

Resistencia bacteriana en neumonía asociada a ventilación mecánica

Bacterial Resistance in Ventilator-Associated Pneumonia

Urid Flores-Cruz,^{1*} Daniela Y. Ramírez-Reyes-Montaño,¹ Lizzett G. Alcántara-González,¹ Miyiki Hernandez-Mendoza,¹ Yureni Uribe-Vazquez.¹

Resumen

Objetivo: identificar la frecuencia de resistencia bacteriana en adultos con neumonía asociada con ventilación mecánica. **Métodos:** se realizó un estudio transversal, descriptivo. Se analizaron todos los expedientes de pacientes adultos, de ambos sexos, con cultivo de secreción bronquial y diagnóstico de neumonía asociada con ventilación mecánica, atendidos en el periodo de enero 2021 a diciembre 2022, en el Hospital General de Zona con Medicina Familiar No. 1, del Instituto Mexicano del Seguro Social en Pachuca Hidalgo. Se incluyó un total de 132 pacientes. Se empleó estadística descriptiva con medidas de tendencia central, utilizando el programa SPSS para el análisis. **Resultados:** se identificó una frecuencia de 84.4% de los cultivos con resistencia a los antimicrobianos. La bacteria más frecuente fue *Pseudomonas aeruginosa*, presente en 27.3% de los casos, seguida de *Escherichia coli* con 15.9%. Las cefalosporinas fueron los antimicrobianos con mayor resistencia bacteriana, con 72.7 %. *Pseudomonas aeruginosa* fue la bacteria con mayor resistencia a carbapenémicos, cefalosporinas, quinolonas y aminoglucósidos. **Conclusión:** Ocho de cada diez pacientes con neumonía asociada con ventilación mecánica presentaron resistencia bacteriana, esto resalta la necesidad de establecer protocolos específicos para optimizar el uso de antimicrobianos y mitigar la propagación de la resistencia.

Palabras clave: resistencia bacteriana, antibacterianos, neumonía bacteriana.

Recibido: 26/08/2024

Aceptado: 17/01/2025

Sugerencia de citación: Flores-Cruz U, Ramírez-Reyes-Montaño DY, Alcántara-González LG, Hernandez-Mendoza M, Uribe-Vazquez Y. Resistencia bacteriana en neumonía asociada a ventilación mecánica. Aten Fam. 2025;32(3):203-208. <http://dx.doi.org/10.22201/fm.14058871p.2025.3.91622>

Este es un artículo open access bajo la licencia CC BY-NC-ND (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>).

¹Hospital General de Zona con Medicina Familiar No. 1, Instituto Mexicano del Seguro Social, Hidalgo, México.

*Correspondencia:
Urid Flores-Cruz
uri_flor@hotmail.com

Summary

Objective: To identify the frequency of bacterial resistance in adults with ventilator-associated pneumonia. **Methods:** A descriptive cross-sectional study was conducted. All medical records of adult patients of both sexes, with bronchial secretion cultures and a diagnosis of ventilator-associated pneumonia, treated from January 2021 to December 2022 at the General Hospital with Family medicine No. 1 of the Mexican social Security Institute in Pachuca, Hidalgo, were analyzed. A total of 132 patients were included. Descriptive statistics with measures of central tendency were used, analyzed using SPSS software. **Results:** A frequency of 84.4% of cultures showed resistance to antimicrobials. The most frequently identified bacteria was *Pseudomonas aeruginosa*, present in 27.3% of cases, followed by *Escherichia coli* with 15.9%. Cephalosporins were the antimicrobials with the highest observed bacterial resistance, at 72.7 %. *Pseudomonas aeruginosa* exhibited the greatest resistance to carbapenems, cephalosporins, quinolones, and aminoglycosides. **Conclusion:** Eight out of ten patients with ventilator-associated pneumonia showed bacterial resistance. This highlights the need to establish specific protocols that optimize the use of antimicrobials and reduce the spread of resistant bacteria.

Keywords: Drug Resistance; Bacterial; Pneumonia.

