https://rei.esprint.tech
Vol. 5 N° Esp.2, Edición Especial 2026 (618-647) ISSN: 2960-8317
Salud y Ciencias de la Vida

Artículo de revisión

Mecanismo de resistencia antimicrobiana en bacterias gramnegativas asociadas a infecciones nosocomiales en Latinoamérica. Revisión sistemática

Antimicrobial resistance mechanisms in Gram-negative bacteria associated with nosocomial infections in Latin America: A systematic review

Soraya Elizabeth Riera Salazar*
Universidad Nacional de Chimborazo
Riobamba - Ecuador
soraya.riera@unach.edu.ec
https://orcid.org/0009-0005-2731-9892

Eliana Elizabeth Martínez Durán
Universidad Nacional de Chimborazo
Riobamba - Ecuador
elianamartínez@unach.edu.ec
https://orcid.org/0000-0002-1694-3826

***Correspondencia:**
soraya.riera@unach.edu.ec

Cómo citar este artículo:
Riera, F., & Martínez, I. (2026). Mecanismo de resistencia antimicrobiana en bacterias gramnegativas asociadas a infecciones nosocomiales en Latinoamérica. Revisión sistemática. *Esprint Investigación*, 5(Esp.2), 618-647. https://doi.org/10.61347/ei.v5iEsp.2.429

Recibido: *15 de octubre de 2026*
Aceptado: *18 de noviembre de 2026*
Publicado: *26 de noviembre de 2026*

Copyright: Derechos de autor 2026 Soraya Elizabeth Riera Salazar, Eliana Elizabeth Martínez Durán.

Esta obra está bajo una licencia internacional Creative Commons Atribución-NoComercial 4.0.

Resumen: La resistencia a los antimicrobianos en bacterias gramnegativas se considera un problema global y regional, con gran afectación en los hospitales de América Latina. Con el objetivo de analizar los mecanismos de resistencia antimicrobiana en bacterias gram negativas asociadas a infecciones nosocomiales en Latinoamérica, se realizó esta revisión sistemática, a partir de artículos publicados en Lilacs, SciELO y PubMed. Se implementó una estrategia basada en términos MeSH/DeCS, combinados con términos comunes y operadores booleanos. Se realizó una síntesis narrativa, según la normativa PRISMA 2020. Se analizó el riesgo de sesgo con las herramientas del Instituto Joanna Briggs según su diseño, La certeza de la evidencia se analizó con GRADE. Se seleccionaron 25 artículos de 10 países latinoamericanos, liderados por México. Las bacterias gramnegativas más frecuentes fueron K. pneumoniae (48,0 %), A. baumannii (40,0 %); P. aeruginosa (28,0 %). La inactivación enzimática por carbapenemasas fue uno de los mecanismos más frecuentes, especialmente de tipo NDM. La KPC fue más importante entre las Enterobactereaceae; las carbapenemasas tipo OXA en A. baumannii; y las VIM/IMP en P. aeruginosa. En Latinoamérica, la resistencia antimicrobiana en bacterias gramnegativas asociadas a infecciones nosocomiales responde a varios mecanismos enzimáticos, estructurales y genéticos. La evidencia se clasificó como de certeza baja a muy baja, lo que refleja la heterogeneidad de los estudios analizados y limita el alcance de estos resultados; sin embargo, se evidenció la importancia de fortalecer la vigilancia epidemiológica permanente en la región; así como promover el uso racional de antimicrobianos.

Palabras clave: América Latina, bacterias gramnegativas, Carbapenemasas, farmacorresistencia bacteriana, infección hospitalaria.

Abstract: *Antimicrobial resistance in Gram-negative bacteria is considered a global and regional problem, with a significant impact on hospitals in Latin America. To analyze the mechanisms of antimicrobial resistance in Gram-negative bacteria associated with nosocomial infections in Latin America, this systematic review was conducted using articles published in Lilacs, SciELO, and PubMed. A search strategy based on MeSH/DeCS terms, combined with common terms and Boolean operators, was implemented. A narrative synthesis was performed in accordance with the PRISMA 2020 guidelines. The risk of bias was assessed using the Joanna Briggs Institute's tools based on study design, The certainty of the evidence was analyzed using GRADE. Twenty-five articles from 10 Latin American countries were selected, with Mexico having the highest number. The most common Gram-negative bacteria were K. pneumoniae (48.0%), A. baumannii (40.0%), and P. aeruginosa (28.0%). Enzymatic inactivation by carbapenemases was one of the most common mechanisms, particularly NDM-type carbapenemases. KPC was most prevalent among Enterobacteriaceae; OXA-type carbapenemases in A. baumannii; and VIM/IMP in P. aeruginosa. In Latin America, antimicrobial resistance in Gram-negative bacteria associated with nosocomial infections results from various enzymatic, structural, and genetic mechanisms. The evidence was classified as having low to very low certainty, reflecting the heterogeneity of the studies analyzed and limiting the scope of these results; however, the importance of strengthening ongoing epidemiological surveillance in the region was evident, as was the need to promote the rational use of antimicrobials.*

Keywords*: Antimicrobial resistance, Carbapenemases, gram-negative bacteria, hospital-acquired infection, Latin America.*

1. Introducción

La resistencia antimicrobiana constituye una de las principales amenazas para la salud pública mundial, debido a su repercusión sobre la eficacia terapéutica y el control de las infecciones bacterianas. Entre los microorganismos de mayor relevancia destacan las bacterias gramnegativas (BGN), cuya capacidad de adaptación favorece la persistencia de infecciones y dificulta su tratamiento. En el ámbito hospitalario, particularmente en las unidades de cuidados intensivos (UCI), estos patógenos contribuyen al incremento de la morbilidad, la mortalidad y la duración de la hospitalización (Calvo et al., 2024; Macesic et al., 2025).

Las BGN asociadas a infecciones nosocomiales comprenden diversos grupos bacterianos, entre los cuales destacan las enterobacteriaceae y los bacilos gramnegativos no fermentadores. Entre los microorganismos de mayor importancia clínica figuran *Klebsiella pneumoniae*, *Escherichia coli*, *Enterobacter* spp., *Pseudomonas aeruginosa* y *Acinetobacter baumannii*, debido a su participación en infecciones del torrente sanguíneo, respiratorias, urinarias y otras complicaciones hospitalarias. Su circulación en los establecimientos sanitarios plantea importantes desafíos para la vigilancia epidemiológica, la prevención de infecciones y la selección de tratamientos eficaces (Alcántar-Curiel et al., 2023; Macesic et al., 2025).

La resistencia antimicrobiana (RAM) comprende la capacidad de los microorganismos para sobrevivir o multiplicarse ante concentraciones de antimicrobianos que normalmente inhibirían su crecimiento o provocarían su eliminación (Ahmad et al., 2025). En las BGN, este fenómeno involucra mecanismos como la producción de enzimas inactivadoras, las modificaciones de los sitios de acción, la disminución de la permeabilidad de la membrana externa y la activación de bombas de eflujo. La adquisición de determinantes genéticos mediante transferencia horizontal contribuye a la propagación de estos mecanismos (Gauba & Rahman, 2023; Tonco et al., 2026).

La identificación de la resistencia bacteriana requiere pruebas de susceptibilidad antimicrobiana y procedimientos complementarios que permitan caracterizar los mecanismos involucrados. Los métodos fenotípicos determinan los perfiles de sensibilidad, mientras que las pruebas bioquímicas y moleculares facilitan la detección de enzimas y genes asociados a la resistencia. Entre los mecanismos de mayor relevancia clínica destaca la producción de carbapenemasas, debido a su capacidad para comprometer la eficacia de antibióticos de amplio espectro y favorecer la diseminación de microorganismos multirresistentes en los hospitales (Gauba & Rahman, 2023; World Health Organization, 2024).

En Latinoamérica, la resistencia antimicrobiana representa un desafío sanitario por su asociación con desenlaces clínicos desfavorables y mayores dificultades terapéuticas. Ciapponi et al. (2023) comunicaron una letalidad agrupada no ajustada del 45,0 % en pacientes con infecciones por microorganismos multirresistentes. La ausencia de tratamiento empírico adecuado también mostró una asociación con mayor letalidad (OR: 2,27; IC del 95 %: 1,44–3,56). Estos hallazgos resaltan la necesidad de fortalecer la vigilancia microbiológica y profundizar en las particularidades epidemiológicas de la resistencia bacteriana regional.

Por otra parte, Pillonetto et al. (2025) identificaron carbapenemasas en el 81,14 % de los aislamientos evaluados mediante una red de vigilancia regional. Entre los aislamientos productores de estas enzimas predominaron las enterobacterias resistentes a carbapenémicos (65,33 %), seguidas de *Acinetobacter baumannii* (22,05 %) y *Pseudomonas aeruginosa* (12,66 %). La presencia de distintos genes de resistencia y su circulación entre especies bacterianas reflejan la complejidad epidemiológica del problema y las dificultades para controlar su propagación en los establecimientos hospitalarios.

Diversas investigaciones latinoamericanas han documentado la circulación de clones bacterianos resistentes, la transmisión nosocomial y la presencia de genes asociados a carbapenemasas en diferentes

instituciones sanitarias. Los hallazgos comprenden microorganismos como *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii* y *Pseudomonas aeruginosa*, con variaciones en sus perfiles fenotípicos y determinantes genéticos. Sin embargo, la dispersión de la información entre países, especies bacterianas y contextos asistenciales dificulta una interpretación conjunta de los mecanismos predominantes y su distribución hospitalaria (López-Durán et al., 2020; Medina et al., 2025; Tisalema-Guanopatín et al., 2025).

Ante esta problemática, la presente revisión sistemática tuvo como objetivo analizar los mecanismos de resistencia antimicrobiana en bacterias gramnegativas asociadas a infecciones nosocomiales en Latinoamérica, a partir de publicaciones científicas de la última década. De manera específica, se propuso identificar las especies bacterianas resistentes aisladas con mayor frecuencia, describir los mecanismos fenotípicos, bioquímicos y genéticos involucrados, y caracterizar la distribución de la resistencia según el país, el tipo de infección nosocomial y la unidad hospitalaria de procedencia.

2. Metodología

Diseño del estudio

Se realizó una revisión sistemática de investigaciones epidemiológicas y microbiológicas publicadas entre 2016 y 2026, centradas en los mecanismos de resistencia antimicrobiana de bacterias gramnegativas (BGN) asociadas a infecciones nosocomiales en Latinoamérica. La última búsqueda bibliográfica se efectuó el 8 de septiembre de 2026. Para la planificación de la presentación de los resultados y la descripción del proceso de selección de estudios, se siguieron las directrices PRISMA 2020 (*Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses*) (Page et al., 2021).

Pregunta de investigación

La pregunta de investigación se formuló mediante la estrategia PCC (población, concepto y contexto), con el propósito de delimitar los microorganismos de interés, los mecanismos de resistencia antimicrobiana y el ámbito geográfico de la revisión. La población comprendió las BGN aisladas de muestras clínicas humanas; el concepto correspondió a los mecanismos de resistencia antimicrobiana, mientras que el contexto abarcó las infecciones nosocomiales notificadas en Latinoamérica. La tabla 1 presentó los componentes utilizados para estructurar la pregunta de investigación.

Tabla 1

Componentes de la estrategia PCC

Componente	Descripción
P (población)	BGN aisladas de muestras clínicas humanas
C (concepto)	Mecanismos de resistencia antimicrobiana
C (contexto)	Infecciones nosocomiales notificadas en Latinoamérica

A partir de estos componentes, se formuló la siguiente pregunta de investigación: ¿Cuáles fueron los mecanismos de resistencia antimicrobiana identificados en las bacterias gramnegativas aisladas de infecciones nosocomiales en Latinoamérica?

Criterios de inclusión

Se incluyeron investigaciones originales publicadas entre 2016 y 2026 que examinaron los mecanismos de resistencia antimicrobiana en BGN asociadas a infecciones nosocomiales en países

latinoamericanos. Se consideraron estudios realizados en pacientes de cualquier edad y servicio hospitalario, sin restricciones relacionadas con el tipo de infección asociada a la atención sanitaria. Los artículos debían identificar al menos un mecanismo de resistencia mediante técnicas fenotípicas, bioquímicas o moleculares, a partir de muestras clínicas de origen humano.

Se admitieron investigaciones observacionales, descriptivas, analíticas, de vigilancia epidemiológica, multicéntricas y unicéntricas, además de estudios de brotes hospitalarios, ensayos clínicos aleatorizados y estudios cuasiexperimentales. Las muestras biológicas comprendieron sangre, orina, secreciones respiratorias, líquido cefalorraquídeo, exudados de heridas quirúrgicas, puntas de catéter y otros materiales clínicos humanos. La selección priorizó investigaciones que proporcionaron información sobre microorganismos aislados, perfiles de resistencia y mecanismos involucrados en infecciones nosocomiales.

