

SSIJ -Vol.3. N1. 048

Análisis de las condiciones epidemiológicas, clínicas, sociodemográficas y geoespaciales de la población femenina de la localidad de Isarzama, mediante el análisis de la información obtenida del tamizaje para la enfermedad de Chagas

Analysis of the epidemiological, clinical, sociodemographic, and geospatial conditions of the female population of Isarzama, based on information obtained from Chagas disease screening

Autores:

Blanca Porco Sola
Universidad Nacional Siglo XX
La Paz – Bolivia

blancaporcosola6@gmail.com

<https://orcid.org/0009-0001-4283-4914>

Autor de correspondencia: Blanca Porco Sola, blancaporcosola6@gmail.com

Enviado: 26-04-2026

Aceptado: 27-08-2026

Revisado: 03-07-2026

Publicado: 28-08-2026

Cómo citar este artículo:

Porco Sola, B. (2026). Análisis de las condiciones epidemiológicas, clínicas, sociodemográficas y geoespaciales de la población femenina de la localidad de Isarzama, mediante el análisis de la información obtenida del tamizaje para la enfermedad de Chagas. *Sage Sphere International Journal*, 3(1), 1-17. <https://doi.org/10.63688/5c5yt586>

© 2026; Los autores. Este es un artículo en acceso abierto, distribuido bajo los términos de una licencia Creative Commons (<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0>) que permite el uso, distribución y reproducción en cualquier medio, siempre que la obra original sea correctamente citada.



RESUMEN

La enfermedad de Chagas continúa constituyendo un problema de salud pública en Bolivia, especialmente en mujeres en edad reproductiva por el riesgo de transmisión congénita. El objetivo del estudio fue desarrollar y evaluar un modelo predictivo para la detección temprana y estratificación del riesgo de serorreactividad para *Trypanosoma cruzi* en mujeres de Isarzama, Cochabamba. Se realizó un estudio cuantitativo, observacional y transversal analítico con 326 participantes, integrando variables epidemiológicas, clínicas, sociodemográficas, ambientales, serológicas y geoespaciales. La serorreactividad alcanzó aproximadamente el 11 %. Los principales factores asociados fueron antecedente materno de Chagas, presencia de vinchucas, antecedentes familiares y vivienda de adobe. El modelo reportó sensibilidad de 94,4 %, especificidad de 91,8 %, exactitud de 92,6 % y AUC-ROC de 0,95. El análisis geoespacial permitió identificar sectores con mayor riesgo ambiental, mientras que el seguimiento digital mostró elevada asistencia a controles y continuidad del proceso. Se concluye que la integración de factores epidemiológicos, georreferenciación y seguimiento digital presenta potencial para fortalecer la priorización del tamizaje y la vigilancia epidemiológica en el primer nivel de atención.

Palabras clave: enfermedad de Chagas; *Trypanosoma cruzi*; aprendizaje automático; georreferenciación; vigilancia epidemiológica.

ABSTRACT

Chagas disease continues to be a public health problem in Bolivia, especially in women of reproductive age due to the risk of congenital transmission. The objective of the study was to develop and evaluate a predictive model for the early detection and stratification of the risk of seroreactivity for *Trypanosoma cruzi* in women from Isarzama, Cochabamba. A quantitative, observational, and cross-sectional analytical study was conducted with 326 participants, integrating epidemiological, clinical, sociodemographic, environmental, serological, and geospatial variables. Seroreactivity reached approximately 11%. The main associated factors were maternal history of Chagas disease, presence of kissing bugs, family history, and adobe housing. The model reported sensitivity of 94.4%, specificity of 91.8%, accuracy of 92.6%, and AUC-ROC of 0.95. The geospatial analysis allowed the identification of sectors with greater environmental risk, while the digital monitoring showed high attendance at controls and continuity of the process. It is concluded that the integration of epidemiological factors, georeferencing and digital monitoring has the potential to strengthen the prioritization of screening and epidemiological surveillance at the first level of care.

Keywords: Chagas disease; *Trypanosoma cruzi*; machine learning; georeferencing; epidemiological surveillance.



1. INTRODUCCIÓN

La enfermedad de Chagas continúa siendo una de las enfermedades tropicales desatendidas de mayor relevancia para la salud pública en América Latina. Es causada por el protozooario *Trypanosoma cruzi* y puede transmitirse mediante vectores triatominos, durante el embarazo o el parto, por vía oral, mediante sangre o productos sanguíneos y por trasplante de órganos. Una de las principales dificultades para su control radica en que la infección puede permanecer asintomática durante años, retrasando el diagnóstico y favoreciendo la progresión hacia manifestaciones cardíacas, digestivas o neurológicas potencialmente graves (Hochberg & Montgomery, 2023; Organización Mundial de la Salud [OMS], 2026).

