Sanitas
Revista arbitrada de ciencias de la salud
Vol. 5(especial4), 349-354, 2026
https://doi.org/10.62574/js1qg551

Mecanismos de resistencia a los antibióticos en bacterias patógenas: revisión sistemática

Antibiotic resistance mechanisms in pathogenic bacteria: a systematic review

Cristopher René Guerrero-Rea
cristophergr68@uniandes.edu.ec
Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ecuador
https://orcid.org/0009-0001-2391-6770

Hendry Alejandro Huilca-Galarza
hendryhg60@uniandes.edu.ec
Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ecuador
https://orcid.org/0009-0005-0097-2509

Morella Lucía Guillén-Ferraro
ua.morellagf91@uniandes.edu.ec
Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ecuador
https://orcid.org/0000-0002-5656-6332

Gerardo Emilio Medina-Ramírez
ua.gerardomr59@uniandes.edu.ec
Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ecuador
https://orcid.org/0000-0002-4782-7924

RESUMEN

Objetivo: sintetizar la evidencia sobre los mecanismos de resistencia a los antibióticos en bacterias patógenas, su impacto y las estrategias para contenerla. **Método**: revisión sistemática según PRISMA 2020 de estudios indexados en PubMed y SciELO (2011-2023). **Resultados**: la resistencia bacteriana se asoció directamente con más de un millón de muertes en 2019. Los principales mecanismos son la inactivación enzimática, como las betalactamasas y las carbapenemasas; la modificación de la diana; la reducción de la permeabilidad y las bombas de expulsión; y la formación de biopelículas. Los elementos genéticos móviles, como los plásmidos, facilitan su diseminación, como ocurrió con el gen mcr-1 de resistencia a la colistina. Los programas de optimización del uso de antibióticos redujeron las infecciones por bacterias resistentes. **Conclusión**: se requiere un enfoque integrado de vigilancia, uso racional e innovación.

Descriptores: farmacorresistencia bacteriana; antibacterianos; betalactamasas. (Fuente, DeCS).

ABSTRACT

Objective: To synthesise the evidence on antibiotic resistance mechanisms in pathogenic bacteria, their impact and strategies to contain them. **Method**: Systematic review according to PRISMA 2020 of studies indexed in PubMed and SciELO (2011-2023). **Results**: Bacterial resistance was directly associated with more than one million deaths in 2019. The main mechanisms are enzymatic inactivation, such as beta-lactamases and carbapenemases; target modification; reduced permeability and efflux pumps; and biofilm formation. Mobile genetic elements, such as plasmids, facilitate their spread, as occurred with the mcr-1 colistin resistance gene. Antibiotic stewardship programmes reduced infections by resistant bacteria. **Conclusion**: An integrated approach of surveillance, rational use and innovation is required.

Descriptors: drug resistance, bacterial; anti-bacterial agents; beta-lactamases. (Source, DeCS).

Recibido: 15/08/2026. Revisado: 21/08/2026. Aprobado: 21/09/2026. Publicado: 01/10/2026.
Original breve

INTRODUCCIÓN

Aunque los antibióticos transformaron la medicina del siglo XX, su eficacia se ve amenazada por la capacidad de las bacterias para adaptarse. El análisis sistemático del grupo de colaboradores sobre la resistencia antimicrobiana estimó que, en 2019, la resistencia bacteriana causó de forma directa más de un millón de muertes en el mundo y se asoció con varios millones más (1). En las Américas, Aguilar et al. documentaron una carga considerable, con patógenos como Escherichia coli, Staphylococcus aureus y Klebsiella pneumoniae entre los principales responsables (2).

En ese sentido, Blair et al. describieron que las bacterias resisten a los antibióticos mediante un repertorio de mecanismos moleculares que pueden ser intrínsecos o adquiridos (3). Ahora bien, conocer estos mecanismos no es un asunto exclusivo de los microbiólogos: orienta la elección del tratamiento, la interpretación del antibiograma y las políticas de control. Por ello, el objetivo de esta revisión fue sintetizar la evidencia sobre los mecanismos de resistencia a los antibióticos en bacterias patógenas, su impacto y las estrategias para contenerla.