Criterios de exclusión

Se excluyeron publicaciones duplicadas, artículos sin acceso al texto completo y estudios que no proporcionaron información suficiente para responder a los objetivos de la revisión. También se descartaron investigaciones cuyos resultados no permitieron diferenciar las infecciones nosocomiales de las comunitarias. Se excluyeron editoriales, cartas al editor, comunicaciones, actas de congresos y tesis de grado, además de investigaciones que examinaron exclusivamente microorganismos procedentes de muestras ambientales, animales u otras fuentes ajenas al material clínico humano.

Fuentes de información

La búsqueda bibliográfica se efectuó en las bases de datos Literatura Latinoamericana y del Caribe en Ciencias de la Salud (LILACS), Scientific Electronic Library Online (SciELO) y PubMed. La selección de estas fuentes permitió recuperar publicaciones regionales e internacionales relacionadas con la resistencia antimicrobiana en infecciones hospitalarias. De manera complementaria, se revisaron las listas de referencias bibliográficas de los artículos seleccionados para identificar investigaciones adicionales que cumplieron los criterios de elegibilidad previamente establecidos.

Estrategia de búsqueda

Se diseñó una estrategia de búsqueda mediante términos controlados de los vocabularios DeCS y MeSH, palabras libres y operadores booleanos AND y OR. La formulación comprendió cuatro ejes conceptuales: infecciones nosocomiales, bacterias gramnegativas, resistencia antimicrobiana y localización geográfica latinoamericana. No se aplicaron restricciones por idioma, diseño de investigación o disponibilidad de acceso abierto durante la búsqueda. Posteriormente, se verificó la elegibilidad según la procedencia geográfica, el origen humano de las muestras y la pertinencia de los resultados.

Las ecuaciones se adaptaron a las características de cada base de datos y permitieron recuperar 191 registros, distribuidos entre PubMed (n = 24), SciELO (n = 76) y LILACS (n = 91). La tabla 2 presentó las estrategias empleadas y el número de resultados obtenidos. La selección posterior consideró los criterios de elegibilidad establecidos y la información necesaria para caracterizar los mecanismos de resistencia antimicrobiana en microorganismos gramnegativos asociados a infecciones hospitalarias.

Tabla 2

Ecuaciones de búsqueda bibliográfica

Base de datos	Ecuación de búsqueda	Resultados
PubMed	((((("Cross Infection"[Mesh]) AND "Gram-Negative Aerobic Bacteria"[Mesh]) AND "Drug Resistance, Bacterial"[Mesh]) OR "Drug Resistance, Multiple, Bacterial"[Mesh]) AND "Latin America"[Mesh]	24
SciELO	("bacterias gramnegativas" OR "bactérias gram-negativas" OR "Gram-negative bacteria" OR "Klebsiella pneumoniae" OR "Escherichia coli" OR "Pseudomonas aeruginosa" OR "Acinetobacter baumannii") AND ("resistencia antimicrobiana" OR "resistência antimicrobiana" OR "antimicrobial resistance") AND ("infección hospitalaria" OR "infecção hospitalar" OR nosocomial OR "healthcare-associated infection" OR "hospital-acquired infection")	76
LILACS	("Bacterias Gramnegativas" OR "Bactérias Gram-Negativas" OR "Gram-Negative Bacteria" OR "Klebsiella pneumoniae" OR "Escherichia coli" OR "Pseudomonas aeruginosa" OR "Acinetobacter baumannii") AND ("Farmacorresistencia Bacteriana" OR "resistencia antimicrobiana" OR "resistência antimicrobiana" OR "antimicrobial resistance") AND ("Infección Hospitalaria" OR "infecção hospitalar" OR nosocomial OR "healthcare-associated infection" OR "hospital-acquired infection")	91
Total		191

Cribado y selección de estudios

Los registros identificados se exportaron al gestor bibliográfico Zotero para su organización y detección de duplicados. Tras eliminar los registros repetidos, se efectuó un primer cribado mediante la revisión de títulos y resúmenes. Posteriormente, se recuperaron los textos completos de las publicaciones potencialmente elegibles y se examinaron sus características metodológicas y resultados. La selección definitiva consideró el cumplimiento de los criterios de inclusión y exclusión, así como su correspondencia con los objetivos de la revisión.

El proceso de cribado y selección contó con la participación de dos revisores independientes, quienes examinaron las publicaciones y verificaron su elegibilidad. Las discrepancias identificadas durante las diferentes etapas se resolvieron mediante consenso. La revisión permitió seleccionar 25 investigaciones para la síntesis narrativa. El número de registros identificados, excluidos y seleccionados en cada fase se representó mediante un diagrama de flujo PRISMA, presentado en la figura 1.

Extracción de datos

La información de los estudios incluidos se recopiló mediante una matriz de extracción elaborada previamente en Microsoft Excel. Se registraron el autor, año de publicación, país, diseño metodológico, servicio hospitalario, características de la población, tipo de muestra biológica e infección nosocomial. También se documentaron las especies bacterianas aisladas, los métodos de identificación microbiológica, los antimicrobianos evaluados, los perfiles de resistencia y las técnicas fenotípicas, bioquímicas o moleculares utilizadas para caracterizar los mecanismos involucrados.

Los mecanismos de resistencia se clasificaron según su naturaleza, con énfasis en la inactivación enzimática de antimicrobianos, disminución de la permeabilidad de la membrana, modificaciones del sitio diana, activación de bombas de eflujo y alteraciones de rutas metabólicas. Se incorporaron otros mecanismos adaptativos cuando los estudios proporcionaron información suficiente para su identificación. La matriz también recopiló los resultados principales, las conclusiones y las limitaciones metodológicas comunicadas por los autores de cada investigación.

Desenlaces de interés

El desenlace principal comprendió la frecuencia de los mecanismos de resistencia antimicrobiana identificados en las BGN asociadas a infecciones nosocomiales. Los desenlaces secundarios incluyeron la distribución de estos mecanismos según la especie bacteriana, el grupo de antimicrobianos evaluado, el tipo de infección, la unidad hospitalaria y el país de procedencia. Esta organización permitió comparar los hallazgos de las investigaciones incluidas e identificar diferencias en los perfiles de resistencia comunicados en los distintos contextos hospitalarios latinoamericanos.

Evaluación de la calidad metodológica de los estudios

La calidad metodológica de los 25 estudios incluidos se evaluó mediante herramientas de valoración crítica del Instituto Joanna Briggs (JBI), seleccionadas según el diseño de cada investigación. Para los estudios transversales se empleó la herramienta revisada de evaluación del riesgo de sesgo para estudios transversales analíticos (Barker et al., 2026). En las investigaciones de prevalencia se utilizó la lista de verificación correspondiente, de acuerdo con las orientaciones metodológicas de Munn et al. (2015).

Para las series de casos se aplicó la lista de evaluación crítica de JBI correspondiente a este diseño, con apoyo en las orientaciones de Munn et al. (2020). Los estudios de casos y controles se examinaron mediante la herramienta específica de JBI, mientras que la investigación clasificada como exactitud diagnóstica se valoró con criterios destinados a examinar posibles fuentes de sesgo en pruebas diagnósticas (Campbell et al., 2020; Whiting et al., 2011).

La evaluación permitió identificar limitaciones relacionadas con el control de factores de confusión, la adecuación del tamaño muestral, los procedimientos estadísticos y la comunicación de los resultados. Las respuestas de cada criterio se registraron en matrices individuales, de acuerdo con los instrumentos utilizados. La tabla 3 presentó una síntesis de los hallazgos por diseño metodológico, mientras que el Apéndice 1 reunió los resultados detallados correspondientes a las evaluaciones críticas de las investigaciones seleccionadas.

Tabla 3

Síntesis de la evaluación de la calidad metodológica de los estudios incluidos

Tipo de estudio	Autores (año)	Hallazgos registrados en el Apéndice 1
Transversales (n = 7)	Alcántar-Curiel et al. (2018, 2019, 2023); Cureño-Díaz et al. (2024); Moreno-Manjón et al. (2023); Nicolas-Sayago et al. (2026); Rosales-Reyes et al. (2017).	Los siete estudios registraron respuestas negativas en los criterios relacionados con la identificación y el tratamiento de factores de confusión (Q5 y Q6).
Prevalencia (n = 6)	Alcántar-Curiel et al. (2025); Bello-López et al. (2025); Lara et al. (2026); Loredo-Puerta et al. (2026); Tapia-Cornejo et al. (2024); Toledano-Tableros et al. (2021).	Cinco estudios registraron «No» en el criterio de evaluación estadística apropiada (Q8), mientras que uno presentó «Poco claro». Cuatro investigaciones obtuvieron «No» en el criterio de tamaño muestral adecuado (Q3).
Series de casos (n = 8)	Bocanegra-Ibarias et al. (2017); Fernández-Vázquez et al. (2023); Ghiglione et al. (2025); López-Durán et al. (2020); Martínez et al. (2020); Piza-Buitrago et al. (2020); Rocha et al. (2019); Tisalema-Guanopatín et al. (2025).	Seis estudios registraron «No» en el criterio correspondiente a la comunicación de resultados o seguimiento (Q8). También se identificaron respuestas negativas o poco claras en los criterios de inclusión consecutiva y completa de participantes (Q4 y Q5).
Casos y controles (n = 3)	Medina et al. (2025); Rodríguez-Noriega et al. (2022); Yu et al. (2022).	Medina et al. (2025) registraron respuestas negativas en los criterios de emparejamiento y control de factores de confusión (Q2, Q6 y Q7). Yu et al. (2022) obtuvieron respuestas afirmativas en los diez criterios evaluados.

Exactitud diagnóstica (n = 1)	Pérez-Corrales et al. (2021).	Se registraron tres respuestas «Poco claro» (Q1, Q4 y Q7) y una «No aplicable» (Q5).

Nota. Q: criterio de evaluación de la herramienta correspondiente. Los resultados representan las respuestas registradas en cada instrumento y no categorías globales de riesgo de sesgo. Fuente: elaboración propia a partir de las matrices del Apéndice 1.

La evaluación crítica reveló limitaciones metodológicas diferenciadas según el diseño de las investigaciones. Los siete estudios transversales registraron deficiencias en la identificación y el tratamiento de factores de confusión, lo que pudo comprometer la interpretación de determinadas asociaciones. Estas limitaciones se documentaron en los trabajos de Alcántar-Curiel et al. (2018, 2019, 2023), Cureño-Díaz et al. (2024), Moreno-Manjón et al. (2023), Nicolas-Sayago et al. (2026) y Rosales-Reyes et al. (2017).

Entre los seis estudios de prevalencia, cinco no cumplieron el criterio de evaluación estadística apropiada y cuatro registraron tamaños muestrales insuficientes según las matrices aplicadas. Estas deficiencias afectaron principalmente a las investigaciones de Alcántar-Curiel et al. (2025), Bello-López et al. (2025), Tapia-Cornejo et al. (2024) y Toledano-Tableros et al. (2021). Los resultados señalaron limitaciones que debieron considerarse al interpretar las frecuencias de resistencia antimicrobiana y comparar los hallazgos epidemiológicos entre instituciones.

En las series de casos, seis de ocho investigaciones registraron deficiencias en la comunicación de resultados o en el seguimiento. Los estudios de casos y controles presentaron diferencias en su calidad metodológica, particularmente en los criterios relacionados con el emparejamiento y el control de factores de confusión. Por su parte, la investigación evaluada mediante criterios de exactitud diagnóstica registró tres respuestas poco claras. Los 25 estudios permanecieron en la síntesis narrativa y no recibieron una clasificación global del riesgo de sesgo.

Método de síntesis

Se realizó una síntesis cualitativa y narrativa de los resultados, organizada de acuerdo con los objetivos de la revisión sistemática. La información se agrupó según las especies bacterianas identificadas, los mecanismos de resistencia antimicrobiana y su distribución geográfica y hospitalaria. Se elaboraron tablas descriptivas para presentar las frecuencias, los perfiles de resistencia y los principales hallazgos de cada investigación. La interpretación consideró las características metodológicas y las limitaciones documentadas en los estudios originales.

Certeza de la evidencia

La certeza de la evidencia se evaluó mediante el enfoque GRADE (*Grading of Recommendations Assessment, Development and Evaluation*), de acuerdo con las orientaciones descritas por Brignardello-Petersen y Guyatt (2025). La valoración comprendió 12 resultados relacionados con los mecanismos de resistencia antimicrobiana y sus características epidemiológicas. Para cada resultado se examinaron cinco dominios: riesgo de sesgo, inconsistencia, indirectitud, imprecisión y sesgo de publicación, con el propósito de valorar la confianza en los hallazgos sintetizados.

