



scienceevolution

ISSN: 2810-8728 (En línea)

5.1

ENERO - MARZO
2026

Revisión Bibliográfica

87 - 96



ARTÍCULO DE REVISIÓN
Bibliográfica

Klebsiella pneumoniae y resistencia bacteriana

Klebsiella pneumoniae and bacterial resistance

Alexander Acosta Gavilánéz (Autor Corresponsal)

qup.al.acosta@gmail.com



ORCID: 0009-0006-7530-1870

Quality Up-Soluciones Educativas, Quito, Ecuador

Roberto Iván Acosta Gavilánéz

ri.acostg@uta.edu.ec



ORCID: 0000-0002-8162-7600

Universidad Técnica de Ambato, Ambato, Ecuador

Paola Lisette Ribadeneira Freire

paolaribadeneira98@gmail.com



ORCID: 0009-0001-2312-0350

Universidad Internacional SEK, Quito, Ecuador

Aceptación: 29 de enero de 2026

Publicación: 23 de febrero de 2026

Resumen

La resistencia de la *Klebsiella pneumoniae* se ha convertido en un problema de salud. Se realizó una revisión bibliográfica con el objetivo de sintetizar aspectos biológicos y clínicos de *Klebsiella pneumoniae* y su resistencia bacteriana. La búsqueda de información se realizó en PubMed, SciELO y Google Scholar y se examinaron un total de 43 fuentes bibliográficas. Constituye una bacteria que incide de manera significativa en la morbilidad y mortalidad de neumonías, infecciones del tracto urinario y bacteriemia/sepsis, entre otras. El tratamiento de estas enfermedades representa un grave riesgo terapéutico debido a la coexistencia de resistencia a varios tipos de antibióticos, desde la propagación de cepas productoras de betalactamasas de espectro extendido hasta el desarrollo de cepas resistentes a los carbapenémicos. Se manifiesta tanto en la comunidad como en los hospitales. La resistencia bacteriana se produce por características de virulencia que permiten la colonización, evasión de la respuesta inmunitaria y la aparición de infecciones de difícil control. Esta situación subraya la importancia de la vigilancia genética y la identificación de focos de transmisión para orientar las estrategias de control y prevención. Debido a esto, la resistencia bacteriana de la *Klebsiella pneumoniae* supone un reto fundamental para la salud pública.

Palabras clave: *Klebsiella Pneumoniae*; Resistencia Bacteriana a los Antibióticos; Infecciones Bacterianas; Infección Nosocomial; Infecciones Adquiridas en la Comunidad; Betalactamasas; Resistencia a Carbapenémicos; Factores de Virulencia

Abstract

The resistance of *Klebsiella pneumoniae* has become a significant health problem. A literature review was conducted to synthesize the biological and clinical aspects of *Klebsiella pneumoniae* and its bacterial resistance. Information was searched in PubMed, SciELO, and Google Scholar, and a total of 43 bibliographic sources were examined. This bacterium significantly impacts the morbidity and mortality associated with pneumonia, urinary tract infections, and bacteremia/sepsis, among other conditions. The treatment of these diseases poses a serious therapeutic challenge due to the coexistence of resistance to several types of antibiotics, ranging from the spread of extended-spectrum beta-lactamase-producing strains to the development of carbapenem-resistant strains. It manifests in both community and hospital settings. Bacterial resistance arises from virulence characteristics that allow for colonization, evasion of the immune response, and the emergence of infections that are difficult to control. This situation underscores the importance of genetic surveillance and the identification of transmission foci to guide control and prevention strategies. Therefore, bacterial resistance in *Klebsiella pneumoniae* represents a fundamental challenge for public health.