La epidemiología de la enfermedad ha experimentado transformaciones importantes. Los programas de control vectorial y la vigilancia de bancos de sangre han reducido determinadas formas de transmisión; sin embargo, persisten ciclos domésticos y peridomésticos, transmisión congénita y desigualdades en el acceso al diagnóstico. La movilidad poblacional y el subregistro añaden dificultades para estimar su verdadera carga. En este escenario, las estrategias contemporáneas requieren combinar vigilancia vectorial, identificación activa de personas infectadas y utilización eficiente de información epidemiológica y territorial (Cucunubá et al., 2024; Rojas de Arias et al., 2022).

Bolivia constituye un contexto de especial interés por mantener una elevada carga histórica de infección por *T. cruzi*. Aunque los programas de control han favorecido una disminución progresiva de la transmisión vectorial en determinados territorios, la persistencia de la infección entre mujeres en edad reproductiva mantiene vigente el riesgo de transmisión maternoinfantil. Tinajeros et al. (2024), mediante una revisión sistemática y metaanálisis de 21 estudios y más de 400.000 registros de gestantes bolivianas, estimaron una prevalencia materna agrupada de 33,0 % y una tasa de transmisión vertical de 6,2 %. La disminución temporal de la prevalencia materna no estuvo acompañada por una reducción equivalente de la transmisión vertical.

Esta problemática también ha sido documentada a escala continental. Santana et al. (2020) encontraron una prevalencia agrupada de enfermedad de Chagas de 9 % entre gestantes de las Américas y aproximadamente 12 % en Sudamérica. Estos resultados respaldan el tamizaje sistemático de mujeres en edad reproductiva, dado que identificar una infección no solamente



tiene implicaciones para la paciente, sino también para la prevención de posibles casos congénitos.

La evidencia boliviana reciente muestra además la interacción entre antecedentes maternos, exposición vectorial y características territoriales. Rodríguez et al. (2025) documentaron diferencias en exposición domiciliaria y transmisión congénita según las zonas de circulación vectorial de Bolivia, evidenciando que el riesgo puede persistir aun cuando disminuya la infestación domiciliaria. Esto respalda la integración de antecedentes individuales, familiares y territoriales dentro de los sistemas de vigilancia.

Las características de las viviendas constituyen otro componente relevante. La construcción con adobe, las grietas y determinadas condiciones peridomiciliarias pueden favorecer la presencia de triatominos cuando coinciden con insuficiente control ambiental. Los modelos geoespaciales desarrollados en Bolivia han demostrado que integrar variables ambientales y socioeconómicas permite representar diferencias territoriales del riesgo y contribuir a la planificación de intervenciones (Mischler et al., 2012). De manera complementaria, Saunders et al. (2012) demostraron que características domiciliarias relativamente sencillas pueden emplearse para clasificar el riesgo de infestación por *Triatoma infestans*.

El diagnóstico oportuno continúa siendo un desafío. Durante la fase crónica, las estrategias diagnósticas se sustentan fundamentalmente en pruebas serológicas y la confirmación requiere procedimientos complementarios apropiados (Organización Panamericana de la Salud [OPS], 2019; Schijman et al., 2024). Los métodos moleculares ofrecen posibilidades adicionales, aunque su rendimiento depende del contexto clínico, parasitemia y características de la técnica empleada (Pascual-Vázquez et al., 2023).

La incorporación de aprendizaje automático ofrece una posibilidad complementaria para transformar variables epidemiológicas sencillas en herramientas de estratificación. Ghilardi et al. (2024) demostraron que edad, antecedentes de vivienda, exposición a triatominos y antecedentes familiares podían emplearse para estimar el riesgo de infección por Chagas. Estos modelos no sustituyen las pruebas diagnósticas, pero pueden contribuir a priorizar el tamizaje cuando los recursos son limitados.

La utilidad potencial aumenta cuando la predicción se articula con sistemas de información geográfica y herramientas digitales. La georreferenciación permite identificar patrones territoriales, mientras que los mecanismos digitales pueden favorecer el registro,



seguimiento y recuperación de pacientes. Experiencias de teleentomología y participación comunitaria han mostrado también que las tecnologías digitales pueden complementar la vigilancia tradicional de la enfermedad (Delgado-Noguera et al., 2022).

En Isarzama, Cochabamba, convergen antecedentes epidemiológicos, condiciones domiciliarias y movilidad desde zonas históricamente endémicas. La investigación recopiló información clínica, sociodemográfica, epidemiológica y geográfica de mujeres atendidas en el Centro de Salud de Isarzama, generando condiciones para integrar esos datos dentro de un sistema de estratificación del riesgo.

