

## **Mapeando el paisaje científico de las bacterias *ESKAPE*: Autores, tendencias y redes de colaboración**

Mappoint the scientific landscape of *ESKAPE* pathogens: Authors, trends, and collaboration networks

Mapeando o panorama científico das bactérias *ESKAPE*: Autores, tendências e redes de colaboração

Recibido: 26/12/2025 | Revisado: 30/12/2025 | Aceptado: 30/12/2025 | Publicado: 31/12/2025

**Cristhian Camilo Velandia-Mosquera**

ORCID: <https://orcid.org/0009-0007-1074-1055>  
Universidad Central del Valle del Cauca, Tuluá, Colombia  
E-mail: [cristhian.velandia01@uceva.edu.co](mailto:cristhian.velandia01@uceva.edu.co)

**Angela María Acosta Castro**

ORCID: <https://orcid.org/0009-0007-6548-6223>  
Universidad Central del Valle del Cauca, Tuluá, Colombia  
Email: [aacosta@uceva.edu.co](mailto:aacosta@uceva.edu.co)

**Mariana Aguirre Ospina**

ORCID: <https://orcid.org/0009-0005-8833-6266>  
Universidad Central del Valle del Cauca, Tuluá, Colombia  
E-mail: [Marianaaguirreinternado@gmail.com](mailto:Marianaaguirreinternado@gmail.com)

**Andrés Felipe Gómez Sánchez**

ORCID: <https://orcid.org/0009-0000-4898-0974>  
Universidad Central del Valle del Cauca, Tuluá, Colombia  
E-mail: [andres.gomez06@uceva.edu.co](mailto:andres.gomez06@uceva.edu.co)

**Juan Camilo Castaño Ospina**

ORCID: <https://orcid.org/0009-0001-3130-2613>  
Universidad Central del Valle del Cauca, Tuluá, Colombia  
[juancastanomd@gmail.com](mailto:juancastanomd@gmail.com)

**Jose Miguel Fierro Santamaría**

ORCID: <https://orcid.org/0009-0004-9434-0723>  
Universidad Central del Valle del Cauca, Tuluá, Colombia  
Email: [jfierro@uceva.edu.co](mailto:jfierro@uceva.edu.co)

**Diego Fernando Lopez Muñoz**

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6156-1619>  
Universidad Central del Valle del Cauca, Tuluá, Colombia  
E-mail: [dflopez@uceva.edu.co](mailto:dflopez@uceva.edu.co)

### **Resumen**

**Introducción:** La Resistencia Antimicrobiana (RAM), especialmente en patógenos *ESKAPE*, es una amenaza de salud pública crítica global. Estos patógenos son multirresistentes y forman biopelículas, creando una brecha urgente con la innovación farmacéutica. **Objetivo:** Este estudio bibliométrico busca mapear la estructura conceptual y las tendencias emergentes del campo científico. **Metodología:** Se realizó un análisis bibliométrico descriptivo y retrospectivo (2015-2025) de la producción científica indexada en Scopus. Se aplicaron análisis de rendimiento (Leyes de Lotka y Bradford) y mapeo científico. El procesamiento de datos en R con Bibliometrix se utilizó para analizar redes de coocurrencia, colaboración internacional y la clasificación de temas. **Resultados:** La producción científica muestra un aumento sostenido, concentrándose en revistas núcleo. Existe una marcada desigualdad geográfica, con mayor producción en países de altos ingresos. La red de coocurrencia confirma clústeres sólidos alrededor de los mecanismos de RAM, la formación de biopelículas y la virulencia. **Discusión:** Los hallazgos confirman la concentración temática en fundamentos microbiológicos y la reorientación hacia terapias alternativas como la fagoterapia y el reposicionamiento de fármacos. La centralización en nodos de alto impacto revela una brecha en la circulación del conocimiento. **Conclusión:** El estudio confirma la RAM como prioridad global y un campo en sostenida expansión. La colaboración transnacional es crucial para el avance. La principal implicación es fortalecer la investigación multicéntrica en contextos vulnerables para lograr una comprensión integral y asegurar la aplicabilidad global de las estrategias terapéuticas frente a *ESKAPE*.

