacterias más frecuentemente aisladas fueron *A. baumannii* y *E. coli*. Estas observaciones difieren de las realizadas por Zarior y col (23), donde los patógenos productores de coinfecciones encontrados con mayor frecuencia en los casos infectados por SARS-CoV-2 fueron *S. pneumoniae* y *S. aureus*.

Cabe destacar que, CABC es considerado un patógeno oportunista asociado, principalmente, con infecciones intrahospitalarias, representa una amenaza urgente para la salud pública que contamina fácilmente el ambiente del hospital y las manos del personal de atención médica, pudiendo sobrevivir durante períodos prolongados en superficies secas. Es resistente a los desinfectantes comunes, lo que provoca brotes que son difíciles de contener y afectan a los pacientes más vulnerables y en estado crítico (28).

Aunado a ello, la resistencia a los antimicrobianos igualmente constituye un problema y amenaza mundial que tiene serias repercusiones en la salud humana. Esta se puede generar bajo condiciones naturales o por el uso inadecuado y excesivo de los antimicrobianos. Aspecto que destaca en esta investigación ya que, en todos los bacilos gramnegativos evaluados, la resistencia observada al total de los antimicrobianos resultó elevada (mayor al 50,00%) y, la totalidad de cepas probadas resultaron MDR, predominando en 9 especies de Enterobacterias, (*K. pneumoniae*, *P. stuartii*, *C. freundii*, *M. morgannii* y *P. mirabilis*) la producción de BLEE. Datos semejantes a los obtenidos por Fernández y col (22). Los microorganismos MDR hallados con mayor frecuencia fueron las enterobacterias productoras de BLEE. Así mismo, en el estudio descriptivo realizado por Laffita R y col (30), en la sala de neonatología de un hospital en Cuba, se demostró el patrón microbiológico de resistencia antimicrobiana de los microorganismos aislados con antibiogramas realizados, señalando la alta resistencia de las bacterias gramnegativas a cefepime en un 80,00% y más del 50,00% a cefalosporinas y aminoglucósidos.

En este contexto, la resistencia antifúngica en especies de *Candida* aisladas en pacientes con COVID-19 mostrada en la presente investigación, fue variable según el fármaco empleado, siendo mayor para voriconazol (8,57%), seguido de fluconazol (3,57%) y nula para caspofungina. Resultados similares a lo obtenido por Moncada P y col (31), en cuyo estudio, desarrollado en 44 pacientes hospitalizados con diagnóstico de candidiasis, en Colombia, mostraron 100,00% de sensibilidad a la terapéutica con caspofungina. Así mismo, estos resultados son semejantes a los expuestos por Herrera L y Cárdenas V (30), en su estudio descriptivo sobre las cepas de *Cándida* aisladas de pacientes provenientes de un

laboratorio en Perú, donde el 10,50% resultó resistente a fluconazol y voriconazol (30). Es por ello que, la obtención de un diagnóstico precoz, la caracterización de las especies de *Candida* y la detección de la resistencia a antifúngicos constituyen las herramientas básicas para el control de las micosis (31).

Finalmente, se puede concluir en esta investigación que los resultados respecto a la identificación de los microorganismos causantes de coinfecciones asociadas a la COVID-19, aislados en la población objeto de estudio fueron estadísticamente significativos ( $p \leq 0,05$ ); y se observa además, la influencia que las diversas variables estudiadas (edad, género, tipo de desenlace: dados de alta o fallecidos, presencia de comorbilidades y el tipo de muestra estudiada) tienen sobre el desarrollo de estos patógenos en pacientes con COVID-19, observando el crecimiento principalmente del Complejo *C. albicans*, *CABC* y *K. pneumoniae*, resultados que muestran el predominio de estos patógenos oportunistas como causantes principales de infecciones intrahospitalarias; así como también, la multiresistencia a los antimicrobianos, aspectos asociados con mayores tasas de estancias prolongadas en la Unidad de Cuidados Intensivos. Sin embargo, cabe destacar que el diagnóstico de coinfecciones asociadas a la COVID-19 en estos pacientes no tuvo influencia en la supervivencia de los mismos, ya que el mayor porcentaje fue dado de alta. Aspecto que debe incentivar la vigilancia local y regional para conocer el perfil de sensibilidad y la distribución de estas especies aisladas, con la finalidad de instaurar una terapia adecuada y prevenir su propagación.