En consecuencia, el objetivo del estudio fue desarrollar y evaluar un modelo predictivo para la detección temprana y estratificación del riesgo de serorreactividad para *Trypanosoma cruzi* en mujeres de Isarzama, Cochabamba, mediante la integración de variables epidemiológicas, clínicas, sociodemográficas, ambientales y geoespaciales, complementado con herramientas de georreferenciación y seguimiento digital.

2. METODOLOGÍA

Se realizó un estudio cuantitativo, observacional y transversal analítico, orientado a identificar factores asociados con la serorreactividad para *Trypanosoma cruzi* y evaluar un modelo de estratificación del riesgo. Se incorporaron adicionalmente componentes geoespaciales y de seguimiento digital. La organización del componente predictivo consideró las recomendaciones metodológicas actuales para estudios de modelos de predicción, particularmente los principios establecidos por TRIPOD+AI y PROBAST+AI (Collins et al., 2024; Moons et al., 2025).

El estudio se desarrolló en la localidad de Isarzama, municipio de Entre Ríos, provincia Carrasco, departamento de Cochabamba, Bolivia. La muestra analítica estuvo constituida por 326 mujeres, de las cuales 309 no estaban embarazadas y 17 se encontraban en gestación.

Se incluyeron mujeres residentes en Isarzama, pertenecientes al intervalo etario establecido en el estudio, con información epidemiológica disponible y registro de tamizaje serológico o disposición para realizarlo. También fueron incluidas las gestantes registradas en control prenatal que aceptaron participar mediante consentimiento informado. Se excluyeron participantes no residentes, registros incompletos o no verificables, registros duplicados y mujeres que no aceptaron participar.



La información se obtuvo mediante fichas clínico-epidemiológicas, formularios sociodemográficos y ambientales, registros clínicos, resultados del tamizaje serológico y herramientas digitales para el registro territorial. Se analizaron edad, condición reproductiva, nivel educativo, ocupación, ingresos, acceso a servicios básicos, características de vivienda, antecedentes maternos y familiares de Chagas, antecedente transfusional, residencia en zonas endémicas y presencia de triatominos.

La variable dependiente fue la serorreactividad para *T. cruzi* obtenida durante el tamizaje. Se utilizó esta denominación debido a que el registro disponible identifica principalmente resultados de ELISA y la confirmación definitiva de infección crónica requiere un algoritmo serológico complementario (OPS, 2019; Schijman et al., 2024). Por esta razón, el resultado ELISA se consideró desenlace y no predictor.

Las variables predictoras fueron seleccionadas atendiendo a su plausibilidad epidemiológica y disponibilidad antes del conocimiento del resultado serológico. Se consideraron antecedente materno y familiar de Chagas, presencia de vinchucas, vivienda de adobe, grietas, corrales próximos, residencia en zonas endémicas, antecedente transfusional, variables sociodemográficas y características territoriales. La evidencia disponible respalda el empleo de estos factores para estimar riesgo epidemiológico (Ghilardi et al., 2024; Mischler et al., 2012).

Antes del análisis se verificaron registros duplicados, valores inconsistentes y datos ausentes. Las variables categóricas se resumieron mediante frecuencias y porcentajes. Para las variables continuas se consideraron medidas de tendencia central y dispersión según su distribución. Las asociaciones entre variables epidemiológicas y serorreactividad se examinaron inicialmente mediante análisis bivariado.

Posteriormente se construyó un modelo de regresión logística multivariable. Se calcularon *odds ratios* ajustados (ORa), intervalos de confianza del 95 % y valores de *p*. Debido al tamaño de la muestra y al número reducido de eventos positivos, se procuró limitar el número de parámetros para disminuir el riesgo de sobreajuste, aspecto especialmente relevante en estudios de modelos predictivos con muestras pequeñas (Riley et al., 2020).

La capacidad predictiva se evaluó mediante sensibilidad, especificidad, exactitud y área bajo la curva ROC (AUC-ROC). La regresión logística permitió mantener interpretabilidad epidemiológica y estimar el efecto independiente de los principales predictores. La



evidencia metodológica indica que algoritmos de mayor complejidad no necesariamente superan a modelos de regresión correctamente especificados, particularmente en bases de datos clínicas de tamaño moderado (Christodoulou et al., 2019). Métodos como Random Forest y XGBoost constituyen alternativas para futuras comparaciones y validaciones del modelo (Breiman, 2001; Chen & Guestrin, 2016).

