



**CARRERA DE LABORATORIO CLÍNICO**

**PROYECTO DE TRABAJO DE INTEGRACIÓN CURRICULAR**

Revisión Bibliográfica: Bacterias Multirresistentes en Unidades de Cuidados Intensivos (UCI) de Hospitales en Hispanoamérica, 2020-2024

**LÍNEA DE INVESTIGACIÓN**

Salud Integral, determinación social y desarrollo humano.

**SUBLÍNEA**

Fomento, Prevención y Promoción de Salud

Previo al grado académico de Licenciada en Laboratorio Clínico

**AUTOR**

Camily Alejandra Cevallos Lara

**TUTOR**

Peña Rosas Gloria Del Valle

Esmeraldas, 2025



## **TRIBUNAL DE GRADUACIÓN**

Trabajo de tesis aprobado luego de haber dado cumplimiento a los requisitos exigidos por el reglamento de grado de la PUCESE previo a la obtención del título de LICENCIADA EN LABORATORIO CLÍNICO

---

PhD. Gloria Peña Rosas

Director de Tesis

---

Mgt. Erika Tatiana Núñez Hernández

Lector 1

---

Mgt. Evelin Alexandra Zuñiga Sosa

Lectora 2

---

Mgt. Eylon Amanda Agreda Egas

Coordinadora de la Escuela

---

Mgt.

Secretario General Pucese

Esmeraldas - Ecuador, septiembre 2025



**AUTORIA**

Yo, Cevallos Lara Camily Alejandra, declaro que este trabajo de tesis es original y de mi autoría, y asumo la responsabilidad legal de su contenido.

En virtud que el contenido de esta investigación es de exclusiva responsabilidad legal y académica del autor y de la PUCESE.

---

Cevallos Lara Camily Alejandra

**C.I. 0803445691**



## AGRADECIMIENTO

Mi gratitud más profunda es para Dios, quien ha sido mi guía y fortaleza en todo momento. A Él debo cada oportunidad, cada enseñanza y cada logro alcanzado. Su infinita bondad hacia mi me ha sostenido en los instantes de incertidumbre y me ha mostrado el camino cuando más lo necesitaba. Sin su presencia en mi vida, nada de lo que hoy celebro habría sido posible.

A mi abuela y a mi madre, pilares fundamentales de mi existencia, les dedico este logro con todo mi corazón. Han sido ejemplo de amor, entrega y sacrificio incondicional. Mi abuela, con su sabiduría, ternura y lucha, me ha enseñado a valorar la constancia, la humildad y el sacrificio en silencio que hizo por mi; y mi madre, el pilar más fuerte de mi existencia, no existen palabras suficientes para agradecer todo lo que has hecho por mi. Has sido madre y amiga, que con su fortaleza inquebrantable, me ha acompañado en cada paso, regalándome su apoyo y fe en mí incluso en los momentos más difíciles. Gracias por cada consejo, por cada palabra de aliento y por demostrarme, con hechos, que el amor verdadero es aquel que impulsa y sostiene siempre.

También quiero expresar mi agradecimiento a mi familia en general, quienes de distintas maneras estuvieron presentes para mí. Cada gesto de cariño, cada mensaje de ánimo y cada muestra de apoyo han sido un motor que me dio fuerzas en los momentos en que parecía más difícil continuar. A mis tías, primas y demás seres queridos, gracias por compartir conmigo no solo alegrías, sino también desafíos, y por recordarme con su compañía que nunca he estado sola en este camino.

Este logro representa mucho más que un esfuerzo personal; es el reflejo del amor, la fe y la unión de las personas que han creído en mí. A todos ustedes, les dedico este agradecimiento sincero, con la certeza de que cada palabra aquí escrita lleva impregnada la gratitud de mi corazón.



## **DEDICATORIA**

A las tres mujeres fundamentales en mi vida, cuyo amor y apoyo han sido pilares insustituibles en mi formación personal y académica.

A mi abuela, cuyo apoyo silencioso e incondicional ha sido un refugio y una fuente de inspiración en los momentos más difíciles. Su vida, marcada por valentía, paciencia y compromiso, me ha enseñado a valorar el esfuerzo como una herencia invaluable. Su ejemplo de resiliencia y entrega me ha motivado a continuar con firmeza, recordándome siempre que los logros requieren constancia y fe en uno mismo.

A mi madre, por su esfuerzo incansable y su entrega incondicional, aprendí que la perseverancia, la disciplina y el sacrificio son la base de todo logro significativo. Su amor constante, su guía sabia y su capacidad de levantarse ante cualquier adversidad han sido para mí un modelo de fortaleza y dedicación. Cada paso en este camino académico lleva la huella de su dedicación, que han hecho posible que hoy pueda alcanzar esta meta.

A mi hermana, por su compañía, comprensión y alegría constante. Su presencia ha sido un apoyo en cada etapa de este proceso. Su cariño y solidaridad me han impulsado a seguir adelante en los momentos de duda, brindándome confianza y ánimo en cada paso del camino.

A cada una de ustedes, les entrego este trabajo como testimonio de un esfuerzo conjunto de todas. Este logro no es solo mío, sino nuestro; es el reflejo del amor, la guía y el apoyo que me han brindado a lo largo de mi vida y especialmente durante el desarrollo de este trabajo académico.



## ÍNDICE DE CONTENIDOS

Resumen-----	1
Abstract-----	2
Introducción-----	3
Planteamiento del Problema-----	4
Justificación-----	5
Objetivos-----	6
Objetivo General-----	6
Objetivos Específicos-----	6
CAPÍTULO I. Marco teórico-----	7
1.1 Bases Teóricas-----	7
1.1.1 Mecanismos de Resistencia a los antimicrobianos-----	7
1.1.2 Epidemiología de las Bacterias Multirresistentes-----	8
1.1.3 Características Clínicas y Factores de Riesgo Asociados-----	9
1.1.4 Grupo ESKAPE-----	9
1.2 Antecedentes-----	10
1.3 Bases legales-----	11
CAPÍTULO II. Metodología-----	11
2.1 Delimitación espacio temporal del estudio-----	11
2.2 Enfoque de la investigación-----	11
2.3 Diseño de Estudio-----	11
2.4 Variables.-----	12
2.5 Criterios de inclusión-----	12
2.6 Criterios de exclusión-----	13
2.7 Fuentes de información-----	13
2.8 Estrategia de búsqueda-----	13
2.9 Técnicas e instrumentos de recolección de datos-----	15
2.10 Análisis de datos-----	15
2.11 Consideraciones éticas-----	16
CAPÍTULO III. Resultados.-----	16
3.1 Resultados-----	16
CAPITULO IV. Discusión.-----	28
4.1 Discusión-----	28
CAPÍTULO V. Conclusiones y recomendaciones.-----	30



5.1 Conclusiones-----	30
5.2. Recomendaciones -----	30
Referencias-----	32
Anexos-----	37



## INDICE DE TABLAS

<b>TABLA 1.</b> CONCEPTUALIZACIÓN Y OPERACIONALIZACIÓN DE LA VARIABLE. ....	12
<b>TABLA 2.</b> FLUJOGRAMA PRISMA .....	14
<b>TABLA 3.</b> RESUMEN DE ARTICULOS CIENTIFICOS.....	20
<b>TABLA 4.</b> RESUMEN DE PREVALENCIA DE BRM Y PERFIL DE RESISTENCIA.....	24
<b>TABLA 5.</b> PREVALENCIA BRM POR PAÍS HISPANOAMERICANO.....	26
<b>TABLA 6.</b> PERFIL DE RESISTENCIA ANTIMICROBIANA.....	26

## INDICE DE ILUSTRACIONES

<b>ILUSTRACIÓN 1.</b> PREVALENCIA DE BMR EN UCI POR PAÍS HISPANOAMERICANO..	<b>ERROR!</b>
<b>BOOKMARK NOT DEFINED.</b>	



## **Resumen**

La resistencia antimicrobiana (RAM) representa una de las principales amenazas para la salud pública mundial, principalmente en las Unidades de Cuidados Intensivos (UCI), donde el uso intensivo de antibióticos favorece la emergencia y diseminación de bacterias multirresistentes (BMR). En América Latina, la problemática se agrava por factores como el uso inadecuado de antimicrobianos, deficiencias en políticas de control de infecciones y escasa vigilancia epidemiológica. Esta investigación tiene como objetivo analizar la prevalencia y los perfiles de resistencia antimicrobiana de los principales patógenos bacterianos multirresistentes aislados en UCI de hospitales en Hispanoamérica durante el periodo 2020–2024, con especial atención a las especies del grupo ESKAPE. Se trata de una revisión descriptiva de estudios publicados en las bases de datos científicas Scielo y PubMed durante el periodo establecido. Los resultados evidenciaron una alta prevalencia de *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Staphylococcus aureus*. Los principales mecanismos de resistencia identificados fueron BLEE, carbapenemasas (blaNDM, blaKPC, blaOXA, blaVIM) y resistencia a meticilina (MRSA), lo que limita las opciones farmacoterapéuticas. Se concluyó que la resistencia antimicrobiana en estos entornos críticos no responde a un patrón único, sino que varía según el país y el tipo de unidad asistencial, lo cual demanda no solo vigilancia activa, sino también una comprensión integral del fenómeno RAM.