Keywords: *Klebsiella Pneumoniae*; Drug Resistance, Bacterial; Bacterial Infections; Cross Infection; Community-Acquired Infections; Beta-Lactamases; Carbapenem Resistance; Virulence Factors

Paola L. Ribadeneira Freire
ORCID: 0009-0001-2312-0350

Roberto L. Acosta Gavilánéz
ORCID: 0000-0002-8162-7600

Alexander Acosta Gavilánéz
ORCID: 0009-0006-7530-1870

<https://revista.scienceevolution.com>





scienceevolution

ISSN: 2810-8728 (En línea)

5.1

ENERO - MARZO
2026

Revisión Bibliográfica

87 - 96

Paola L. Ribadeneira Freire
ORCID: 0009-0001-2312-0350

Roberto L. Acosta Gavilán
ORCID: 0000-0002-8162-7600

Klebsiella pneumoniae y resistencia bacteriana
Alexander Acosta Gavilán
ORCID: 0009-0006-7530-1870
<https://revista.scienceevolution.com>



Introducción

La resistencia antimicrobiana representa un problema con alta repercusión en la salud pública, la medicina moderna y en el control de las infecciones humanas. Posterior a la introducción y uso cíclico de los antibióticos en la práctica clínica, miles de microorganismos han llegado a presentar mecanismos de adaptación a las mismas, incluyendo la adquisición de genes de resistencia y la transferencia genética horizontal, lo que ha facilitado la aparición y expansión de cepas clínicamente relevantes resistentes a antimicrobianos ([Arcari & Carattoli, 2022](#)). En términos epistemológicos, la resistencia antimicrobiana puede definirse como un fenómeno complejo cuya explicación científica necesita integrar conocimientos clínicos, epidemiológicos y microbiológicos.

Debido al aumento constante de gérmenes multirresistentes y a la escasez de nuevos antimicrobianos potentes, este fenómeno, conocido como resistencia antimicrobiana, representa una de las amenazas más relevantes del siglo XXI ([Belay et al., 2025](#)). La resistencia a los antimicrobianos también incrementa el riesgo de complicaciones infecciosas evitables, poniendo en peligro procedimientos médicos básicos como la cirugía, los trasplantes y los tratamientos contra el cáncer ([Organización Mundial de la Salud \[OMS\], 2021](#)). A nivel global, la [OMS \(2025\)](#) y la Organización Panamericana de la Salud ([OPS, 2025](#)) advierten que el aumento de la resistencia a los antibióticos esenciales se ve agravado debido a su uso inadecuado o excesivo. En consecuencia, la resistencia antimicrobiana como un problema emergente constituye uno de los principales desafíos para la salud pública mundial ([Centers for Disease Control and Prevention \[CDC\], 2019](#)).

Los datos epidemiológicos al respecto apuntan hacia una preocupación en la práctica clínica y en la salud pública. Se calcula que la resistencia antimicrobiana bacteriana (RAM) estuvo asociada a 4,71 millones de muertes en 2021, de las que 1,14 millones estuvieron directamente asociadas a la RAM. Las tendencias de la mortalidad por RAM en los 31 años precedentes tuvieron muchas variaciones en función de la región del mundo y la edad, y en personas mayores de 70 años aumentó más de un 80 % entre 1990 y 2021, mientras que la mortalidad en niños menores de cinco años disminuyó más de un 50 % en el mismo periodo. Se estima que en 2050 podrían llegar a producirse 1,91 millones de muertes atribuidas a la RAM o 8,22 millones de muertes asociadas a la RAM a nivel mundial, y las regiones que tendrían mayores tasas de mortalidad en todos los grupos de edad en 2050 serían el sur de Asia, así como América Latina y el Caribe ([Naghavi et al., 2024](#)).

En este contexto, una de cada seis infecciones bacterianas confirmadas en laboratorio presenta resistencia a los tratamientos antibióticos, y entre 2018 y 2023 la resistencia aumentó en más del 40 % de las combinaciones patógeno-antibiótico monitorizadas ([OMS, 2025](#)). Estos datos evidencian una amenaza directa para la seguridad del paciente y la sostenibilidad de los sistemas sanitarios. Entre los patógenos prioritarios identificados destaca *Klebsiella pneumoniae*, con elevados niveles de resistencia a cefalosporinas de tercera generación y carbapenémicos, cuya vigilancia internacional se articula mediante el sistema GLASS y redes regionales como la Red Latinoamericana de Vigilancia de la Resistencia a los Antimicrobianos (ReLAVRA) y la Red Europea de Vigilancia de la Resistencia a los Antimicrobianos (EARS-Net, por sus siglas en inglés) ([OMS, 2025](#); [OMS, s.f.](#); [European Centre for Disease Prevention and Control \[ECDC\], 2025](#)).