Los resultados evaluados comprendieron la producción de carbapenemasas, los determinantes NDM y KPC, las enzimas OXA en *Acinetobacter baumannii*, los mecanismos VIM e IMP en *Pseudomonas aeruginosa* y las β-lactamasas de espectro extendido. También se consideraron la permeabilidad reducida, las bombas de eflujo, la coexistencia de mecanismos de resistencia, la transferencia horizontal de genes, los elementos genéticos móviles y la distribución geográfica y hospitalaria, junto con su

relación con infecciones graves y dispositivos invasivos.

Las valoraciones se registraron por resultado de interés y se organizaron en una matriz de síntesis para facilitar su interpretación. La evaluación consideró las limitaciones metodológicas de los estudios incluidos y las características de los hallazgos disponibles. Los resultados correspondientes a cada dominio y las valoraciones de certeza se presentaron en el Apéndice 2, como complemento de la síntesis narrativa y de las tablas descriptivas de la revisión.

3. Resultados

Se identificaron en la búsqueda 191 registros elegibles en bases de datos y uno en la búsqueda manual. Se eliminaron 25 duplicados. Se realizó el cribado de título y resumen a 167 registros, de los que se eliminaron 84 por su diseño, 15 porque no diferenciaba infecciones adquiridas en la comunidad de las adquiridas en el hospital; 11 estudios porque no se enfocaron en bacterias gramnegativas, y 29 porque no se limitaron al estudio de las infecciones asociadas a la atención de salud (IAAS).

Se solicitaron 28 registros para la recuperación, de estos, uno no se recuperó, por lo que el cribado de texto completo se realizó con 27 artículos, de los que se eliminaron dos porque no lograron demostrar que las infecciones eran adquiridas en el hospital; de forma que, al finalizar el cribado quedaron 25 artículos, que se incluyeron en la síntesis narrativa. Este proceso se muestra en la figura 1.

Características de los estudios

Los estudios incluidos en la síntesis se muestran en la tabla 4, estos provienen de diez países hispanohablantes de América Latina, el 60% de los artículos seleccionados se realizó en México. Se desarrollaron en varios servicios hospitalarios y analizaron muestras biológicas de sangre para hemocultivos, cultivo de secreciones respiratorias; urocultivos.

Se analizaron varias infecciones asociadas a la atención sanitaria (IAAS), predominaron las infecciones del torrente sanguíneo y la bacteriemia nosocomial; la neumonía asociada a ventilación mecánica y otras infecciones respiratorias; infección de vías urinarias; infección del sitio quirúrgico, tejidos blandos y heridas. En algunos estudios se evaluaron específicamente las infecciones asociadas a dispositivos, en particular las infecciones del tracto urinario asociadas a catéter y las infecciones del torrente sanguíneo asociadas a catéter venoso central.

Especies de BGN resistentes aisladas con mayor frecuencia en infecciones nosocomiales en Latinoamérica

Las especies de gramnegativas resistentes más frecuentes fueron *K. pneumoniae*, que se reportó en 12 estudios (48,0 %), seguida de *A. baumannii* en 10 estudios (40,0 %); P. *aeruginosa* en siete estudios (28,0 %); además, *E. cloacae* o Enterobacter spp. se reportaron en cinco estudios (20,0 %). Otros menos frecuentes fueron *E. coli*, *S. marcescens* y *C. freundii*, aislados en tres estudios cada uno (12,0 %); *Providencia rettgeri* se identificó en dos estudios (8,0 %). *P. mirabilis*, *K. aerogenes*, *C. koseri*, *K. oxytoca* y *M. morganii* cada una se identificó en un solo estudio (4,0 %). En la figura 2 se resumen estos hallazgos.

Figura 1

Diagrama PRISMA

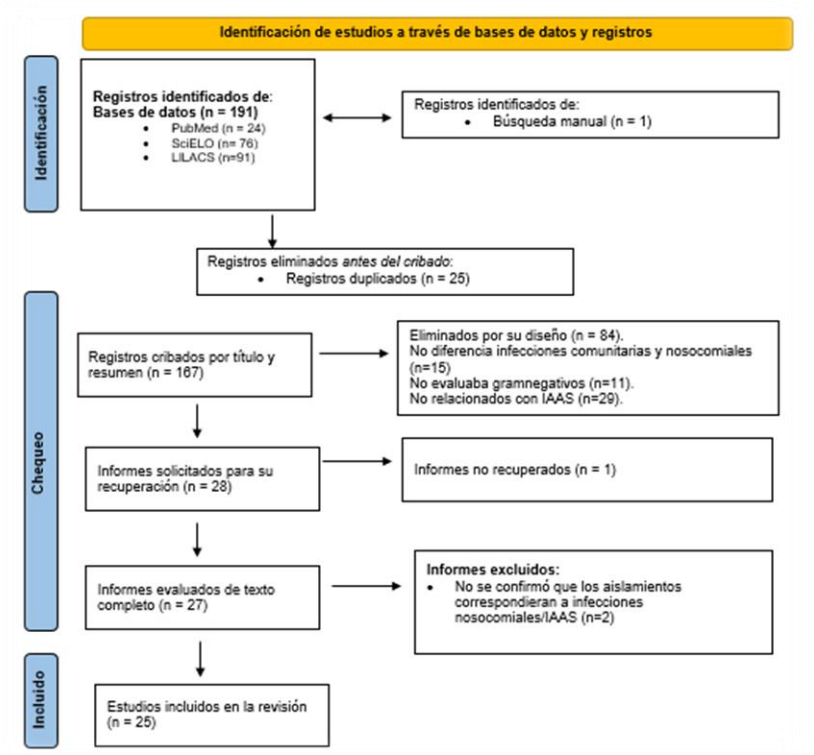

Tabla 4

Características generales de los estudios incluidos

Autor (año), país	Diseño del estudio	Pacientes o aislamientos analizados	Tipo de infección o muestra	Servicio hospitalario	Método de identificación de la resistencia	¿Solo resistentes a carbapenémicos?
Ghiglione et al. (2025), Argentina	Estudio descriptivo de brote con caracterización molecular	40 pacientes; 82 aislamientos de P. mirabilis	Sangre, muestras respiratorias, orina y catéteres	UCI y unidades médico-quirúrgicas	Susceptibilidad, PCR, MALDI-TOF y secuenciación genómica	Sí; 82 aislamientos no susceptibles a imipenem y meropenem
Lara et al. (2026), Chile	Vigilancia epidemiológica retrospectiva nacional	72 brotes; 945 casos asociados	Neumonía asociada a ventilación, ITU, bacteriemia y otras IAAS	Hospitales públicos; predominio de cuidados críticos	Datos de vigilancia y confirmación de carbapenemasas	Sí; productores de carbapenemasas
Medina et al. (2025), Colombia	Estudio prospectivo multicéntrico de epidemiología genómica	335 aislamientos de K. pneumoniae; 160 resistentes a carbapenémicos	Orina, sangre y muestras respiratorias	26 hospitales; UCI y otras áreas clínicas	VITEK 2, susceptibilidad y secuenciación genómica	No; 160/335

Autor (año), país	Diseño del estudio	Pacientes o aislamientos analizados	Tipo de infección o muestra	Servicio hospitalario	Método de identificación de la resistencia	¿Solo resistentes a carbapenémicos?
Piza-Buitrago et al. (2020), Colombia	Caracterización genómica comparativa	2 aislamientos de P. rettgeri	Urocultivos	Hospital de alta complejidad; servicio no especificado	Difusión en disco, VITEK 2 y secuenciación genómica	Sí; ambos aislamientos
Pérez-Corrales et al. (2021), Costa Rica	Estudio descriptivo microbiológico con comparación de métodos diagnósticos	32 aislamientos de P. aeruginosa; 8 resistentes a carbapenémicos	Muestras de pacientes pediátricos con IAAS, sin desglose completo	Hospital pediátrico	VITEK 2, mCIM, pruebas de MBL, PCR y secuenciación genómica	No; 8/32
Yu et al. (2022), Cuba	Estudio retrospectivo de casos y controles	176 pacientes: 88 casos y 88 controles; 124 aislamientos productores de carbapenemasas caracterizados	Bacteriemia, ITU, neumonía, infecciones quirúrgicas y otras	Cuidados críticos, Urología y servicios quirúrgicos	Susceptibilidad, pruebas de MBL, PCR e inmunocromatografía	No; incluyó controles con enterobacterias sensibles
Tisalema-Guanopatín et al. (2025), Ecuador	Investigación de brote con caracterización genómica	3 pacientes; 4 aislamientos (K. pneumoniae y S. marcescens)	Aspirados traqueales; infecciones respiratorias	UCI COVID-19	Susceptibilidad y secuenciación genómica	Sí; 4 aislamientos resistentes
Alcántar-Curiel et al. (2018), México	Vigilancia microbiológica con caracterización experimental	168 aislamientos de K. pneumoniae, agrupados en 59 clones	IAAS diversas; brotes de bacteriemia	Hospital terciario; incluidas unidades neonatales y pediátricas	Susceptibilidad, detección fenotípica de BLEE y PFGE	No; todos susceptibles a imipenem
Alcántar-Curiel et al. (2019), México	Estudio multicéntrico de caracterización microbiológica y molecular	252 aislamientos de A. baumannii	Respiratorias, sangre, heridas y otras muestras	UCI, servicios médicos, quirúrgicos y pediátricos	VITEK 2, susceptibilidad, PCR, PFGE y MLST	No; la resistencia a carbapenémicos fue elevada, pero no universal
Alcántar-Curiel et al. (2023), México	Vigilancia microbiológica y molecular hospitalaria	115 aislamientos Gram negativos ESKAPE	Bacteriemia nosocomial	UCI, Neurocirugía, Medicina Interna y otros	VITEK 2, susceptibilidad, PCR y PFGE	No
Alcántar-Curiel et al. (2025), México	Estudio observacional multicéntrico de vigilancia microbiológica	926 aislamientos ESKAPE; 606 Gram negativos	Infecciones del torrente sanguíneo	Cuatro hospitales terciarios; diversas áreas	VITEK 2, mCIM/eCIM, PCR y PFGE	No
Bocanegra-Ibarias et	Investigación microbiológic	51 pacientes; 52 aislamientos de	Diversas muestras	31 salas hospitalarias	Susceptibilidad, Carba NP, PCR,	Sí; 52 aislamientos

Autor (año), país	Diseño del estudio	Pacientes o aislamientos analizados	Tipo de infección o muestra	Servicio hospitalario	Método de identificación de la resistencia	¿Solo resistentes a carbapenémicos?
al. (2017), México	a y molecular de brote	enterobacterias resistentes	clínicas de IAAS		PFGE y MLST	resistentes
Cureño-Díaz et al. (2024), México	Vigilancia hospitalaria comparativa con caracterización molecular	200 aislamientos Gram negativos	ITU, infecciones respiratorias, heridas y sangre	Diferentes servicios de un hospital terciario	VITEK 2, mCIM, PCR y MLST	No
Fernández-Vázquez et al. (2023), México	Caracterización genómica de aislados clínicos	6 aislamientos de A. baumannii	Aislamientos clínicos de IAAS; muestras no desagregadas	Tres hospitales terciarios	Susceptibilidad, secuenciación genómica y análisis plasmídico	Sí; cepas multirresistentes con resistencia a carbapenémicos
Loredo-Puerta et al. (2026), México	Estudio retrospectivo de epidemiología molecular	35 pacientes; 40 aislamientos de P. aeruginosa	Neumonía, ITU, bacteriemia y otras IAAS	Cirugía, UCI, Medicina Interna y otros	VITEK 2, PCR, RAPD-PCR y MLST	Sí; 40 aislamientos resistentes
López-Durán et al. (2020), México	Caracterización genómica de transmisión nosocomial	10 aislamientos de A. baumannii XDR	Muestras respiratorias, urinarias, sangre y otras	Siete servicios, incluidos UCI y Cirugía	Susceptibilidad y secuenciación genómica	Sí; los 10 presentaron resistencia a carbapenémicos
Moreno-Manjón et al. (2023), México	Estudio descriptivo y analítico de caracterización genómica	76 aislamientos de A. baumannii	Heridas, sangre y otras muestras de IAAS	Cirugía, UCI y otros servicios	Susceptibilidad, WGS/cgMLST y análisis de eflujo	No se restringió exclusivamente a resistentes; resistencia a meropenem del 97,4 %
Nicolas-Sayago et al. (2026), México	Caracterización fenotípica y molecular de aislados clínicos	63 aislamientos de P. aeruginosa	Neumonía asociada a ventilación, ITU asociada a catéter, bacteriemia e infecciones quirúrgicas	Hospital terciario; diversos servicios	Susceptibilidad, PCR y secuenciación de oprD	No; 42,9 % resistentes a imipenem o meropenem
Rodríguez-Noriega et al. (2022), México	Estudio retrospectivo de casos y controles	625 pacientes: 139 casos y 486 controles	ITU, infecciones respiratorias, sangre y heridas	Hospital terciario; UCI y otras áreas	Carba NP, PCR y secuenciación	No; incluyó grupo control
Rosales-Reyes et al. (2017), México	Estudio observacional con caracterización microbiológica y experimental	112 aislamientos nosocomiales de A. baumannii	Respiratorias, heridas, sangre, orina y otras	Neumología, UCI, Infectología y otros	VITEK 2, susceptibilidad, PCR, PFGE y ensayos fenotípicos	No; 96 % resistentes a meropenem y 90 % a imipenem