Palabras clave: Bacterias multirresistentes, resistencia antimicrobiana, UCI, antibiótico, prevalencia



## **Abstract**

Antimicrobial resistance (AMR) represents one of the main threats to global public health in Intensive Care Units (ICUs), where the intensive use of antibiotics promotes the emergence and spread of multidrug-resistant bacteria (MDR). In Latin America, this problem is exacerbated by factors such as the inappropriate use of antimicrobials, deficiencies in infection control policies, and limited epidemiological surveillance. The aim of this research is to analyze the prevalence and antimicrobial resistance profiles of the main multidrug-resistant bacterial pathogens isolated in ICUs of hospitals in Hispanic America during the period 2020–2024, with particular emphasis on species from the ESKAPE group. This study consists of a descriptive review of articles published in the scientific databases SciELO and PubMed within the established timeframe. The results revealed a high prevalence of *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa*, and *Staphylococcus aureus*. The main resistance mechanisms identified were ESBL, carbapenemases (*bla**NDM*, *bla**KPC*, *bla**OXA*, *bla**VIM*), and methicillin resistance (MRSA), all of which restrict therapeutic options. It was concluded that antimicrobial resistance in these critical settings does not follow a single pattern but varies according to the country and type of healthcare unit, thus requiring not only active surveillance but also a comprehensive understanding of the AMR phenomenon.

Keywords: Multidrug-resistant bacteria, antimicrobial resistance, ICU, antibiotic, prevalence



## **INTRODUCCIÓN**

La resistencia antimicrobiana (RAM) se define como la capacidad de las bacterias de resistir los efectos nocivos de antibióticos, mediante mecanismos de resistencia adquiridos y naturales como: inactivación enzimática, porinas, bombas de eflujo y modificación del sitio diana (1).

La RAM representa una amenaza creciente para la salud pública a nivel mundial, no solo a causa de la facilidad de diseminación, sino por la creciente gama de bacterias que han desarrollado algún mecanismo de resistencia (2). Dentro de este grupo bacterianos tenemos a las denominadas "ESKAPE" que incluyen a *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aerus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomona aeruginosa* y *Enterobacter spp*, las cuales fueron identificadas por la Organización Mundial de la Salud (OMS) 2017 como de alta prioridad para el desarrollo de nuevos medicamentos (3).

Las infecciones provocadas por bacterias multirresistentes (BRM) representan el principal motivo del aumento de morbi-mortalidad en pacientes internados en una Unidad de Cuidados Intensivos (UCI) (4). En particular, las UCI se han convertido en focos críticos para la aparición y diseminación de BRM debido a la alta utilización de antibióticos y la vulnerabilidad de los pacientes asociada a factores como: edad avanzada, dispositivos invasivos, comorbilidades, tiempo de hospitalización, entre otros (1,3).

La OMS clasifica a las infecciones causadas por bacterias multirresistentes (BMR) como patologías emergentes, debido a los retos significativos que representan para su tratamiento y control, especialmente en el contexto de la salud pública a nivel mundial (2).

En América Latina, la carga de enfermedades atribuibles a la RAM es significativa, con estimaciones que indican que en 2019 ocurrieron aproximadamente 569,000 muertes. Este fenómeno se ve exacerbado por la emergencia de patógenos como *Klebsiella pneumoniae*, detectada en múltiples países, incluyendo Brasil, y asociada con infecciones graves y alta mortalidad. Además, estudios recientes en Argentina han reportado una prevalencia alarmante de infecciones por BMR en las UCI, con una mortalidad asociada del 27.1% (4,5).



## **Planteamiento del Problema**

Las infecciones causadas por BMR en las UCI representan actualmente uno de los desafíos más críticos para la medicina moderna y la salud pública global (1). Estos entornos hospitalarios, caracterizados por una alta densidad de pacientes inmunocomprometidos, el uso intensivo de dispositivos invasivos y la frecuente administración empírica de antibióticos de amplio espectro, constituyen un caldo de cultivo ideal para la selección y diseminación de microorganismos con múltiples mecanismos de resistencia (2). En consecuencia, las UCI se han convertido en epicentros de resistencia bacteriana, donde la prevalencia de infecciones por BMR es significativamente superior a la de otras áreas hospitalarias (4,5).

En este contexto, se ha documentado en un estudio multicéntrico que aproximadamente el 19% de los pacientes hospitalizados UCI por un tiempo mayor a 24 horas adquiere una infección nosocomial. La aparición de estas infecciones puede estar relacionada o no con factores predisponentes como la gravedad de la enfermedad, comorbilidades o uso de dispositivos invasivos (6). Entre las infecciones intrahospitalarias más frecuentes se incluyen la neumonía, las infecciones del sitio quirúrgico, las infecciones del tracto urinario (ITU), gastrointestinales y del torrente sanguíneo. Esta última, conocida como sepsis, representa una complicación grave en pacientes críticos. Un metaanálisis reciente estimó que aproximadamente el 31% de los pacientes adultos ingresados en UCI desarrollan sepsis, con una tasa de mortalidad combinada que alcanza el 46% (1).

De acuerdo con la OMS, las bacterias más prevalentes en cuanto a resistencia a antibióticos incluyen a *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Staphylococcus aureus* y *Streptococcus pneumoniae*, seguida por *Salmonella spp*, las cuales se aíslan con mayor frecuencia en entornos hospitalarios (7). Las infecciones por patógenos como *K. pneumoniae* se asocian con desenlaces clínicos desfavorables, incluyendo estancias hospitalarias prolongadas, mayor carga económica para los sistemas sanitarios y una elevada mortalidad, que puede superar el 40% en algunos escenarios clínicos (8). En particular, la emergencia de cepas multirresistentes de *Klebsiella pneumoniae* con genes como *bla\_KPC*, *bla\_NDM* y *bla\_OXA-48*, ha puesto en jaque los tratamientos antimicrobianos convencionales, restringiendo las opciones terapéuticas a fármacos de última línea con eficacia limitada y toxicidad considerable (9).



En los bacilos Gram negativos, uno de los procesos que más contribuyen al desarrollo de resistencia antimicrobiana múltiple es la síntesis de enzimas conocidas como betalactamasas de espectro extendido (BLEE). Estas proteínas hidrolíticas inactivan una amplia variedad de antibióticos pertenecientes al grupo de los  $\beta$ -lactámicos, incluyendo penicilinas, cefalosporinas de todas las generaciones (I a IV) y monobactámicos (1).

En Estados Unidos (EEUU), entre los años 1975 y 1995 el costo anual en el sistema de salud pública por pacientes fue de 4,5\$ millones, provocando 88 000 muertes, es decir, una muerte cada 6 minutos (10). En el año 2019, se calculó que las infecciones bacterianas resistentes a los antibióticos estuvieron relacionadas con aproximadamente 4,95 millones de muertes a nivel mundial, de las cuales 1,27 millones fueron consecuencia directa de estas infecciones resistentes (11).

En la región de América Latina y el Caribe, se reportaron cerca de 338.000 muertes asociadas con la resistencia bacteriana y alrededor de 84.300 fallecimientos fueron directamente atribuibles a esta problemática (11). En México el impacto es significativo, en el año 2019 se asociaron a la RAM 5 millones de muertes, junto con 1,27 millones de muertes directas. (12). En Colombia datos de vigilancia en UCI revelaron la colonización con *Staphylococcus aureus* en 13% de los pacientes y el 78% fueron cepas resistentes a meticilina (MRSA) de un total de 352 pacientes. (13).

En Ecuador, aunque no hay cifras exactas de mortalidad, se han identificado altos niveles de resistencia en bacterias como *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae*, lo que sugiere un impacto significativo en la salud pública (14).

### **Justificación**

La resistencia a los antimicrobianos fue identificada como una de las diez principales amenazas para la salud mundial en el año 2019. Se estima que alrededor de 700 mil personas fallecen anualmente a causa de infecciones provocadas por microorganismos resistentes, y las proyecciones indican que, para el año 2050, esta cifra podría alcanzar los 10 millones de muertes, con un impacto económico estimado en aproximadamente 100 billones de dólares (3).

Además, es importante destacar que los antibióticos se encuentran entre los fármacos más vendidos, con una facturación anual que oscila entre los 7 y 22 mil millones de dólares. De



esta cantidad, entre 4 y 5 mil millones de dólares corresponden a los costos adicionales generados por las bacterias resistentes a estos medicamentos, lo que incrementa los gastos en atención sanitaria y aumenta la carga económica tanto para las familias como para la sociedad en general (15).

La importancia de esta investigación radica en la necesidad de generar conocimiento detallado sobre la epidemiología de las BMR en las UCI de hospitales hispanoamericanos. La información obtenida permitirá identificar patrones de resistencia, factores de riesgo, además, contribuirá al fortalecimiento de programas de vigilancia epidemiológica. Dado el impacto significativo de las BMR en la morbilidad y mortalidad de pacientes críticos, así como en los costos sanitarios, esta investigación tiene el potencial de mejorar la calidad de la atención médica y optimizar el uso de los recursos.

### **Pregunta de investigación**

¿Cuáles fueron las bacterias multirresistentes más prevalentes en UCI de hospitales hispanoamericanos entre 2020 y 2024?

### **Objetivos**

#### **Objetivo General**

Analizar la prevalencia y los perfiles de resistencia antimicrobiana de los principales patógenos bacterianos multirresistentes aislados en Unidades de Cuidados Intensivos de hospitales en Hispanoamérica durante el periodo 2020–2024.