#### Limitaciones de la investigación

Debido a la naturaleza retrospectiva de este estudio, no fue posible obtener ningún tipo de información adicional de los pacientes, solo se tuvo acceso a la data proporcionada por los familiares al momento de llevar las muestras clínicas al laboratorio para su estudio.

En el diagnóstico por cultivo, se logró identificar las especies bacterianas y/o de levaduras presentes en las muestras clínicas; sin embargo, no se investigó la coexistencia de otros virus, ni tampoco, la presencia de parásitos en los especímenes analizados.

Los resultados obtenidos demuestran que la frecuencia de coinfecciones asociadas a la COVID-19 fue alta, prevaleciendo en pacientes adultos y masculinos, destacando que todos los microorganismos aislados presentaron fenotipo multidrogaresistente, con *C. albicans* y *A. baumannii* como los microorganismos más frecuentes. Debido a la elevada tasa de resistencia antimicrobiana observada en las cepas aisladas de los pacientes con COVID-19, es importante racionalizar el uso de antibióticos, puesto que su empleo indiscriminado ha contribuido a aumentar la multiresistencia de estos microorganismos durante la pandemia por COVID-19.

#### Conflicto de Relaciones y Actividades

Los autores declaran que la investigación se realizó en ausencia de relaciones comerciales o financieras que pudieran interpretarse como un posible conflicto de relaciones y actividades.

#### Financiamiento

Esta investigación no recibió financiamiento de fondos públicos o privados, la misma fue autofinanciada por los autores.

#### Referencias Bibliográficas

- Vargas-Ponce KG, Salas-López JA, Llanos-Tejada FK, Morales-Avalos A. Coinfección de Covid-19 e influenza: Reporte de cinco casos en un hospital peruano. Rev Fac Med Humana [Internet]. 2020;20(4):738-42. Disponible en: <http://revistas.urp.edu.pe/index.php/RFMH/article/view/3158> DOI: [10.25176/RFMH.v20i4.3158](https://doi.org/10.25176/RFMH.v20i4.3158)
- Aguilera Calzadilla Y, Diaz Morales Y, Ortiz Díaz LA, Gonzalez Martínez OL, Lovelle Enríquez OA, Sánchez Álvarez M de L. Infecciones bacterianas asociadas a la COVID-19 en pacientes de una unidad de cuidados intensivos. Rev Cuba Med Mil [Internet]. 2020;49(3). Disponible en: <https://revmedmilitar.sld.cu/index.php/mil/article/view/793/539>
- Xing Q, Li G, Xing Y, Chen T, Li W, Ni W, et al. Precautions are Needed for COVID-19 Patients with Coinfection of Common Respiratory Pathogens. medRxiv [Internet]. 2020;2020.02.29.20027698. Disponible en: <http://medrxiv.org/content/early/2020/03/05/2020.02.29.20027698.abstract> DOI: [10.1101/2020.02.29.20027698](https://doi.org/10.1101/2020.02.29.20027698)
- Wu X, Cai Y, Huang X, Yu X, Zhao L, Wang F, et al. Coinfection with SARS-CoV-2 and Influenza A Virus in Patient with Pneumonia, China. Emerg Infect Dis J [Internet]. 2020;26(6):1324. Disponible en: [https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0299\\_article](https://wwwnc.cdc.gov/eid/article/26/6/20-0299_article) DOI: [10.3201/eid2606.200299](https://doi.org/10.3201/eid2606.200299) PMID [32160148](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32160148/) PMCID [PMC7258479](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/PMC7258479/)
- Zhou P, Yang X-L, Wang X-G, Hu B, Zhang L, Zhang W, et al. A pneumonia outbreak associated with a new coronavirus of probable bat origin. Nature [Internet]. 2020;579(7798):270-3. Disponible en: <https://www.nature.com/articles/s41586-020-2012-7> DOI: [10.1038/s41586-020-2012-7](https://doi.org/10.1038/s41586-020-2012-7) PMID [32015507](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32015507/) PMCID [PMC7095418](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/PMC7095418/)
- Kim D, Quinn J, Pinsky B, Shah NH, Brown I. Rates of Coinfection Between SARS-CoV-2 and Other Respiratory Pathogens. JAMA [Internet]. 2020;323(20):2085-6. Disponible en: <https://doi.org/10.1001/jama.2020.6266> DOI:

- [10.1001/jama.2020.6266](https://doi.org/10.1001/jama.2020.6266) PMID [32293646](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32293646/) PMCID [PMC7160748](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/PMC7160748/)
7. Agencia española de medicamentos y productos. Resistencia bacteriana y COVID-19: recomendaciones del PRAN para el uso prudente de los antibióticos durante la pandemia - Agencia Española de Medicamentos y Productos Sanitarios [Internet]. Ministerio de sanidad. 2020. Disponible en: <https://www.aemps.gob.es/informa/notasinformativas/laaemps/2020-laaemps/resistencia-bacteriana-y-covid-19-recomendaciones-del-pran-para-el-uso-prudente-de-los-antibioticos-durante-la-pandemia/#>
  8. Hernández Sampieri R, Fernández Collado C, Baptista Lucio P. "Metodología de la Investigación". Sexta Edición. McGraw-Hill/Interamericana Editores, S.A. de C.V. México, D.F. (2014). 634 p.
  9. Arias F. 2006. "El Proyecto de Investigación. Introducción a la Metodología Científica". Quinta edición. Editorial Episteme. Caracas, Venezuela.p21-24.
  10. García L. 2010. "Curso de Introducción a la Metodología de la Investigación, Tipos de Diseños de la Investigación". Disponible en: [http://www.cochrane.es/files/Recursos/presentacion\\_Martinez.pdf](http://www.cochrane.es/files/Recursos/presentacion_Martinez.pdf)
  11. CLSI. Performance standards for Antimicrobial susceptibility testing. 31th ed. CLSI Supplement M100. Wayne PA: Clinical and Laboratory Clinical Institute. 2021. 352 pp.
  12. CLSI. 2020. Document M60. Performance Standards for Antifungal Susceptibility Testing of Yeasts. Second edition. Clinical and Laboratory Standards Institute, 950 West Valley Road, Suite 2500, Wayne, Pennsylvania 19087 USA.13 pp.
  13. The World Medical Association. Declaración de Helsinki de la AMM - Principios éticos para las investigaciones médicas en seres humanos. 2015. Disponible en: <https://www.wma.net/es/politicas-post/declaracion-de-helsinki-de-la-amm-principios-eticos-para-las-investigaciones-medicas-en-seres-humanos/>
  14. Peña García Y, Domínguez Fernández BN, Gómez Cook K, Garrido González D, Labrada Solorzano AM. Caracterización clínico epidemiológica de pacientes sospechosos y positivos a la COVID-19 en Puerto Padre. MEDISAN [Internet]. 2020;24(5). Disponible en: <https://medisan.sld.cu/index.php/san/article/view/3177/2077>
  15. Garibaldi BT, Fiksel J, Muschelli J, Robinson ML, Rouhizadeh M, Perin J, et al. Patient Trajectories Among Persons Hospitalized for COVID-19. Ann Intern Med [Internet]. 2020;174(1):33-41. Disponible en: <https://doi.org/10.7326/M20-3905> DOI: [10.7326/M20-3905](https://doi.org/10.7326/M20-3905) PMID [32960645](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32960645/) PMCID [PMC7530643](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/PMC7530643/)
  16. Roblejo Balbuena H, Benítez Cordero Y, Álvarez Gavilán Y, Bravo Ramírez M, Pereira Roche N, García Gómez D, et al. Características clínico-epidemiológicas de pacientes cubanos residentes en La Habana afectados por la COVID-19. Rev Cuba Investig Biomédicas [Internet]. 2021;40(2). Disponible en: <https://revibiomedica.sld.cu/index.php/ibi/article/view/1566>
  17. Ruiz Cantero MT. Las estadísticas sanitarias y la invisibilidad por sexo y de género durante la epidemia de COVID-19. Gac Sanit [Internet]. 2021;35(1):95-8. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0213911120300911?via%3Dihub> DOI: [10.1016/j.gaceta.2020.04.008](https://doi.org/10.1016/j.gaceta.2020.04.008)
  18. Oliva Marin JE. COVID-19 en niñez y adolescencia. Alerta, Rev científica del Inst Nac Salud [Internet]. 2021;4(1):48-60. Disponible en: <https://camjol.info/index.php/alerta/article/view/9780> DOI: [10.5377/alerta.v4i1.9780](https://doi.org/10.5377/alerta.v4i1.9780)
  19. Bello-Fernández ZL, Tamayo-Pérez R, Pacheco-Pérez Y, Puente-González ST, Almaguer-Esteve MM. Resistencia antimicrobiana en pacientes ingresados en unidades de cuidados intensivos. Rev Electrónica Dr Zoilo E Mar Vidaurreta [Internet]. 2018;43(6). Disponible en: <https://revzoilomarinaldo.sld.cu/index.php/zmv/article/view/1598>
  20. Silva IC, Guzmán M, Montes de Oca M, Bacci S, de Abreu F, Villarroel H, et al. Prescripción de antibióticos en pacientes hospitalizados con COVID-19 en un hospital privado de Caracas: Estudio retrospectivo. Arch Venez Farmacol y Ter [Internet]. 2021;40(4). Disponible en: [http://saber.ucv.ve/ojs/index.php/rev\\_aavft/article/view/23041](http://saber.ucv.ve/ojs/index.php/rev_aavft/article/view/23041)
  21. Bello-Fernández ZL, Pacheco-Pérez Y, Castillo-Pompa PE, Núñez-Chacón J, Cozme-Rojas Y. Resistencia antimicrobiana en pacientes de la comunidad. Rev Electrónica Dr Zoilo E Mar Vidaurreta [Internet]. 2019;44(4). Disponible en: <https://revzoilomarinaldo.sld.cu/index.php/zmv/article/view/1877>
  22. Zaror L, Aravena A, Valenzuela A. Mycosis in times of COVID-19. Rev Bras Análises Clínicas [Internet]. 2021;53(2). Disponible en: <https://www.rbac.org.br/artigos/micosis-en-tiempos-de-covid-19/> DOI: [10.21877/2448-3877.202100965](https://doi.org/10.21877/2448-3877.202100965)
  23. Salehi M, Ahmadikia K, Mahmoudi S, Kalantari S, Jamalimoghaddamsiahkali S, Izadi A, et al. Oropharyngeal candidiasis in hospitalised COVID-19 patients from Iran: Species identification and antifungal susceptibility pattern. Mycoses [Internet]. 2020;63(8):771-8. Disponible en: <https://doi.org/10.1111/myc.13137> DOI: [10.1111/myc.13137](https://doi.org/10.1111/myc.13137)

