

# Prevalencia anual y resistencia antimicrobiana en infecciones del torrente sanguíneo por el grupo ESKAPE en Unidades de Cuidados Intensivos Neonatales en México, estudio multicéntrico, 2020 y 2024

## Annual prevalence and antimicrobial resistance in bloodstream infections caused by the ESKAPE group in Neonatal Intensive Care Units in Mexico, a multicenter study, 2020-2024

José Castillo Bejarano<sup>1</sup>, Daniela Padilla Alanís<sup>1</sup>, Érika Larragoity González<sup>2</sup>, Mónica Abud González<sup>3</sup>, Luis Ortiz Padilla<sup>4</sup>, Raúl Romero Feregrino<sup>5</sup>, Daniel Pacheco Rosas<sup>5</sup>, Mariana Chávez Rodríguez<sup>6</sup>, Susana Cantú González<sup>7</sup>, Maribel Baquera Arteaga<sup>8</sup>, Martín Cisneros Castolo<sup>9</sup>, Jorge Vera Delgado<sup>10</sup>, Dzoara Lugo Ondarza<sup>11</sup>, Abiel Mascareñas de los Santos<sup>1</sup>, Néstor Casilla Vegas<sup>12</sup>, Héctor Sánchez Rodríguez<sup>13</sup>, Omar Rangel Selvera<sup>13</sup>, Cynthia Peña López<sup>14</sup> y Sara Rosales González<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidad Autónoma de Nuevo León, Hospital Universitario "Dr. José Eleuterio González" de Monterrey, Servicio de Infectología Pediátrica.

<sup>2</sup>Hospital Regional Materno Infantil de Monterrey, Servicio de Infectología Pediátrica.

<sup>3</sup>UMAE Centro Médico Nacional de Occidente, Guadalajara. Departamento de Pediatría/Servicio de Infectología Pediátrica.

<sup>4</sup>Hospital Regional Materno Infantil de Monterrey, Calidad de Laboratorio.

<sup>5</sup>Centro Médico Nacional Siglo XXI, Departamento de Pediatría/Servicio de Infectología Pediátrica.

<sup>6</sup>Hospital Nuevo Civil de Guadalajara, Departamento de Pediatría/Servicio de Infectología Pediátrica.

<sup>7</sup>Christus Muguerza Alta Especialidad de Monterrey, Unidad de Vigilancia Epidemiológica.

<sup>8</sup>Hospital Infantil de Especialidades de Chihuahua, Departamento de Pediatría/Servicio de Infectología Pediátrica.

<sup>9</sup>Hospital Infantil de Especialidades de Chihuahua, Unidad de Vigilancia Epidemiológica.

<sup>10</sup>Christus Muguerza Alta Especialidad de Monterrey, Departamento de Patología Clínica.

<sup>11</sup>Christus Muguerza Sistemas de Salud, Gerente de Epidemiología y Control de Infecciones.

<sup>12</sup>Universidad Autónoma de Nuevo León, Hospital Universitario "Dr. José Eleuterio González", Departamento de Patología Clínica.

<sup>13</sup>Sistemas de Salud Christus Muguerza, Unidad de Vigilancia Epidemiológica.

<sup>14</sup>Sistemas de Salud Christus Muguerza, Departamento de Infectología.

Los autores declaran no tener conflictos de interés.

Financiamiento: sin financiamiento externo.

Recibido: 7 de mayo de 2024 / Aceptado: 8 de enero 2026

### Resumen

**Introducción:** Las infecciones del torrente sanguíneo (ITS) representan una causa importante de mortalidad en unidades de cuidados intensivos neonatales (UCIN). Los microorganismos del grupo ESKAPE han sido señalados como una amenaza crítica en salud pública, particularmente en población neonatal. **Objetivo:** Estimar la prevalencia anual y la resistencia antimicrobiana en las ITS causadas por patógenos del grupo ESKAPE en UCIN. **Métodos:** Estudio multicéntrico realizado en ocho UCIN de México, entre 2020 y 2024. Se incluyeron todos los hemocultivos positivos para *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Enterobacter* spp. Se realizaron pruebas de susceptibilidad antimicrobiana

### Abstract

**Introduction:** Bloodstream infections (BSIs) are a significant cause of mortality in neonatal intensive care units (NICUs). ESKAPE pathogens have been identified as a serious threat to public health, particularly among the neonatal population. **Objective:** To estimate the annual prevalence and antimicrobial resistance in BSIs caused by ESKAPE pathogens in NICUs. **Methods:** Multicenter study conducted in eight NICUs in Mexico between 2020 and 2024. All blood cultures positive for *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa*, and *Enterobacter* spp. were included. Standardized antimicrobial susceptibility tests were performed. The statistical analysis was performed using SPSS v. 24. **Results:** 1,355 BSI cases were identified.