El componente geoespacial utilizó la información territorial disponible para clasificar el riesgo ambiental y reconocer sectores donde convergían exposición vectorial, antecedentes epidemiológicos y condiciones desfavorables de vivienda. Las coordenadas individuales fueron consideradas información sensible y su interpretación se realizó de forma agregada. El componente digital se analizó mediante indicadores de recepción de recordatorios, respuesta a mensajes, asistencia a controles, recepción de resultados y finalización del seguimiento. Estos indicadores se consideraron resultados secundarios relacionados con continuidad asistencial y factibilidad de la estrategia.

La interpretación de las métricas predictivas tomó en consideración que una adecuada discriminación no garantiza necesariamente una correcta estimación de probabilidades individuales, por lo que posteriores validaciones deberán incorporar procedimientos específicos de calibración (Van Calster et al., 2019), validación interna mediante remuestreo (Steyerberg et al., 2001) y herramientas de interpretabilidad cuando se implementen algoritmos más complejos (Lundberg & Lee, 2017).

Se consideró un nivel de significación de $p < .05$. La participación requirió consentimiento informado y la información fue procesada preservando la confidencialidad y evitando la divulgación de ubicaciones domiciliarias exactas. El archivo disponible no identifica un comité de ética ni código de aprobación; este dato deberá consignarse únicamente si existe documentación verificable.

3. RESULTADOS

La muestra estuvo conformada por 326 mujeres. El grupo de 20 a 29 años representó la mayor proporción (36,2 %), seguido por las participantes de 30 a 39 años (28,8 %). Un total de 309 mujeres no estaba embarazada y 17 se encontraba en gestación. Predominaron la educación primaria y secundaria, mientras que aproximadamente la mitad de las participantes se dedicaba principalmente a actividades domésticas.



Tabla 1*Características sociodemográficas y económicas de las participantes*

Variable	Categoría	n	%
Edad	15–19 años	52	16,0
	20–29 años	118	36,2
	30–39 años	94	28,8
	40–49 años	62	19,0
Nivel educativo	Sin instrucción	38	11,7
	Primaria	142	43,6
	Secundaria	116	35,6
	Técnico/superior	30	9,2
Ocupación	Ama de casa	154	47,2
	Agricultura	94	28,8
	Comercio informal	52	16,0
	Empleo formal	16	4,9
	Otros	10	3,1
Condición reproductiva	Embarazada	17	5,2
	No embarazada	309	94,8
Ingreso familiar	< Bs. 1.500	158	48,5
	Bs. 1.501–3.000	114	35,0
	Bs. 3.001–5.000	38	11,7
	> Bs. 5.000	16	4,9

Nota. Porcentajes calculados sobre n = 326.

La caracterización domiciliaria mostró una elevada frecuencia de condiciones potencialmente relacionadas con exposición vectorial. El 69,3 % reportó grietas en las paredes, 65,6 % habitaba viviendas con paredes de adobe, 60,7 % tenía corrales cercanos y 31,9 % reportó presencia de vinchucas. El 71,2 % registró antecedente de procedencia o residencia en zona endémica.



Tabla 2*Condiciones domiciliarias, antecedentes epidemiológicos y servicios básicos*

Variable	Sí, n	No, n	% Sí
Paredes de adobe	214	112	65,6
Techo de paja	126	200	38,7
Grietas en paredes	226	100	69,3
Vinchucas en domicilio	104	222	31,9
Corrales cercanos	198	128	60,7
Familiar con Chagas	86	240	26,4
Madre con Chagas	52	274	16,0
Antecedente transfusional	34	292	10,4
Zona endémica	232	94	71,2
Agua potable	242	84	74,2
Alcantarillado	118	208	36,2
Electricidad	284	42	87,1
Internet	104	222	31,9

Nota. Los porcentajes corresponden a las 326 participantes.

En el tamizaje serológico se registraron **36 resultados ELISA positivos y 290 negativos**, correspondientes a una serorreactividad aproximada de 11,0 %. Entre las manifestaciones clínicas, el estreñimiento crónico fue la más frecuente (9,5 %), seguido de palpitaciones (8,3 %), disnea (5,8 %), dolor torácico (4,6 %), disfagia (2,1 %) y síncope (1,2 %).

El componente geoespacial clasificó a 68 participantes (20,9 %) en riesgo ambiental alto, 116 (35,6 %) en riesgo medio y 142 (43,6 %) en riesgo bajo. Se observaron zonas donde coexistían condiciones desfavorables de vivienda, antecedentes familiares y exposición vectorial.

El seguimiento digital evidenció que 95,7 % recibió recordatorios, 91,1 % asistió a controles, 88,7 % recibió resultados, 85,3 % respondió mensajes y 81,9 % completó el seguimiento.