Es de gran importancia clínica tener conocimiento acerca de las bacterias gramnegativas pertenecientes al orden enterobacterales, puesto que su potencial para causar infecciones del sitio quirúrgico, neumonía, sepsis, bacteriemia e infecciones urinarias, resulta en tasas de morbilidad y mortalidad considerablemente altas ([De Pascale et al., 2025](#)). Las enterobacterales se distinguen por su asombrosa capacidad para adquirir y diseminar genes de resistencia mediante transferencia horizontal de genes, utilizando integrones, plásmidos y otros elementos genéticos móviles. Esta característica propicia la propagación rápida de patógenos con resistencia extendida a los antibióticos y patógenos multirresistentes, lo que impacta directamente en la atención de los pacientes, tanto desde una perspectiva clínica como económica ([Liu et al., 2021](#); [Macesic et al., 2023](#)).

Dentro de este grupo, *Klebsiella pneumoniae* forma parte de manera habitual de la microbiota gastrointestinal humana; no obstante, en el ámbito hospitalario tiene un papel patógeno oportunista, responsable de infecciones invasivas graves con predilección hacia los pacientes ingresados, las personas mayores o los enfermos inmunodeprimidos. La importancia clínica de este microorganismo no radica únicamente en la gravedad de las infecciones que puede desencadenar; también se centra en la frecuencia elevada de cepas multirresistentes que aparecen cada vez más en las infecciones por *Klebsiella pneumoniae* y que limitan las posibilidades terapéuticas disponibles ([Martin & Bachman, 2018](#); [Bray & Zafar, 2024](#)).

En las últimas décadas, la aparición de cepas productoras de carbapenemasas, betalactamasas de espectro extendido y variantes multirresistentes ha incrementado notablemente la preocupación clínica por *K. pneumoniae*, limitando considerablemente las opciones terapéuticas disponibles para



scienceevolution

ISSN: 2810-8728 (En línea)

5.1

ENERO - MARZO
2026

Revisión Bibliográfica

87 - 96

Klebsiella pneumoniae y resistencia bacteriana

Alexander Acosta Gavilán

ORCID: 0009-0006-7530-1870

https://revista.scienceevolution.com

Roberto L. Acosta Gavilán

ORCID: 0000-0002-8162-7600

Paola L. Ribadeneira Freire

ORCID: 0009-0001-2312-0350

infecciones graves en pacientes hospitalizados ([Ejaz et al., 2024](#)). De hecho, en 2023, más del 55 % de los aislados en infecciones del torrente sanguíneo eran resistentes a cefalosporinas de tercera generación, consideradas tratamientos de primera línea, mientras que el aumento de la resistencia a carbapenémicos compromete gravemente las alternativas terapéuticas ([OMS, 2025](#)). Asimismo, el retraso en la administración del tratamiento antibiótico adecuado se ha asociado con un incremento de la mortalidad, lo que subraya la necesidad de mejorar la vigilancia hospitalaria y el diagnóstico microbiológico rápido ([Lodise et al., 2018](#)).

Entre el aumento en la detección de cepas hipervirulentas desarrolladas a escala mundial, que presentan la habilidad para hipervirulencia simultáneamente con la resistencia a carbapenémicos, capaces de facilitar una enfermedad potencialmente letal en pacientes enfermos previos y en individuos sanos, se reafirma la necesidad de reforzar las capacidades diagnósticas moleculares y microbiológicas ([OMS, 2024](#); [Russo et al., 2025](#); [Huang et al., 2025](#)).

A pesar del aumento del volumen de la investigación en torno a *K. pneumoniae* resistente, la evidencia científica que existe acerca de este microorganismo se encuentra ampliamente desparramada entre los diferentes estudios microbiológicos, clínicos, epidemiológicos y de vigilancia de la salud, teniendo como efecto la dificultad para comprender en su conjunto las características biológicas de *K. pneumoniae* resistente, sus mecanismos de resistencia y sus consecuencias clínicas. Esta ruptura del conocimiento limita la sistematización de la información necesaria para la práctica clínica, la vigilancia epidemiológica y la prevención.