### Correspondencia a:

Daniela Padilla Alanís  
danielpadillaa@gmail.com

estandarizadas. El análisis estadístico se realizó mediante SPSS V. 24. **Resultados:** Se identificaron 1.355 casos de ITS. *Staphylococcus aureus* mostró una resistencia a meticilina de 42,8% y *Enterococcus faecium* a vancomicina de 60%. Se observó resistencia a meropenem en 26,7% de las cepas de *A. baumannii* y 16,8% en *P. aeruginosa*. La resistencia a cefalosporinas de tercera generación fue de 60,6% en *K. pneumoniae* y 21% en *Enterobacter cloacae* complex. **Conclusión:** Los microorganismos del grupo ESKAPE presentaron niveles altos y sostenidos de resistencia antimicrobiana en neonatos. Estos resultados resaltan la necesidad de implementar programas de optimización de uso de antimicrobianos en México.

**Palabras clave:** resistencia antimicrobiana; unidades de cuidados intensivos neonatales; infecciones en neonatos; sepsis neonatal; ESKAPE; infecciones del torrente sanguíneo.

*Staphylococcus aureus* showed 42.8% resistance to methicillin, and *Enterococcus faecium* showed 60% resistance to vancomycin. Resistance to meropenem was noted in 26.7% of *A. baumannii* isolates and 16.8% of *P. aeruginosa* isolates. Third-generation cephalosporin resistance was detected in 60.6% of *K. pneumoniae* isolates and 21% of those belonging to the *Enterobacter cloacae* complex. **Conclusion:** ESKAPE pathogens showed high and sustained levels of antimicrobial resistance in newborns. These findings highlight the need for implementing antimicrobial optimization programs in Mexico.

**Keywords:** antimicrobial resistance; neonatal intensive care units; infection neonates; neonatal sepsis; ESKAPE; bloodstream infections.

## Introducción

Las infecciones de torrente sanguíneo (ITS) en recién nacidos representan una de las principales causas de hospitalización y muerte en la Unidad de Cuidados Intensivos Neonatales (UCIN)<sup>1,2</sup>. La sepsis neonatal tardía ocurre después de las 72 horas de vida y puede resultar tanto de la transmisión horizontal de patógenos desde el personal de salud y entorno hospitalario, como de la progresión de la colonización bacteriana adquirida al momento del nacimiento<sup>2,3</sup>. Los patógenos más frecuentes asociados a sepsis neonatal tardía son *Klebsiella* spp. (30%), *Escherichia coli* (16%) y *Staphylococcus aureus* (15%), algunos de los cuales pertenecen al grupo ESKAPE<sup>2,4</sup>.

Se estima que la resistencia antimicrobiana fue responsable de 1,27 millones de muertes en el mundo en el año 2019, contribuyendo a 4,95 millones de muertes asociadas, siendo una de las principales amenazas de salud pública. Los microorganismos del grupo ESKAPE- *Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Enterobacter* spp.- tienen capacidad para resistir la acción de los antimicrobianos a través de múltiples mecanismos de resistencia, generando un importante problema de salud pública<sup>5-7</sup>. Fuera de la población neonatal, la tasa de *Staphylococcus* spp. resistentes a meticilina reportada en México fue 87,5%, mientras que la resistencia a vancomicina de *Enterococcus* spp. alcanzó el 13,9%. *Acinetobacter baumannii* presentó resistencia a carbapenémicos de 85,7%, *Pseudomonas* difícil de tratar (DTR) 8,9% y *Enterobacterales* menor a 3% en población general. No existen tasas específicas de estos patógenos en población neonatal en Latinoamérica<sup>8</sup>.

Un estudio publicado por *Global Burden of Bacterial Antimicrobial Resistance Collaborators 2021* destaca una mortalidad neonatal mayor asociada a microorganismos multi-resistentes en comparación con otros grupos etarios<sup>9</sup>. Aunque los patógenos del grupo ESKAPE fueron inicialmente descritos en población pediátrica, el impacto específico en neonatos ha sido reconocido en los últimos años con mayor frecuencia. En las UCIN, los recién nacidos presentan factores de riesgo únicos como la inmadurez inmunológica, peso bajo al

nacimiento, hospitalizaciones prolongadas y alta frecuencia de uso de dispositivos invasivos, lo que los hacen particularmente susceptibles a infecciones por bacterias multi-resistentes<sup>10</sup>. La emergencia de estos microorganismos limita las opciones terapéuticas y se asocia a estancias hospitalarias prolongadas, incremento de costos y mayores tasas de mortalidad<sup>11-13</sup>. Esta tendencia global refuerza la necesidad de caracterizar la situación local de resistencia antimicrobiana en neonatos para optimizar las estrategias terapéuticas.

## Objetivos

Estimar la prevalencia anual y analizar la resistencia a antimicrobianos de importancia crítica en ITS causadas por patógenos del grupo ESKAPE aislados en hemocultivos de neonatos atendidos en UCIN en México, durante el periodo de 2020 a 2024.