#### **Objetivos Específicos**

- Describir los principales patógenos bacterianos multirresistentes por género y especie aislados en Unidades de Cuidados Intensivos de hospitales hispanoamericanos entre 2020 y 2024.
- Definir los perfiles de resistencia antimicrobiana reportados en patógenos bacterianos multirresistentes aislados en UCI de hospitales hispanoamericanos entre 2020 y 2024.



## **CAPÍTULO I. Marco teórico**

### **1.1 Bases Teóricas**

#### **1.1.1 Mecanismos de Resistencia a los antimicrobianos**

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) se define como la capacidad adquirida por ciertas bacterias para sobrevivir a la acción de uno o más antibióticos que anteriormente eran eficaces para su eliminación. Este fenómeno representa una amenaza crítica para la salud pública a nivel global, ya que compromete la eficacia de los tratamientos antimicrobianos convencionales, prolonga la duración de las enfermedades infecciosas y eleva la morbimortalidad, especialmente en entornos clínicos de alta complejidad como las UCI (3). Los principales mecanismos de resistencia bacteriana naturales y adquiridos conocidos hasta la fecha incluyen:

- **Producción de enzimas inactivadoras:** muchas bacterias producen enzimas capaces de hidrolizar o modificar estructuralmente a los antibióticos, inactivándolos antes de que puedan ejercer su efecto. Entre las más relevantes se encuentran las betalactamasas, que degradan antibióticos betalactámicos (penicilinas, cefalosporinas); las carbapenemasas, que destruyen carbapenémicos; y las betalactamasas de espectro extendido (BLEE), que confieren resistencia a cefalosporinas de tercera generación (3).
- **Alteración del sitio blanco de acción:** algunas bacterias desarrollan mutaciones o modificaciones químicas en los sitios diana donde actúan los antibióticos, lo que impide la unión efectiva del fármaco. Por ejemplo, modificaciones en las proteínas de unión a penicilina (PBP) en *Streptococcus pneumoniae* o en la subunidad ribosomal 50S o 30S pueden generar resistencia a betalactámicos o a macrólidos, respectivamente (3).
- **Disminución de la permeabilidad de la membrana bacteriana:** algunas bacterias, especialmente las Gram negativas, pueden reducir la entrada de antibióticos mediante la pérdida o modificación de porinas, que son canales proteicos por los que normalmente ingresan los fármacos hidrofílicos. Esta estrategia limita la concentración intracelular del antibiótico, reduciendo su eficacia (3).



- Activación de bombas de eflujo: se trata de sistemas activos que expulsan antibióticos del interior de la célula bacteriana hacia el exterior, disminuyendo así su concentración intracelular. Estas bombas pueden ser específicas o de amplio espectro, y son responsables de la resistencia frente a múltiples clases de antibióticos, como tetraciclinas, fluoroquinolonas y macrólidos (3).
- Adquisición de genes de resistencia mediante transferencia horizontal: las bacterias pueden incorporar material genético externo a través de mecanismos como conjugación (transferencia de plásmidos), transformación (captación de ADN libre del ambiente) o transducción (mediada por bacteriófagos). Estos genes pueden codificar enzimas inactivadoras, bombas de eflujo, o proteínas que modifican los sitios blancos del antibiótico (3).

### **1.1.2 Epidemiología de las Bacterias Multirresistentes**

La epidemiología de las BMR en las UCI representa una preocupación creciente en el ámbito hospitalario, debido a la confluencia de condiciones clínicas, terapéuticas y estructurales que favorecen la aparición y diseminación de microorganismos resistentes a múltiples clases de antibióticos como los aminoglucósidos, macrólidos, cefalosporinas, entre otros (1). En estos entornos, el uso frecuente de antibióticos de amplio espectro como los betalactámicos, la presión selectiva ejercida por esquemas terapéuticos prolongados y la vulnerabilidad del paciente crítico, configuran un escenario ideal para la emergencia de resistencia bacteriana (11).

Las UCI constituyen un ambiente epidemiológico particular, donde circulan patógenos que se adaptan con rapidez a los tratamientos convencionales, dificultando su erradicación y facilitando su persistencia en superficies inanimadas, equipos médicos y flora hospitalaria. Además, la alta rotación de pacientes, la necesidad de procedimientos invasivos y el contacto constante con personal sanitario incrementan el riesgo de transmisión cruzada, transformando a estas unidades en reservorios clave de resistencia antimicrobiana dentro del hospital (11,12).

La dinámica de transmisión epidemiológica de las infecciones por bacterias multirresistentes en UCI no solo está determinada por factores biológicos, sino también por aspectos



institucionales como la infraestructura, el nivel de adherencia a protocolos de bioseguridad y la implementación de programas efectivos de vigilancia y control de infecciones. Esta complejidad exige una comprensión integral del fenómeno y una respuesta coordinada entre clínicos, microbiólogos, epidemiólogos y gestores hospitalarios (11).

### **1.1.3 Características Clínicas y Factores de Riesgo Asociados**

Los pacientes ingresados en UCI presentan características clínicas que los hacen particularmente susceptibles a infecciones causadas por bacterias multirresistentes. La gravedad de su estado de salud, la inmunosupresión asociada a enfermedades subyacentes o tratamientos, y la necesidad de intervenciones invasivas generan un terreno propicio para la colonización y posterior infección por microorganismos resistentes (16).

Entre los factores de riesgo más frecuentemente asociados se encuentran el uso prolongado de dispositivos médicos como catéteres, sondas y ventiladores mecánicos, que actúan como puertas de entrada para bacterias oportunistas. Asimismo, la administración empírica de antibióticos sin un control microbiológico riguroso puede contribuir a seleccionar cepas resistentes, que luego se diseminan en el entorno hospitalario (1). La estancia hospitalaria prolongada también incrementa la probabilidad de exposición a patógenos multirresistentes, así como el contacto con personal de salud o superficies contaminadas (15).

### **1.1.4 Grupo ESKAPE**

El término ESKAPE se refiere a un conjunto de patógenos que incluye a *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Enterobacter spp.* (3). Estas bacterias comparten la habilidad de "escapar" de la acción de múltiples antimicrobianos, gracias a mecanismos de resistencia como la producción de enzimas inactivadoras, modificaciones en los sitios diana, sistemas de eflujo y alteraciones en la permeabilidad de la membrana (15).

Además de su capacidad de resistencia, los miembros del grupo ESKAPE poseen una elevada adaptabilidad genética, que les permite adquirir nuevos determinantes de resistencia mediante transferencia horizontal, lo que acelera su evolución frente a las estrategias terapéuticas disponibles (17). Esta adaptabilidad convierte a estos patógenos en desafíos



clínicos persistentes, ya que las opciones terapéuticas se ven cada vez más limitadas y, en algunos casos, se restringen a antimicrobianos de última línea, con menor eficacia o mayor toxicidad (15,17).

Estas especies están caracterizadas por su elevada capacidad de adquirir y transmitir mecanismos de resistencia, dificultando el tratamiento eficaz de los pacientes afectados (17).

## **1.2 Antecedentes**

La RAM constituye una de las principales amenazas sanitarias a nivel global, con implicaciones directas sobre la morbilidad, mortalidad y costos asociados a la atención en salud (1,3). La OMS ha advertido sobre la posibilidad de una era post-antibiótica en la que infecciones comunes y lesiones menores, podrían volverse potencialmente mortales debido a la resistencia a los antimicrobianos. Esta preocupación se expresa en su informe "Antimicrobial resistance: global report on surveillance", donde se señala que una era post-antibiótica, en la que infecciones comunes y lesiones menores pueden ser letales, es una posibilidad muy real para el siglo XXI (8). En este contexto, las UCI representan un escenario crítico, dada la alta presión selectiva ejercida por el uso intensivo de antimicrobianos, la presencia de dispositivos invasivos y la vulnerabilidad inmunológica de los pacientes (1).

En las UCI, las infecciones causadas por bacterias multirresistentes no solo complican el manejo clínico, sino que aumentan significativamente los días de estancia hospitalaria, los costos terapéuticos y la mortalidad hospitalaria. Entre las bacterias más relevantes se encuentran *Acinetobacter baumannii*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Escherichia coli* productoras de carbapenemasas o BLEE, así como *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (MRSA) (1,7).

Durante el periodo comprendido entre julio de 2020 y septiembre de 2021, en un hospital ubicado en Piñas, provincia de El Oro, Ecuador, se realizó el aislamiento a partir de secreciones bronquiales de pacientes ingresados en UCI. Los resultados indicaron una mayor frecuencia de *Klebsiella pneumoniae* (42,6%) y *Pseudomonas aeruginosa* (41,2%), seguidos por *Escherichia coli* (11,8%) y *Acinetobacter baumannii* (4,4%). Se evidenció una alta resistencia antimicrobiana frente a cefalosporinas de tercera y cuarta generación, con porcentajes que oscilaron entre el 62% y el 100% del total de cepas aisladas. Además, el 25% de los microorganismos identificados fueron productores de betalactamasas de espectro



extendido (BLEE), siendo *E. coli* responsable del 87,75% de estos casos y *K. pneumoniae* del 34,5% (1).