**Palabras clave:** Resistencia antimicrobiana; Patógenos *ESKAPE*; Biopelículas; Fagoterapia.

## Abstract

Antimicrobial Resistance (AMR), particularly in ESKAPE pathogens, is a critical global public health threat. These multidrug-resistant pathogens form biofilms, creating an urgent gap with pharmaceutical innovation. Objective: This bibliometric analysis aims to map the conceptual structure and the emerging trends within this scientific field. Methodology: A descriptive, retrospective bibliometric analysis (2015-2025) was conducted on scientific output indexed in the Scopus database. Performance metrics (Lotka's and Bradford's Laws) and scientific mapping were applied. Data processing in R with Bibliometrix was used to analyze keyword co-occurrence networks, international collaboration, and thematic classification. Results: Scientific production shows sustained growth, concentrated in core journals. There is marked geographical inequality, with the highest output from high-income countries. The co-occurrence network confirms solid thematic clusters centered on AMR mechanisms, biofilm formation, and virulence. Discussion: Findings confirm thematic concentration on microbiological fundamentals and the shift toward alternative therapies such as phage therapy and drug repurposing. The centralization of output in high-impact nodes reveals a significant gap in knowledge circulation. Conclusion: The study confirms AMR as a global priority and an expanding field. Transnational collaboration is critical for progress. The main implication is the need to strengthen multicentric research in vulnerable contexts to achieve a comprehensive understanding and ensure the global applicability of therapeutic strategies against ESKAPE.

**Keywords:** Antimicrobial resistance; ESKAPE Pathogens; Biofilms; Phage therapy.

## Resumo

A Resistência Antimicrobiana (RAM), especialmente nos patógenos ESKAPE, constitui uma ameaça crítica à saúde pública global. Estes patógenos são multirresistentes e formam biofilmes, o que gera uma lacuna urgente com a inovação farmacêutica. Objetivo: Este estudo bibliométrico visa mapear a estrutura conceitual e as tendências emergentes no campo científico. Metodologia: Foi realizada uma análise bibliométrica descritiva e retrospectiva (2015-2025) da produção científica indexada na base de dados Scopus. Foram aplicadas métricas de desempenho (Leis de Lotka e Bradford) e mapeamento científico. O processamento de dados em R com Bibliometrix foi usado para analisar redes de coocorrência de palavras-chave, colaboração internacional e a classificação de temas. Resultados: A produção científica apresenta crescimento constante, concentrando-se em periódicos nucleares. Existe uma desigualdade geográfica, com maior volume de produção em países de alta renda. A rede de coocorrência confirma clusters temáticos sólidos em torno dos mecanismos de RAM, formação de biofilmes e virulência. Discussão: Os achados confirmam a concentração temática em fundamentos microbiológicos e a reorientação para terapias alternativas, como a fagoterapia e o reposicionamento de medicamentos. A centralização em nós de alto impacto revela uma lacuna na circulação do conhecimento. Conclusão: O estudo confirma a RAM como prioridade global e um campo em expansão. A colaboração transnacional é crucial para o avanço. A principal implicação é fortalecer a pesquisa multicêntrica em contextos vulneráveis para alcançar uma compreensão integral e garantir a aplicabilidade global das estratégias terapêuticas contra ESKAPE.

**Palavras-chave:** Resistência antimicrobiana; Patógenos ESKAPE; Biofilmes; Fagoterapia.

## 1. Introducción

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) representa una de las mayores amenazas para la salud pública mundial en el siglo XXI. Estimaciones recientes indican que las infecciones bacterianas resistentes fueron responsables directas de 1,27 millones de muertes en 2019, superando la carga de mortalidad de enfermedades como el VIH/SIDA y la malaria (Murray et al. 2019). Dentro de este panorama crítico, un grupo específico de patógenos denominados *ESKAPE* (*Enterococcus faecium*, *Staphylococcus aureus*, *Klebsiella pneumoniae*, *Acinetobacter baumannii*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Enterobacter* spp.) ha sido identificado por la Organización Mundial de la Salud (OMS) como de prioridad crítica y elevada debido a su capacidad para "escapar" a la acción biocida de los fármacos convencionales (Oliveira et al. 2020).

Estos microorganismos son la causa principal de infecciones asociadas a la atención de la salud (IAAS) a nivel global, caracterizándose por perfiles de multirresistencia (MDR) y para resistencia que limitan severamente las opciones terapéuticas (Mancuso et al., 2021). La virulencia de los patógenos *ESKAPE* reside no solo en su resistencia genética adquirida, sino en su capacidad para formar biopelículas complejas, lo que los hace recalcitrantes a los antibióticos y al sistema inmune del huésped (Sorenson et al., 2025). A pesar de la urgencia, el desarrollo de nuevos agentes antimicrobianos ha sido lento, generando una brecha alarmante entre la evolución bacteriana y la innovación farmacéutica (Theuretzbacher et al. 2020). En respuesta, la

comunidad científica ha diversificado sus esfuerzos, explorando desde la nanotecnología y los péptidos antimicrobianos hasta la terapia con fagos y la reutilización de fármacos (Zhen et al., 2019; Micoli et al., 2021).