Autor (año), país	Diseño del estudio	Pacientes o aislamientos analizados	Tipo de infección o muestra	Servicio hospitalario	Método de identificación de la resistencia	¿Solo resistentes a carbapenémicos?
Tapia-Cornejo et al. (2024), México	Estudio retrospectivo observacional unicéntrico	52 aislamientos de P. aeruginosa	Muestras respiratorias, orina y otras	Medicina Interna, Nefrología y otros servicios	VITEK 2 y PCR para genes PMQR y carbapenemasas	Sí; 52 aislamientos resistentes
Toledano-Tableros et al. (2021), México	Vigilancia microbiológica y molecular	80 aislamientos de K. pneumoniae	Bacteriemia nosocomial	Cirugía, Medicina, UCI y Pediatría	Susceptibilidad, PCR, PFGE y MLST	No; 10/80 resistentes
Bello-López et al. (2025), Paraguay	Estudio retrospectivo de epidemiología genómica	43 aislamientos de A. baumannii	Predominio de secreciones traqueales; otras muestras clínicas	UCI-A, Emergencias y otros servicios	Difusión en disco, microdilución y secuenciación genómica	No; predominó la resistencia, pero no fue universal
Rocha et al. (2019), Perú	Vigilancia microbiológica con caracterización molecular	1088 aislamientos totales; 978 Gram negativos; 3 A. baumannii con NDM-1	Sangre, catéter y herida entre los tres aislamientos principales	Hospitales de Lima e Iquitos	Susceptibilidad, PCR múltiple y secuenciación	No; vigilancia de diferentes perfiles
Martínez et al. (2020), Venezuela	Estudio retrospectivo de brote con caracterización molecular	58 aislamientos de K. pneumoniae; 4 resistentes de 4 pacientes	Catéter, heridas y secreciones bronquiales	UCI, Cirugía y unidad médico-quirúrgica	Sinergia de doble disco, PCR y ERIC-PCR	No; 4/58 resistentes

Nota. Abreviaturas: IAAS, infecciones asociadas a la atención sanitaria; UCI, unidad de cuidados intensivos; ITU, infección del tracto urinario; BLEE, betalactamasa de espectro extendido; PCR, reacción en cadena de la polimerasa; PFGE, electroforesis en gel de campo pulsado; MLST, tipificación multilocus de secuencias; WGS, secuenciación del genoma completo; XDR, resistencia extensa; MBL, metalobetalactamasa; mCIM/eCIM, pruebas modificadas de inactivación de carbapenémicos

Mecanismos fenotípicos, bioquímicos y genéticos de resistencia a los antimicrobianos usados en el tratamiento de infecciones nosocomiales en la región.

Los mecanismos descritos incluyeron inactivación enzimática de los β-lactámicos, mediada por β-lactamasas de espectro extendido y carbapenemasas. (Alcántar-Curiel et al., 2023, 2025; Bocanegra-Ibarias et al., 2017; Cureño-Díaz et al., 2024; Ghiglione et al., 2025; Lara et al., 2026; Martínez et al., 2020; Piza-Buitrago, Adriana et al., 2020; Rocha et al., 2019; Rodríguez-Noriega et al., 2022; Toledano-Tableros et al., 2021; Yu et al., 2022); las afectaciones de la permeabilidad de la membrana externa en *P. aeruginosa* y *K. pneumoniae*. Se identificaron sustituciones recurrentes en la porina OprD en aislados de *P. aeruginosa* resistentes al imipenem que carecían del gen *bla*VIM (Nicolas-Sayago et al., 2026), además, se identificaron cepas de *K. pneumoniae* en las que la producción de BLEE iba acompañada de defectos en OmpK36 y OmpK37 (Medina et al., 2025); así como la pérdida de varias proteínas de la membrana externa en clones de *A. baumannii* resistentes a los carbapenémicos (Rosales-Reyes et al., 2017).

Por otra parte, la resistencia asociada a sistemas de expulsión (bombas de eflujo) se demostró mediante enfoques tanto fenotípicos como genéticos (Cureño-Díaz et al., 2024; Moreno-Manjón et al.,

2023; Piza-Buitrago, Adriana et al., 2020; Rosales-Reyes et al., 2017; Tapia-Cornejo et al., 2024). También hubo determinantes asociados a AdeIJK y evidencias de su transferencia horizontal entre linajes (Bello-López et al., 2025). En *P. aeruginosa*, identificaron el determinante de expulsión oqxA, asociado a PMQR, que frecuentemente coexistía con genes de carbapenemasas (Tapia-Cornejo et al., 2024).

Otro mecanismo fue la transferencia horizontal de genes (Bello-López et al., 2025; Bocanegra-Ibarias et al., 2017; Fernández-Vázquez et al., 2023; Ghiglione et al., 2025; Medina et al., 2025; Piza-Buitrago, Adriana et al., 2020; Tapia-Cornejo et al., 2024; Tisalema-Guanopatín et al., 2025; Toledano-Tableros et al., 2021); la presencia de plásmidos conjugativos portadores de *bla*NDM-1 en aislados de *K. pneumoniae* y Enterobacter, mientras que los plásmidos IncF/IncFIIA se vincularon a la diseminación de *bla*NDM-1 y de los determinantes asociados de resistencia a aminoglucósidos y a betalactamasas de espectro extendido (BLEE) (Bocanegra-Ibarias et al., 2017; Fernández-Vázquez et al., 2023).

Se demostró la diseminación de *bla*OXA-72 mediada por plásmidos entre clones no relacionados de *A. baumannii*, y se documentó el intercambio horizontal de varios genes de resistencia a antibióticos (GRA), incluido *bla*OXA-23; también se describen plásmidos, transposones y Tn125 y Tn4401 asociados a la diseminación de carbapenemasas (Bello-López et al., 2025; Tisalema-Guanopatín et al., 2025).

Otro de los mecanismos fue la modificación de sitios blanco y las mutaciones cromosómicas (Piza-Buitrago, Adriana et al., 2020; Tapia-Cornejo et al., 2024);la resistencia a los aminoglucósidos (Fernández-Vázquez et al., 2023; Ghiglione et al., 2025; López-Durán et al., 2020; Toledano-Tableros et al., 2021) y la creación de biopelícula (biofilm) (Alcántar-Curiel et al., 2018, 2019; Ghiglione et al., 2025; Moreno-Manjón et al., 2023; Rosales-Reyes et al., 2017). En la tabla 5 se resumen estos mecanismos.

Distribución de los mecanismos de resistencia bacteriana identificados según el país, tipo de infección nosocomial y unidad hospitalaria en la que se produce.

Al analizar la distribución geográfica de los mecanismos de resistencia, se observó gran variabilidad, que responde a la producción de investigaciones por región y la mayor cantidad de estudios provienen de México, donde se documentaron cepas resistentes de *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *P. aeruginosa* y *Enterobacter* spp., entre otras, con mecanismos que incluyen NDM, KPC, VIM, IMP, diversas carbapenemasas tipo OXA, BLEE, sistemas de eflujo, permeabilidad de membrana reducida y determinantes de resistencia mediados por plásmidos (Alcántar-Curiel et al., 2018, 2019, 2023, 2025; Bocanegra-Ibarias et al., 2017; Cureño-Díaz et al., 2024; Fernández-Vázquez et al., 2023; Loredo-Puerta et al., 2026; Moreno-Manjón et al., 2023; Nicolas-Sayago et al., 2026; Rodríguez-Noriega et al., 2022; Rosales-Reyes et al., 2017; Tapia-Cornejo et al., 2024; Toledano-Tableros et al., 2021). En la figura 3 se resumen los mecanismos por cada país. En el Apéndice 2 se detallan estos hallazgos.

Certeza de la evidencia: La certeza de la evidencia varió entre "bajo" y "muy bajo" para los desenlaces analizados. Se halló evidencia de baja certeza que respaldaba la identificación de carbapenemasas, especialmente NDM y KPC como el mecanismo de resistencia predominante, así como la coexistencia de BLEE y otras betalactamasas. La evidencia relativa a las carbapenemasas tipo OXA en *A. baumannii,* VIM/IMP en *P. aeruginosa*, mecanismos no enzimáticos, transferencia horizontal de genes y la distribución geográfica y clínico-hospitalaria de la resistencia se clasificó como de "muy baja" certeza. Esto se debió a la heterogeneidad entre las poblaciones y los métodos de los estudios, el tamaño de las muestras, la representación geográfica desigual y al predominio de diseños observacionales y de vigilancia microbiológica. En el Apéndice 3 se muestra esta evaluación detallada.

Figura 2

Distribución de gramnegativos resistentes en hospitales de Latinoamérica



Tabla 5

Mecanismos de resistencia bacteriana

Mecanismo	Principales determinantes	Bacterias	Fuentes
Carbapenemasas tipo NDM	*blaNDM-1*, *blaNDM-5* y NDM no subtipificada; coproducción NDM+KPC	*K. pneumoniae*, *P. mirabilis*, *P. rettgeri*, *A. baumannii*, *Enterobacter* spp. y otros Enterobacterales	(Alcántar-Curiel et al., 2023, 2025; Bocanegra-Ibarias et al., 2017; Cureño-Díaz et al., 2024; Ghiglione et al., 2025; Lara et al., 2026; Martínez et al., 2020; Piza-Buitrago, Adriana et al., 2020; Rocha et al., 2019; Rodríguez-Noriega et al., 2022; Toledano-Tableros et al., 2021; Yu et al., 2022)
Carbapenemasas KPC	KPC, *blaKPC-2*, *blaKPC-3*; coproducción NDM+KPC	Principalmente *K. pneumoniae* y otros Enterobacterales; también *P. aeruginosa* en algunos estudios	(Bocanegra-Ibarias et al., 2017; Cureño-Díaz et al., 2024; Lara et al., 2026; Martínez et al., 2020; Medina et al., 2025; Tapia-Cornejo et al., 2024; Tisalema-Guanopatín et al., 2025; Yu et al., 2022)

Metalo-β-lactamasas VIM e IMP	*blaVIM, blaVIM-1, blaVIM-2, blaIMP, blaIMP-18*	Principalmente *P. aeruginosa*; también Enterobacterales y *A. baumannii*	(Alcántar-Curiel et al., 2019, 2023, 2025; Bocanegra-Ibarias et al., 2017; Cureño-Díaz et al., 2024; Lara et al., 2026; Loredo-Puerta et al., 2026; Nicolas-Sayago et al., 2026; Pérez-Corrales et al., 2021; Piza-Buitrago, Adriana et al., 2020; Tapia-Cornejo et al., 2024)
Oxacilinasas tipo OXA	*blaOXA-23, blaOXA-24, blaOXA-40, blaOXA-48-like, blaOXA-72, blaOXA-143-like, blaOXA-398, blaOXA-10, blaOXA-1, blaOXA-51*	Principalmente *A. baumannii*; también *P. aeruginosa* y Enterobacterales	(Alcántar-Curiel et al., 2019, 2023; Bello-López et al., 2025; Cureño-Díaz et al., 2024; Fernández-Vázquez et al., 2023; Lara et al., 2026; Moreno-Manjón et al., 2023; Piza-Buitrago, Adriana et al., 2020; Rosales-Reyes et al., 2017; Tapia-Cornejo et al., 2024)
β-lactamasas de espectro extendido (BLEE) y otras β-lactamasas	*blaCTX-M-15, blaCTX-M-2, blaCTX-M, blaTEM-1, blaTEM, blaSHV, blaCMY-2* y otras β-lactamasas	*K. pneumoniae, P. mirabilis, P. rettgeri, A. baumannii* y otros BGN	(Alcántar-Curiel et al., 2018, 2019, 2023, 2025; Bocanegra-Ibarias et al., 2017; Fernández-Vázquez et al., 2023; Ghiglione et al., 2025; López-Durán et al., 2020; Medina et al., 2025; Piza-Buitrago, Adriana et al., 2020; Toledano-Tableros et al., 2021)
Disminución de la permeabilidad	Alteraciones de OprD y pérdida/modificación de proteínas de membrana externa	*P. aeruginosa* y *A. baumannii*	(Nicolas-Sayago et al., 2026; Rosales-Reyes et al., 2017)
Bombas de eflujo	adeABC/adeRS, RosAB, EmrD, mdtH, cmlA, sobreexpresión de sistemas de eflujo y oqxA	*P. rettgeri, A. baumannii* y *P. aeruginosa*	(Cureño-Díaz et al., 2024; Moreno-Manjón et al., 2023; Piza-Buitrago, Adriana et al., 2020; Rosales-Reyes et al., 2017; Tapia-Cornejo et al., 2024)
Alteración/protección del sitio diana y resistencia a quinolonas	*qnr, aac(6')-Ib*, oqxA; genes/mutaciones en *gyrB, folP, murA, rpoB, rpsL, tet34*, entre otros	*P. rettgeri* y *P. aeruginosa*	(Piza-Buitrago, Adriana et al., 2020; Tapia-Cornejo et al., 2024)
Resistencia a aminoglucósidos	*rmtB, aac(6')-Ib, aac(3')-IIa* y otros determinantes/enzimas modificadoras de aminoglucósidos	*P. mirabilis, A. baumannii* y Enterobacterales	(Fernández-Vázquez et al., 2023; Ghiglione et al., 2025; López-Durán et al., 2020; Toledano-Tableros et al., 2021)
Transferencia horizontal y elementos genéticos móviles	Plásmidos, IncF/IncFIIA, Tn4401, integrones, transposones y secuencias de inserción; transferencia de genes entre clones/especies	Enterobacterales y *A. baumannii*, principalmente	(Bello-López et al., 2025; Bocanegra-Ibarias et al., 2017; Fernández-Vázquez et al., 2023; Ghiglione et al., 2025; Medina et al., 2025; Piza-Buitrago, Adriana et al., 2020; Tapia-Cornejo et al., 2024; Tisalema-Guanopatín et al., 2025; Toledano-Tableros et al., 2021)
Creación de biopelícula (biofilm)	Formación de biofilm, genes relacionados con biofilm, adherencia y persistencia/endemicidad clonal	Principalmente *A. baumannii* y *K. pneumoniae*; también *P. mirabilis*	(Alcántar-Curiel et al., 2018, 2019; Ghiglione et al., 2025; Moreno-Manjón et al., 2023; Rosales-Reyes et al., 2017)