### **1.3 Bases legales**

La Organización Mundial de la Salud (OMS), mediante su Plan de Acción Mundial sobre la Resistencia a los Antimicrobianos (2015), establece una hoja de ruta estratégica para combatir la resistencia antimicrobiana, promoviendo la vigilancia microbiológica, el uso racional de antibióticos y la prevención de infecciones nosocomiales. Este documento constituye un marco rector para las políticas sanitarias de los Estados miembros, incluyendo los países latinoamericanos (18).

El Código Orgánico de la Salud (COS) del Ecuador, en sus artículos 116 y 188 relacionados con el control de infecciones hospitalarias y la gestión del riesgo sanitario, establece la obligación de implementar estrategias para prevenir y reducir la aparición de infecciones nosocomiales, entre ellas las causadas por microorganismos multirresistentes.

## **CAPÍTULO II. Metodología**

### **2.1 Delimitación espacio temporal del estudio**

Se centra en países de Hispanoamericanos. La delimitación temporal comprende publicaciones emitidas entre enero de 2020 a diciembre de 2024.

### **2.2 Enfoque de la investigación**

El enfoque es principalmente documental/bibliográfico y cualitativo, con la posibilidad de incorporar elementos cuantitativos al describir los hallazgos de prevalencia y perfiles de resistencia de los estudios primarios.

### **2.3 Diseño de Estudio**

Es una revisión bibliográfica, de enfoque cualitativo y alcance descriptivo. Este diseño permite recopilar, analizar y sintetizar información secundaria de estudios originales y revisiones sistemáticas.



## 2.4 Variables.

A continuación, presentamos las variables que guiaron la búsqueda de la revisión bibliográfica.

**Tabla 1.** Conceptualización y operacionalización de la variable.

<b>Variable</b>	<b>Definición conceptual</b>	<b>Definición operacional</b>	<b>Indicadores</b>	<b>Fuente de datos</b>
<b>Prevalencia de BMR</b>	Frecuencia con la que se reportan bacterias multirresistentes en pacientes hospitalizados en UCI.	Número de estudios que reportan casos de BMR en UCI en hospitales de Latinoamérica durante el período 2020–2024.	Número de publicaciones por país, por tipo de muestra o por bacteria.	Artículos científicos indexados (PubMed, SciELO).
<b>Tipo de bacteria multirresistente</b>	Géneros y especies bacterianas con mecanismos documentados de resistencia a múltiples fármacos antimicrobianos.	Identificación de bacterias como <i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Acinetobacter baumannii</i> , <i>Pseudomonas aeruginosa</i> , etc.	Frecuencia de aislamiento por especie bacteriana.	Estudios clínicos y microbiológicos revisados.
<b>Perfil de resistencia antimicrobiana</b>	Conjunto de antibióticos frente a los cuales las bacterias presentan resistencia.	Reportes de sensibilidad/resistencia antimicrobiana en los aislamientos bacterianos analizados en los estudios revisados.	Tipo de resistencia (BLEE, carbapenemasas, MRSA, etc.); antimicrobianos no efectivos reportados.	Publicaciones científicas (2020-2024).

**Elaborado por:** Camily Alejandra Cevallos Lara

**Fuente:** Elaboración propia

## 2.5 Criterios de inclusión

- Estudios hispanoamericanos que aborden bacterias multirresistentes en UCI.
- Artículos publicados en revistas originales o sistemáticas en idioma español o inglés.



- Artículos publicados entre enero 2020 y diciembre 2024.
- Tipo de texto: completo.

## **2.6 Criterios de exclusión**

- Documentos sin respaldo científico comprobable. (base de datos/revista arbitrada).
- Estudios que se enfoquen únicamente en infecciones virales, micóticas o parasitarias.
- Estudios realizados en países no hispanoamericanos.

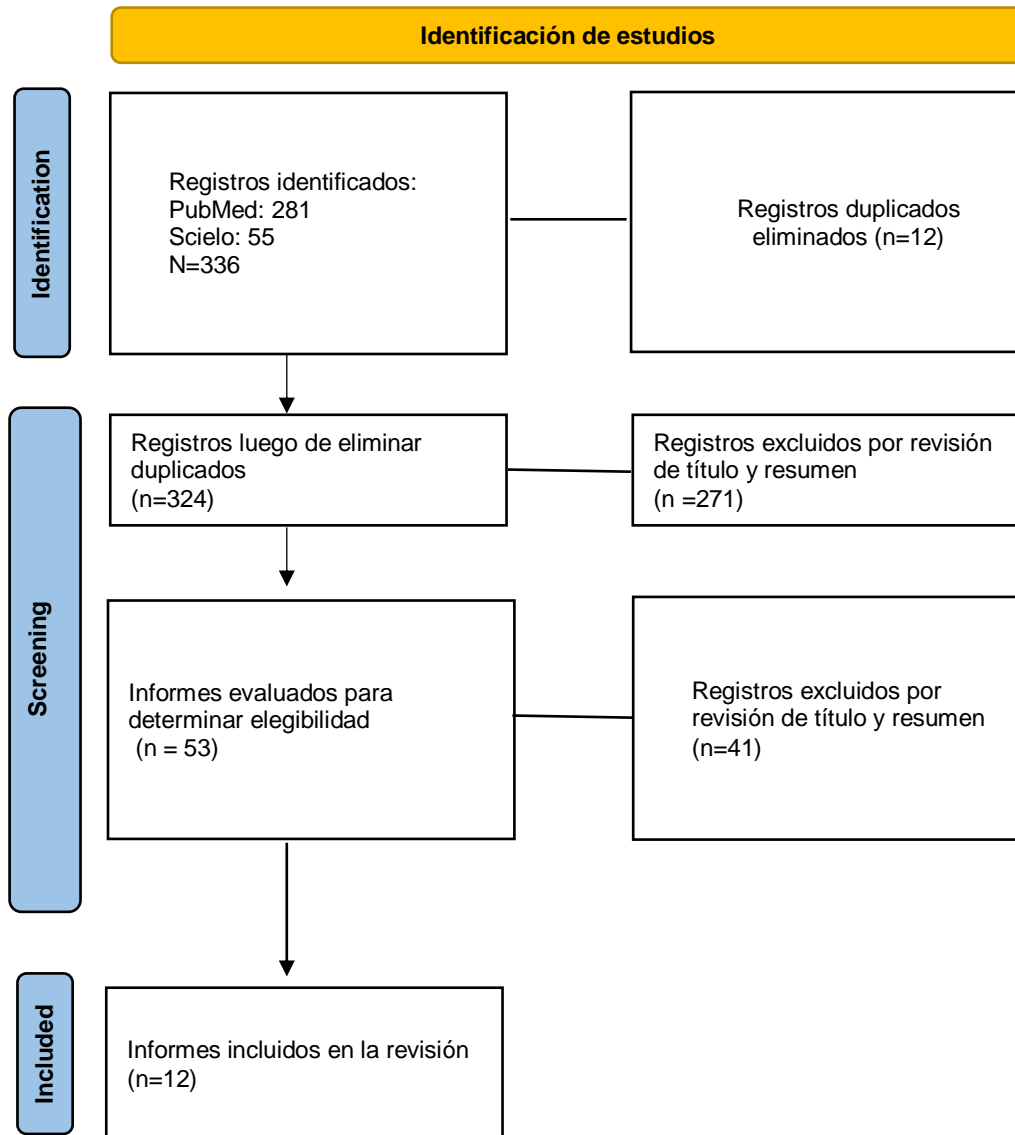
## **2.7 Fuentes de información**

El presente estudio bibliográfico se realizará mediante la búsqueda de artículos científicos en bases de datos como PubMed y Scielo que proporcionan datos originales y confiables para esta investigación.

## **2.8 Estrategia de búsqueda**

Se realizará una búsqueda exhaustiva en las bases de datos científicas Scielo y PubMed, el presente estudio se enfocará en la búsqueda de artículos científicos publicados entre 2020 y 2024. Se aplicarán los criterios de inclusión y exclusión previamente definidos y se utilizará un diagrama de flujo PRISMA para documentar visualmente el número de registros identificados, seleccionados, excluidos y finalmente incluidos en la revisión, empleando descriptores MeSH y palabras clave en español e inglés como: Prevalencia de bacteria multidrogoresistente (Prevalence of Multidrug-Resistant Bacterial, Perfil de resistencia antimicrobiana (antimicrobial resistance profile). Operadores booleanos como: AND, NOT, OR.

**Tabla 2.** Diagrama Prisma



**Elaborado por:** Camily Alejandra Cevallos Lara

**Fuente:** Elaboración propia.

En la base de datos PubMed, se identificaron 281 artículos mediante el uso de descriptores MeSH como "multidrug-resistant bacteria", "antimicrobial resistance", y operador booleano (AND), acotados al periodo 2020-2024. Durante la fase de eliminación de duplicados se



excluyeron 15 artículos quedando 266 los cuales, durante la fase de cribado por título y resumen, se excluyeron 222 artículos por no cumplir los criterios de inclusión: enfoque fuera del ámbito hospitalario crítico, falta de especificidad sobre resistencia bacteriana o ubicación geográfica fuera de Hispanoamérica. De los 44 artículos analizados a texto completo, 34 fueron descartados por no abordar datos de prevalencia o por no centrarse en bacterias multirresistentes en UCI. Finalmente, 10 artículos fueron seleccionados al cumplir con todos los requisitos establecidos y se incluyeron en el análisis final de esta revisión.