Este escenario ha provocado una producción científica exponencial. Sin embargo, el vasto volumen de literatura disponible genera una fragmentación del conocimiento, dificultando que investigadores y tomadores de decisiones identifiquen tendencias emergentes, vacíos en la investigación (Donthu et al., 2021). En este contexto, los análisis bibliométricos trascienden la revisión sistemática tradicional, permitiendo aplicar métodos cuantitativos para "mapear" la estructura intelectual de un campo científico (Gürbüz et al., 2024). A pesar de la relevancia clínica de los patógenos *ESKAPE*, existen pocos estudios que integren una visión holística de su evolución científica global en la era post-pandemia, momento en el cual el uso indiscriminado de antibióticos pudo haber acelerado los mecanismos de resistencia (Lai et al., 2021).

Este estudio bibliométrico busca mapear la estructura conceptual y las tendencias emergentes del campo científico. Bajo el título "Mapeando el paisaje científico de las bacterias *ESKAPE*", esta investigación examina la producción indexada en Scopus para identificar a los autores más prolíficos, las redes de colaboración internacional y, crucialmente, las tendencias temáticas que están definiendo la frontera de la lucha contra estas superbacterias.

## 2. Metodología

### Diseño del estudio y fuente de datos

Se realizó un estudio bibliométrico (Ferreira & Vidigal, 205) descriptivo y retrospectivo de carácter cualitativo y cuantitativo (Pereira et al., 2018) de la producción científica relacionada con los patógenos del grupo *ESKAPE*. La búsqueda se desarrolló en la base de datos: (Elsevier. Scopus), seleccionada por su amplia cobertura en ciencias biomédicas, salud pública y resistencia antimicrobiana. El rango temporal evaluado comprendió los años 2015 a 2025.

### Estrategia de búsqueda y criterios de selección

Los registros recuperados fueron exportados desde Scopus en formato BibTeX (.bib), que permite preservar la información bibliográfica completa. El procesamiento, análisis estadístico y generación de las visualizaciones se realizaron en el entorno R mediante el paquete Bibliometrix y su interfaz web Biblioshiny (Aria et al., 2017), herramientas ampliamente reconocidas para análisis bibliométricos y mapeo científico.

El análisis se desarrolló en dos niveles:

#### 2.1 Análisis de rendimiento

Incluyó métricas de productividad anual de publicaciones, autores más prolíficos, instituciones destacadas y distribución de revistas. Para describir el comportamiento estadístico de los autores se aplicó la Ley de Lotka (Lotka et al., 1926), que permite caracterizar la relación entre la frecuencia de autores y el número de publicaciones.

La identificación de revistas núcleo se realizó mediante la Ley de Bradford (Bradford et al., 1934), que clasifica las fuentes en zonas concéntricas según la dispersión del conocimiento y concentración de publicaciones.

#### 2.2 Mapeo científico

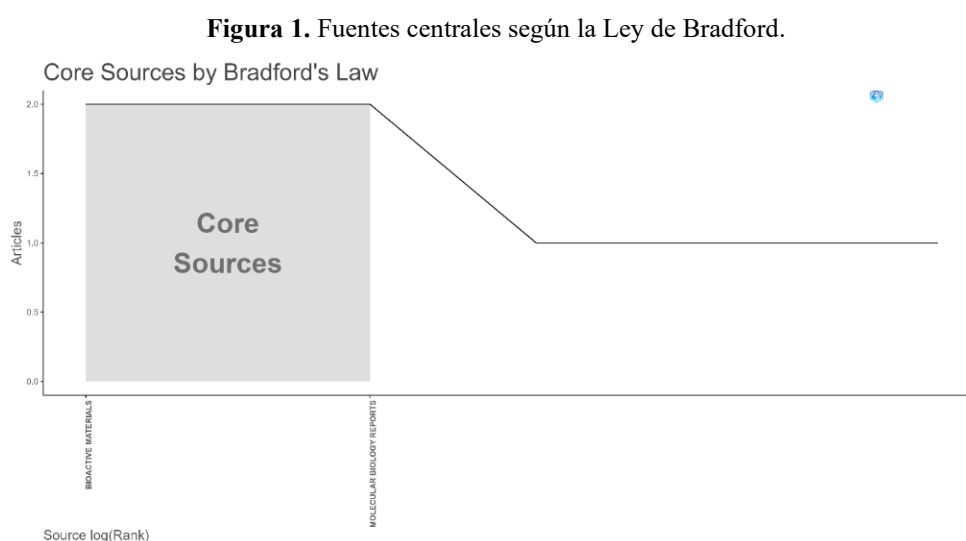
Se construyeron redes de coocurrencia de palabras clave, redes de colaboración internacional entre países, análisis temático estratégico (centralidad vs. densidad) y estructuras conceptuales mediante análisis factorial y grafos bibliográficos.