Figura 3

Distribución de los mecanismos de resistencia identificados en Latinoamérica



4. Discusión

El principal hallazgo de esta revisión sistemática es que, la resistencia bacteriana en gérmenes gram negativos vinculados con infecciones asociadas a la atención de salud en países de Latinoamérica es un fenómeno heterogéneo, con grandes variaciones microbiológicas y geográficas, lo que puede explicarse en primera instancia, por el desequilibrio en el país de origen de las investigaciones, así como su diseño y los contextos clínicos analizados. Se observó que el país que más estudió este fenómeno fue México y que hay países de la región de los que no se tienen datos.

Con respecto a los gérmenes más frecuentes, se observó un predominio de *K. pneumoniae*, *A. baumannii* y *P. aeruginosa*; mientras que otras de la familia Enterobacteriáceas y bacilos gramnegativos no fermentadores se notificaron con menor frecuencia. Este patrón es importante en la clínica porque se trata de los gérmenes reconocidos como responsables de la carga regional de resistencia bacteriana a los antimicrobianos; lo que coincide con los aportes del Grupo de Colaboradores para el estudio de la Resistencia a los Antimicrobianos (Antimicrobial Resistance Collaborators, 2023), que encontraron que *K. pneumoniae*, *P. aeruginosa* y *A. baumannii* se sitúan dentro de los patógenos responsables de mayor mortalidad vinculada con la resistencia a los antimicrobianos en el continente americano.

Estos resultados se alinean con la lista de patógenos prioritarios de la Organización Mundial de la Salud (2024), que considera que *A. baumannii*, *P. aeruginosa* y las Enterobacterales resistentes a los carbapenémicos son un grupo de prioridad alta a crítica, por su capacidad para desarrollar y diseminar diferentes mecanismos de resistencia a los antimicrobianos. Adicionalmente, una revisión sistemática en países de Latinoamérica realizada por Rojas et al. (2026) también sustenta los hallazgos de este estudio, ya que encontraron que las bacterias gramnegativas más frecuentemente asociadas con resistencia a los carbapenémicos *A. baumannii* (72,6%), *K. pneumoniae* (37,5%) y *P. aeruginosa* (29,93 %). Según los autores citados, la mayor prevalencia se encontraba en los países de Suramérica (31,81 %) en

comparación con América del Norte (22,6%) y el Caribe (11,63 %). En otra revisión sistemática con metaanálisis, Sisay et al. (2024) reportaron también una elevada frecuencia de resistencia a los carbapenémicos y, *A. baumannii* (45,9%) y Pseudomonas spp (43%). fueron los gérmenes más frecuentemente relacionados con la resistencia a los carbapenémicos

En cuanto a los mecanismos de resistencia, se documentó la presencia de resistencia a los carbapenémicos en distintas especias bacterianas y países, pero, por la heterogeneidad en los contextos y estudios analizados, no se pudo establecer una cifra de prevalencia; además se identificaron enzimas como NDM, KPC, VIM, IMP y OXA en varios países y especies bacterianas; además, esto no difiere de otros estudios sobre resistencia bacteria, que describen el rol de varios mecanismos como el desarrollo de enzimas que inactivan o modifican los antibióticos, la remodelación de las porinas de la membrana externa, una mayor actividad de las bombas de expulsión y la alteración de los sitios diana de los antibióticos (Gauba & Rahman, 2023; Sadeghi et al., 2025; Tonco et al., 2026).

La presencia de carbapenemasas es preocupante, porque los carbapenémicos son un grupo de antibióticos que se reserva para el tratamiento de infecciones graves en el ámbito hospitalario, a causa de gramnegativos multirresistentes, lo que implica una limitación a la eficacia de estos medicamentos, y a las opciones disponibles para tratar estas infecciones; lo que confirma que la resistencia a los carbapenémicos en la región responde a varios mecanismos moleculares.

En el caso concreto de *A. baumannii*, las carbapenemasas de tipo OXA fueron el mecanismo más frecuente, lo que también tiene respaldo en la literatura académica reciente. Autores como Castro et al.(2022) en una revisión sistemática con metaanálisis realizada en Brasil, analizaron más de mil aislados de *A. baumannii* resistentes a carbapenémicos, encontraron que el 98% de los aislamientos reveló carbapenemasas de tipo OXA, junto con variantes tipo *bla*OXA-23 (91 %) y variantes tipo *bla*OXA-51 asociadas a ISAba1 en el 84 %.

Por otra parte, Ghahramani et al., (2024) también demostraron una elevada resistencia a imipenem, meropenem y doripenem en *A. baumannii* aislado de muestras biológicas, lo que confirma que la resistencia a los carbapenémicos en esta especie es general, y tiene una elevada frecuencia, no solamente en Latinoamérica; estos hallazgos respaldan el papel destacado de las enzimas OXA observado en esta revisión sistemática, especialmente en *A. baumannii*.

De forma general, los resultados de esta revisión sistemática sugieren que la producción de carbapenemasas es el mecanismo de resistencia molecular más importante y, aunque el perfil enzimático es específico de cada especie: se observó un predominio de las enzimas NDM y KPC en Enterobacterias; las OXA, en *A. baumannii*; y las VIM/IMP, en *P. aeruginosa*. Esto corresponde a la frecuencia reportada en los estudios, y no deben interpretarse como la prevalencia absoluta para la región.

A esto se suma que probablemente los mecanismos no enzimáticos, que incluyen la pérdida de porinas y el flujo de expulsión, se hayan infraconsiderado, porque suelen investigarse con menos frecuencia, aunque sean mecanismos de gran importancia en *P. aeruginosa*. Adicionalmente, la transferencia horizontal de genes y la acumulación de varios mecanismos de resistencia explicarían la persistencia y propagación de estos gérmenes, lo que respalda la importancia de mantener una vigilancia epidemiológica permanente en el contexto intrahospitalario.

Limitaciones

Como limitaciones, en esta revisión sistemática se identificaron la heterogeneidad de diseños y métodos, con un predominio de estudios realizados en México (60 %), lo que sugiere una

representación desigual de los países de la región; además, hubo un predominio de estudios observacionales y, no se realizó una síntesis cuantitativa (metaanálisis) de la evidencia, por la gran heterogeneidad identificada en los estudios.

5. Conclusiones

En el contexto de las instituciones de salud en Latinoamérica, la resistencia antimicrobiana en bacterias gramnegativas asociadas a infecciones nosocomiales responde a varios mecanismos enzimáticos, estructurales y genéticos. Los gérmenes más frecuentemente reportados fueron *K. pneumoniae*, *A. baumannii* y *P. aeruginosa*.

El mecanismo de resistencia más reportados en los estudios incluidos fue la producción de carbapenemasas. Las enzimas NDM y KPC fueron particularmente importantes entre las Enterobacterales; las enzimas de tipo OXA predominaron en *A. baumannii*, y las enzimas VIM e IMP en *P. aeruginosa*. La distribución geográfica de los estudios analizados fue variable, la mayor cantidad de información provino de México. Los mecanismos de resistencia variaron entre los países latinoamericanos, aunque la mayor parte de la evidencia provino de México (60,0 % de los estudios incluidos). La representación geográfica desigual y la heterogeneidad metodológica limitan la posibilidad de generalizar estos hallazgos.

La evidencia obtenida se clasificó como de certeza baja a muy baja, según el sistema GRADE, lo que refleja la heterogeneidad de los estudios analizados y limita el alcance de estos resultados; sin embargo, se evidenció la importancia de fortalecer la vigilancia epidemiológica permanente en la región; así como promover el uso racional de antimicrobianos.

Referencias

Alcántar-Curiel, M., Huerta-Cedeño, M., Jarillo-Quijada, M., Gayosso-Vázquez, C., Fernández-Vázquez, J., Hernández-Medel, M., Zavala-Pineda, M., Morales-Gil, M., Hernández-Guzmán, V., Bolaños-Hernández, M., Giono-Cerezo, S., & Santos-Preciado, J. (2023). Gram-negative ESKAPE bacteria bloodstream infections in patients during the COVID-19 pandemic. *PeerJ, 11*, Article e15007. https://doi.org/10.7717/peerj.15007

Alcántar-Curiel, M., Ledezma-Escalante, C., Jarillo-Quijada, M., Gayosso-Vázquez, C., Morfín-Otero, R., Rodríguez-Noriega, E., Cedillo-Ramírez, M., Santos-Preciado, J., & Girón, J. (2018). Association of antibiotic resistance, cell adherence, and biofilm production with the endemicity of nosocomial *Klebsiella pneumoniae*. *BioMed Research International, 2018*, Article 7012958. https://doi.org/10.1155/2018/7012958

Alcántar-Curiel, M., Morfín-Otero, R., Jarillo-Quijada, M., Fernández-Vázquez, J., Gayosso-Vázquez, C., Hernández-Medel, M., Zavala-Pineda, M., Morales-Gil, M., Osorio-Guzmán, M., Quevedo-Ramos, M., Pérez-González, L., Flores-Santos, A., Esparza-Ahumada, S., Escobedo-Sánchez, R., Rosales-Reyes, R., Toledano-Tableros, J., Giono-Cerezo, S., Santos-Preciado, J., & Rodríguez-Noriega, E. (2025). Resistance landscape and clonal dynamics of ESKAPE pathogens in bloodstream infections: A multicenter study from Mexico. *Pathogens, 14*(11), Article 1187. https://doi.org/10.3390/pathogens14111187

Alcántar-Curiel, M., Rosales-Reyes, R., Jarillo-Quijada, M., Gayosso-Vázquez, C., Fernández-Vázquez, J., Toledano-Tableros, J., Giono-Cerezo, S., Garza-Villafuerte, P., López-Huerta, A., Vences-

Vences, D., Morfín-Otero, R., Rodríguez-Noriega, E., López-Álvarez, M., Espinosa-Sotero, M., & Santos-Preciado, J. (2019). Carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* in three tertiary care hospitals in Mexico: Virulence profiles, innate immune response and clonal dissemination. *Frontiers in Microbiology, 10*, Article 2116. https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02116

Antimicrobial Resistance Collaborators. (2023). The burden of antimicrobial resistance in the Americas in 2019: A cross-country systematic analysis. *The Lancet Regional Health – Americas, 25*, Article 100561. https://doi.org/10.1016/j.lana.2023.100561

Barker, T., Hasanoff, S., Aromataris, E., Stone, J., Leonardi-Bee, J., Sears, K., Klugar, M., Tufanaru, C., Moola, S., Liu, X., & Munn, Z. (2026). The revised JBI critical appraisal tool for the assessment of risk of bias for analytical cross-sectional studies. *JBI Evidence Synthesis, 24*(3), 401–408. https://doi.org/10.11124/JBIES-24-00523