Tabla 3

Tamizaje, riesgo ambiental y seguimiento digital

Indicador	Categoría	n	%
ELISA	Positivo	36	11,0
	Negativo	290	89,0
Riesgo ambiental	Bajo	142	43,6
	Medio	116	35,6
	Alto	68	20,9
Seguimiento	Asistió a controles	297	91,1
	Recibió resultados	289	88,7
	Recibió recordatorios	312	95,7
	Respondió mensajes	278	85,3
	Completó seguimiento	267	81,9
Adherencia	Alta	248	76,1
	Moderada	61	18,7
	Baja	17	5,2

Nota. Porcentajes calculados sobre n = 326.

En la estratificación general, 147 mujeres fueron clasificadas en riesgo bajo, 98 en moderado, 59 en alto y 22 en muy alto. En conjunto, 81 participantes (24,8 %) se ubicaron en categorías alta o muy alta.

El análisis multivariable identificó como principal factor asociado el antecedente materno de Chagas (ORa = 4,93; IC 95 % [2,12, 11,42]; $p < .001$), seguido de presencia de vinchucas (ORa = 3,82; IC 95 % [2,01, 7,24]; $p < .001$), antecedente familiar (ORa = 2,86; IC 95 % [1,41, 5,81]; $p = .003$) y vivienda de adobe (ORa = 2,18; IC 95 % [1,16, 4,09]; $p = .014$).

Tabla 4*Factores asociados y desempeño predictivo*

Variable	OR ajustado	IC 95 %	p
Madre con Chagas	4,93	2,12–11,42	< .001



Variable	OR ajustado	IC 95 %	p
Presencia de vinchuca	3,82	2,01–7,24	< .001
Familiar con Chagas	2,86	1,41–5,81	.003
Vivienda de adobe	2,18	1,16–4,09	.014

Nota. OR = *odds ratio*; IC = intervalo de confianza; AUC-ROC = área bajo la curva ROC.

El AUC-ROC de 0,95 indica una elevada capacidad discriminativa dentro de la muestra estudiada. La sensibilidad fue del 94,4 %, la especificidad alcanzó el 91,8 % y la exactitud global fue del 92,6 %. Asimismo, el área bajo la curva ROC (AUC-ROC) presentó un valor de 0,95.

4. DISCUSIÓN

Los resultados evidencian que la enfermedad de Chagas mantiene relevancia epidemiológica en la población femenina estudiada de Isarzama. De las 326 participantes, 36 presentaron serorreactividad para *Trypanosoma cruzi*, equivalente aproximadamente al 11 %. Paralelamente, se observó una elevada frecuencia de residencia en zonas endémicas, viviendas de adobe, grietas, corrales y antecedentes de presencia de vinchucas. Estos hallazgos respaldan la combinación del tamizaje serológico con información epidemiológica y ambiental, especialmente considerando que la infección crónica puede permanecer asintomática durante períodos prolongados (Hochberg & Montgomery, 2023).

El análisis multivariable mostró que el antecedente materno de Chagas constituyó el factor de mayor magnitud de asociación con la serorreactividad (ORa = 4,93), seguido por presencia de vinchucas (ORa = 3,82), antecedente familiar (ORa = 2,86) y vivienda de adobe (ORa = 2,18). Estos resultados sugieren una coexistencia de componentes familiares, ambientales y territoriales. Los antecedentes maternos y familiares resultan especialmente útiles debido a que pueden obtenerse mediante entrevista clínica sin procedimientos complejos y contribuir a orientar la priorización del tamizaje.

Las condiciones domiciliarias también fueron frecuentes. Cerca de dos tercios de las participantes residían en viviendas de adobe y aproximadamente el 69 % informó grietas. Saunders et al. (2012) demostraron previamente en Bolivia que características ambientales y domiciliarias pueden utilizarse para desarrollar puntuaciones de riesgo de infestación por *Triatoma infestans*. De manera concordante, Mischler et al. (2012) demostraron



que integrar información ambiental y socioeconómica permite representar espacialmente diferencias en el riesgo de enfermedad de Chagas.

La importancia de los antecedentes familiares también resulta coherente con la persistencia de transmisión materno-infantil documentada en Bolivia. Tinajeros et al. (2024) señalaron que, aunque la prevalencia materna ha disminuido durante las últimas décadas, la transmisión vertical continúa siendo epidemiológicamente significativa. Sin embargo, el antecedente materno observado en Isarzama no demuestra por sí mismo transmisión congénita individual, debido a que las participantes pudieron haber estado expuestas simultáneamente a diferentes mecanismos de infección.

El modelo presentó sensibilidad de 94,4 %, especificidad de 91,8 %, exactitud de 92,6 % y AUC-ROC de 0,95. Este desempeño indica una elevada discriminación dentro de la muestra analizada, pero debe interpretarse con cautela. Los modelos desarrollados en muestras relativamente pequeñas pueden presentar optimismo, especialmente cuando el número de eventos es reducido (Riley et al., 2020; Steyerberg et al., 2001). Por ello, el desempeño deberá reproducirse mediante validación interna y posteriormente comprobarse en poblaciones independientes.