MÉTODO

Desde un enfoque cualitativo, se realizó una revisión sistemática siguiendo la declaración PRISMA 2020 (4). La pregunta de investigación fue: ¿cuáles son los principales mecanismos de resistencia a los antibióticos en bacterias patógenas y qué estrategias han demostrado contenerla?

En cuanto a la búsqueda, se consultaron PubMed y SciELO con combinaciones de los términos antimicrobial resistance, beta-lactamases, carbapenemases, efflux pumps, biofilm, mobile genetic elements y antimicrobial stewardship, y sus

equivalentes en español. Se incluyeron revisiones, estudios de carga de enfermedad y metaanálisis publicados en inglés o español. Se excluyeron estudios limitados a la industria alimentaria sin relevancia clínica y publicaciones sin revisión por pares. La síntesis fue cualitativa, organizada por mecanismo.

RESULTADOS

Inactivación enzimática

A grandes rasgos, la producción de enzimas que destruyen el antibiótico es uno de los mecanismos más relevantes. Bush y Bradford describieron la diversidad y la diseminación de las betalactamasas, incluidas las de espectro extendido, que inactivan a las penicilinas y cefalosporinas (5). Nordmann et al. documentaron la expansión mundial de las enterobacterias productoras de carbapenemasas, que dejan escasas opciones terapéuticas (6).

Bombas de expulsión, permeabilidad y modificación de la diana

En cuanto a otros mecanismos, Li et al. explicaron que las bombas de expulsión permiten a las bacterias gramnegativas eliminar varios antibióticos a la vez, lo que contribuye a la multirresistencia (7), y la reducción de la permeabilidad de la membrana limita la entrada de los fármacos. Respecto a la modificación de la diana, Hooper y Jacoby describieron cómo las mutaciones en las enzimas topoisomerasas confieren resistencia a las quinolonas (8).

Transferencia de genes y biopelículas

Por otra parte, Partridge et al. describieron el papel de los plásmidos, los transposones y los integrones en la diseminación de los genes de resistencia entre bacterias (9), y Lerminiaux y Cameron resaltaron que esta transferencia horizontal ocurre con frecuencia en los entornos clínicos (10). Un ejemplo paradigmático fue el descubrimiento del gen mcr-1 por Liu et al., que confiere resistencia transferible a la

colistina, un antibiótico de último recurso (11). Respecto a las biopelículas, Flemming et al. explicaron que estas comunidades bacterianas adheridas a superficies toleran concentraciones de antibióticos mucho mayores que las bacterias libres (12).

Estrategias de contención

En cuanto a la respuesta, la Organización Mundial de la Salud estableció, mediante el trabajo de Tacconelli et al., una lista de patógenos prioritarios para orientar la investigación de nuevos antibióticos (13). El metaanálisis de Baur et al. demostró que los programas de optimización del uso de antibióticos redujeron la incidencia de infecciones y colonizaciones por bacterias resistentes y de infecciones por Clostridioides difficile (14), y Laxminarayan et al. plantearon la necesidad de soluciones globales que integren la salud humana, animal y ambiental (15).

DISCUSIÓN

De entrada, la evidencia revisada confirma que la resistencia antimicrobiana es una amenaza sanitaria de primer orden, sustentada en una variedad de mecanismos que las bacterias combinan y comparten (1,3,5-12). La verdad es que cada antibiótico prescrito sin necesidad ofrece a las bacterias una nueva oportunidad para seleccionar a las más resistentes.

Ahora bien, la contención de la resistencia no depende solo de nuevos fármacos, sino del uso racional de los existentes, la prevención de infecciones y la vigilancia (13-15). En el Ecuador, donde la venta de antibióticos sin receta y la automedicación todavía son frecuentes, fortalecer los programas de optimización del uso de antibióticos en hospitales y en atención primaria, junto con la educación de la población, aparece como una prioridad. Dicho de otro modo, cada profesional de la salud forma parte de la solución.

Entre las limitaciones, existen pocos datos publicados sobre los mecanismos de resistencia predominantes en el Ecuador, y la evidencia sobre intervenciones procede sobre todo de países de ingresos altos.