En SciELO, la búsqueda sistemática arrojó un total de 55 artículos. Durante la fase de eliminación de duplicados se excluyeron 15 artículos quedando 40. De estos, 31 fueron excluidos tras la lectura de título y resumen, al presentar enfoques centrados en infecciones comunitarias, artículos de opinión o estudios realizados fuera del periodo y contexto definido. Se analizaron 9 artículos a texto completo, de los cuales 7 fueron excluidos por falta de datos epidemiológicos concretos o porque no se centraban en UCI. Finalmente, 2 artículos científicos cumplieron con todos los criterios de inclusión.

Como resultado del proceso de búsqueda cribado e inclusión, un total de 12 artículos científicos fueron incluidos en esta revisión bibliográfica. Todos ellos cumplen con los criterios de elegibilidad: estudios desarrollados entre 2020 y 2024, con acceso a texto completo, realizados en países hispanoamericanos, centrados en bacterias multirresistentes y su prevalencia o perfil de resistencia en unidades de cuidados intensivos (UCI).

## **2.9 Técnicas e instrumentos de recolección de datos**

La recolección de datos se efectuará mediante una revisión documental orientada a la identificación, selección, evaluación y análisis crítico de publicaciones científicas disponibles en bases de datos indexadas. Se aplicarán los criterios de inclusión y exclusión extrayendo datos vinculados con la prevalencia de bacterias multirresistentes en UCI. El instrumento utilizado es una ficha de registro de datos (Anexo 1).

## **2.10 Análisis de datos**

Esta fase incluirá la selección minuciosa de estudios originales y revisiones bibliográfica que cumplan con criterios de inclusión y exclusión, priorizando aquellos que brinden datos



relevantes sobre los patrones de resistencia y agentes etiológicos predominantes. Una vez seleccionadas las fuentes, la información obtenida será organizada en registros sistematizados y analizados cualitativamente. Se realizó la tabulación de datos en Microsoft Excel para obtener los resultados de prevalencia de las bacterias multirresistentes.

### **2.11 Consideraciones éticas**

Dado que esta investigación es de tipo documental, no implica la participación directa de seres humanos ni la manipulación de material biológico. No obstante, se observarán rigurosamente los principios de honestidad académica, rigurosidad científica y respeto por los derechos de autor, asegurando una adecuada citación de todas las fuentes consultadas conforme a la normativa del estilo Vancouver.

## **CAPÍTULO III. Resultados.**

### **3.1 Resultados**

La presente revisión bibliográfica permitió examinar 12 artículos científicos publicados entre los años 2020 y 2024, centrados en la resistencia antimicrobiana en UCI de hospitales ubicados en países hispanoamericanos. Los estudios incluidos fueron identificados a través de una búsqueda estructurada en bases de datos académicas reconocidas, empleando descriptores MeSH y operadores booleanos, conforme a los lineamientos del diagrama PRISMA y a los criterios de elegibilidad previamente establecidos.

De acuerdo con los datos analizados, estos evidencian con claridad la presencia recurrente de bacterias multirresistentes como: *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Acinetobacter baumannii* y *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (MRSA), las cuales representan una amenaza significativa para los pacientes críticos. Asimismo, se identificaron patrones de resistencia preocupantes, especialmente frente a antibióticos de amplio espectro como carbapenémicos, cefalosporinas de cuarta generación y fluoroquinolonas.

**Tabla 3.** Resumen de artículos científicos

N.º	Año	Autores	Título	País	Conclusiones	Aporte	DOI / Enlace
1	2024	Sprockel Díaz JJ, Murcia AL, Galeano I, Moreno L, Cárdenas H, Rodríguez H, Parra JE, et al.(19)	Secondary infections in critically ill patients admitted with COVID-19 in Bogotá, Colombia	Colombia	Aproximadamente un tercio de las infecciones secundarias en pacientes críticos con COVID-19 fueron causadas por bacilos Gram negativos multirresistentes, principalmente K. pneumoniae y A. baumannii, asociándose a mayor mortalidad y estancia prolongada.	El estudio documenta el impacto de las bacterias MDR en la evolución clínica de pacientes críticos, subrayando la necesidad de reforzar las medidas de control de infecciones y la vigilancia microbiológica en UCI.	<a href="https://doi.org/10.5554/22562087.e1105">https://doi.org/10.5554/22562087.e1105</a>
2	2021	Morales A. et al.(21)	Patrones de resistencia bacteriana en la Unidad de Cuidados Intensivos del Hospital General	Ecuador	Se identificó alta resistencia a cefalosporinas en Gram negativos; sensibilidad a amikacina	El análisis de los mecanismos de resistencia en aislamientos clínicos proporciona un perfil detallado del comportamiento multirresistente en UCI, siendo clave para definir con precisión la prevalencia y los patrones fenotípicos de resistencia en estos entornos.	<a href="https://doi.org/10.5281/zenodo.4676295">https://doi.org/10.5281/zenodo.4676295</a>

			Ambato del IESS				
3	2024	Alvarez C, Nastro M, Goyheneche B, Potente N, Ledesma M, et al.(22)	NDM-5-producing <i>Klebsiella pneumoniae</i> ST258 in a university hospital in Argentina	Argentina	Se detectó un brote intrahospitalario en la UCI por <i>K. pneumoniae</i> productora de carbapenemasa NDM-5, confirmada por tipificación molecular, evidenciando la transmisión clonal del linaje ST258 de alto riesgo.	La descripción de un brote por cepas NDM-5 en UCI aporta evidencia relevante sobre la emergencia de nuevos determinantes de resistencia y su potencial de diseminación en entornos críticos.	<a href="https://doi.org/10.1093/jac/dkae337">https://doi.org/10.1093/jac/dkae337</a>
4	2021	Valdiviezo Serrano & Cadena Alvarado(23)	Impacto de la resistencia bacteriana en muestras respiratorias en la UCI (Ecuador)	Ecuador	Se registró una elevada frecuencia de resistencia antimicrobiana en aislamientos respiratorios de UCI, con predominio de bacilos Gram negativos resistentes a cefalosporinas y carbapenémicos.	Este análisis aporta evidencia puntual sobre el perfil de resistencia bacteriana en muestras respiratorias obtenidas en UCI, permitiendo definir la prevalencia de bacilos multirresistentes en infecciones respiratorias graves.	<a href="https://polodelconocimiento.com/ojs/index.php/es/article/view/5532">https://polodelconocimiento.com/ojs/index.php/es/article/view/5532</a>
5	2021	Camacho-Silvas et al.(24)	Multirresistencia, resistencia extendida	México	Se observaron aislamientos PDR, especialmente en <i>A. baumannii</i> en	El hallazgo de fenotipos panresistentes en entornos de UCI permite describir un perfil extremo de resistencia,	<a href="https://doi.org/10.24875/ciru.20000304">https://doi.org/10.24875/ciru.20000304</a>

			y panresistencia a antibacterianos en el norte de México		aislamientos obtenidos en hospitales del norte de México, con resistencia total frente a múltiples familias antibióticas.	añadiendo profundidad al análisis de la prevalencia de cepas con respuesta terapéutica limitada.	
6	2021	Guerra-Sarmiento M., Ruíz-Martín-Leyes F., Arzuza-Ortega L., Maestre-Serrano R.(25)	Caracterización de bacilos gramnegativos multirresistentes, aislados en pacientes hospitalizados en instituciones de salud de Barranquilla (Colombia)	Colombia	Se detectaron altos niveles de resistencia a carbapenémicos en Enterobacterales, <i>Pseudomonas aeruginosa</i> y <i>A. baumannii</i> aislados en UCI, con distribución significativa de genes blaKPC, blaVIM, blaNDM y blaOXA.	El estudio define con claridad el perfil de resistencia por mecanismos moleculares en bacilos Gram negativos aislados en cuidados intensivos, enriqueciendo el panorama de prevalencia de genes asociados a multirresistencia en estos entornos.	<a href="http://dx.doi.org/10.4067/S0716-10182021000200189">http://dx.doi.org/10.4067/S0716-10182021000200189</a>