Bello-López, E., Kawabata, A., Cantero, J., Mendoza, S., Pertile, E., Perez-Osegura, A., Cevallos, M., Peralta, H., Aguilar-Vera, A., & Castillo-Ramirez, S. (2025). Genomic epidemiology reveals antibiotic resistance transfer and polyclonal dissemination of *Acinetobacter baumannii* in a Paraguayan hospital. *Antimicrobial Agents and Chemotherapy, 69*(8), Article e00077-25. https://doi.org/10.1128/aac.00077-25

Bocanegra-Ibarias, P., Garza-González, E., Morfín-Otero, R., Barrios, H., Villarreal-Treviño, L., Rodríguez-Noriega, E., Garza-Ramos, U., Petersen-Morfín, S., & Silva-Sánchez, J. (2017). Molecular and microbiological report of a hospital outbreak of NDM-1-carrying Enterobacteriaceae in Mexico. *PLOS ONE, 12*(6), Article e0179651. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0179651

Brignardello-Petersen, R., & Guyatt, G. (2025). Assessing the certainty of the evidence in systematic reviews: Importance, process, and use. *American Journal of Epidemiology, 194*(6), 1681–1686. https://doi.org/10.1093/aje/kwae332

Campbell, J., Klugar, M., Ding, S., Carmody, D., Hakonsen, S., Jadotte, Y., White, S., & Munn, Z. (2020). Chapter 9: Diagnostic test accuracy systematic reviews. En E. Aromataris & Z. Munn (Eds.), *JBI manual for evidence synthesis*. JBI. https://doi.org/10.46658/JBIMES-20-10

Castro, A. de, Lima, W. de, Sanches, C., & Paiva, M. de. (2022). Mechanisms involved in resistance to carbapenems among *Acinetobacter baumannii* isolates recovered in Brazil: A systematic review and meta-analysis. *Revista Colombiana de Ciencias Químico-Farmacéuticas, 51*(2), 641–671. https://doi.org/10.15446/rcciquifa.v51n2.96918

Centers for Disease Control and Prevention. (2026). *About antimicrobial resistance*. https://www.cdc.gov/antimicrobial-resistance/about/

Ciapponi, A., Bardach, A., Sandoval, M., Palermo, M., Navarro, E., Espinal, C., & Quirós, R. (2023). Systematic review and meta-analysis of deaths attributable to antimicrobial resistance, Latin America. *Emerging Infectious Diseases, 29*(11), 2335–2344. https://doi.org/10.3201/eid2911.230753

Cureño-Díaz, M., Plascencia-Nieto, E., Loyola-Cruz, M., Cruz-Cruz, C., Nolasco-Rojas, A., Durán-Manuel, E., Ibáñez-Cervantes, G., Gómez-Zamora, E., Tamayo-Ordóñez, M., Tamayo-Ordóñez, Y., Calzada-Mendoza, C., & Bello-López, J. (2024). Gram-negative ESKAPE bacteria surveillance in COVID-19 pandemic exposes high-risk sequence types of *Acinetobacter baumannii* MDR in a tertiary care hospital. *Pathogens, 13*(1), Article 50. https://doi.org/10.3390/pathogens13010050

European Centre for Disease Prevention and Control. (2025). *Antimicrobial resistance (AMR)*. https://www.ecdc.europa.eu/en/antimicrobial-resistance

Fernández-Vázquez, J., Hernández-González, I., Castillo-Ramírez, S., Jarillo-Quijada, M., Gayosso-Vázquez, C., Mateo-Estrada, V., Morfín-Otero, R., Rodríguez-Noriega, E., Santos-Preciado, J., & Alcántar-Curiel, M. (2023). Pandrug-resistant *Acinetobacter baumannii* from different clones and regions in Mexico have a similar plasmid carrying the blaOXA-72 gene. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 13*, Article 1278819. https://doi.org/10.3389/fcimb.2023.1278819

Gauba, A., & Rahman, K. (2023). Evaluation of antibiotic resistance mechanisms in Gram-negative bacteria. *Antibiotics, 12*(11), Article 1590. https://doi.org/10.3390/antibiotics12111590

Ghahramani, A., Naghadian Moghaddam, M., Kianparsa, J., & Ahmadi, M. (2024). Overall status of carbapenem resistance among clinical isolates of *Acinetobacter baumannii*: A systematic review and meta-analysis. *Journal of Antimicrobial Chemotherapy, 79*(12), 3264–3280. https://doi.org/10.1093/jac/dkae358

Ghiglione, B., Rodriguez, A., Haim, M., Friedman, L., Lincopan, N., Ochiuzzi, M., & Conza, J. (2025). Outbreak of NDM-5-producing *Proteus mirabilis* during the COVID-19 pandemic in an Argentine hospital. *Antibiotics, 14*(6), Article 557. https://doi.org/10.3390/antibiotics14060557

JBI. (2025). *Critical appraisal tools*. https://jbi.global/critical-appraisal-tools

Lara, C., Orsini, M., Pohlenz, M., Guerra, A., Kutscher, S., Muñoz-Almagro, C., & Brotons, P. (2026). Infection outbreaks caused by carbapenemase-producing Enterobacterales: An epidemiological surveillance study in public hospitals in Chile, 2017–2024. *Global Epidemiology, 12*, Article 100271. https://doi.org/10.1016/j.gloepi.2026.100271

López-Durán, P., Fonseca-Coronado, S., Lozano-Trenado, L., Araujo-Betanzos, S., Rugerio-Trujillo, D., Vaughan, G., & Saldaña-Rivera, E. (2020). Nosocomial transmission of extensively drug resistant *Acinetobacter baumannii* strains in a tertiary level hospital. *PLOS ONE, 15*(4), Article e0231829. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0231829

Loredo-Puerta, R., Niño-Moreno, P., Atriano-Briano, R., Martínez-Alaniz, K., Baltazar-Benitez, N., Pérez-González, L., Acebo-Martínez, M., Rousset-Román, A., & Turrubiartes-Martínez, E. (2026). Molecular epidemiology of carbapenem-resistant *Pseudomonas aeruginosa* before the COVID-19 pandemic: Resistance profiles and clonality in a tertiary-care hospital. *Antibiotics, 15*(1), Article 102. https://doi.org/10.3390/antibiotics15010102

Macesic, N., Uhlemann, A., & Peleg, A. (2025). Multidrug-resistant Gram-negative bacterial infections. *The Lancet, 405*(10474), 257–272. https://doi.org/10.1016/S0140-6736(24)02081-6

Martínez, D., Caña, L., Rodulfo, H., García, J., González, D., Rodríguez, L., & De Donato, M. (2020). Characteristics of dual carbapenemase-producing *Klebsiella pneumoniae* strains from an outbreak in Venezuela: A retrospective study. *Revista Panamericana de Salud Pública, 44*, Article e50. https://doi.org/10.26633/RPSP.2020.50

Medina, V., García-Vega, A., Rodríguez, F., Triviño-García, E., Robledo, J., Leal, A., Galvis, J., Reyes, L., Genomic Epidemiology of Antimicrobial Resistance Consortium (GEAR), Okeke, I., Couto, N., Kumaran, E., Lewis-Woodhouse, G., Argimon, S., Arevalo, S., Underwood, A., Fargetton, X., Aanensen, D., & Donado-Godoy, M. (2025). Epidemiological genomics of *Klebsiella pneumoniae* isolates from hospitals across Colombia. *npj Antimicrobials & Resistance, 3*, Article 64. https://doi.org/10.1038/s44259-025-00127-x

Moola, S., Munn, Z., Tufanaru, C., Aromataris, E., Sears, K., Sfetcu, R., Currie, M., Lisy, K., Qureshi, R., Mattis, P., & Mu, P. (2020). Chapter 7: Systematic reviews of etiology and risk. En E. Aromataris & Z. Munn (Eds.), *JBI manual for evidence synthesis*. JBI. https://doi.org/10.46658/JBIMES-20-08

Moreno-Manjón, J., Castillo-Ramírez, S., Jolley, K., Maiden, M., Gayosso-Vázquez, C., Fernández-Vázquez, J., Mateo-Estrada, V., Giono-Cerezo, S., & Alcántar-Curiel, M. (2023). *Acinetobacter baumannii* IC2 and IC5 isolates with co-existing blaOXA-143-like and blaOXA-72 and exhibiting strong biofilm formation in a Mexican hospital. *Microorganisms, 11*(9), Article 2316. https://doi.org/10.3390/microorganisms11092316

Munn, Z., Barker, T., Moola, S., Tufanaru, C., Stern, C., McArthur, A., Stephenson, M., & Aromataris, E. (2020). Methodological quality of case series studies: An introduction to the JBI critical appraisal tool. *JBI Evidence Synthesis, 18*(10), 2127–2133. https://doi.org/10.11124/JBISRIR-D-19-00099

Munn, Z., Moola, S., Lisy, K., Riitano, D., & Tufanaru, C. (2015). Methodological guidance for systematic reviews of observational epidemiological studies reporting prevalence and cumulative incidence data. *International Journal of Evidence-Based Healthcare, 13*(3), 147–153. https://doi.org/10.1097/XEB.0000000000000054

Nicolas-Sayago, L., Loyola-Cruz, M., Vásquez-Martínez, Y., Cortez-San Martín, M., Márquez-Valdelamar, L., Cruz-Cruz, C., Durán-Manuel, E., Ruíz-Valdés, M., Calzada-Mendoza, C., Rojas-Bernabé, A., Tamayo-Ordóñez, M., Tamayo-Ordóñez, Y., Castañeda-Ortega, J., López-Martínez, B., Hernández-Castellanos, B., Moreno-Torres, D., Castro-Escarpulli, G., & Bello-López, J. (2026). Genetic determinants linked to MDR/XDR in *Pseudomonas aeruginosa* strains from a Mexican tertiary hospital. *Pathogens, 15*(1), Article 100. https://doi.org/10.3390/pathogens15010100

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

Pérez-Corrales, C., Peralta-Barquero, V., & Mairena-Acuña, C. (2021). Carriage of two carbapenem-resistance genes in *Pseudomonas aeruginosa* isolated from hospital-acquired infections in children from Costa Rica: The importance of local epidemiology. *Antimicrobial Resistance & Infection Control, 10*, Article 71. https://doi.org/10.1186/s13756-021-00942-7

Pillonetto, M., Wink, P., Melano, R., Jiménez-Pearson, M., Melgarejo Touchet, N., Saavedra Rojas, S., Kulek, D., Abreu, A., Peral, R., Miorando, R., Sati, H., Thomas, G., Galas, M., Pardo, P., Kiffer, C., Carvalho-Assef, A., CARBA-LAC Group, Marinonio, A., Costa-Nobre, D., … Copa, H. (2025). Carbapenemases producing gram-negative bacteria surveillance in Latin America and the Caribbean: A retrospective observational study from 2015 to 2020. *The Lancet Regional Health – Americas, 49*, Article 101185. https://doi.org/10.1016/j.lana.2025.101185

Piza-Buitrago, A., Rincón, V., Donato, J., Saavedra, S., Duarte, C., Morero, J., Falquet, L., Reguero, M., & Barreto-Hernández, E. (2020). Genome-based characterization of two Colombian clinical *Providencia rettgeri* isolates co-harboring NDM-1, VIM-2, and other β-lactamases. *BMC Microbiology, 20*, Article 345. https://doi.org/10.1186/s12866-020-02030-z

Rocha, C., Bernal, M., Canal, E., Rios, P., Meza, R., Lopez, M., Burga, R., Abadie, R., Pizango, M., Diaz, E., Briones, A., Ramal-Asayag, C., Vicente, W., Regeimbal, J., & McCoy, A. (2019). First Report

of New Delhi Metallo-β-Lactamase Carbapenemase–Producing Acinetobacter baumannii in Peru. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene, 100*(3), 529–531. https://doi.org/10.4269/ajtmh.18-0802

Rodríguez-Noriega, E., Garza-González, E., Bocanegra-Ibarias, P., Paz-Velarde, B., Esparza-Ahumada, S., González-Díaz, E., Pérez-Gómez, H., Escobedo-Sánchez, R., León-Garnica, G., & Morfín-Otero, R. (2022). A case–control study of infections caused by *Klebsiella pneumoniae* producing New Delhi metallo-beta-lactamase-1: Predictors and outcomes. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 12*, Article 867347. https://doi.org/10.3389/fcimb.2022.867347

Rojas, J., Merejildo Vera, M., Benites Azabache, J., De La Cruz Surco, V., Lucas López, J., & Pichardo-Rodriguez, R. (2026). Prevalence of carbapenem-resistant Gram-negative bacilli from intensive care units from Latin America and the Caribbean: A systematic review and meta-analysis. *Antibiotics, 15*(2), Article 209. https://doi.org/10.3390/antibiotics15020209

Rosales-Reyes, R., Gayosso-Vázquez, C., Fernández-Vázquez, J., Jarillo-Quijada, M., Rivera-Benítez, C., Santos-Preciado, J., & Alcántar-Curiel, M. (2017). Virulence profiles and innate immune responses against highly lethal, multidrug-resistant nosocomial isolates of *Acinetobacter baumannii* from a tertiary care hospital in Mexico. *PLOS ONE, 12*(8), Article e0182899. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0182899