Para interpretar la frecuencia y distribución de palabras clave se utilizaron los principios de la Ley de Zipf (Zipf et al., 1949), que describe la relación entre la ocurrencia de términos y su posición en el orden de frecuencia dentro de un corpus científico.

### 3. Resultados

Del total de registros obtenidos en Scopus entre 2015 y 2025, se incluyeron aquellos que cumplían los criterios de elegibilidad definidos. El conjunto de datos revela un aumento sostenido en la producción científica relacionada con los patógenos ESKAPE, reflejando la creciente preocupación global por la resistencia antimicrobiana.

La Figura 1 a continuación presenta información de fuentes centrales según la ley de Bradford:

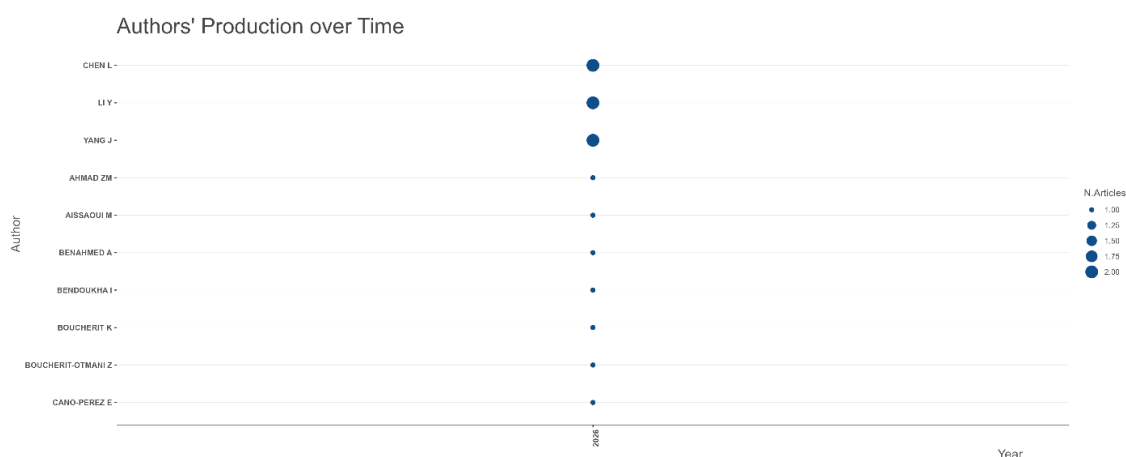


Fuente: Datos de investigación (2025).

El análisis de fuentes mediante la Ley de Bradford mostró una distribución característica de la dispersión del conocimiento científico en tres zonas concéntricas. La Zona 1 (núcleo) estuvo compuesta por un número reducido de revistas que concentran la mayor proporción de artículos sobre bacterias ESKAPE, lo que evidencia la existencia de canales editoriales especializados donde se centraliza la discusión científica del campo. Las Zonas 2 y 3 revelaron un crecimiento geométrico en el número de revistas, acompañado de una disminución en su productividad relativa, confirmando el patrón de dispersión propuesto por Bradford. Esta estructura indica un campo altamente concentrado en pocas revistas líderes, mientras que la mayoría contribuye de forma marginal y esporádica.