El rendimiento tampoco debería juzgarse exclusivamente mediante AUC. Un modelo puede separar adecuadamente individuos de mayor y menor riesgo y, simultáneamente, producir probabilidades individuales imprecisas. La evaluación de calibración constituye, por tanto, un requisito fundamental para futuras validaciones (Van Calster et al., 2019). Asimismo, Christodoulou et al. (2019) no encontraron evidencia consistente de superioridad de machine learning sobre regresión logística en predicción clínica, por lo que una mayor complejidad algorítmica debería adoptarse únicamente cuando demuestre una ventaja real.

El componente territorial amplía el valor epidemiológico del modelo. Aproximadamente 21 % de las participantes fue clasificado en riesgo ambiental alto y se identificaron áreas donde coincidían condiciones desfavorables de vivienda y exposición epidemiológica. Las nuevas tecnologías de vigilancia vectorial pueden complementar esta aproximación mediante herramientas digitales de identificación y registro territorial (Gurgel-Gonçalves et al., 2026). El seguimiento digital también mostró resultados favorables: más de 90 % asistió a controles, aproximadamente 96 % recibió recordatorios y cerca de 82 % completó el seguimiento. Experiencias recientes muestran que la telemedicina puede complementar la



atención convencional de personas con enfermedad de Chagas (Salvador et al., 2025), mientras que herramientas de teleentomología y participación ciudadana pueden fortalecer la vigilancia en comunidades con recursos limitados (Delgado-Noguera et al., 2022). Sin embargo, el acceso a internet alcanzó solamente 31,9 % en Isarzama, por lo que cualquier implementación debería combinar recursos digitales con mecanismos presenciales.

Desde el punto de vista diagnóstico, el modelo debe entenderse como instrumento para priorizar el tamizaje y no como sustituto de las pruebas serológicas. Los avances recientes muestran que todavía existen desafíos asociados con sensibilidad, variabilidad parasitaria y disponibilidad de métodos confirmatorios (Pascual-Vázquez et al., 2023; Schijman et al., 2024).

Entre las limitaciones destacan el diseño transversal, el desarrollo en una única localidad, el número reducido de resultados serorreactivos y el posible sesgo de recuerdo en antecedentes epidemiológicos. De acuerdo con TRIPOD+AI y PROBAST+AI, investigaciones posteriores deberán documentar de manera transparente el desarrollo, validación, calibración y riesgo de sesgo del modelo (Collins et al., 2024; Moons et al., 2025). Pese a estas limitaciones, la integración epidemiológica, territorial y digital muestra potencial para mejorar la identificación temprana y priorización del tamizaje en mujeres de áreas endémicas.

5. CONCLUSIÓN

La población femenina estudiada en Isarzama presentó una serorreactividad para *Trypanosoma cruzi* cercana al 11 %, evidenciando que la infección continúa siendo epidemiológicamente relevante y justificando el mantenimiento de estrategias de tamizaje en mujeres en edad reproductiva.

El antecedente materno de Chagas, la presencia de vinchucas en el domicilio, los antecedentes familiares y la vivienda de adobe constituyeron los principales factores asociados con la serorreactividad, mostrando la interacción entre componentes familiares, vectoriales y territoriales.

El modelo evaluado presentó sensibilidad de 94,4 %, especificidad de 91,8 %, exactitud de 92,6 % y AUC-ROC de 0,95, demostrando elevada capacidad discriminativa dentro de la población estudiada. Su utilización fuera de Isarzama requiere procesos posteriores de validación interna reproducible y validación externa.



El componente geoespacial permitió reconocer sectores con concentración de condiciones ambientales desfavorables y aproximadamente una cuarta parte de las participantes fue clasificada en niveles de riesgo alto o muy alto, evidenciando la utilidad potencial de integrar información individual y territorial para focalizar intervenciones.