7	2021	Cortés-Ortíz. et al.(26)	<i>Klebsiella pneumoniae</i> blaNDM-1 carrying integron causing outbreak in ICU	México	Se identificó un brote intrahospitalario de <i>Klebsiella pneumoniae</i> portadora del gen blaNDM-1 en pacientes de cuidados intensivos, confirmándose su propagación mediante análisis genéticos.	La detección de cepas con integrones blaNDM-1 permite describir con precisión el perfil de resistencia carbapenemasa en UCI y aporta evidencia concreta de su circulación y persistencia en estos entornos críticos.	<a href="https://doi.org/10.3855/jidc.12996">https://doi.org/10.3855/jidc.12996</a>
8	2022	Rodríguez-Noriega E. et al.(27)	A case–control study of infections caused by <i>Klebsiella pneumoniae</i> producing NDM-1	México	La infección por <i>K. pneumoniae</i> productora de NDM-1 se presentó en pacientes críticos con uso previo de antibióticos y dispositivos invasivos, confirmándose multirresistencia frente a carbapenémicos y otros $\beta$ -lactámicos.	La identificación de cepas NDM-1 en pacientes de UCI permite especificar un perfil de resistencia de alto nivel, contribuyendo al reconocimiento de su prevalencia dentro del repertorio de Enterobacterales multirresistentes circulantes en unidades críticas.	<a href="https://doi.org/10.3389/fcimb.2022.867347">https://doi.org/10.3389/fcimb.2022.867347</a>
9	2023	García-Cedrón D, De La Cruz Noriega M, Cabanillas-Chirinos L, Otiniano NM, et al(28)	carbapenemase-producing bacteria isolated from ICU patients of a Peruvian	Perú	Se identificó una elevada proporción de Enterobacterales, <i>Pseudomonas aeruginosa</i> y <i>Acinetobacter baumannii</i> resistentes a carbapenémicos en la UCI, con confirmación	El análisis permite caracterizar con precisión el perfil de resistencia de bacterias MDR/CR en pacientes críticos, aportando datos locales para la vigilancia epidemiológica y la optimización de la terapia antimicrobiana en UCI.	<a href="https://doi.org/10.3390/medicina59101763">https://doi.org/10.3390/medicina59101763</a>

			governme nt hospital during the COVID- 19 pandemic		fenotípica de carbapenemasas y predominio de resistencia a imipenem y meropenem.		
10	2024	Garza-González et al.(29)	Antimicro bial resistance profiles in Mexican intensive care units	México	<i>Pseudomonas aeruginosa</i> presentó un descenso en la resistencia a carbapenémicos dentro de las UCI, mientras que dicha resistencia aumentó en los servicios de urgencias hospitalarias.	El comportamiento diferencial del perfil de resistencia en <i>P. aeruginosa</i> entre UCI y otras áreas refuerza la necesidad de describir la evolución puntual de resistencia en contextos críticos, lo que permite delimitar con claridad la prevalencia real en las UCI.	<a href="https://doi.org/10.1016/j.ijregi.2024.100474">https://doi.org/10.1016/j.ijregi.2024.100474</a>
11	2023	Miranda-Ayala, M; Lucas- Parrales, E. (30)	Prevalenci a de Pseudomo nas aeruginos a productor a de carbapene masa en UCI de hospitales	Perú	Se detectó una alta proporción de cepas de <i>Pseudomonas aeruginosa</i> productoras de carbapenemasa en UCI de Latinoamérica, con presencia confirmada de los genes blaVIM y blaIMP mediante caracterización molecular.	La identificación genotípica de carbapenemasas en cepas circulantes en UCI refuerza la caracterización detallada del perfil de resistencia de <i>P. aeruginosa</i> , elemento clave dentro de la vigilancia de bacterias MDR en cuidados intensivos.	<a href="https://doi.org/10.59169/pentaciencias.v5i3.546">https://doi.org/10.59169/pentaciencias.v5i3.546</a>

			de latinoamericana				
12	2025	Cornistein W, Balasini C, Nuccetelli Y, et al. (5)	Prevalence and mortality associated with multidrug-resistant infections in adult intensive care units in Argentina (PREV-ARR)	Argentina	El 15.1% de las infecciones registradas en UCI fueron causadas por bacterias multirresistentes, con una alta proporción de aislamientos de <i>K. pneumoniae</i> , <i>A. baumannii</i> y <i>P. aeruginosa</i> .	La caracterización de la frecuencia de aislamientos multirresistentes permite establecer con exactitud la prevalencia de bacterias MDR en UCI adultas, contribuyendo al conocimiento regional sobre resistencia en contextos críticos.	<a href="https://doi.org/10.1128/aac.01426-24">https://doi.org/10.1128/aac.01426-24</a>

**Elaborado por:** Camily Alejandra Cevallos Lara

**Fuente:** Elaboración propia



**Tabla 4.** Resumen de prevalencia de BRM y perfil de resistencia

N. de artículos	País	Bacteria multirresistente	% de prevalencia	Perfil de resistencia
1	Colombia	<i>Klebsiella pneumoniae</i> , <i>Acinetobacter baumannii</i>	<b>Global:</b> ~33% infecciones secundarias MDR en UCI; por especie: <i>A. baumannii</i> 26%	Alta resistencia a cefalosporinas, aminoglucósidos y fluoroquinolonas. Carbapenemasas OXA-23 en <i>A. baumannii</i> y KPC en <i>K. pneumoniae</i> .
2	Ecuador	<i>E. coli</i> BLEE, <i>K. pneumoniae</i> BLEE	Por especie: <i>E. coli</i> 41.6%, <i>K. pneumoniae</i> 27.8%	BLEE con resistencia a ceftriaxona, cefotaxima y ceftazidima. Algunas cepas resistentes a ciprofloxacino.
3	Argentina	<i>K. pneumoniae</i> NDM-5 ST258	Por especie: brote intrahospitalario en UCI, sin % global; todos los aislamientos MDR	Resistencia a carbapenémicos (NDM-5), $\beta$ -lactámicos, y otros grupos; transmisión clonal ST258 confirmada.
4	Ecuador	Bacilos Gram negativos en muestras respiratorias ( <i>K. pneumoniae</i> , <i>P. aeruginosa</i> , <i>A. baumannii</i> )	No reporta global; elevada frecuencia MDR en aislamientos respiratorios de UCI	Resistencia a cefalosporinas y carbapenémicos, predominio de bacilos Gram negativos MDR.
5	México	<i>A. baumannii</i> , <i>P. aeruginosa</i>	Por especie: <i>A. baumannii</i> 34%, <i>P. aeruginosa</i> 21%	<i>A. baumannii</i> : resistencia a imipenem, meropenem, amikacina. <i>P. aeruginosa</i> : resistencia a carbapenémicos y cefepime.



6	Colombia	Bacilos Gram negativos MDR (Enterobacterales, <i>P. aeruginosa</i> , <i>A. baumannii</i> )	No global; alto porcentaje MDR en UCI, predominio de carbapenem-resistentes	Resistencia a carbapenémicos; genes blaKPC, blaVIM, blaNDM y blaOXA detectados.
7	México	<i>K. pneumoniae</i> blaNDM-1	Brote intrahospitalario; sin % global, todos los aislamientos MDR	Resistencia a carbapenémicos (NDM-1), integrones de clase 1, resistencia a múltiples familias.
8	México	<i>K. pneumoniae</i> NDM-1	Por especie: todos los aislamientos con resistencia a carbapenémicos y otros $\beta$ -lactámicos	Multirresistencia a carbapenémicos y otros $\beta$ -lactámicos; asociados a uso previo de antibióticos y dispositivos invasivos.
9	Perú	Enterobacterales, <i>P. aeruginosa</i> , <i>A. baumannii</i> resistentes a carbapenémicos	Por especie: elevada proporción de carbapenem-resistentes ( <i>K. pneumoniae</i> , <i>A. baumannii</i> , <i>P. aeruginosa</i> )	Resistencia confirmada a imipenem y meropenem; fenotipo carbapenemasa positivo.
10	México	<i>P. aeruginosa</i>	Por especie: disminución de resistencia a carbapenémicos en UCI; aumento en urgencias	Resistencia variable a carbapenémicos según área hospitalaria; vigilancia específica en UCI.
11	Latinoamérica (Paraguay, México, Colombia)	<i>P. aeruginosa</i> productora de carbapenemasa	Por especie: Paraguay 7.76%, México 7.9%, Colombia 38.8%	Mecanismos MBL y KPC; asociada a bacteriemia y neumonía en UCI.



12	Argentina	<i>A. baumannii</i> CR, <i>K. pneumoniae</i> CR	<b>Global:</b> 29.2% infecciones MDR en UCI; por especie: ambas 28.5% de aislamientos	Resistencia a carbapenémicos; <i>K. pneumoniae</i> CPE; <i>A. baumannii</i> con OXA.
----	-----------	---	--	---

**Elaborado por:** Camily Alejandra Cevallos Lara

**Fuente:** Elaboración propia

**Tabla 5.** Prevalencia BRM por país hispanoamericano

	Bacteria	Prevalencia (%)
Colombia	<i>Acinetobacter baumannii</i>	26
	<i>Klebsiella pneumoniae</i> (BLEE)	33
	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	26.0
Chile	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	23.0
	<i>Escherichia coli</i>	34.9
	<i>Acinetobacter baumannii</i>	41.5
México	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	19.0
	<i>Acinetobacter baumannii</i>	34
	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	21
Ecuador	<i>Escherichia coli</i> (BLEE)	41.6
	<i>Klebsiella pneumoniae</i> (BLEE)	27.8
Argentina	<i>Acinetobacter baumannii</i>	29.2
	<i>Klebsiella pneumoniae</i>	28.5
Latinoamérica	<i>P. aeruginosa</i> productora de carbapenemasa	Paraguay: 7.76; México: 7.9; Colombia: 38.8

**Elaborado por:** Camily Alejandra Cevallos Lara

**Fuente:** Elaboración propia

**Interpretación:** La tabla evidencia que en Hispanoamérica la prevalencia de bacterias multirresistentes presenta un comportamiento heterogéneo, con predominio de patógenos del grupo ESKAPE. En Colombia, *Klebsiella pneumoniae* BLEE y *Pseudomonas aeruginosa* alcanzan prevalencias superiores al 26 %, mientras que en Chile destaca *Acinetobacter baumannii* con 41,5 % y *Escherichia coli* con 34,9 %. México muestra una elevada frecuencia de *Acinetobacter baumannii* (34 %), en tanto que Ecuador refleja prevalencia superior de *E. coli* BLEE con (41,6 %) y Argentina registran cifras intermedias para *K. pneumoniae* y *Acinetobacter*.