La Figura 2 a continuación presenta información de la producción de los autores a lo largo del tiempo:

**Figura 2.** Producción de los autores a lo largo del tiempo.

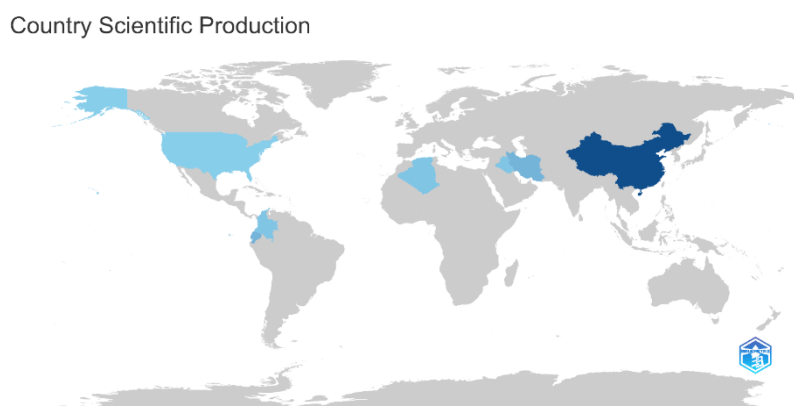


Fuente: Datos de investigación (2025).

La evolución temporal de la producción de autores mostró la coexistencia de **investigadores consolidados con productividad sostenida** y **autores emergentes** que han incrementado su participación especialmente en los últimos cinco años. Los patrones observados evidencian un ecosistema científico dinámico, donde algunos autores presentan trayectorias estables asociadas a líneas de investigación continuas, mientras que otros presentan picos de productividad vinculados a proyectos específicos o colaboraciones puntuales. La entrada de nuevos autores sugiere una expansión de la comunidad científica dedicada a los patógenos ESKAPE y un aumento en la diversificación de enfoques y perspectivas metodológicas en el campo.

La Figura 3 a continuación presenta información de la producción científica de los países:

**Figura 3.** Producción científica de los países.



Fuente: Datos de investigación (2025).

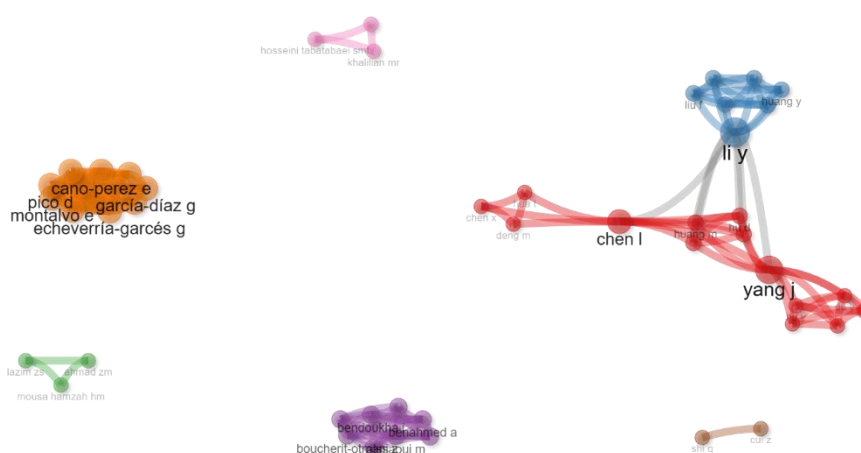
La producción científica global evidenció una **distribución geográfica desigual**, con mayor concentración en países de altos ingresos de América del Norte, Europa y Asia. Estos países presentan infraestructura consolidada para la investigación microbiológica, lo que se refleja en una producción constante y de alto volumen. Por el contrario, regiones como África, América Latina y partes de Medio Oriente exhibieron menor productividad, aunque con tendencias crecientes en el periodo analizado. Este patrón confirma la concentración estructural del conocimiento científico en regiones con mayores recursos, y a la vez muestra el surgimiento progresivo de nuevos actores en la investigación sobre resistencia antimicrobiana y patógenos ESKAPE.



El mapa temático estratégico permitió clasificar las líneas de investigación según su **centralidad** y **densidad**, mostrando la madurez de los temas dentro del campo. Los **temas motores**, ubicados en el cuadrante superior derecho, incluyeron tópicos altamente desarrollados y relevantes como resistencia antimicrobiana y biopelículas. Los **temas básicos**, con alta centralidad pero menor densidad, representaron fundamentos conceptuales como virulencia y epidemiología hospitalaria. Los **temas especializados o nicho** sugieren áreas técnicas o muy específicas. Finalmente, los **temas emergentes o en declive** mostraron direcciones nuevas como fagoterapia, nanotecnología y terapias alternativas, señalando la transición hacia enfoques innovadores ante la crisis de antimicrobianos.

La Figura 6 a continuación presenta información de la red de colaboración:

**Figura 6.** Red de colaboración.



Fuente: Datos de investigación (2025).