Sadeghi, H., Khanjani, S., Aslanimehr, M., Aria, N., Maleki, M., Nikkhahi, F., Gheibi, N., Marashi, S., & Gholamzadeh Khoei, S. (2025). Encoding genes of metallo β-lactamases (IMP, NDM, and VIM) in *Klebsiella pneumoniae* in Iran: A systematic review and meta-analysis. *Health Science Reports, 8*(6), Article e70927. https://doi.org/10.1002/hsr2.70927

Sisay, A., Asmare, Z., Kumie, G., Gashaw, Y., Getachew, E., Ashagre, A., Nigatie, M., Ayana, S., Misganaw, T., Dejazmach, Z., Abebe, W., Gedfie, S., Tadesse, S., Gashaw, M., Jemal, A., Kassahun, W., Kidie, A., Abate, B., Mulugeta, C., … Reta, M. (2024). Prevalence of carbapenem-resistant Gram-negative bacteria among neonates suspected for sepsis in Africa: A systematic review and meta-analysis. *BMC Infectious Diseases, 24*(1), Article 838. https://doi.org/10.1186/s12879-024-09747-6

Tapia-Cornejo, A., Ramírez-Castillo, F., Guerrero-Barrera, A., Guillen-Padilla, D., Arreola-Guerra, J., González-Gámez, M., Avelar-González, F., Loera-Muro, A., Hernández-Cuellar, E., Ramos-Medellín, C., Adame-Álvarez, C., García-Romo, R., Galindo-Guerrero, F., & Moreno-Flores, A. (2024). Occurrence of plasmid-mediated quinolone resistance and carbapenemase-encoding genes in *Pseudomonas aeruginosa* isolates from nosocomial patients in Aguascalientes, Mexico. *Pathogens, 13*(11), Article 992. https://doi.org/10.3390/pathogens13110992

Tisalema-Guanopatín, E., Cabezas-Mera, F., Pérez-Meza, Á., Palacios, V., Espinosa, F., Ligña, E., Aguilar, A., Reyes-Chacón, J., Grunauer, M., & Garzón-Chavez, D. (2025). Genomic characterization of carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* ST1440 and *Serratia marcescens* isolates from a COVID-19 ICU outbreak in Ecuador. *Microorganisms, 13*(10), Article 2286. https://doi.org/10.3390/microorganisms13102286

Toledano-Tableros, J., Gayosso-Vázquez, C., Jarillo-Quijada, M., Fernández-Vázquez, J., Morfín-Otero, R., Rodríguez-Noriega, E., Giono-Cerezo, S., Gutkind, G., Di Conza, J., Santos-Preciado, J., & Alcántar-Curiel, M. (2021). Dissemination of blaNDM–1 Gene Among Several Klebsiella pneumoniae Sequence Types in Mexico Associated With Horizontal Transfer Mediated by IncF-Like Plasmids. *Frontiers in Microbiology, 12*, Article 611274.

https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.611274

Tonco, D., Gavrilovici, C., Lupu, A., Pertea, L., Ioniuc, I., Grudnicki, A., Anton, S., Nedelcu, A., Rusu, T., Mitrofan, C., Rosu, M., Morariu, I., Anton, E., Mitrofan, E., & Lupu, V. (2026). Molecular mechanisms of antibiotic resistance in Gram-positive and Gram-negative bacteria - a narrative review. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology, 16*, Article 1877136. https://doi.org/10.3389/fcimb.2026.1877136

Whiting, P., Rutjes, A., Westwood, M., Mallett, S., Deeks, J., Reitsma, J., Leeflang, M., Sterne, J., Bossuyt, P., & QUADAS-2 Group. (2011). QUADAS-2: A revised tool for the quality assessment of diagnostic accuracy studies. *Annals of Internal Medicine, 155*(8), 529–536. https://doi.org/10.7326/0003-4819-155-8-201110180-00009

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

Yu, H., González, A., Torres, G., Molina, M., Casares, M., Han, X., Baldoquín Rodríguez, W., & Quiñones Pérez, D. (2022). A retrospective study of risk factors, mortality, and treatment outcomes for infections with carbapenemase-producing Enterobacterales in a tertiary hospital in Havana, Cuba. *Antibiotics, 11*(7), Article 942. https://doi.org/10.3390/antibiotics11070942

Transparencia

Conflicto de interés

Las autoras declaran que no existen conflictos de interés de naturaleza alguna como parte de la presente investigación.

Fuente de financiamiento

Las autoras financiaron completamente la investigación.

Contribución de autoría

Soraya Elizabeth Riera Salazar Salazar: Conceptualización, metodología, investigación, análisis formal, gestión de datos, visualización, redacción y preparación del borrador original.

Eliana Elizabeth Martínez Durán Durán: Supervisión, validación, redacción, revisión y edición.

Las autoras contribuyeron activamente en el análisis de los resultados, revisión y aprobación del manuscrito final.

Anexo

Apéndices

Apéndice I. Evaluación del riesgo de sesgo

Estudio	Estudios transversales.								
	Q1	Q2	Q3	Q4	Q5	Q6	Q7	Q8	Evaluación global
Alcántar-Curiel et al. (2018)	Poco claro	Poco claro	Sí	Poco claro	No	No	Poco claro	Poco claro	Incluir
Alcántar-Curiel et al. (2019)	Sí	Poco claro	Sí	Sí	No	No	Poco claro	Poco claro	Incluir

Alcántar-Curiel et al. (2023)	Sí	Sí	Sí	Sí	No	No	Sí	Poco claro	Incluir
Cureño-Díaz et al. (2024)	Sí	Poco claro	Sí	Sí	No	No	No	Poco claro	Incluir
Moreno-Manjón et al. (2023)	Sí	Poco claro	Sí	Sí	No	No	Poco claro	Poco claro	Incluir
Nicolas-Sayago et al. (2026)	Sí	Poco claro	Sí	Sí	No	No	Poco claro	Poco claro	Incluir
Rosales-Reyes et al. (2017)	Sí	Sí	Sí	Sí	No	No	Sí	Sí	Incluir

Q1. ¿Se definieron claramente los criterios de inclusión en la muestra?
Q2. ¿Se utilizaron criterios objetivos y estandarizados para medir la condición?
Q3. ¿La exposición se midió de manera válida y fiable?
Q4. ¿Los desenlaces se midieron de manera válida y fiable?
Q5. ¿Se identificaron los factores de confusión?
Q6. ¿Se establecieron estrategias para abordar los factores de confusión?
Q7. ¿Se utilizó un análisis estadístico apropiado?
Q8. ¿Los sujetos del estudio y el contexto fueron descritos con suficiente detalle?
Fuente: Elaboración propia a partir del instrumento *JBI Assessment of Risk of Bias for Analytical Cross-sectional Studies* (Barker et al., 2026).

	Estudios de prevalencia									
Estudio	**Q1**	**Q2**	**Q3**	**Q4**	**Q5**	**Q6**	**Q7**	**Q8**	**Q9**	**Evaluación global**
Alcántar-Curiel et al. (2025)	Sí	Sí	Sí	Poco claro	Sí	Sí	Sí	No	No aplicable	Incluir
Bello-López et al. (2025)	Sí	Poco claro	No	Sí	Sí	Sí	Sí	No	No aplicable	Incluir
Lara et al. (2026)	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Poco claro	**Poco claro**	No aplicable	Incluir
Loredo-Puerta et al. (2026)	Sí	Poco claro	No	Sí	Sí	Sí	Sí	No	No aplicable	Incluir
Tapia-Cornejo et al. (2024)	No	Poco claro	No	Sí	Poco claro	Sí	Sí	No	No aplicable	Incluir
Toledano-Tableros et al. (2021)	Sí	Sí	No	Poco claro	Sí	Sí	Sí	No	No aplicable	Incluir

Q1. ¿Fue apropiado el marco muestral para abordar la población objetivo?
Q2. ¿Los participantes del estudio fueron seleccionados de manera apropiada?
Q3. ¿El tamaño de la muestra fue adecuado?
Q4. ¿Los sujetos del estudio y el contexto fueron descritos detalladamente?
Q5. ¿El análisis de los datos se realizó con una cobertura suficiente de la muestra identificada?
Q6. ¿Se utilizaron métodos válidos para identificar la condición?
Q7. ¿La condición se midió de manera estandarizada y fiable en todos los participantes?
Q8. ¿Se realizó un análisis estadístico apropiado?
Q9. ¿La tasa de respuesta fue adecuada y, si no lo fue, se gestionó apropiadamente la baja tasa de respuesta?
Fuente: Elaboración propia mediante el *JBI Critical Appraisal Checklist for Studies Reporting Prevalence Data*.

	Series de casos										
Estudio	**Q1**	**Q2**	**Q3**	**Q4**	**Q5**	**Q6**	**Q7**	**Q8**	**Q9**	**Q10**	**Evaluación global**
Bocanegra-Ibarias et al. (2017)	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Incluir
Fernández-Vázquez et al. (2023)	PC	Sí	Sí	No	No	No	Sí	No	Sí	Sí	Incluir
Ghiglione et al. (2025)	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	PC	No	Sí	Sí	Incluir
López-Durán et al. (2020)	Sí	Sí	Sí	PC	PC	Sí	Sí	No	Sí	Sí	Incluir
Martínez et al. (2020)	Sí	Sí	Sí	PC	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Incluir
Piza-Buitrago et al. (2020)	PC	Sí	Sí	PC	PC	No	No	No	Sí	Sí	Incluir

Rocha et al. (2019)	PC	Sí	Sí	PC	PC	No	No	No	Sí	Sí	Incluir
Tisalema-Guanopatín et al. (2025)	Sí	Sí	Sí	PC	PC	No	Sí	No	Sí	Sí	Incluir

Q1. ¿Se establecieron criterios claros para la inclusión en la serie de casos?
Q2. ¿La condición fue medida de manera estandarizada y fiable en todos los participantes incluidos en la serie?
Q3. ¿Se utilizaron métodos válidos para identificar la condición en todos los participantes incluidos?
Q4. ¿La serie de casos incluyó a los participantes de manera consecutiva?
Q5. ¿La serie de casos incluyó de manera completa a los participantes elegibles?
Q6. ¿Se informaron claramente las características demográficas de los participantes?
Q7. ¿Se informó claramente la información clínica de los participantes?
Q8. ¿Se informaron claramente los resultados o el seguimiento de los casos?
Q9. ¿Se describió claramente la información demográfica del centro o centros donde se atendieron los casos?
Q10. ¿El análisis estadístico fue apropiado?
Fuente: Elaboración propia a partir del *JBI Critical Appraisal Checklist for Case Series*.

	Casos y controles										
Estudio	**Q1**	**Q2**	**Q3**	**Q4**	**Q5**	**Q6**	**Q7**	**Q8**	**Q9**	**Q10**	**Evaluación global**
Medina et al. (2025)	PC	No	Sí	Sí	Sí	No	No	Sí	NA	Sí	**Incluir**
Rodríguez-Noriega et al. (2022)	Sí	Sí	PC	Sí	Sí	Sí	Sí	PC	PC	Sí	**Incluir**
Yu et al. (2022)	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	Sí	**Incluir**

Q1. ¿Los grupos fueron comparables, aparte de la presencia de la enfermedad en los casos o su ausencia en los controles?
Q2. ¿Los casos y los controles fueron emparejados adecuadamente?
Q3. ¿Se utilizaron los mismos criterios para la identificación de los casos y los controles?
Q4. ¿La exposición se midió de manera estandarizada, válida y fiable?
Q5. ¿La exposición se midió de la misma manera en los casos y los controles?
Q6. ¿Se identificaron los factores de confusión?
Q7. ¿Se establecieron estrategias para abordar los factores de confusión?
Q8. ¿Los desenlaces se evaluaron de manera estandarizada, válida y fiable en los casos y los controles?
Q9. ¿El período de exposición de interés fue suficientemente prolongado para ser significativo?
Q10. ¿Se utilizó un análisis estadístico apropiado?
Fuente: Elaboración propia a partir del *JBI Critical Appraisal Checklist for Case Control Studies*.