Introducción

La resistencia a los antimicrobianos ocurre cuando estos dejan de ser efectivos para tratar un microorganismo que anteriormente era sensible a su acción.¹ Esto representa un problema de

salud pública mundial y una pandemia silenciosa. La Organización Mundial de la Salud estima que más de 50% de las infecciones presentan resistencia bacteriana, lo que reduce en 15% la eficacia de los tratamientos. Aunque aún es prematuro determinar el impacto del aumento en el uso de antibióticos durante la pandemia de COVID-19, es un factor que podría haber contribuido a agravar esta situación.^{2,3}

La resistencia a los antimicrobianos se asocia con aproximadamente 4.95 millones de muertes anuales, de las cuales 1.27 millones son directamente atribuibles a esta condición. Para 2050, se estima que podría causar más de 10 millones de muertes al año, superando la mortalidad por cáncer.³ Según los Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades, cada cuatro horas emerge un nuevo germe resistente.¹ Además, su impacto económico podría alcanzar hasta 100 billones de dólares en pérdidas de producción.⁴

La resistencia a los antimicrobianos puede propagarse entre personas, animales y alimentos. Diversos factores contribuyen a esta problemática, entre ellos el uso indebido de antibióticos, la falta de acceso a agua potable, saneamiento e higiene, y el incumplimiento de normativas sobre el manejo de medicamentos en la agricultura.⁴ A nivel global, se ha estimado un consumo de 131,109 toneladas de antimicrobianos en animales terrestres destinados al consumo humano, cifra que podría aumentar a 200,235 toneladas para 2030.⁵

Los antibióticos pueden ser naturales, semisintéticos o sintéticos, y actúan mediante distintos mecanismos, como la inhibición de la síntesis de la pared celular, la inhibición de la síntesis proteica y la interferencia en la replicación

y traducción del ADN.⁶ Algunas bacterias presentan resistencia intrínseca, una propiedad innata que surge de manera natural, mientras que otras desarrollan resistencia extrínseca a través de mutaciones.⁷ Además, la resistencia puede adquirirse mediante evolución vertical, cuando el material genético se transmite directamente a la descendencia, o por evolución horizontal, cuando se transfiere a otros microorganismos.⁸

Las bacterias pueden inactivar los antibióticos mediante enzimas catalíticas, como las betalactamasas, que degradan el anillo β-lactámico de estos fármacos. Las betalactamasas de espectro extendido (BLEE), presentes principalmente en bacterias gramnegativas, confieren resistencia a betalactámicos, cefalosporinas y monobactámicos. Por su parte, las carbapenemasas pueden adquirirse mediante expansión clonal o transferencia genética horizontal, lo que dificulta aún más el tratamiento de infecciones causadas por estos microorganismos.^{8,9}

Las categorías de resistencia bacteriana incluyen la multirresistencia, en la que las bacterias son resistentes al menos a tres grupos de antibióticos; la resistencia extendida, caracterizada por la resistencia a la mayoría de los grupos de antibióticos, excepto uno o dos; y la panresistencia, que se refiere a bacterias resistentes a todos los antibióticos disponibles.¹⁰ Comprender estos patrones de resistencia es fundamental para evaluar su frecuencia en adultos con neumonía asociada a ventilación mecánica, una condición en la que la selección de un tratamiento adecuado se ve limitada por la resistencia antimicrobiana.

Métodos

Se llevó a cabo un estudio transversal descriptivo, aprobado por el comité de

ética en investigación y el comité local de investigación en salud con número de registro institucional R-2023-1201 037.

Para determinar la presencia de resistencia a los antimicrobianos, se revisaron los expedientes de pacientes atendidos en el Hospital General de Zona con Medicina Familiar No. 1 del Instituto Mexicano del Seguro Social (IMSS), en Pachuca, Hidalgo, durante el periodo comprendido entre enero de 2021 y diciembre de 2022. Se incluyeron a todos los pacientes con diagnóstico de neumonía asociada a ventilación mecánica, con reporte de cultivo y antibiograma durante su estancia hospitalaria. Se consideraron pacientes de ambos sexos, mayores de 18 años y derechohabientes del IMSS. Se excluyeron aquellos con diagnóstico de neumonía adquirida en la comunidad y cédulas de recolección incompletas. La muestra final analizada fue de 132 personas.

Los pacientes con diagnóstico de neumonía asociada a ventilación mecánica y reporte de laboratorio de cultivo con antibiograma fueron identificados mediante el formato de identificación de riesgos para infecciones asociadas a la atención sanitaria. La información se registró en una cédula de recolección de datos. Se analizaron variables como la presencia de resistencia bacteriana, la familia de antibióticos a los que eran resistentes, categoría de resistencia, agente etiológico más común y la inactivación del antibiótico por enzimas bacterianas.