## Material y Métodos

Estudio multicéntrico transversal en ocho UCIN de cinco diferentes estados de México, todas pertenecientes a hospitales de referencia de tercer nivel ubicados en ciudades capitales, durante el periodo de 2020 a 2024. El análisis incluyó los aislados obtenidos entre enero 2020 y julio 2024. Se incluyeron a todos los hemocultivos positivos con aislamientos de *E. faecium*, *S. aureus*, *K. pneumoniae*, *A. baumannii*, *P. aeruginosa* y *Enterobacter* spp. Se utilizaron frascos de hemocultivo VersaTREK™ REDOX™ 1 para inocular las muestras sanguíneas obtenidas, que posteriormente fueron incubadas en el sistema automatizado de detección microbiana VersaTREK™. La identificación de los microorganismos se realizó en cada centro utilizando, según la disponibilidad de recursos, con el sistema VITEK™ o MALDI-TOF MS. Las pruebas de susceptibilidad antimicrobiana se realizaron con el sistema microSCAN WalkAway, utilizando las concentraciones inhibitorias mínimas (CIM) según los criterios del *Clinical and Laboratory Standards Institute* (CLSI).

Definimos como periodo neonatal los primeros 30 días de vida extrauterina e ITS como el aislamiento de un único patógeno bacteriano en un hemocultivo de pacientes con más de 72 horas de estancia hospitalaria. Los diagnósticos incluidos fueron casos de sepsis neonatal tardía por patógenos del grupo ESKAPE, asociada o no a dispositivos médicos. Se excluyeron los hemocultivos de pacientes con diagnóstico de sepsis neonatal temprana, debido a que suele estar asociada a microorganismos transmitidos por vía vertical o adquiridos en la comunidad. También se excluyeron aislados correspondientes a patógenos no pertenecientes al grupo ESKAPE, hemocultivos polimicrobianos y aislamientos duplicados del mismo episodio infeccioso.

Se recolectaron los antibiogramas de todos los hemocultivos positivos al grupo ESKAPE, y posteriormente se realizó un análisis descriptivo mediante frecuencias absolutas y proporciones para variables categóricas. Se estimó la prevalencia anual de resistencia antimicrobiana para cada combinación de microorganismo y antimicrobiano, utilizando como denominador el total de cultivos positivos del grupo ESKAPE. Se analizaron combinaciones específicas de microorganismo-antimicrobiano seleccionadas según su relevancia clínica y epidemiológica en ITS neonatal. Para *S. aureus* se evaluó resistencia a meticilina y para *E. faecium* a vancomicina. Para *P. aeruginosa* y *A. baumannii* se estimó la resistencia a meropenem, y para *Enterobacter cloacae* complex y *K. pneumoniae* a ceftriaxona.

Para comparar las proporciones de resistencia para el grupo ESKAPE entre los distintos años, se utilizó la prueba de chi cuadrado, considerando como estadísticamente significativo un valor de  $p < 0,05$ . Los datos fueron analizados con el software IBM SPSS, versión 24.

## Resultados

Se identificaron 1.355 casos de bacteriemia por patógenos del grupo ESKAPE, siendo el año 2022 el de mayor número de aislados con 30,5% ( $n = 414$ ) del total de casos, seguido por el año 2023 con 24% ( $n = 325$ ); 2021 con 22,2% ( $n = 301$ ); 2020 con 18,4% ( $n = 249$ ) y 2024 con 4,9% ( $n = 66$ ). El menor número de aislados en el 2024 se debió que el periodo de recolección incluyó solo los primeros siete meses del año. Del grupo ESKAPE, el microorganismo identificado con mayor frecuencia fue *K. pneumoniae*, representando 40,7% ( $n = 551$ ), seguido por *S. aureus* con 17,4% ( $n = 236$ ), *P. aeruginosa* 14,9% ( $n = 202$ ), *E. cloacae* complex 14% ( $n = 190$ ), *A. baumannii* 10,8% ( $n = 146$ ) y *E. faecium* 2,2% ( $n = 30$ ) (Figura 1).

En relación con el perfil de susceptibilidad a antimicrobianos, *K. pneumoniae* presentó una resistencia a cefalosporinas de tercera generación de 68,4% ( $67/98$ ) en

2020 y de 68,8% ( $99/144$ ) en 2021. En 2022 se aislaron 155 cepas, con una resistencia de 41,9% ( $65/155$ ). En 2023 se identificaron 126 aislamientos, con 65,9% de resistencia ( $83/126$ ), y en 2024 se aislaron 28 cepas, con resistencia de 71,4% ( $20/28$ ). El análisis mostró diferencias estadísticamente significativas en la prevalencia de resistencia a través de los años ( $\chi^2 = 31,94$ ,  $p < 0,001$ ) (Tabla 1 y Figura 2).