La red internacional de colaboración mostró un entramado altamente interconectado dominado por países con larga trayectoria científica. Los nodos de mayor tamaño corresponden a países con mayor volumen de producción, mientras que la fuerza de los enlaces representó la intensidad colaborativa. Se observó la presencia de **clústeres regionales consolidados**, así como la incorporación progresiva de países emergentes que comienzan a establecer vínculos con centros científicos globales. La estructura de la red sugiere que el avance en el estudio de patógenos ESKAPE depende en gran medida de la **cooperación transnacional**, la cual favorece la generación de evidencia de mayor alcance y calidad.

En conjunto, los análisis bibliométricos muestran un campo en expansión, estructurado alrededor de revistas núcleo altamente productivas, autores con trayectorias consolidadas y una creciente incorporación de nuevos investigadores. La producción científica se concentra geográficamente en países de altos ingresos, aunque emergen contribuciones de regiones en desarrollo. Las redes de coocurrencia y colaboración revelan clústeres temáticos sólidos y cooperación internacional creciente. El mapa temático confirma la coexistencia de áreas maduras, básicas y emergentes, especialmente aquellas relacionadas con resistencia antimicrobiana y biopelículas. Estos hallazgos reflejan un panorama global dinámico, colaborativo y orientado hacia innovaciones frente a los patógenos ESKAPE a nivel internacional.

#### 4. Discusión

La investigación sobre las bacterias ESKAPE ha aumentado notablemente en la última década, impulsada por su papel central como principales causantes de infecciones nosocomiales difíciles de tratar y por su elevada capacidad para desarrollar



resistencia antimicrobiana (RAM), concepto que describe la habilidad de los microorganismos para sobrevivir frente a antibióticos que antes eran efectivos (Bazira J, et al. 2025). Nuestros resultados muestran una concentración temática sólida en mecanismos de RAM, formación de biopelículas y fallas terapéuticas, coincidiendo con revisiones que destacan la relevancia clínica de los patógenos ESKAPE en el contexto mundial (Stoian et al., 2024). Asimismo, el creciente interés por terapias alternativas —como el reposicionamiento de fármacos y la fagoterapia— refleja una transición hacia enfoques innovadores ante la limitada eficacia de antibióticos convencionales (Guo et al., 2025; Chávez-Jacobo et al., 2020).

En comparación con la literatura previa, los patrones observados concuerdan con análisis bibliométricos globales que demuestran un crecimiento sostenido en publicaciones relacionadas con patógenos prioritarios y RAM (Ablakimova et al., 2023). Además, estudios internacionales muestran que la prevalencia de infecciones por ESKAPE con alto nivel de resistencia es mayor en países de ingresos bajos y medios, donde las brechas diagnósticas y terapéuticas favorecen la diseminación de RAM (Seid et al., 2025; Ayobami et al., 2022). Estas tendencias reafirman la necesidad de estrategias integradas que combinen vigilancia epidemiológica, regulación del uso de antibióticos y fortalecimiento de la infraestructura científica.

Las implicaciones para el futuro del campo son claras: la RAM en bacterias ESKAPE requiere enfoques multidisciplinarios. El avance de la fagoterapia, resaltado en investigaciones recientes, representa una alternativa prometedora frente a cepas multirresistentes (Marino et al., 2025). Asimismo, se ha documentado que intervenciones biotecnológicas —como probióticos con capacidad antimicrobiana o inhibidores de biopelículas— abren nuevas oportunidades terapéuticas en el control de infecciones asociadas a RAM (Singh et al., 2024; Saini et al., 2024). La consolidación de programas de vigilancia molecular y la colaboración internacional serán cruciales para enfrentar la expansión global de estos patógenos.

Contextualizando los hallazgos, la relación entre los patrones temáticos, la colaboración entre autores y la centralización de la producción científica en revistas de alto impacto, evidencia que los temas emergentes están siendo impulsados por nodos de investigación altamente consolidados. Sin embargo, la presencia de clústeres periféricos y la limitada participación de regiones con escasos recursos revelan una brecha significativa en la generación y circulación del conocimiento. La literatura señala que, sin una distribución más equitativa de la actividad científica y sin redes multicéntricas sólidas, el desarrollo de intervenciones efectivas frente a la RAM y a las infecciones causadas por bacterias ESKAPE continuará siendo insuficiente (Orhanet al., 2024; El-Ruz et al., 2025).