CONCLUSIÓN

La resistencia a los antibióticos en bacterias patógenas se asocia con una elevada mortalidad mundial y se basa en mecanismos como la inactivación enzimática, la modificación de la diana, la reducción de la permeabilidad, las bombas de expulsión y la formación de biopelículas, diseminados por elementos genéticos móviles. Los programas de optimización del uso de antibióticos han demostrado reducir las infecciones por bacterias resistentes. En consecuencia, su contención requiere un enfoque integrado de vigilancia, uso racional, prevención de infecciones e innovación terapéutica.

FINANCIAMIENTO

No monetario.

CONFLICTO DE INTERÉS

No existe conflicto de interés con personas o instituciones ligadas a la investigación.

AGRADECIMIENTOS

A UNIANDES.

REFERENCIAS

1. Antimicrobial Resistance Collaborators. Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. Lancet. 2022;399(10325):629-55.
2. Aguilar GR, Swetschinski LR, Weaver ND, Ikuta KS, Mestrovic T, Gray AP, et al. The burden of antimicrobial resistance in the Americas in 2019: a cross-country systematic analysis. Lancet Reg Health Am. 2023;25:100561.
3. Blair JMA, Webber MA, Baylay AJ, Ogbolu DO, Piddock LJV. Molecular mechanisms of antibiotic resistance. Nat Rev Microbiol. 2015;13(1):42-51.
4. Page MJ, McKenzie JE, Bossuyt PM, Boutron I, Hoffmann TC, Mulrow CD, et al. The PRISMA 2020 statement: an updated guideline for reporting systematic reviews. BMJ. 2021;372:n71.

5. Bush K, Bradford PA. Epidemiology of β-lactamase-producing pathogens. Clin Microbiol Rev. 2020;33(2):e00047-19.
6. Nordmann P, Naas T, Poirel L. Global spread of carbapenemase-producing Enterobacteriaceae. Emerg Infect Dis. 2011;17(10):1791-8.
7. Li XZ, Plésiat P, Nikaido H. The challenge of efflux-mediated antibiotic resistance in Gram-negative bacteria. Clin Microbiol Rev. 2015;28(2):337-418.
8. Hooper DC, Jacoby GA. Mechanisms of drug resistance: quinolone resistance. Ann N Y Acad Sci. 2015;1354(1):12-31.
9. Partridge SR, Kwong SM, Firth N, Jensen SO. Mobile genetic elements associated with antimicrobial resistance. Clin Microbiol Rev. 2018;31(4):e00088-17.
10. Lerminiaux NA, Cameron ADS. Horizontal transfer of antibiotic resistance genes in clinical environments. Can J Microbiol. 2019;65(1):34-44.
11. Liu YY, Wang Y, Walsh TR, Yi LX, Zhang R, Spencer J, et al. Emergence of plasmid-mediated colistin resistance mechanism MCR-1 in animals and human beings in China: a microbiological and molecular biological study. Lancet Infect Dis. 2016;16(2):161-8.
12. Flemming HC, Wingender J, Szewzyk U, Steinberg P, Rice SA, Kjelleberg S. Biofilms: an emergent form of bacterial life. Nat Rev Microbiol. 2016;14(9):563-75.
13. Tacconelli E, Carrara E, Savoldi A, Harbarth S, Mendelson M, Monnet DL, et al. Discovery, research, and development of new antibiotics: the WHO priority list of antibiotic-resistant bacteria and tuberculosis. Lancet Infect Dis. 2018;18(3):318-27.
14. Baur D, Gladstone BP, Burkert F, Carrara E, Foschi F, Döbele S, et al. Effect of antibiotic stewardship on the incidence of infection and colonisation with antibiotic-resistant bacteria and Clostridium difficile infection: a systematic review and meta-analysis. Lancet Infect Dis. 2017;17(9):990-1001.
15. Laxminarayan R, Duse A, Wattal C, Zaidi AKM, Wertheim HFL, Sumpradit N, et al. Antibiotic resistance-the need for global solutions. Lancet Infect Dis. 2013;13(12):1057-98.

Derechos de autor: 2026. Por los autores. Este artículo es de acceso abierto y distribuido según los términos y condiciones de la licencia Creative Commons Atribución-NoComercial-CompartirIgual 4.0 Internacional (CC BY-NC-SA 4.0)
https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/