Se empleó estadística descriptiva con medidas de tendencia central y se calcularon frecuencias y porcentajes. Para el análisis se utilizó el programa SPSS. En los cultivos con antibiograma analizados en este estudio, se identificó resistencia de tipo extrínseca.

Resultados

Se incluyó a un total de 132 pacientes en el estudio, de los cuales 67.4% (n= 89) fue hombre y 32.6% (n= 43) mujer. El rango de edad predominante fue de 48 a 57 años, representando 24.2% (n= 32). La principal comorbilidad observada fue la hipertensión arterial, con 20.6% (n= 35); 34.7% (n= 59) de los pacientes presentó una estancia hospitalaria prolongada, definida como una hospitalización superior a dos semanas, con una media de 38.54 días, un mínimo de 6 días y un máximo de 186 días. Se observó una mayor frecuencia de neumonía asociada a ventilación mecánica (NAVM) en hombres en edad laboral (48 a 57 años).

Se analizaron los cultivos de secreción bronquial con antibiograma de los pacientes registrados identificando el crecimiento de 19 especies de bacterias en los medios de cultivo. *Pseudomonas aeruginosa* fue la especie más frecuente, presente en 27.3% (n= 36) de los cultivos. Le siguieron *Escherichia coli*, con 15.9% (n= 21), *Acinetobacter baumannii*, con 12.1% (n= 16) y *Staphylococcus epidermidis* con 9.8% (n= 13) de los cultivos (tabla 1).

Tabla 1. Bacterias reportadas en los cultivos de secreción bronquial en los pacientes con diagnóstico de NAVM. n= 132

Bacteria	Frecuencia	Porcentaje
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	36	27.3
<i>Acinetobacter lwoffii</i>	2	1.5
<i>Staphylococcus aureus</i>	9	6.8
<i>Escherichia coli</i>	21	15.9
<i>Staphylococcus haemolyticus</i>	5	3.8
<i>Acinetobacter baumannii</i>	16	12.1
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	13	9.8
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	10	7.6
<i>Staphylococcus hominis novobiosepticus</i>	2	1.5
<i>Cedecea spp.</i>	1	0.8
<i>Enterobacter cloacae</i>	2	1.5
<i>Burkholderia cepacia complex</i>	1	0.8
<i>Enterococcus faecalis</i>	3	2.3
<i>Staphylococcus lugdunensis</i>	1	0.8
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	4	3.0
<i>Klebsiella oxytoca</i>	1	0.8
<i>Enterobacter aerogenes</i>	3	2.3
<i>Staphylococcus xylosus</i>	1	0.8
<i>Serratia marcescens</i>	1	0.8
Total	132	100

En las 19 especies de bacterias cultivadas, se evaluó la presencia o ausencia de resistencia a 10 familias de antimicrobianos. Se determinó que 84.8% (n= 112) de los cultivos presentó resistencia bacteriana, mientras que solo 15.2% (n= 20) mostró sensibilidad a las diferentes familias de antibióticos.

Además, se analizó el porcentaje de resistencia bacteriana para cada familia de antibióticos, identificando a las cefalosporinas como los fármacos con mayor susceptibilidad a desarrollar resistencia con 72.7% (n= 96). Las quinolonas siguieron en frecuencia con 65.9% (n= 87), seguidas de la penicilina con 52.3% (n= 69) y los aminoglucósidos con 50.8% (n= 67) de resistencia bacteriana (tabla 2).

Se determinó el tipo de bacteria con mayor susceptibilidad a desarrollar resistencia en cada una de las 10 familias de

antibióticos. *Pseudomonas aeruginosa* presentó la mayor frecuencia de resistencia, con 18.9% (n= 25) a los carbapenémicos, 18.2% (n= 24) a las cefalosporinas, 16.7% (n= 22) a las quinolonas y 14.4% (n= 19) a los aminoglucósidos (tabla 3).

Se categorizaron los mecanismos de resistencia bacteriana en los cultivos analizados, en los que se observó panresistencia en 1.5% (n= 2), resistencia extendida en 15.2% (n= 20) y multirresistencia en 52.3% (n= 69) de los aislamientos.

En relación con la inactivación de antibióticos por enzimas bacterianas, se identificaron carbapenemas en 1.5% (n= 2) de los cultivos, betalactamasas de espectro extendido en 14.4% (n= 19) y betalactamasas en 5.3% (n= 7) de los cultivos.