A partir del análisis de la literatura sobre las características biológicas y patogénicas de *K. pneumoniae* y de sus mecanismos de resistencia antibiótica, se hace hincapié en la necesidad de incrementar la investigación científica dedicada a esta bacteria. Este enfoque resulta fundamental para comprender su influencia sobre la atención sanitaria, así como sobre su comportamiento clínico. Conocer sus patrones resistenciales favorece la utilización correcta de antimicrobianos y la reducción de la tasa de fracasos terapéuticos y permisivos en todos los pacientes.

Las contribuciones científicas previstas de este estudio implican la organización y sistematización de la información actualmente disponible, la integración crítica de la evidencia científica existente y la orientación de futuras líneas de investigación sobre los aspectos biológicos, clínicos y preventivos de *K. pneumoniae* resistente. Por consiguiente, el objetivo de esta investigación de revisión bibliográfica es sintetizar la evidencia científica disponible sobre los aspectos biológicos y clínicos de *K. pneumoniae* y su resistencia bacteriana, teniendo en cuenta la literatura disponible actualizada.

Método

Tipo de revisión

Se desarrolló una revisión bibliográfica a fin de recopilar, evaluar e interpretar la información científica disponible para ofrecer una comprensión actualizada de la *K. pneumoniae* y su resistencia bacteriana en infecciones intrahospitalarias y extrahospitalarias.

Estrategias de búsquedas

La búsqueda de información se llevó a cabo en bases de datos académicas reconocidas por su rigor y relevancia en el ámbito biomédico y de la salud (PubMed, SciElo y Google Scholar). Las palabras clave seleccionadas incluyeron términos en español e inglés: "farmacorresistencia bacteriana", "*Klebsiella pneumoniae*", "infecciones bacterianas", "infección hospitalaria", "infecciones adquiridas en la comunidad", "infecciones nosocomiales". Para la selección de estos términos de búsqueda, se tuvieron en cuenta los Descriptores en Ciencias de la Salud (DeCS) y los Medical Subject Headings (MeSH), adaptados al tema y combinados, lo que garantizó precisión y una cobertura exhaustiva. Se utilizaron los operadores booleanos "AND" y "OR" junto con los términos MeSH y las palabras clave para formular diversas ecuaciones de búsqueda.

Criterios de elegibilidad

Criterios de inclusión

- Artículos originales (ensayos clínicos, estudios observacionales, estudios de cohortes y estudios de casos y controles) y de revisión (revisiones sistemáticas, revisiones narrativas y revisiones de alcance) que contuvieran información acerca de aspectos biológicos y clínicos de la *K. pneumoniae* y su resistencia bacteriana en las infecciones.
- Artículos publicados entre 2018 y 2025, en inglés o español.





scienceevolution

ISSN: 2810-8728 (En línea)

5.1

ENERO - MARZO
2026

Revisión Bibliográfica

87 - 96

Klebsiella pneumoniae y resistencia bacteriana

Alexander Acosta Gavilán

ORCID: 0009-0006-7530-1870

<https://revista.scienceevolution.com>

Roberto L. Acosta Gavilán

ORCID: 0000-0002-8162-7600

Paola L. Ribadeneira Freire

ORCID: 0009-0001-2312-0350

Criterios de exclusión

- Se eliminó toda la información científica considerada como literatura gris.
- Artículos con incompleta información que impide el análisis interpretativo de la información.

Extracción de Datos

Conforme se recopilaban los artículos, se procedió a eliminar los duplicados y aquellos que tenían títulos o resúmenes irrelevantes. Luego de dicha selección, se realizó una revisión para identificar a los artículos que cumplían los criterios de inclusión.

Análisis de la Información

Se analizaron un total de 43 fuentes bibliográficas. Se efectuó una evaluación crítica de las publicaciones seleccionadas, teniendo en cuenta su relevancia metodológica y sus contribuciones al conocimiento actual, lo que permitió realizar una integración narrativa de los hallazgos más importantes. Por ello, los estudios se agruparon de acuerdo a categorías temáticas:

- Características biológicas y patogénicas
- Vías de transmisión y ámbitos comunitario y hospitalario
- Manifestaciones clínicas principales
- Evolución de la resistencia
- Mecanismos de resistencia
- Prevención y control

Cabe resaltar que el procesamiento de los estudios se llevó a cabo de manera manual.