**Tabla 6.** Perfil de resistencia antimicrobiana

Bacteria	BLEE	Carbapenémicos	Cefalosporinas 3° y 4°	Aminoglucósidos	Quinolonas
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	✓	✓	✓	✓	✓



<i>Acinetobacter baumannii</i>	✓	✓	✓	✓
<i>Escherichia coli</i>	✓	✓	✓	✓
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	✓	✓	✓	✓

**Elaborado por:** Camily Alejandra Cevallos Lara

**Fuente:** Elaboración propia

**Interpretación:** La tabla evidencia que los principales patógenos multirresistentes presentan mecanismos de resistencia frente a múltiples familias de antibióticos. *Klebsiella pneumoniae* muestra producción de BLEE y resistencia a carbapenémicos, cefalosporinas de tercera y cuarta generación, aminoglucósidos y quinolonas, *Acinetobacter baumannii* exhibe un patrón similar, destacando su resistencia a carbapenémicos, asociada frecuentemente a oxacilinasas, junto con resistencia a aminoglucósidos y quinolonas. Por su parte, *Escherichia coli* productora de BLEE presenta resistencia combinada a cefalosporinas, aminoglucósidos y quinolonas, reflejando la diseminación de genes como blaCTX-M. Finalmente, *Pseudomonas aeruginosa* muestra un perfil de resistencia amplio, especialmente frente a carbapenémicos y cefalosporinas, con implicación de bombas de eflujo y  $\beta$ -lactamasas de espectro extendido.



## CAPITULO IV. Discusión.

### 4.1 Discusión

La revisión de la evidencia obtenida en este estudio muestra que, durante el periodo 2020–2024, las Unidades de Cuidados Intensivos (UCI) de varios países de Hispanoamérica como Argentina, Colombia, México, Chile y Ecuador enfrentaron un panorama preocupante frente a las bacterias multirresistentes (BMR). Entre los patógenos más relevantes se encuentran *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii* y *Pseudomonas aeruginosa*, cuya presencia recurrente en infecciones graves evidencia la magnitud del problema.

En Argentina, el estudio de Cornistein et al. (5), indica que el 45,5% de los pacientes con infecciones confirmadas se debieron a BMR. Esta situación coincide con las advertencias recogidas en el Plan de Acción para la Prevención y Control de la Resistencia a los Antimicrobianos (29) que clasifica a *K. pneumoniae* CPE y *A. baumannii* resistentes a carbapenémicos como amenazas críticas. En la misma línea, Álvarez et al. (19) documentaron un brote intrahospitalario causado por el linaje ST258 productor de NDM-5, lo que confirma la importancia de la vigilancia molecular continua.

En el caso de Colombia, Sprockel Díaz et al. (17) informaron que un tercio de las infecciones secundarias en pacientes críticos correspondían a BMR, siendo *A. baumannii* responsable del 26 % de los casos. El boletín nacional de vigilancia en el ámbito hospitalario (29) respalda estos hallazgos, señalando una elevada resistencia a carbapenémicos en *A. baumannii* y *K. pneumoniae*, además de una proporción considerable de *P. aeruginosa* resistente. También se confirmó la circulación de genes bla\_KPC, bla\_NDM, bla\_VIM y bla\_OXA, lo que coincide con lo documentado por Guerra Sarmiento et al., (23)

En México, el trabajo de Camacho-Silva et al., (21) reportó prevalencias del 34 % para *A. baumannii* y del 21 % para *P. aeruginosa*, con presencia de fenotipos panresistentes en el primer caso. Otros estudios realizados en el país han descrito brotes por *K. pneumoniae* portadoras de integrones bla\_NDM-1 y aislamientos de *A. baumannii* con resistencia extendida, resultados que concuerdan con lo observado por Garza-González et al. (27), quienes identificaron diferencias notables en los perfiles de resistencia según el área hospitalaria: en UCI se evidenció un descenso en la resistencia a carbapenémicos, mientras que en los servicios de urgencias se observó un aumento.



En Ecuador, Morales et al. reportaron que el 41,6 % de los aislamientos de *Escherichia coli* y el 27,8 % de *K. pneumoniae* presentaban fenotipo BLEE, mientras que Valdiviezo et al. (21) identificaron una alta resistencia a cefalosporinas y carbapenémicos en bacilos Gram negativos de origen respiratorio en UCI. Estos resultados concuerdan con el 2.º Boletín del Centro de Referencia Nacional de Resistencia a los Antimicrobianos, que señala a *K. pneumoniae* como la BMR más frecuente en el país durante el periodo 2018–2021, seguida de *P. aeruginosa* y *A. baumannii*. El boletín detalla además la elevada circulación de genes bla\_KPC (4.111 aislamientos en *K. pneumoniae*), así como la presencia de bla\_NDM, bla\_VIM y bla\_OXA-48 en Enterobacterales, y OXA-23, OXA-51 y OXA-24 en *A. baumannii*. En *P. aeruginosa*, se registraron principalmente bla\_VIM y bla\_IMP, asociados a resistencia a carbapenémicos.

En Perú, los trabajos de García-Cedrón et al. (26) y Miranda-Ayala et al., (28) confirmaron, la circulación de Enterobacterales, *P. aeruginosa* y *A. baumannii* resistentes a carbapenémicos, con detección de genes bla\_VIM y bla\_IMP en las cepas de *P. aeruginosa*.

La revisión sistemática internacional (31) utilizada como referencia para esta investigación confirma que *K. pneumoniae*, *A. baumannii* y *P. aeruginosa* son también las principales BMR a nivel mundial en entornos de cuidados críticos, con amplia distribución de genes como bla\_OXA y bla\_CTX. Los datos de este estudio coinciden con dicho patrón global y añaden que, en Hispanoamérica, existe una circulación particularmente relevante de NDM-1 y NDM-5, tal como se evidenció en los brotes de Argentina (5), y México (27)



## **CAPÍTULO V. Conclusiones y recomendaciones.**

### **5.1 Conclusiones**

Este trabajo ofrece una visión amplia y detallada sobre la situación de las bacterias multirresistentes (BMR) en las Unidades de Cuidados Intensivos (UCI) de hospitales de Hispanoamérica entre 2020 y 2024. Los datos recopilados muestran que *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii* y *Pseudomonas aeruginosa* son los patógenos más frecuentemente implicados, desempeñando un papel clave en las infecciones graves y contribuyendo de forma importante a la carga de morbilidad y mortalidad hospitalaria. Este panorama subraya la necesidad urgente de reforzar las medidas de vigilancia, control y prevención de la resistencia antimicrobiana.

La revisión de la evidencia también dejó en claro que no existe un patrón uniforme en la región: la distribución de cepas multirresistentes varía notablemente entre países y centros hospitalarios. En determinados hospitales de Ecuador, México y Colombia, la proporción de aislamientos resistentes superó el 40 % para algunos patógenos, lo que resulta especialmente preocupante. En estos escenarios se detectaron genes como bla\_NDM, bla\_KPC, bla\_OXA y bla\_VIM, vinculados a la producción de carbapenemasas, junto con una elevada prevalencia de BLEE. Este conjunto de hallazgos refleja un entorno microbiológico complejo y de difícil manejo clínico.

Otro aporte de esta investigación fue la descripción precisa de los mecanismos de resistencia más habituales en la región. Entre ellos destacan la producción de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) y la presencia de diversas carbapenemasas, factores que reducen considerablemente las opciones terapéuticas disponibles y elevan el riesgo de fracaso en el tratamiento de infecciones graves.

En conjunto, los resultados obtenidos concuerdan con los datos reportados por los boletines oficiales de vigilancia y con las tendencias identificadas a nivel internacional, lo que refuerza la solidez de los hallazgos y la importancia de mantener una vigilancia epidemiológica constante en las UCI de la región.

### **5.2. Recomendaciones**

- Profundizar en estudios comparativos por tipo de muestra clínica (secreciones respiratorias, hemocultivos, orina, etc.), lo que permitiría identificar patrones más específicos según la fuente de aislamiento.



- Incluir variables asociadas a prácticas clínicas como el uso de dispositivos invasivos, estancia hospitalaria o tratamientos previos, en futuras investigaciones.
- Incluir investigaciones que integren herramientas moleculares para el estudio de genes de resistencia en ambientes críticos, lo que podría dar paso a investigaciones con mayor profundidad diagnóstica.
- Repetir la revisión en años futuros, comparando la evolución de los patrones de resistencia post-pandemia y valorando si han existido mejoras en los perfiles de sensibilidad como resultado de políticas internas de los hospitales.