De los pacientes estudiados, 11.4% (n= 15) presentó defunción con diagnós-

tico de neumonía asociada a ventilación mecánica como causa directa de la muerte.

Discusión

La resistencia a los antimicrobianos es un problema de salud pública en aumento, agravado por la aparición de nuevos mecanismos de resistencia como la panresistencia, la resistencia extendida y la multirresistencia, así como por la inactivación de antibióticos por enzimas bacterianas, incluyendo carbapenemas, BLEE y betalactamasas. A estos factores se suman las resistencias intrínsecas y extrínsecas de cada bacteria y la mala distribución de los antibióticos, lo que pone en riesgo la salud de la población. En este estudio, la frecuencia de resistencia bacteriana en pacientes con diagnóstico de NAVM fue de 84.8%, en contraste con lo reportado por la Organización

Tabla 2. Resistencia bacteriana presentada por familia de antibióticos. n= 132

Fármaco	Presente	
	Frecuencia	Porcentaje
Penicilina	69	52.3
Aminoglucósidos	67	50.8
Oxazolidinonas	9	6.8
Cefalosporinas	96	72.7
Colistina	2	1.5
Quinolonas	87	65.9
Tetraciclinas	53	40.2
Carbapenémicos	54	40.9
Glucopéptidos	8	6.1
Meticilina	4	3.0

Tabla 3. Bacterias con mayor frecuencia de resistencia por familia de antibióticos. n= 132

Antibiótico	Bacteria con mayor resistencia	Frecuencia de pacientes	Porcentaje
Penicilina	<i>Acinetobacter baumannii</i>	12	9.1
Aminoglucósidos	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	19	14.4
Oxazolidinonas	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	3	2.3
Cefalosporinas	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	24	18.2
Colistina	<i>Acinetobacter baumannii</i>	1	0.8
	<i>Staphylococcus aureus</i>	1	0.8
Quinolonas	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	22	16.7
Tetraciclinas	<i>Escherichia coli</i>	17	12.9
Carbapenémicos	<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	25	18.9
Glucopéptidos	<i>Acinetobacter baumannii</i>	3	2.3
Meticilina	<i>Staphylococcus epidermidis</i>	2	1.5

zación Mundial de la Salud en 2022, que estima una resistencia superior a 50% en diversas infecciones, principalmente causadas por *Klebsiella pneumoniae* y *Acinetobacter spp.*²

Las bacterias identificadas con mayor frecuencia en esta investigación fueron *Pseudomonas aeruginosa*, *Escherichia coli* y *Acinetobacter baumannii* (tabla 1). De manera similar, en una revisión sistemática de 2021 sobre el sistema de aspiración de secreciones en pacientes con diagnóstico de NAVM, se identificó con mayor frecuencia a *Acinetobacter spp.*, *Klebsiella* y *Pseudomonas aeruginosa*.¹¹ En un estudio realizado en 2019 se encontró que *Acinetobacter baumannii* tenía una incidencia de 8.4% en NAVM.¹²

En otro estudio, realizado por Díaz y cols.,¹³ se determinó que los pacientes con NAVM tardía presentaban infecciones causadas por microorganismos con alta resistencia antibiótica, como *Pseudomonas aeruginosa*, *Acinetobacter baumannii*, *Staphylococcus aureus* y bacilos gramnegativos.

En este estudio, los antibióticos con mayor susceptibilidad a la resistencia bacteriana fueron las cefalosporinas, seguidas de las quinolonas, la penicilina y los aminoglucósidos. Estos hallazgos coinciden con un estudio de 2018, el cual concluyó que las BLEE generan resistencia a los betalactámicos, especialmente a las cefalosporinas de primera, segunda y tercera generación, así como a los monobactámicos (excepto cefamicinas y carbapenémicos) y a las quinolonas.⁹ Sin embargo, a diferencia de dicho estudio, este análisis agrupó a las cefalosporinas en general, sin distinguir entre generaciones.