Limitaciones metodológicas

La revisión hizo uso de bases de datos específicas, por lo que pudo haber excluido otros directorios académicos con artículos relevantes para la investigación. Entre otras limitaciones, se encontraron la restricción de idiomas (español e inglés) y el periodo de tiempo predefinido en los criterios de inclusión. Además, el tipo de estudio imposibilitó la obtención de resultados a partir del desarrollo de análisis estadísticos. También, es importante mencionar que el sesgo de publicación podría haber orientado la difusión de resultados positivos. De todos modos, se logra contribuir con una visión amplia y actualizada sobre los aspectos biológicos y clínicos de la *K. pneumoniae* y su resistencia bacteriana en las infecciones.

Desarrollo y Discusión

Características biológicas y patogénicas de *Klebsiella pneumoniae*

La familia Enterobacteriaceae, según [Jones et al. \(2024\)](#), incluye el bacilo gramnegativo *K. pneumoniae*, que se distingue por una estructura enterobacteriana típica y diversas características morfológicas relacionadas con su potencial patógeno. Esta especie carece de flagelos y es inmóvil, por lo que es inmóvil y anaerobia facultativa, respectivamente, lo que le permite desarrollarse tanto en ambientes con la presencia o no de oxígeno. Posee una membrana externa lipídica de doble capa compuesta por proteínas, lipoproteínas y lipopolisacáridos.

[Bain et al. \(2023\)](#) describieron la aparición de mutaciones in vivo en genes que participan en la biosíntesis capsular de *K. pneumoniae*, tal como ocurre para wcaJ, siendo estas mutaciones las que modifican la interacción con la del complemento y la opsonofagocitosis.

[Xu et al. \(2024\)](#) mencionaron que la capacidad de *K. pneumoniae* para colonizar, evadir el sistema inmunitario y causar enfermedades se ve potenciada por diversos factores de virulencia. La cápsula de polisacáridos es el principal factor de virulencia. Esta cápsula protege a la bacteria de la fagocitosis y de la respuesta inflamatoria. Los lipopolisacáridos también son cruciales, dado que facilitan la colonización de los órganos internos y brindan protección contra la lisis mediada por el complemento.

Si bien la *K. pneumoniae* hipervirulenta (hvKP) puede causar infecciones graves tanto en personas inmunocompetentes como en jóvenes sanos, [Russo et al. \(2024\)](#) indicaron que la *K. pneumoniae* clásica (cKP) está asociada a entornos hospitalarios, afecta principalmente a pacientes inmunodeprimidos y con frecuencia causa infecciones nosocomiales como neumonía, infecciones del tracto urinario y bacteriemia. Asimismo, plantearon que las variaciones en la patogenicidad entre las cepas están determinadas por la variabilidad genética.





scienceevolution

ISSN: 2810-8728 (En línea)

5.1

ENERO - MARZO
2026

Revisión Bibliográfica

87 - 96

Paola L. Ribadeneira Freire
ORCID: 0009-0001-2312-0350

Roberto L. Acosta Gavilán
ORCID: 0000-0002-8162-7600

Alexander Acosta Gavilán
ORCID: 0009-0006-7530-1870

<https://revista.scienceevolution.com>



Vías de transmisión y ámbitos hospitalario y comunitario de *Klebsiella pneumoniae*

[Olund-Matos et al. \(2025\)](#) explicaron que la *K. pneumoniae* es capaz de causar infecciones, tanto en entornos hospitalarios como comunitarios, y que las variables específicas del huésped y del microorganismo, así como el contexto epidemiológico, influyen en los patrones de transmisión y adquisición. Para [Ma et al. \(2025\)](#), esta se transmite principalmente por contacto directo con superficies y equipos médicos contaminados en entornos hospitalarios, particularmente en unidades de cuidados intensivos u otras áreas de hospitalización donde los pacientes reciben tratamiento inmediato debido a su estado clínico agudo. La bacteria puede propagarse entre pacientes hospitalizados, especialmente aquellos que utilizan dispositivos invasivos como catéteres o ventiladores mecánicos, que permiten la entrada directa de la bacteria al organismo. Además, puede colonizar las manos del personal sanitario y objetos inanimados. Por su parte, la [OMS \(2024\)](#) estima que *K. pneumoniae* constituye el agente etiológico del 20–30 % de las neumonías nosocomiales en la Región de las Américas y figura entre los tres principales patógenos aislados en la bacteriemia intrahospitalaria por gramnegativos.