- [10.1111/myc.13137](https://doi.org/10.1111/myc.13137) PMID [32609906](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32609906/) PMCID [PMC7361944](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/PMC7361944/)
24. Azoulay E, Russell L, Van de Louw A, Metaxa V, Bauer P, Pova P, et al. Diagnosis of severe respiratory infections in immunocompromised patients. *Intensive Care Med* [Internet]. 2020;46(2):298-314. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s00134-019-05906-5> DOI: [10.1007/s00134-019-05906-5](https://doi.org/10.1007/s00134-019-05906-5) PMID [32034433](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32034433/) PMCID [PMC7080052](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/PMC7080052/)
  25. Lv Z, Cheng S, Le J, Huang J, Feng L, Zhang B, et al. Clinical characteristics and co-infections of 354 hospitalized patients with COVID-19 in Wuhan, China: a retrospective cohort study. *Microbes Infect* [Internet]. 2020;22(4):195-9. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S128645792030085X> DOI: [10.1016/j.micinf.2020.05.007](https://doi.org/10.1016/j.micinf.2020.05.007) PMID [32425649](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/32425649/) PMCID [PMC7233257](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/PMC7233257/)
  26. Rangel K, Chagas TP, De-Simone SG. *Acinetobacter baumannii* Infections in Times of COVID-19 Pandemic. *Pathogens* [Internet]. 2021;10(8). Disponible en: <https://www.mdpi.com/2076-0817/10/8/1006> DOI: [10.3390/pathogens10081006](https://doi.org/10.3390/pathogens10081006) PMID [34451470](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/34451470/) PMCID [PMC8399974](https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/PMC8399974/)
  27. Fernández P, Moreno L, Yagüe G, Andreu E, Jara R, Segovia M. Colonización por microorganismos multiresistentes en pacientes de UCI durante la pandemia de la COVID-19. *Med Intensiva* [Internet]. 2021;45(5):313-5. Disponible en: <https://www.medintensiva.org/es-colonizacion-por-microorganismos-multiresistentes-pacientes-articulo-S0210569121000358> DOI: [10.1016/j.medin.2021.02.015](https://doi.org/10.1016/j.medin.2021.02.015)
  28. Laffita-Matos R, Bello-Fernández ZL, Pacheco-Pérez Y, Cutié-Aragón Y, Puente-González ST. Resistencia antimicrobiana de bacterias aisladas en neonatos ingresados en el hospital provincial de Las Tunas en el 2020. *Rev Electrónica Dr Zoilo E Mar Vidaurreta* [Internet]. 2022;47(1). Disponible en: <https://revzoilomarinello.sld.cu/index.php/zmv/articulo/view/2997>
  29. Moncada PA, Candelo KD, Sierra-Ruiz M, Rosso F, Martínez LF, De Paz DA, et al. Infección invasiva por *Candida* spp. En pacientes inmunocomprometidos: Descripción de curso clínico experiencia diagnóstica, manejo y seguimiento en centro de alta complejidad. *Infectio* [Internet]. 2020;24(3):143. Disponible en: [https://revistainfectio.org/P\\_OJS/index.php/infectio/articulo/view/858](https://revistainfectio.org/P_OJS/index.php/infectio/articulo/view/858) DOI: [10.22354/in.v24i3.858](https://doi.org/10.22354/in.v24i3.858)
  30. Herreras Gómez LR, López VC. Antifungal resistance profile in the treatment of vaginal candidiasis: A diagnosis of etiologic agents. *Rev Habanera Ciencias Médicas* [Internet]. 2022;21(2):1-7. Disponible en: <https://revhabanera.sld.cu/index.php/rhab/articulo/view/4241>
  31. Zurita Macalupú S. Situación de la resistencia antifúngica de especies del género *Cándida* en Perú. *Rev Peru Med Exp Salud Pública* [Internet].