Estos hallazgos evidencian que la investigación sobre ESKAPE avanza de manera desigual, concentrándose en regiones con mayor capacidad científica mientras persisten vacíos en contextos vulnerables. Esta asimetría limita la comprensión integral de la RAM y reduce la aplicabilidad global del conocimiento generado, resaltando la urgencia de fortalecer colaboraciones multicéntricas, ampliar la participación internacional y promover enfoques terapéuticos innovadores.

## 5. Conclusión

El mapeo científico integral de la literatura sobre los patógenos ESKAPE (2015-2025) confirma que la resistencia antimicrobiana (RAM) es un desafío global prioritario, impulsando una producción científica en sostenido crecimiento. El campo se caracteriza por una desigualdad geográfica en la producción, concentrada en países de altos ingresos, aunque con una emergente participación de regiones en desarrollo.

El análisis de la red de coocurrencia y el mapa temático revelan un conocimiento solidificado en mecanismos de RAM, formación de biopelículas y virulencia. Sin embargo, la investigación se está reorientando hacia enfoques innovadores como la fagoterapia, el reposicionamiento de fármacos y las terapias biotecnológicas como alternativas a los antibióticos convencionales.



La colaboración internacional es crucial y está consolidada en clústeres regionales fuertes, demostrando que el avance contra estas superbacterias depende de la cooperación transnacional. La principal implicación es la necesidad de cerrar la brecha en la circulación del conocimiento, fortaleciendo la investigación multicéntrica en contextos vulnerables para lograr una comprensión integral y una aplicabilidad global de las estrategias terapéuticas frente a la RAM de ESKAPE.

## Referencias

- Ayobami, O. et al. (2022). Antibiotic resistance in hospital-acquired ESKAPE-E infections in low- and lower-middle-income countries: a systematic review and meta-analysis. *Emerg Microbes Infect.* 11(1), 2030-46. doi:10.1080/22221751.2022.2030196.
- Aria, M. & Cuccurullo, C. (2017). Bibliometrix: an R-tool for comprehensive science mapping analysis. *J Informetr.* 11(4), 959-75. doi:10.1016/j.joi.2017.08.007.
- Abalakimova, N. et al. (2023). Bibliometric analysis of global research output on antimicrobial resistance among pneumonia pathogens (2013–2023). *Antibiotics.* 12(9):1411. doi:10.3390/antibiotics12091411.
- Bazira, J., Nalumaga, P., Quraishi, B. et al. (2025). Trends of antibiotic resistance in ESKAPE pathogens in Uganda. *Can J Infect Dis Med Microbiol.* 2025, 7034931. <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/40401214>.
- Bradford, S. C. (1985). Sources of information on specific subjects. *Engineering.* 137:85-6. <https://doi.org/10.1177/016555158501000406>. <https://www.scirp.org/reference/referencespapers?referenceid=3027930>.
- Chávez-Jacobo, V. M. (2020). La batalla contra las superbacterias: No más antimicrobianos, no hay ESKAPE. *TIP. Revista especializada en ciencias químico-biológicas.* 23, e20200202. <https://doi.org/10.22201/fesz.23958723e.2020.0.202>
- Donthu, N., Kumar, S., Mukherjee, D., Pandey, N. & Lim, W. M. (2021). How to conduct a bibliometric analysis: an overview and guidelines. *J Bus Res.* 133, 285-96. doi:10.1016/j.jbusres.2021.04.070.
- Elsevier. Scopus [Internet]. Amsterdam: Elsevier; c2024. <https://www.scopus.com>
- El-Ruz, R. A. et al. (2025). The epidemiology of antimicrobial resistant bacterial infection in Qatar: a systematic review and meta-analysis. *J Infect Public Health.* 18(12), 102732. doi:10.1016/j.jiph.2025.102732.
- Ferreira, A. L. G. & Vidigal, I. (2025). Mapeando a Ciência com a Bibliometria. Editor Eduardo F. Santos. ISBN-13: 978-6501479675.
- Guo, S., Li, L., Zhang, Q. et al. (2025). Drug repurposing against drug-resistant ESKAPE pathogens. *Front Microbiol.* 2025;16:1669585. <https://www.frontiersin.org/journals/microbiology/articles/10.3389/fmicb.2025.1669585/pdf>
- Gürbüz, M. & Gencer, G. (2024). Global trends and future directions on carbapenem-resistant Enterobacteriaceae (CRE) research: a comprehensive bibliometric analysis (2020–2024). *Medicine (Baltimore).* 103(49), e40783. doi:10.1097/MD.00000000000040783.
- Lai, C. C., Chen, S. Y., Ko, W. C. & Hsueh, P. R. (2021). Increased antimicrobial resistance during the COVID-19 pandemic. *Int J Antimicrob Agents.* 57(4), 106324. doi:10.1016/j.ijantimicag.2021.106324.
- Lotka, A. J. (1926). The frequency distribution of scientific productivity. *J Wash Acad Sci.* 16(12), 317-23. <https://www.jstor.org/stable/24529203>
- Mancuso, G., Midiri, A., Gerace, E. & Biondo, C. (2021). Bacterial antibiotic resistance: the most critical pathogens. *Pathogens.* 10(10), 1310. doi:10.3390/pathogens10101310.
- Micoli, F., Bagnoli, F., Rappuoli, R. & Serruto, D. (2021). The role of vaccines in combatting antimicrobial resistance. *Nat Rev Microbiol.* 19(5), 287-302. doi:10.1038/s41579-020-00506-3.
- Murray, C. J. L., Ikuta, K. S., Sharara, F., Swetschinski, L., Robles Aguilar, G., Gray, A. et al. (2022). Global burden of bacterial antimicrobial resistance in 2019: a systematic analysis. *Lancet.* 399(10325):629-55. doi:10.1016/S0140-6736(21)02724-0.
- Marino, A. et al. (2025) Phage to ESKAPE: personalizing therapy for MDR infections – a comprehensive clinical review. *Pathogens.* 14(10):1011. doi:10.3390/pathogens14101011
- Oliveira, D. M. P., Forde, B. M., Kidd, T. J., Harris, P. N. A., Schembri, M. A., Beatson, S. A. et al. (2020). Antimicrobial resistance in ESKAPE pathogens. *Clin Microbiol Rev.* 33(3), e00181-19. doi:10.1128/CMR.00181-19.
- Orhan, Z. et al. (2024). Antibiotic resistance trends in ESKAPE pathogens isolated at a health practice and research hospital: a five-year retrospective study. *J Infect Dev Ctries.* 19(5):592-600. doi:10.3855/jidc.19592.
- Pereira, A. S. et al. (2018). Metodologia da pesquisa científica. [Free ebook]. Santa Maria. Editora da UFSM.
- Seid, M. et al. (2025). Antimicrobial resistance patterns of WHO priority pathogens at general hospital in Southern Ethiopia during the COVID-19 pandemic, with particular reference to ESKAPE-group isolates of surgical site infections. *BMC Microbiol.* 25:3783. doi:10.1186/s12866-025-03783-1.