Se evaluó la resistencia bacteriana en cada familia de antibióticos, identificando a *Pseudomonas aeruginosa* como la principal bacteria resistente a carba-

penémicos, cefalosporinas, quinolonas y aminoglucósidos, mientras que *Escherichia coli* presentó mayor resistencia a las tetraciclínas y *Acinetobacter baumannii* a la penicilina (tabla 2). Estos hallazgos coinciden con un estudio de 2021 que destacó el acrónimo ESKAPE (*Enterococcus faecium* resistente a vancomicina, *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Enterobacter spp.*), señalando que estas bacterias presentan altos niveles de resistencia antimicrobiana y están asociadas con infecciones graves, mal pronóstico y opciones terapéuticas limitadas.¹⁴

La multirresistencia fue la categoría de resistencia bacteriana más frecuente, seguida por la resistencia extendida y la panresistencia, en concordancia con un estudio de 2022 que señala que los patógenos multirresistentes son más comunes en NAVM, especialmente en pacientes con exposición previa a antimicrobianos en los 90 días anteriores.¹⁵ En este estudio, la inactivación de antibióticos por enzimas bacterianas mostró frecuencias elevadas para BLEE, betalactamasas y carbapenemasas, lo que dificulta considerablemente el tratamiento adecuado de estos pacientes.

La resistencia a los antimicrobianos es un problema de alto impacto en la atención primaria, ya que compromete la prevención y la eficacia de los tratamientos de enfermedades infecciosas comunes, especialmente infecciones respiratorias y gastrointestinales.⁴ Como consecuencia, se propaga la resistencia a antimicrobianos en la comunidad, a nivel familiar genera crisis paranormativas, así como modificación de roles familiares ante patologías de difícil tratamiento. Además, el incremento en la resistencia

bacteriana conlleva un mayor número de derivaciones a segundo nivel de atención, un aumento en la realización de pruebas diagnósticas y el uso de fármacos de mayor costo.

Para mitigar este problema, es fundamental implementar programas de prevención y control de infecciones que garanticen la calidad de la atención, la seguridad de los pacientes y la reducción de costos. Esto requiere la capacitación del personal de salud en el manejo de la resistencia a los antimicrobianos.¹⁶ Se recomienda un tratamiento antibiótico de siete días, monitoreando la evolución del paciente. No se recomienda el uso de imipenem, meropenem o vancomicina en infecciones adquiridas en la comunidad, ya que su uso indebido podría complicar el tratamiento en caso de infecciones asociadas a la atención sanitaria (IAAS).^{16,17} Por tal motivo, es fundamental conocer los fármacos prescritos al paciente, contar con indicaciones por escrito, evaluar el tratamiento en quienes reciben tres o más antibióticos y ajustar las dosis de manera adecuada.^{18,19}

Una fortaleza de este estudio fue la accesibilidad de los médicos al formato de identificación de riesgos para infecciones asociadas a la atención en salud y a los cultivos de secreción bronquial, lo que permitió evaluar a todos los pacientes con NAVM.

No obstante, presenta algunas limitaciones. La resistencia evaluada fue exclusivamente de tipo extrínseco en los medios de cultivo, y el tamaño de la muestra no permite extrapolar los resultados a nivel nacional. A pesar de ello, se incluyeron todos los pacientes que cumplían con los criterios de inclusión, y los hallazgos son consistentes con estudios previos.

Conclusión

La elevada frecuencia de resistencia bacteriana en pacientes con NAVM observada en este estudio (84.4%) es preocupante. *Pseudomonas aeruginosa* fue la bacteria más prevalente (27.3%), seguida de *Escherichia coli* (15.9%), con mayor resistencia a carbapenémicos y cefalosporinas. Además, se identificó multirresistencia en el 52.3% de los cultivos.

Estos hallazgos enfatizan la necesidad de implementar medidas estrictas, como la higiene rigurosa de manos, el uso racional de antibióticos con dosis, vías y duración adecuadas, y la priorización de cultivos para optimizar la selección antimicrobiana. Es fundamental evitar la combinación de antibióticos de la misma familia y, en casos específicos, considerar la combinación de un bactericida y un bacteriostático.

A pesar de los avances científicos, contener la resistencia bacteriana sigue siendo un desafío urgente que requiere un enfoque integral y sostenido.

Contribución de los autores

U F-C: conceptualización, desarrollo, escritura, exploración de expedientes; D, Y R-R-M: análisis y discusión de resultados; M H-M: exploración de expedientes, redacción de cédula de recolección de datos; L, G A-G: desarrollo y escritura; E V-J: desarrollo y escritura. Todos los autores aprueban la publicación del presente escrito.

Financiamiento

La presente investigación no recibió financiamiento externo, los gastos presentados fueron cubiertos por los autores participantes.

Conflictos de interés

Los autores declaran no tener conflictos de interés.