2018;35(1):126-31. Disponible en: <https://doi.org/10.17843/rpmesp.2018.351.3563> DOI: [10.17843/rpmesp.2018.351.3563](https://doi.org/10.17843/rpmesp.2018.351.3563)

**Autores:**

**Correspondencia:** Castellano-González, Maribel Josefina. <https://orcid.org/0000-0002-1992-8349>. Universidad del Zulia. Facultad de Medicina. Escuela de Bioanálisis. Departamento de Microbiología. Cátedra de Bacteriología General. Maracaibo. Zulia-Venezuela. Dirección Postal: calle 65 con final de Avenida 19. Edificio Ciencia y Salud. Planta Baja. Laboratorio de Bacteriología. Universidad del Zulia. Maracaibo. Zulia. Venezuela. Teléfonos: +58-414-6545914. E-mail: [micastellanog@gmail.com](mailto:micastellanog@gmail.com) <sup>R<sup>2</sup></sup>: [https://www.researchgate.net/profile/Maribel\\_Castellano](https://www.researchgate.net/profile/Maribel_Castellano)

Chirinos Cárdenas, Mairelin Delia. <https://orcid.org/0000-0001-5270-8797>. Universidad del Zulia. Facultad de Medicina. Escuela de Bioanálisis. Departamento de Microbiología. Cátedra de Bacteriología General. Maracaibo. Zulia-Venezuela. E-mail: [mairelinchirinos1234@gmail.com](mailto:mairelinchirinos1234@gmail.com)

Sanz-Ferrer, Rosmery Carolay. <https://orcid.org/0000-0002-3842-6985>. Universidad del Zulia. Facultad de Medicina. Escuela de Bioanálisis. Departamento de Microbiología. Cátedra de Bacteriología General. Maracaibo. Zulia-Venezuela. E-mail: [rosmerly93sf@gmail.com](mailto:rosmerly93sf@gmail.com)

Sandoval-Castellano Isabelle Virginia. <https://orcid.org/0000-0002-4296-0523>. Universidad del Zulia. Facultad de Medicina. Escuela de Medicina. Maracaibo. Zulia-Venezuela. E-mail: [isavirsandocast@gmail.com](mailto:isavirsandocast@gmail.com)

**Contribución de los Autores:**

**MJCG, CCMD, SFRC y SCIV:** conceptualización, metodología, validación, análisis formal, investigación, recursos, curación de datos, conservación de los datos, redacción-revisión y edición, visualización.