El complejo *E. cloacae* representó 14% ( $n = 190$ ) de los casos, con resistencia a cefalosporinas de tercera generación de 21% ( $n = 40$ ). En el año 2020 la resistencia a cefalosporinas de tercera generación fue 20% ( $n = 6/30$ ), 17,9% ( $n = 7/39$ ) en 2021 y 19,2% ( $n = 14/73$ ) en 2022. *Enterobacter cloacae* complex presentó un incremento en resistencia a 35,5% ( $n = 11/31$ ) en 2023 y un resultado parcial de 11,8% ( $n = 2/17$ ) en el 2024. El análisis no mostró diferencias estadísticamente significativas en la prevalencia anual de resistencia. ( $\chi^2 = 5,17$ ,  $p = 0,27$ ).

En cuanto a los bacilos gramnegativos no fermentadores, los aislados de *P. aeruginosa* representaron 14,9% ( $n = 202$ ), identificándose resistencia a carbapenémicos en 16,8% ( $n = 34$ ). En el año 2020, 7,9% ( $n = 3/38$ ) fueron resistentes a meropenem, 21,1% en 2021 ( $n = 8/38$ ), 28,1% ( $n = 16/57$ ) en 2022, 8,3% ( $n = 5/60$ ) en 2023 y 22,2% en 2024 ( $n = 2/9$ ). El análisis mostró diferencias estadísticamente significativas en la prevalencia de resistencia a lo largo de los años ( $\chi^2 = 11,08$ ,  $p = 0,026$ ).

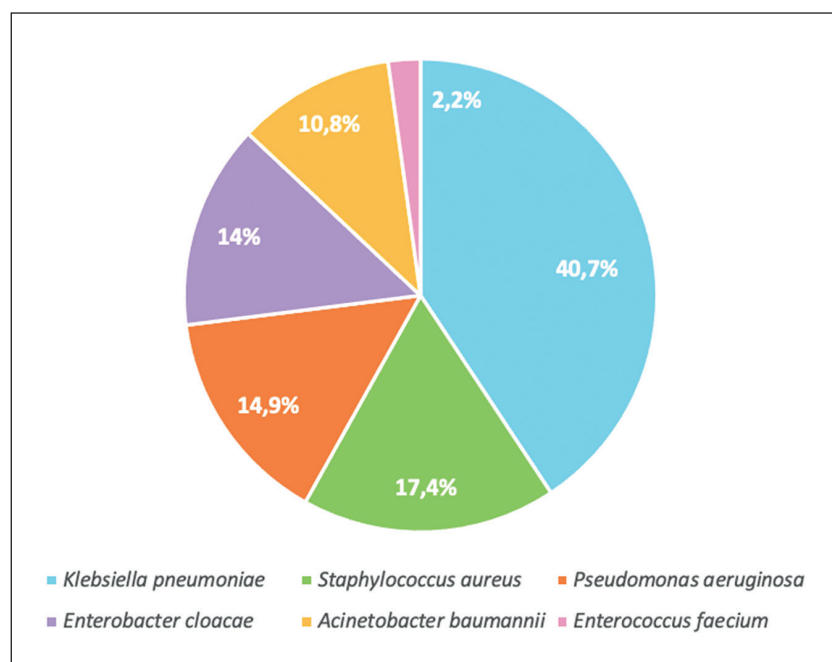
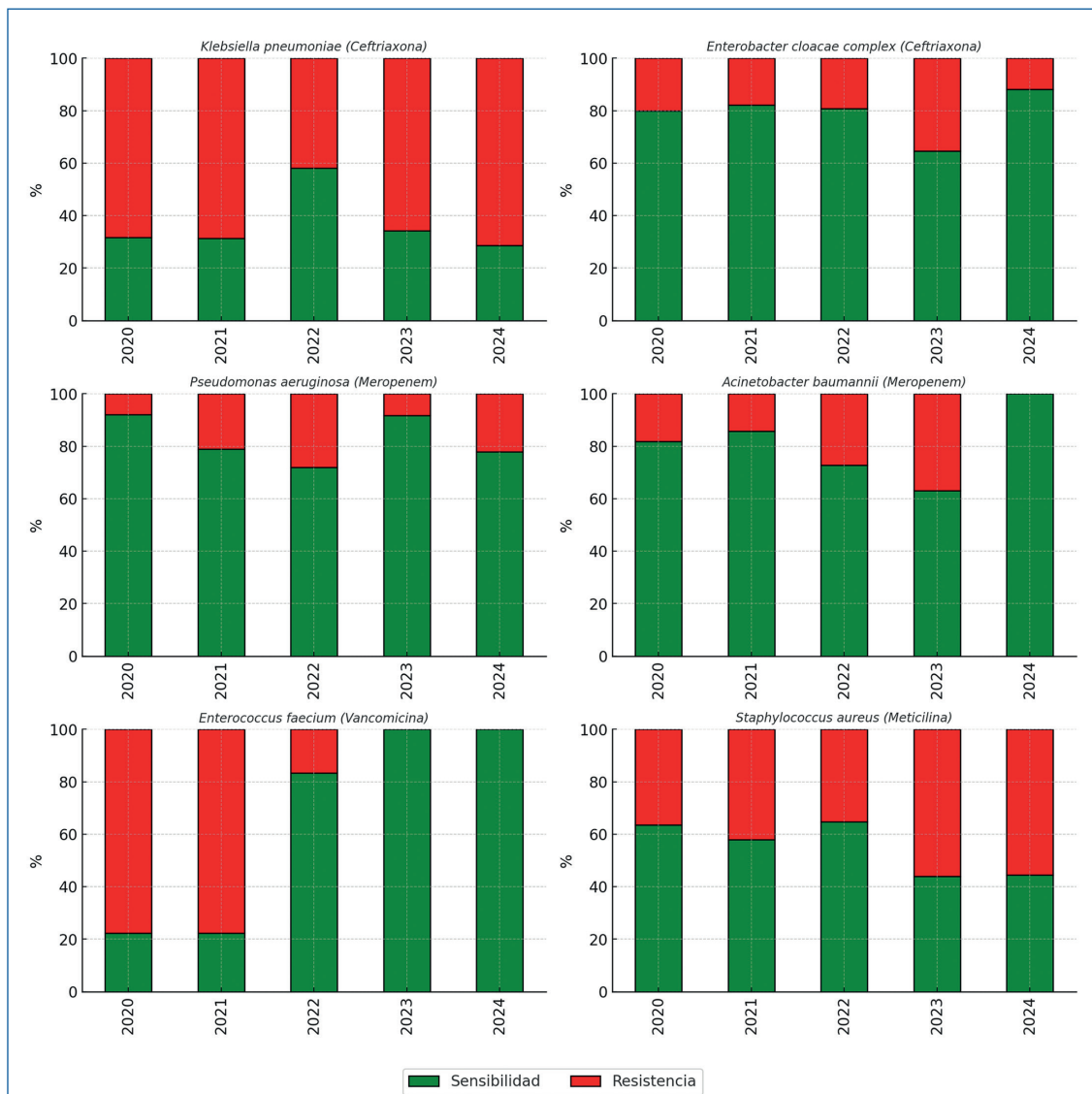