Referencias

- Capozzi C, Maurici M, Panà A. Antimicrobial resistance: it is a global crisis, "a slow tsunami". Ig Sanita Pubb. 2019;75(6):429-450.
- WHO. Resistencia a antibióticos [Internet]. [Citado 27 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://www.who.int/es/news-room/item/09-12-2022-report-signals-increasing-resistance-to-antibiotics-in-bacterial-infections-in-humans-and-need-for-better-data>
- WHO. Vacunas y resistencias a los antimicrobianos [Internet]. [Citado 27 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://www.who.int/es/news-room/item/12-07-2022-urgent-call-for-better-use-of-existing-vaccines-and-development-of-new-vaccines-to-tackle-amr>
- Diario Oficial de la Federación [Internet]. [Citado 29 de mayo de 2024]. Disponible en: https://www.dof.gob.mx/nota_detalle.php?codigo=5525043&fecha=05/06/2018&print=true
- Actualización plan estratégico contra la resistencia a los antimicrobianos RAM [Internet]. [Citado 27 de mayo de 2024]. Disponible en: https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/847156/Plan_Estrategico_RAM_VF.pdf
- Abushaheen MA, Muzahid, Fatani AJ, Alosaimi M, Mansy W, George M, et al. Antimicrobial resistance, mechanisms and its clinical significance. Dis Mon. 2020;66(6):100971.
- Camacho SLA. Resistencia bacteriana, una crisis actual. Rev Esp Salud Pública. 2023;97:e202302013.
- Lirola AL, Ávila JÁF, Fernández MMA, Reinoso EÁ, Martínez MS. La resistencia bacteriana, generalidades, carbapenemas y actualidad: una revisión narrativa. Archivos de Medicina Universitaria. 2022;4(1): 65-74
- Urquiza AG, Arce CJ, Alanoca MG. Resistencia bacteriana por beta lactamasas de espectro extendido: un problema creciente. Rev Med La Paz. 2018;24 (2):77-83.
- Jiménez-Pearson MA, Galas M, Corso A, Hormazaíbal JC, Duarte-Valderrama C, Salgado-Marcano N, et al. Consenso latinoamericano para definir, categorizar y notificar patógenos multirresistentes, con resistencia extendida o panresistentes. Rev Panam Salud Pública. 2019;43:e65
- Ramírez-Palma A, Calderon-Vega E, Vidal-Ortega J. Sistemas de aspiración: incidencia en neumonía asociada a ventilación mecánica y efectos hemodinámicos – revisión sistemática. Revista Ene de Enf. 2021;12(3):1-16.
- Arista-Olvera NX, Lozano-Nuevo JJ, García-López VH, Narváez-Rivera JL, Garro-Almendaro AK, Zamora-Cervantes, et al. Infección nosocomial por Acinetobacter y su efecto en un hospital de segundo nivel. Med Interna Mex. 2019;35(4):477-484.
- Díaz E, Lorente L, Valles J, Rello J. Neumonía asociada a la ventilación mecánica, Med Intensiva. 2010;34(5):318-324.
- Cristera-Tarrasa GH, Hernández-Orozco H, Arias-de la Garza E, González-Saldaña N. Actualización de las precauciones estándar y específicas de aislamiento para la prevención de las infecciones asociadas a la atención en salud. Acta Pediátrica México. 2021;42(2):74-84.
- Rivera-Pérez JC, Villavicencio-Haro KG, Valle-Valles DC, Moreno-Pilozo GE, Triviño-Naula P. Neumonía asociada a la ventilación mecánica. Una revisión Bibliográfica. Cienc Lat Rev Científica Multidiscip. 2022;6(4):5929-5941.
- SADI. Neumonía Asociada a Ventilación Mecánica [Internet]. [Citado 29 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://www.sadi.org.ar/documents/guias-recomendaciones-y-consensos/item/579-neumonia-asociada-a-ventilacion-mecanica>
- Casanova-Cardiel LJ, Estrada-Tapia LL, Amezcu-Rentería A. Infecciones asociadas con la atención de la salud. Med Int Mex. 2021;37(4):484-493.
- WHO. Plan de acción mundial sobre la resistencia a los antimicrobianos [Internet]. [Citado 29 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://www.who.int/publications/item/9789241509763>
- Organización Mundial de la Salud. Programas de optimización de los antimicrobianos [Internet]. [citado 29 de mayo de 2024]. Disponible en: <https://iris.who.int/handle/10665/335947>