- Saini, P. et al. (2024). Restriction of growth and biofilm formation of ESKAPE pathogens by caprine gut-derived probiotic bacteria. *Front Microbiol.* 15:1428808. doi:10.3389/fmicb.2024.1428808.
- Singh, A., Tanwar, M., Singh, T. P., Sharma, S. & Sharma, P. (2024). An escape from ESKAPE pathogens: a comprehensive review on current and emerging therapeutics against antibiotic resistance. *Int J Biol Macromol.* 279(Pt.3):135253. doi:10.1016/j.ijbiomac.2024.135253.
- Sorenson, T. R., Zack, K. M. & Joshi, S. G. (2025). Biofilm formation and the role of efflux pumps in ESKAPE pathogens. *Microorganisms.* 13(8):1816. doi:10.3390/microorganisms13081816.
- Stoian, I. A. et al. (2024). Exploring the ESKAPE maze: pneumonias, resistance and perspectives. *Pneumologia.* 72:140-7. <https://reference-global.com/article/10.2478/pneum-2024-0020>.
- Theuretzbacher, U., Outtersson, K., Engel, A. & Karlén, A. (2020). The global preclinical antibacterial pipeline. *Nat Rev Microbiol.* 18(5):275-85. doi:10.1038/s41579-019-0288-0
- Zhen, X., Lundborg, C. S., Sun, X., Hu, X. & Dong, H. (2019). Economic burden of antibiotic resistance in ESKAPE organisms: a systematic review and meta-analysis. *Antimicrob Resist Infect Control.* 8:137. doi:10.1186/s13756-019-0590-7.
- Zipf, G. K. (1949). *Human behavior and the principle of least effort*. Cambridge (MA): Addison-Wesley. <https://archive.org/details/in.ernet.dli.2015.90211/page/n33/mode/2up>.