Figura 1. Distribución de microorganismos del grupo ESKAPE identificados desde hemocultivos en UCIN de México, entre 2020 y 2024.

**Tabla 1. Perfil de resistencia de microorganismos del grupo ESKAPE identificados desde hemocultivos en UCIN de México, entre 2020 y 2024**

Microorganismo	Total de aislados	2020 n (%)	2021 n (%)	2022 n (%)	2023 n (%)	2024 n (%)	Prevalencia y patrón de resistencia n (%)
<i>Enterococcus faecium</i>	30	7/9 (77,8)	7/9 (77,8)	1/6 (16,7)	0/5 (0)	0/1 (0)	15/30 (50) Resistencia a vancomicina
<i>Staphylococcus aureus</i>	236	19/52 (36,5)	21/50 (42)	24/68 (35,3)	32/57 (56,1)	5/9 (55,6)	101/236 (42,7) Resistencia a meticilina
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	551	67/98 (68,4)	99/144 (68,8)	65/155 (41,9)	83/126 (65,9)	20/28 (71,4)	334/551 (60,6) Resistencia a cefalosporinas de 3° generación
<i>Acinetobacter baumannii</i>	146	4/22 (18,2)	3/21 (14,3)	15/55 (27,3)	17/46 (37)	0/2 (0)	39/146 (26,7) Resistencia a meropenem
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	202	3/38 (7,9)	8/38 (21,1)	16/57 (28,1)	5/60 (8,3)	2/9 (22,2)	34/202 (16,8) Resistencia a meropenem
<i>Enterobacter cloacae complex</i>	190	6/30 (20)	7/39 (17,9)	14/73 (19,2)	11/31 (35,5)	2/17 (11,8)	40/190 (21) Resistencia a cefalosporinas de 3° generación



**Figura 2.** Proporciones de resistencia antimicrobiana por año de microorganismos del grupo ESKAPE identificados desde hemocultivos en UCIN de México, entre 2020 y 2024.

*Acinetobacter baumannii* se informó resistente a meropenem en 26,7% (n = 39) de los casos, a ceftazidima en 17,8% (n = 26) y a cefepime en 20,5% (n = 30). La resistencia a meropenem fue 18,2% (n = 4/22) en 2020, 14,3% (n = 3/21) en 2021, 27,3% (n = 15/55) en 2022, 37% (n = 17/46) en 2023 y 0% (n = 0/2) en 2024. El análisis no mostró diferencias estadísticamente significativas en la prevalencia de resistencia en los años estudiados ( $\chi^2 = 8,22$ , p = 0,084).