El seguimiento digital presentó elevada cobertura de contacto y asistencia, aunque las limitaciones de conectividad existentes en la población indican que su implementación debería combinar tecnologías digitales con mecanismos convencionales de seguimiento. La integración de tamizaje, estratificación del riesgo, georreferenciación y seguimiento constituye una alternativa potencial para fortalecer la vigilancia de Chagas en el primer nivel de atención.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Breiman, L. (2001). Random forests. *Machine Learning*, 45, 5–32. <https://doi.org/10.1023/A:1010933404324>
- Chen, T., & Guestrin, C. (2016). XGBoost: A scalable tree boosting system. *Proceedings of the 22nd ACM SIGKDD International Conference on Knowledge Discovery and Data Mining*, 785–794. <https://doi.org/10.1145/2939672.2939785>
- Christodoulou, E., Ma, J., Collins, G. S., Steyerberg, E. W., Verbakel, J. Y., & Van Calster, B. (2019). A systematic review shows no performance benefit of machine learning over logistic regression for clinical prediction models. *Journal of Clinical Epidemiology*, 110, 12–22. <https://doi.org/10.1016/j.jclinepi.2019.02.004>
- Collins, G. S., Moons, K. G. M., Dhiman, P., Riley, R. D., Beam, A. L., Van Calster, B., Ghassemi, M., Liu, X., Reitsma, J. B., van Smeden, M., Boulesteix, A.-L., Camaradou, J. C., Celi, L. A., Denaxas, S., Denniston, A. K., Glocker, B., Golub, R. M., Harvey, H., Heinze, G., ... Logullo, P. (2024). TRIPOD+AI statement: Updated guidance for reporting clinical prediction models that use regression or machine learning methods. *BMJ*, 385, e078378. <https://doi.org/10.1136/bmj-2023-078378>
- Cucunubá, Z. M., Gutiérrez-Romero, S. A., Ramírez, J.-D., Velásquez-Ortiz, N., Ceccarelli, S., Parra-Henao, G., Henao-Martínez, A. F., Rabinovich, J., Basáñez, M.-G., Nouvellet, P., & Abad-Franch, F. (2024). The epidemiology of Chagas disease in the Americas. *The Lancet Regional Health – Americas*, 37, 100881. <https://doi.org/10.1016/j.lana.2024.100881>



- Delgado-Noguera, L. A., Hernández-Pereira, C. E., Ramírez, J. D., Hernández, C., Velásquez-Ortiz, N., Clavijo, J., Ayala, J. M., Forero-Peña, D., Márquez, M., Suarez, M. J., Traviezo-Valles, L., Escalona, M. A., Perez-Garcia, L., Mejias Carpio, I., Sordillo, E. M., Grillet, M. E., Llewellyn, M. S., Gabaldón, J. C., & Paniz-Mondolfi, A. E. (2022). Tele-entomology and tele-parasitology: A citizen science-based approach for surveillance and control of Chagas disease in Venezuela. *Parasite Epidemiology and Control*, 19, e00273. <https://doi.org/10.1016/j.parepi.2022.e00273>
- Ghilardi, F. D. R., Silva, G., Vieira, T. M., Mota, A., Bierrenbach, A. L., Damasceno, R. F., Oliveira, L. C., Chiavegatto Filho, A. D. P., & Sabino, E. (2024). Machine learning for predicting Chagas disease infection in rural areas of Brazil. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 18(4), e0012026. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0012026>
- Gurgel-Gonçalves, R., Julião, G. R., Ferreira, R. A., Souza, R. C. M., Rojas-Cortez, M., Vieira, T. M., Miranda, V. L., Brant, J. L., Obara, M. T., Albuquerque e Silva, R., Ibarrola-Vannucci, A. K., Marti, G., & Ceccarelli, S. (2026). New technologies for identification and surveillance of Chagas disease vectors. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, 59, e0597-2025. <https://doi.org/10.1590/0037-8682-0597-2025>
- Hochberg, N. S., & Montgomery, S. P. (2023). Chagas disease. *Annals of Internal Medicine*, 176(2), ITC17–ITC32. <https://doi.org/10.7326/AITC202302210>
- Lundberg, S. M., & Lee, S.-I. (2017). A unified approach to interpreting model predictions. *Advances in Neural Information Processing Systems*, 30, 4765–4774.
- Mischler, P., Kearney, M., McCarroll, J. C., Scholte, R. G. C., Vounatsou, P., & Malone, J. B. (2012). Environmental and socio-economic risk modelling for Chagas disease in Bolivia. *Geospatial Health*, 6(3), S59–S66. <https://doi.org/10.4081/gh.2012.123>
- Moons, K. G. M., Damen, J. A. A., Kaul, T., Hooft, L., Andaur Navarro, C., Dhiman, P., Beam, A. L., Van Calster, B., Celi, L. A., Denaxas, S., Denniston, A. K., Ghassemi, M., Heinze, G., Kengne, A. P., Maier-Hein, L., Liu, X., Logullo, P., McCradden, M. D., Liu, N., ... van Smeden, M. (2025). PROBAST+AI: An updated quality, risk of bias, and applicability assessment tool for prediction models using regression or artificial intelligence methods. *BMJ*, 388, e082505. <https://doi.org/10.1136/bmj-2024-082505>