	Estudio de exactitud diagnóstica										
Estudio	**Q1**	**Q2**	**Q3**	**Q4**	**Q5**	**Q6**	**Q7**	**Q8**	**Q9**	**Q10**	**Evaluación global**
Pérez-Corrales et al. (2021)	PC	Sí	Sí	PC	NA	Sí	PC	Sí	Sí	Sí	Incluir

Q1. ¿Se incluyó una muestra consecutiva o aleatoria de participantes?
Q2. ¿Se evitó un diseño de casos y controles?
Q3. ¿El estudio evitó exclusiones inapropiadas?
Q4. ¿Los resultados de la prueba índice fueron interpretados sin conocer los resultados del estándar de referencia?
Q5. Si se utilizó un punto de corte o umbral, ¿este fue especificado previamente?
Q6. ¿Es probable que el estándar de referencia clasifique correctamente la condición objetivo?
Q7. ¿Los resultados del estándar de referencia fueron interpretados sin conocer los resultados de la prueba índice?
Q8. ¿Existió un intervalo apropiado entre la prueba índice y el estándar de referencia?
Q9. ¿Todos los participantes recibieron el mismo estándar de referencia?
Q10. ¿Todos los participantes fueron incluidos en el análisis?
Fuente: Elaboración propia a partir del *JBI Critical Appraisal Checklist for Diagnostic Test Accuracy Studies*.

Apéndice 2. Distribución de los mecanismos de resistencia bacteriana identificados según el país, tipo de infección nosocomial y unidad hospitalaria en la que se produce

País	Autores	Bacterias principales	Mecanismos/determinantes predominantes	Tipo de infección o muestra	Unidad/área hospitalaria
Argentina	Ghiglione et al. (2025)	*Proteus mirabilis*	NDM-5, CTX-M-15, *rmtB*, resistoma complejo, plásmidos y elementos móviles	Bacteriemia, muestras respiratorias, orina y catéteres	UCI y otras unidades clínicas/médico-quirúrgicas
Chile	Lara et al. (2026)	Principalmente *K. pneumoniae* y otros Enterobacterales	KPC predominante; NDM, OXA-48-like, IMP y coproducción KPC+NDM	Brotes hospitalarios por CPE; sin desglose uniforme por muestra	Hospitales públicos; sin servicio específico único
Colombia	Medina et al. (2025); Piza-Buitrago et al. (2020)	*K. pneumoniae, Providencia rettgeri*	KPC/KPC-3, NDM-1, VIM-2, CTX-M-15, OXA-10, CMY-2, TEM-1; alteraciones de diana y eflujo	Orina, sangre y muestras respiratorias; *P. rettgeri* procedente de orina	UCI frecuente en el estudio multicéntrico; hospital de cuarto nivel en Bogotá
Costa Rica	Pérez-Corrales et al. (2021)	*Pseudomonas aeruginosa*	VIM-2 e IMP-18	IAAS pediátricas por CRPA	Hospital pediátrico
Cuba	Yu et al. (2022)	Principalmente *K. pneumoniae* y otros Enterobacterales	NDM predominante; coproducción NDM+KPC	Sangre, orina, heridas quirúrgicas; además neumonía e infecciones intraabdominales/intracraneales	UCI/cuidados críticos, Urología-Litotricia y servicios quirúrgicos
Ecuador	Tisalema-Guanopatín et al. (2025)	*K. pneumoniae, Serratia marcescens*	KPC-2; plásmidos conjugativos, Tn4401, integrones y otros elementos móviles	Aspirados traqueales en pacientes con infección respiratoria grave	UCI COVID-19
México	Alcántar-Curiel et al. (2018, 2019, 2023, 2025); Bocanegra-Ibarias et al. (2017); Cureño-Díaz et al. (2024); Fernández-Vázquez et al. (2023); Loredo-Puerta et al. (2026);	*K. pneumoniae, A. baumannii, P. aeruginosa, Enterobacter* spp. y otros BGN	NDM, KPC, VIM, IMP, múltiples OXA, CTX-M/TEM/SHV, bombas de eflujo, alteraciones de OprD y membrana, PMQR, transferencia horizontal	Bacteriemia/ITS, VAP, ITU/CAUTI, SSI, infecciones respiratorias, urinarias y heridas	UCI, cirugía, medicina interna, neumología/respiratorio, pediatría, neonatología, quemados y múltiples áreas

	Moreno-Manjón et al. (2023); Nicolas-Sayago et al. (2026); Rodrígue z-Noriega et al. (2022); Rosales-Reyes et al. (2017); Tapia-Cornejo et al. (2024); Toledano-Tableros et al. (2021), entre otros				
Paragua y	Bello-López et al. (2025)	*Acinetobacter baumannii*	Resistoma MDR, β-lactamasas y otros ARG; transferencia horizontal y diseminación policlonal	Predominio de secreciones traqueales	UCI-A y Emergencias
Perú	Rocha et al. (2019)	*Acinetobacter baumannii*	NDM-1	Hemocultivo, punta de catéter venoso central y herida	Hospitales de Lima e Iquitos
Venezue la	Martínez et al. (2020)	*Klebsiella pneumoniae*	Coproducción NDM+KPC	IAAS asociadas a catéter, heridas y secreciones respiratorias	UCI, Cirugía y unidad médico-quirúrgica

Apéndice 3. Certeza de la evidencia según GRADE

Desenlace	Riesgo de sesgo	Inconsistencia	Indirectitud	Imprecisión	Sesgo de publicación[1]	Certeza global
Identificación de carbapenemasas como principal mecanismo enzimático de resistencia (Alcántar-Curiel et al., 2019, 2023, 2025; Bello-López et al., 2025; Bocanegra-Ibarias et al., 2017; Cureño-Díaz et al., 2024; Fernández-Vázquez et al., 2023; Ghiglione et al., 2025; Lara et al., 2026; López-Durán et al., 2020; Loredo-Puerta et al., 2026; Martínez et al., 2020; Medina et al., 2025; Moreno-Manjón et al., 2023; Nicolas-Sayago et al., 2026; Pérez-Corrales et al., 2021; Piza-Buitrago, Adriana et al., 2020; Rocha et al., 2019; Rodríguez-Noriega et al., 2022; Rosales-Reyes et al., 2017; Tapia-	No seria	No seria	No seria	No seria	No detectado	⊕⊕○○ **Baja**

Desenlace	Riesgo de sesgo	Inconsistencia	Indirectitud	Imprecisión	Sesgo de publicación[1]	Certeza global
Cornejo et al., 2024; Tisalema-Guanopatín et al., 2025; Toledano-Tableros et al., 2021; Yu et al., 2022)						
Presencia y distribución de NDM en bacterias gramnegativas nosocomiales (Alcántar-Curiel et al., 2023, 2025; Bocanegra-Ibarias et al., 2017; Cureño-Díaz et al., 2024; Ghiglione et al., 2025; Lara et al., 2026; Martínez et al., 2020; Medina et al., 2025; Piza-Buitrago, Adriana et al., 2020; Rocha et al., 2019; Rodríguez-Noriega et al., 2022; Tapia-Cornejo et al., 2024; Toledano-Tableros et al., 2021; Yu et al., 2022)	No seria	No seria	No seria	No seria	No detectado	⨁⨁◯◯ **Baja**
Presencia y distribución de KPC en Enterobacterales asociados a IAAS (Bocanegra-Ibarias et al., 2017; Cureño-Díaz et al., 2024; Lara et al., 2026; Martínez et al., 2020; Medina et al., 2025; Tisalema-Guanopatín et al., 2025; Yu et al., 2022)	No seria	No seria	No seria	No seria	No detectado	⨁⨁◯◯ **Baja**
Importancia de oxacilinasas tipo OXA en *Acinetobacter baumannii* (Alcántar-Curiel et al., 2019, 2023, 2025; Bello-López et al., 2025; Cureño-Díaz et al., 2024; Fernández-Vázquez et al., 2023; López-Durán et al., 2020; Moreno-Manjón et al., 2023; Rosales-Reyes et al., 2017)	No seria	No seria	Seria	No seria	No detectado	⨁◯◯◯ **Muy baja**
Participación de VIM/IMP en la resistencia de *P. aeruginosa* (Alcántar-Curiel et al., 2023, 2025; Cureño-Díaz et al., 2024; Loredo-Puerta et al., 2026; Nicolas-Sayago et al., 2026; Pérez-Corrales et al., 2021; Tapia-Cornejo et al., 2024)	No seria	No seria	Seria	Seria	No detectado	⨁◯◯◯ **Muy baja**
Participación de BLEE y otras β-lactamasas junto con carbapenemasas (Alcántar-Curiel et al., 2018, 2019, 2023, 2025; Bocanegra-Ibarias et al., 2017; Fernández-Vázquez et al., 2023; Ghiglione et al., 2025; Medina et al., 2025; Piza-Buitrago, Adriana et al., 2020; Toledano-Tableros et al., 2021)	No seria	No seria	No seria	No seria	No detectado	⨁⨁◯◯ **Baja**
Contribución de mecanismos no enzimáticos: disminución de permeabilidad y bombas de eflujo (Alcántar-Curiel et al., 2023; Cureño-Díaz et al., 2024; Medina et al., 2025; Moreno-Manjón et al., 2023; Nicolas-	No seria	Seria	No seria	Seria	No detectado	⨁◯◯◯ **Muy baja**

Desenlace	Riesgo de sesgo	Inconsistencia	Indirectitud	Imprecisión	Sesgo de publicación[1]	Certeza global
Sayago et al., 2026; Piza-Buitrago, Adriana et al., 2020; Rosales-Reyes et al., 2017; Tapia-Cornejo et al., 2024)						
Coexistencia de múltiples mecanismos/determinantes de resistencia en un mismo aislamiento o clon (Alcántar-Curiel et al., 2019, 2023, 2025; Bocanegra-Ibarias et al., 2017; Cureño-Díaz et al., 2024; Fernández-Vázquez et al., 2023; Ghiglione et al., 2025; López-Durán et al., 2020; Loredo-Puerta et al., 2026; Martínez et al., 2020; Medina et al., 2025; Moreno-Manjón et al., 2023; Pérez-Corrales et al., 2021; Piza-Buitrago, Adriana et al., 2020; Rosales-Reyes et al., 2017; Tapia-Cornejo et al., 2024; Tisalema-Guanopatín et al., 2025; Toledano-Tableros et al., 2021; Yu et al., 2022).	No seria	No seria	No seria	No seria	No detectado	⊕⊕○○ **Baja**
Participación de transferencia horizontal y elementos genéticos móviles en la diseminación de resistencia (Bello-López et al., 2025; Bocanegra-Ibarias et al., 2017; Fernández-Vázquez et al., 2023; Ghiglione et al., 2025; Medina et al., 2025; Piza-Buitrago, Adriana et al., 2020; Tisalema-Guanopatín et al., 2025; Toledano-Tableros et al., 2021)	No seria	No seria	No seria	Seria	No detectado	⊕○○○ **Muy baja**
Distribución geográfica de los mecanismos de resistencia en Latinoamérica (Alcántar-Curiel et al., 2018, 2019, 2023, 2025; Bello-López et al., 2025; Bocanegra-Ibarias et al., 2017; Cureño-Díaz et al., 2024; Fernández-Vázquez et al., 2023; Ghiglione et al., 2025; Lara et al., 2026; López-Durán et al., 2020; Loredo-Puerta et al., 2026; Martínez et al., 2020; Medina et al., 2025; Moreno-Manjón et al., 2023; Nicolas-Sayago et al., 2026; Pérez-Corrales et al., 2021; Piza-Buitrago, Adriana et al., 2020; Rocha et al., 2019; Rodríguez-Noriega et al., 2022; Rosales-Reyes et al., 2017; Tapia-Cornejo et al., 2024; Tisalema-Guanopatín et al., 2025; Toledano-Tableros et al., 2021; Yu et al., 2022)	No seria	Seria	Seria	Seria	No detectado	⊕○○○ **Muy baja**

Desenlace	Riesgo de sesgo	Inconsistencia	Indirectitud	Imprecisión	Sesgo de publicación[1]	Certeza global
Distribución clínico-hospitalaria de BGN resistentes (Alcántar-Curiel et al., 2018, 2019, 2023, 2025; Bello-López et al., 2025; Bocanegra-Ibarias et al., 2017; Cureño-Díaz et al., 2024; Fernández-Vázquez et al., 2023; Ghiglione et al., 2025; Lara et al., 2026; López-Durán et al., 2020; Loredo-Puerta et al., 2026; Martínez et al., 2020; Medina et al., 2025; Nicolas-Sayago et al., 2026; Pérez-Corrales et al., 2021; Rodríguez-Noriega et al., 2022; Tisalema-Guanopatín et al., 2025; Toledano-Tableros et al., 2021; Yu et al., 2022)	No seria	Seria	No seria	Seria	No detectado	⨁◯◯◯ **Muy baja**
Asociación de bacterias gramnegativas resistentes con IAAS graves y dispositivos invasivos (Alcántar-Curiel et al., 2023, 2025; Bocanegra-Ibarias et al., 2017; Cureño-Díaz et al., 2024; Ghiglione et al., 2025; Medina et al., 2025; Nicolas-Sayago et al., 2026; Rodríguez-Noriega et al., 2022; Toledano-Tableros et al., 2021; Yu et al., 2022)	Seria	Seria	No seria	Seria	No detectado	⨁◯◯◯ **Muy baja**