De los 236 casos documentados de bacteriemia por *S. aureus*, se encontró que 42,7% (n = 101) fueron resistentes a meticilina. La prevalencia de *S. aureus* resistente a meticilina incrementó en el transcurso de los años, encontrando en 2020 36% (n = 19/52), 42% (n = 21/50) en 2021, 35,3% (n = 24/68) en 2022, 56,1% (n = 32/57) en 2023 y 55,6% (n = 5/9) en 2024. Se observaron aislados de *S. aureus* con CIM > 2 µg/ml a vancomicina el año 2020 un 9,6% (n = 5/52), 10% (n = 5/50) en 2021, 11,8% (n = 8/68) en 2022, 3,5% (n = 2/57) en 2023 y 11,1% (n = 1/9) en el año 2024. El análisis no mostró diferencias estadísticamente significativas en la prevalencia de resistencia en los distintos años ( $\chi^2 = 7,25$ , p = 0,128).

Los aislados de *E. faecium* mostraron una alta resistencia a ampicilina, 60% (n = 18) y a vancomicina 50% (n = 15), mientras la resistencia a linezolid fue 10% (n = 3). Aunque se observó una disminución porcentual en la resistencia a vancomicina (77,8% en 2020 a 0% en 2023 y 2024) y a ampicilina (88,9% en 2020 a 0% en 2024), los números absolutos fueron muy bajos, por lo que no se realizó un análisis de tendencia estadísticamente válido. Se encontró resistencia a vancomicina en 77,8% (n = 7/9) en el año 2020 y 2021. En el 2022 fue 16,7% (n = 1/6) y no se encontró resistencia a vancomicina en los años 2023 y 2024. De manera similar, la proporción de resistencia a ampicilina disminuyó de 88,9% (n = 8/9) en 2020, 77,8% (n = 7/9) en 2021, 33,3% (n = 2/6) en 2022, 20% (n = 1/5) en el 2023 y 0% (n = 0/1) en el 2024, sin embargo, al igual que vancomicina, para ampicilina los números absolutos fueron muy bajos, por lo que no se realizó un análisis de tendencia.

## Discusión

En el presente estudio se estimó la resistencia a antimicrobianos marcadores seleccionados en patógenos del grupo ESKAPE aislados en ocho UCIN de México. Las bacteriemias en recién nacidos, una población particularmente vulnerable debido a la inmadurez de su sistema inmunológico y a la frecuente exposición a procedimientos invasivos en unidades de cuidados intensivos, han sido escasamente estudiada en países de América Latina. Esto hace relevante conocer los perfiles de resistencia antimicrobiana en este entorno, con el fin de optimizar las

estrategias terapéuticas y sustentar, de forma urgente, la implementación de programas de optimización del uso de antimicrobianos en la región.

En este estudio encontramos que *K. pneumoniae* fue el patógeno que con mayor frecuencia se aisló en bacteriemias en recién nacidos. Este hallazgo coincide con lo publicado por Rouhi y cols. en Marruecos, donde encontraron una resistencia a cefalosporinas de tercera generación de 97%<sup>14</sup>, y con lo reportado por Garza y cols, que identificaron una resistencia a cefalosporinas de tercera generación de 66,5%<sup>15</sup>. Sin embargo, Zhang y cols. en China, describieron que en su población neonatal en el transcurso de cinco años de estudio predominaron las bacterias grampositivas (69,4%) como principal causante de las infecciones de torrente sanguíneo<sup>1</sup>. Esto refleja la importancia de conocer el patrón de resistencia antimicrobiana específico de cada unidad hospitalaria y región debido a su notable variación.

En cuanto a *E. cloacae* complex, la resistencia a cefalosporinas de tercera generación en este estudio fue 21%. En un estudio realizado por Naas y cols. en UCIN, encontraron que 16/20 (80%) aislados de *E. cloacae* presentaron resistencia mediada por la expresión de β-lactamasas cromosómicas, siendo una alta prevalencia en ese contexto<sup>16</sup>. El complejo *E. cloacae* es un patógeno oportunista causante de infecciones nosocomiales, donde la presión selectiva sobre el uso de antimicrobianos induce resistencia antimicrobiana. La resistencia observada a cefalosporinas de tercera generación en *E. cloacae* está relacionada con la sobreexpresión o desrepresión de β-lactamasas AmpC, mecanismo reconocido como una de las principales causas intrínsecas de resistencia de este género.

En relación a la resistencia de *S. aureus*, en nuestro estudio encontramos una tasa de resistencia a meticilina de 42,7%, lo cual contrasta con lo reportado por Rouhi y cols., quienes no documentaron casos de resistencia a meticilina<sup>14</sup>. Este hallazgo tiene relevancia clínica ya que infecciones neonatales por *S. aureus* resistente a meticilina conlleva el uso de fármacos con alto riesgo de toxicidad y necesidad de monitorización terapéutica estrecha.

La resistencia a carbapenémicos en *P. aeruginosa* representa un desafío terapéutico en el entorno neonatal. En este estudio se identificó una resistencia de 16,8%, cifra inferior a la reportada en otras regiones, pero clínicamente relevante por considerarse antimicrobianos de última línea. En el estudio NeoSEAP, se encontró que *P. aeruginosa* fue responsable de 6,3% de las bacteriemias en neonatos, con tasas de resistencia a carbapenémicos cercanas a 30%, lo que evidencia una tendencia persistente de resistencia a estos antimicrobianos en esta población. Estos hallazgos coinciden con la evidencia internacional que documenta un incremento sostenido de cepas multi-resistentes en UCIN, donde la presión selectiva por el

uso prolongado de antimicrobianos y la posibilidad de transmisión cruzada contribuyen a la diseminación de estos patógenos<sup>17</sup>.