## Referencias

1. Cuenca-Riascos EB, Riascos-Jaramillo HD, Ortiz-Tejedor JG. Resistencia antimicrobiana de bacterias aisladas de secreciones bronquiales en una Unidad de Cuidados Intensivos. *Kasmera*. 7 de abril de 2023;51.
2. Torres Rambay CA. Factores de riesgo asociados a las infecciones con bacterias multirresistentes en pacientes dentro de la Unidad de Cuidados Intensivos [previo a la obtención del grado de Magíster en Enfermería con mención en Enfermería de Cuidados Críticos]. Ambato (EC): Universidad Regional Autónoma de los Andes “UNIANDES”; 2023. Recuperado de <https://dspace.uniandes.edu.ec/bitstream/123456789/16219/1/UA-MEC-EAC-092-2023.pdf>
3. Do Nascimento Santos Zonta F, Da Silva Roque M, Gabriel Soares da Silva R, Gabrieli Ritter A, Tondello Jacobsen F. Colonização por ESKAPES e características clínicas de pacientes críticos. *Enfermería Global*. 18 de junio de 2020;19(3):214–54.
4. The Lancet Regional Health - Americas. Correction to “The burden of antimicrobial resistance in the Americas in 2019: a cross-country systematic analysis” *The Lancet Regional Health—Americas* 2023; 25, 100561. *The Lancet Regional Health - Americas*. diciembre de 2023;28:100632.
5. Cornistein W, Balasini C, Nuccetelli Y, Rodriguez VM, Cudmani N, Roca MV, et al. Prevalence and mortality associated with multidrug-resistant infections in adult intensive care units in Argentina (PREV-AR). *Antimicrob Agents Chemother*. 5 de marzo de 2025;69(3).
6. Oliveira Silveira C. El uso de antibiótico de amplio espectro en pacientes internados en Unidades de Cuidados Intensivos [Tesis pregrado]. Buenos Aires (AR): Universidad Abierta Interamericana, Facultad de Medicina y Ciencias de la Salud; 2023. Recuperado de: <https://dspaceapi.uai.edu.ar/server/api/core/bitstreams/5aa085b9-5008-45a0-a6c4-3693152c31da/content>
7. Tusa-Torres Darwin D, Gualpa-Jácome G, Echeverría-Llumipanta I. Indicadores de resistencia antimicrobiana en la unidad de cuidados intensivos en un hospital de Quito, Ecuador. *INSPILIP*. 1 de julio de 2021;1–7.
8. ANTIMICROBIAL RESISTANCE Global Report on Surveillance.
9. World Health Organization. PRIORITIZATION OF PATHOGENS TO GUIDE DISCOVERY, RESEARCH AND DEVELOPMENT OF NEW ANTIBIOTICS FOR DRUG-RESISTANT BACTERIAL INFECTIONS, INCLUDING TUBERCULOSIS. 2017.
10. Rivero Rodolfo RJFL y col. Resistencia antimicrobiana en Unidades de Cuidados Intensivos. 2019;
11. Celis Y, Esparza G, Zachariah R, Pérez F. Investigación operativa para fortalecer las intervenciones basadas en la evidencia para abordar la resistencia a los antimicrobianos en la Región de las Américas. *Revista Panamericana de Salud Pública*. 1 de mayo de 2023;47:1.
12. Dávila-López EC, Berumen-Lechuga MG, Molina-Pérez CJ, Jimenez-Juarez RN, Leaños-Miranda A, Robles-Ordoñez N, et al. Antimicrobial Resistance and Antibiotic Consumption in a Secondary Care Hospital in Mexico. *Antibiotics*. 12 de febrero de 2024;13(2):178.
13. Carvajal LP, Rincon S, Gomez Villegas SI, Matiz-Gonzalez JM, Ordoñez K, Santamaria A, et al. Prevalence of the cefazolin inoculum effect (CzIE) in nasal colonizing methicillin-susceptible *Staphylococcus aureus* in patients from intensive care units in Colombia and use of a modified



- rapid nitrocefin test for detection. *Antimicrob Agents Chemother.* 6 de noviembre de 2024;68(11).
14. Ministerio de Salud Publica. INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIÓN EN SALUD PÚBLICA REPORTE DE DATOS DE RESISTENCIA A LOS ANTIMICROBIANOS. 2018;
  15. Lopez Guevara Donald. Perfil de bacterias multirresistentes en pacientes ingresados en la unidad de cuidados intensivos del Hospital Roberto Calderón Gutiérrez.. 2019;
  16. Singh A, Tanwar M, Singh TP, Sharma S, Sharma P. An escape from ESKAPE pathogens: A comprehensive review on current and emerging therapeutics against antibiotic resistance. *Int J Biol Macromol.* noviembre de 2024;279:135253.
  17. Sprockel Díaz JJ, Murcia AL, Galeano I, Moreno L, Cárdenas Rodríguez H, Parra JE, et al. Secondary infections in critically ill patients admitted with COVID-19 in Bogotá, Colombia. Observational cohort study. *Colombian Journal of Anesthesiology.* 12 de marzo de 2024;
  18. Haddaway NR, Page MJ, Pritchard CC, McGuinness LA. *PRISMA2020* : An R package and Shiny app for producing PRISMA 2020-compliant flow diagrams, with interactivity for optimised digital transparency and Open Synthesis. *Campbell Systematic Reviews.* 27 de junio de 2022;18(2).
  19. Carrasco AM. Patterns of bacterial resistance in the intensive care unit of the Hospital General Ambato del IESS, Ecuador. 2021; Disponible en: <http://doi.org/10.5281/zenodo.4676295>
  20. Alvarez C, Nastro M, Goyheneche B, Potente N, Ledesma M, Vay C, et al. NDM-5-producing *Klebsiella pneumoniae* ST258 in a university hospital in Argentina. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy.* 2 de diciembre de 2024;79(12):3174–7.
  21. Valdiviezo Maria CJ. Impacto de la resistencia bacteriana en muestras respiratorias de pacientes en la unidad de cuidados intensivos. 2023;
  22. Camacho-Silvas LA, Portillo-Gallo JH, Rivera-Cisneros AE, Sánchez-González JM, Franco-Cendejas R, Duque-Rodríguez J, et al. Multirresistencia, resistencia extendida y panresistencia a antibacterianos en el norte de México. *Cir Cir.* 17 de junio de 2021;89(4).
  23. Guerra-Sarmiento M, Ruíz-Martin-Leyes F, Arzuza-Ortega L, Maestre-Serrano R. Caracterización de bacilos gramnegativos multi-resistentes, aislados en pacientes hospitalizados en instituciones de salud de Barranquilla (Colombia). *Revista chilena de infectología.* abril de 2021;38(2):189–96.
  24. Cortés-Ortíz IA, Juárez-Gómez JC, Cu-Quijano C, Flores-Paz R, Durán-Manuel EM, Cruz-Cruz C, et al. *Klebsiella pneumoniae* blaNDM-1 carrying a class 1 integron causing a hospital outbreak in a Mexican attention center. *The Journal of Infection in Developing Countries.* 31 de mayo de 2021;15(05):657–64.
  25. Rodríguez-Noriega E, Garza-González E, Bocanegra-Ibarias P, Paz-Velarde BA, Esparza-Ahumada S, González-Díaz E, et al. A case–control study of infections caused by *Klebsiella pneumoniae* producing New Delhi metallo-beta-lactamase-1: Predictors and outcomes. *Front Cell Infect Microbiol.* 28 de julio de 2022;12.
  26. García-Cedrón D, De La Cruz Noriega M, Cabanillas-Chirinos L, Otiniano NM, Rojas-Villacorta W, Salvatierra-Espinola W, et al. Carbapenemase-Producing Bacteria Isolated from ICU Patients of a Peruvian Government Hospital during the COVID-19 Pandemic: A Descriptive Analysis. *Medicina (B Aires).* 3 de octubre de 2023;59(10):1763.



27. Garza-González E, Nunez-Martinez ME, Zuñiga-Mejia P, Márquez-Monzón D, Morfín-Otero M del R, Rodríguez-Noriega E, et al. Profile of bacterial resistance in emergency wards, non-intensive care unit areas, and intensive care units in Mexican hospitals with the antimicrobial stewardship program. *IJID Regions*. diciembre de 2024;13:100474.
28. Miranda Ayala MA, Lucas Parrales EN. Prevalencia de Pseudomonas Aeruginosa productora de Carbapenemasa en pacientes de cuidados intensivos en hospitales de Latinoamérica. *Revista Científica Arbitrada Multidisciplinaria PENTACIENCIAS*. 9 de marzo de 2023;5(3):343–57.
29. Argentina E. PLAN NACIONAL DE ACCIÓN PARA LA PREVENCIÓN Y CONTROL DE LA RESISTENCIA A LOS ANTIMICROBIANOS. 2022.
30. Ministerio de Salud Y Protección Social. Resistencia antimicrobiana en el ámbito hospitalario [Internet]. 2022 ene. Disponible en: <https://www.ins.gov.co/buscador-eventos/SitePages/Evento.aspx?Event=70>
31. Loaiza WM, Ruiz AKR, Patiño CCO, Vivas MC. Bacterial Resistance in Hospital-Acquired Infections Acquired in the Intensive Care Unit: A Systematic Review. *Acta Medica (Hradec Kralove, Czech Republic)*. 2023;66(1):1–10.
32. Instituto Nacional de Investigación en Salud Pública (INSPI). Segundo Boletín del Centro de Referencia Nacional de Resistencia a los Antimicrobianos (CRN-RAM). Quito: INSPI; 2022. Disponible en: <https://www.investigacionsalud.gob.ec/webs/ram/wp-content/uploads/2022/11/2do-Boletin-CRN-Resistencia-Antimicrobiana.pdf>



# **Anexos**



**Anexo 1.** Ficha de Registro de datos.

<b>N o</b>	<b>Año</b>	<b>Autor</b>	<b>Título</b>	<b>Metodología</b>	<b>Conclusión</b>	<b>Aporte</b>	<b>Enlace</b>
<b>1</b>							



**Pontificia Universidad  
Católica del Ecuador**  
Seréis mis testigos

**ESMERALDAS**