- Organización Mundial de la Salud. (2026, 8 de abril). *Enfermedad de Chagas (trypanosomiasis americana)*. [Ficha informativa de la OMS](#)
- Organización Panamericana de la Salud. (2019). *Guía para el diagnóstico y el tratamiento de la enfermedad de Chagas*. Organización Panamericana de la Salud. [Documento de la OPS](#)
- Pascual-Vázquez, G., Alonso-Sardón, M., Rodríguez-Alonso, B., Pardo-Lledías, J., Romero Alegría, A., Fernández-Soto, P., Muñoz Bellido, J. L., Muro, A., & Belhassen-García, M. (2023). Molecular diagnosis of Chagas disease: A systematic review and meta-analysis. *Infectious Diseases of Poverty*, 12, 95. <https://doi.org/10.1186/s40249-023-01143-7>
- Riley, R. D., Ensor, J., Snell, K. I. E., Harrell, F. E., Jr., Martin, G. P., Reitsma, J. B., Moons, K. G. M., Collins, G. S., & van Smeden, M. (2020). Calculating the sample size required for developing a clinical prediction model. *BMJ*, 368, m441. <https://doi.org/10.1136/bmj.m441>
- Rodríguez, B. A., Tinajeros, F., Condori, B. J., & Cutshaw, M. K. (2025). Congenital transmission of Chagas disease by vector circulation zone in Bolivia. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 19(10), e0013591. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0013591>
- Rojas de Arias, A., Monroy, C., Guhl, F., Sosa-Estani, S., Souza Santos, W., & Abad-Franch, F. (2022). Chagas disease control-surveillance in the Americas: The multinational initiatives and the practical impossibility of interrupting vector-borne *Trypanosoma cruzi* transmission. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, 117, e210130. <https://doi.org/10.1590/0074-02760210130>
- Salvador, F. G. F., Oliveira, L. F. A., Pimentel, M. I. F., Lyra, M. R., Hasslocher-Moreno, A. M., Holanda, M. T., Varela, M. C., Silveira, H., & Valet, C. M. (2025). Telemedicine in the clinical care of Chagas disease and American cutaneous leishmaniasis: Pilot study in a public referral hospital in Brazil. *Frontiers in Public Health*, 13, 1616368. <https://doi.org/10.3389/fpubh.2025.1616368>
- Santana, K. H., Oliveira, L. G. R., Castro, D. B., & Pereira, M. (2020). Epidemiology of Chagas disease in pregnant women and congenital transmission of *Trypanosoma cruzi* in the Americas: Systematic review and meta-analysis. *Tropical Medicine & International Health*, 25(7), 752–763. <https://doi.org/10.1111/tmi.13398>



- Saunders, M., Small, A., Dedicoat, M., & Roberts, L. (2012). The development and validation of a risk score for household infestation by *Triatoma infestans*, a Bolivian vector of Chagas disease. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 106(11), 677–682. <https://doi.org/10.1016/j.trstmh.2012.07.006>
- Schijman, A. G., Alonso-Padilla, J., Britto, C., & Herrera Bernal, C. P. (2024). Retrospect, advances and challenges in Chagas disease diagnosis: A comprehensive review. *The Lancet Regional Health – Americas*, 36, 100821. <https://doi.org/10.1016/j.lana.2024.100821>
- Steyerberg, E. W., Harrell, F. E., Jr., Borsboom, G. J. J. M., Eijkemans, M. J. C., Vergouwe, Y., & Habbema, J. D. F. (2001). Internal validation of predictive models: Efficiency of some procedures for logistic regression analysis. *Journal of Clinical Epidemiology*, 54(8), 774–781. [https://doi.org/10.1016/S0895-4356\(01\)00341-9](https://doi.org/10.1016/S0895-4356(01)00341-9)
- Tinajeros, F., Rodríguez-Olguin, B. A., & Cutshaw, M. K. (2024). Prevalence of maternal Chagas disease and vertical transmission rates in Bolivia: A systematic review and meta-analysis. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 110(4), 663–668. <https://doi.org/10.4269/ajtmh.23-0579>
- Van Calster, B., McLernon, D. J., van Smeden, M., Wynants, L., & Steyerberg, E. W. (2019). Calibration: The Achilles heel of predictive analytics. *BMC Medicine*, 17, 230. <https://doi.org/10.1186/s12916-019-1466-7>

CONFLICTO DE INTERESES

No existe.

FINANCIAMIENTO

No aplica.

CONTRIBUCIÓN DE AUTORÍA

Conceptualización: Blanca Porco Sola.

Metodología: Blanca Porco Sola.

Investigación: Blanca Porco Sola.

Redacción – borrador original: Blanca Porco Sola.

Redacción – revisión y edición: Blanca Porco Sola.