En una UCIN en Bangladesh, Akter y cols. identificaron a *A. baumannii* como uno de los principales agentes de bacteriemia en población neonatal, con una resistencia a carbapenémicos de 53% y a cefalosporinas de tercera generación del 96%<sup>18</sup>. Estos hallazgos contrastan con nuestro estudio, donde la resistencia a carbapenémicos fue menor. De manera similar, un análisis multicéntrico realizado por Yang y cols. en Latinoamérica mostró que la resistencia a carbapenémicos en *A. baumannii* aumentó de 42,7% en los periodos 2011-2015 a 50,3% en 2016-2020<sup>19</sup>. En nuestro estudio encontramos una resistencia a carbapenémicos de 26,7% para este patógeno, confirmando la presencia de mecanismos de resistencia que comprometen la efectividad de estos fármacos en nuestro medio.

Además, en el presente estudio encontramos en *E. faecium* una resistencia elevada a vancomicina (50%). Estos resultados son consistentes con los encontrados en diversos estudios, incluyendo el reporte de la ECDC, donde se reportaron tasas de resistencia a vancomicina en *E. faecium* de hasta 60%, según la región, siendo mayores en unidad de cuidados intensivos<sup>20</sup>. Además diversos estudios en América y Asia también han documentado un patrón similar de resistencia por lo que las infecciones por *E. faecium* se han convertido en un desafío terapéutico.

En nuestro estudio de prevalencia de microorganismos del grupo ESKAPE en población neonatal, se observó un predominio de bacilos gramnegativos. Entre ellos, *K. pneumoniae* fue el microorganismo más frecuentemente aislado, con una resistencia a cefalosporinas de tercera generación del 60,6%, seguida de *A. baumannii* con re-

sistencia de 26,7% a meropenem. Aunque esta proporción es menor a lo descrito en otras regiones, continúa siendo clínicamente significativa y evidencia la presión selectiva ejercida por el uso de antimicrobianos de amplio espectro en este entorno. El estudio multicéntrico NeoSEAP reportó que los patógenos del grupo ESKAPE, responsables de la mayoría de las infecciones de torrente sanguíneo en neonatos, fueron de predominio bacilos gramnegativos, con tasas de resistencia particularmente elevadas<sup>17</sup>. En dicho análisis *Klebsiella* spp. presentó 86,7% de resistencia a cefalosporinas de tercera generación y 17,1% a carbapenémicos, mientras que en *Acinetobacter* spp. hubo 76,5% de resistencia a carbapenémicos. Estos hallazgos respaldan que la resistencia a bacilos gramnegativos del grupo ESKAPE constituye una amenaza prioritaria en la población neonatal.

Una limitación de nuestro estudio fue el menor número de aislados registrados durante el año 2024, debido a que dicho año incluyó un periodo parcial de recolección de enero a julio. Esta situación podría subestimar la proporción anual de aislados y debe considerarse como un posible sesgo de representatividad temporal al comparar las tendencias entre los años.

## Conclusiones

Este estudio proporciona información relevante en relación a los perfiles de resistencia antimicrobiana detectada en microorganismos del grupo ESKAPE en UCIN. Estos resultados refuerzan la necesidad de contar con programas de optimización del uso de antimicrobianos, con el fin de contener la resistencia y mejorar los desenlaces clínicos en la población neonatal en México.

## Referencias bibliográficas

- Zhang X, Li Y, Tao Y, Ding Y, Shao X, Li W. Epidemiology and drug resistance of neonatal bloodstream infection pathogens in East China Children's Medical Center from 2016 to 2020. *Front Microbiol* 2022; 13: 820577. doi: 10.3389/fmicb.2022.820577
- Samayam P, Ravichander B. Clinical features and bacteriological profile of late onset sepsis. *Int J Contemp Pediatr* 2017; 4: 361-4. doi:10.18203/2349-3291.ijcp20170068
- Ericson JE, Agthe AG, Weitkamp JH. Late-Onset Sepsis: Epidemiology, microbiology, and controversies in practice. *Clin Perinatol* 2025; 52: 33-45. doi:10.1016/j.clp.2024.10.003
- Harrison ML, Dickson BFR, Sharland M, Williams PCM. Beyond early- and late-onset neonatal sepsis definitions: what are the current causes of neonatal sepsis globally? A systematic review and meta-analysis of the evidence. *Pediatr Infect Dis J* 2024; 43: 1182-90. doi: 10.1097/INF.0000000000004485
- Mulani MS, Kamble EE, Kumkar SN, Tawre MS, Pardesi KR. Emerging strategies to combat ESKAPE pathogens in the era of antimicrobial resistance: a review. *Front Microbiol* 2019; 10: 539. doi: 10.3389/fmicb.2019.00539
- Santajit S, Sookrung N, Indrawattana N. Quorum sensing in ESKAPE bugs: a target for combating antimicrobial resistance and bacterial virulence. *Biology (Basel)* 2022; 11: 1466. doi: 10.3390/biology11101466.
- Pandey R, Mishra SK, Shrestha A. Characterisation of ESKAPE pathogens with special reference to multidrug resistance and biofilm production in a Nepalese hospital. *Infect Drug Resist* 2021; 14: 2201-12. doi: 10.2147/IDR.S306688.
- Camacho-Ortiz A, Flores-Treviño S, Bocanegra-Ibarias P. Prevalence of difficult-to-treat resistance in ESKAPE pathogens in a third-level hospital in Mexico. *Infect Prev Pract* 2024; 7: 100426. doi: 10.1016/j.infpip.2024.100426.
- GBD 2021 Antimicrobial Resistance Collaborators. Global burden of bacterial antimicrobial resistance 1990-2021: a systematic analysis with forecasts to 2050. *Lancet* 2024; 404: 1199-226. doi:10.1016/S0140-6736(24)01867-1
- Manandhar S, Amatya P, Ansari I, Joshi N, Maharjan N, Dongol S, et al. Risk factors for the development of neonatal sepsis in a neonatal intensive care unit of a tertiary care hospital of Nepal. *BMC Infect Dis* 2021; 21: 546. doi: 10.1186/s12879-021-06261-x.
- Murray CJ, Ikuta KS, Sharara F, Swetschinski L, Robles Aguilar G, Gray A, et al. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in

- 2019: a systematic analysis. *Lancet* 2022; 399: 629-55. doi: 10.1016/S0140-6736(21)02724-0
12. Woh PY, Zhang X. The burden of ESKAPE pathogen-related hospital-acquired infections: clinical and financial perspective from a systematic review. *J Hosp Infect* 2025; 162: 377- 85. doi: 10.1016/j.jhin.2025.06.006
  13. Zhen X, Lundborg CS, Sun X, Hu X, Dong H. Economic burden of antibiotic resistance in ESKAPE organisms: a systematic review. *Antimicrob Resist Infect Control* 2019; 8: 137. doi: 10.1186/s13756-019-0590-7.
  14. Rouhi S, Nachate S, Lamrani Hanchi A, Bennaoui F, Slitine N, FMR Maouanine, et al. Neonatal septicemia: clinical and epidemiological features. *Saudi J Pathol Microbiol* 2022; 7: 180-5. doi: 10.36348/sjpm.2022.v07i04.005
  15. Garza-González E, Morfín-Otero R, Mendoza-Olazarán S, Bocanegra-Ibarias P, Flores-Treviño S, Rodríguez-Noriega E, et al. A snapshot of antimicrobial resistance in Mexico: results from 47 centers from 20 states during a six-month period. *PLoS One* 2019; 14: e0209865. doi: 10.1371/journal.pone.0209865.
  16. Naas T, Cuzon G, Robinson AL, Andrianirina Z, Imbert P, Ratsima E, et al. Neonatal infections with multidrug-resistant ESBL-producing *Enterobacter cloacae* and *Klebsiella pneumoniae* in neonatal units of two hospitals in Antananarivo, Madagascar. *BMC Infect Dis* 2016; 16: 275. doi: 10.1186/s12879-016-1580-5
  17. Dickson BFR, Harrison M, Villanueva-Uy MET, Putri ND, Adrizain R, Kartina L, et al. Pathogen distribution and antimicrobial resistance among neonatal bloodstream infections in Southeast Asia: results from NeoSEAP, a multicentre retrospective study. *Lancet Reg Health West Pac* 2025; 62:101617. doi: 10.1016/j.lanwpc.2025.101617
  18. Akter M, Jahan N, Islam MN, Chowdhury F, Hoque SM, Khanom S, et al. Multidrug-resistant *Acinetobacter* spp. bloodstream infection in a neonatal intensive care unit of an urban specialized hospital in Dhaka. *J Dhaka Med Coll* 2016; 24: 47-52. doi: 10.3329/jdmc.v24i1.29563
  19. Yang Q, Kamat S, Mohamed N, Valdez RR, Lin S, Su M, et al. Antimicrobial susceptibility among Gram-negative isolates in pediatric patients in Latin America, Africa-Middle East, and Asia from 2016-2020 compared to 2011-2015: results from the ATLAS Surveillance Study. *J Pediatric Infect Dis Soc* 2023; 12: 459-70. doi: 10.1093/jpids/piad055.
  20. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). Antimicrobial resistance in the EU/EEA (EARS-Net) - Annual Epidemiological Report 2022. Stockholm: ECDC; 2023. <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/antimicrobial-resistance-annual-epidemiological-report-EARS-Net-2023.pdf>