Principales enfermedades producidas por *Klebsiella pneumoniae*

Tanto en el ámbito hospitalario como en la comunidad, [Grosjean et al. \(2024\)](#) indicaron que *K. pneumoniae* es un patógeno oportunista capaz de ocasionar una amplia gama de infecciones graves, especialmente en personas inmunocomprometidas u otros grupos vulnerables; por ello, se le asocia con cuadros de elevada morbilidad y mortalidad. En comparación con la neumonía adquirida en la comunidad causada por *Streptococcus pneumoniae*, la infección monobacteriana por KP-CAP no relacionada con la atención sanitaria se ha vinculado con una presentación clínica significativamente más grave al ingreso en la unidad de cuidados intensivos (UCI) y mayor riesgo de complicaciones, incluyendo muerte de aparición rápida.

[Zhuo et al. \(2025\)](#) mencionaron que la *K. pneumoniae* constituye un agente relevante de infecciones del tracto respiratorio inferior, tanto adquiridas en la comunidad como en el hospital, y los resultados clínicos pueden variar según el tipo de cepa, observándose diferencias en tasas de ingreso en UCI, mortalidad hospitalaria y choque séptico entre distintos subgrupos bacterianos.

En pacientes hospitalizados con catéter urinario, el estudio de [Al-Amri et al. \(2025\)](#) señaló que la prevalencia de infección urinaria asociada al catéter fue del 27.8 %, siendo las especies de *Klebsiella* los patógenos más frecuentes (46.2 %), además de identificarse múltiples factores asociados al desarrollo de la infección.

Un meta-análisis llevado a cabo por [Li et al. \(2023\)](#) evidenció que la bacteriemia debida a *K. pneumoniae* constituye una infección invasiva con una mortalidad elevada, y una fuerte tasa de mortalidad tanto a corto como a medio plazo, constatada incluso en los casos de bacteriemia por cepas resistentes a los carbapenémicos.

Al respecto, [Ibrahim \(2023\)](#) reconoció la importancia de identificar a grupos vulnerables que corren un riesgo especial de sufrir infecciones graves por *K. pneumoniae* y consecuencias clínicas mortales. Entre ellos se encuentran los adultos mayores y los pacientes inmunodeprimidos, visto que sus sistemas inmunitarios debilitados favorecen la invasión y la propagación bacteriana. También los pacientes con dispositivos médicos invasivos (ventilación mecánica, catéteres), que promueven la colonización y la entrada de bacterias, y aquellos con enfermedades crónicas preexistentes como diabetes *mellitus*, insuficiencia renal o enfermedad pulmonar crónica.

Evolución de la resistencia bacteriana de la *Klebsiella pneumoniae*

La definición de resistencia bacteriana, por [Camacho Silvas \(2023\)](#), se ha referido a la capacidad de una bacteria para sobrevivir y proliferar aún en presencia de concentraciones de antibióticos que normalmente suprimirían o erradicarían microorganismos sensibles. Los mecanismos que hacen posible este fenómeno, que puede ser innato o adquirido, incluyen la alteración de las dianas farmacológicas, la disminución de la permeabilidad de la membrana, el eflujo activo de fármacos mediante bombas de eflujo y la síntesis de enzimas inactivadoras de antibióticos.

[Li y Farzana \(2025\)](#) y [Huang et al. \(2025\)](#) explicaron que en los últimos 20 años, la presión selectiva derivada del uso descuidado de antibióticos en entornos clínicos y la rápida propagación de elementos genéticos móviles que permiten la transferencia horizontal de genes de resistencia han sido las principales causas del aumento persistente de la resistencia bacteriana de *K. pneumoniae*. Debido a este fenómeno, es uno de los patógenos gramnegativos más preocupantes en el ámbito hospitalario y comunitario. Por su parte, [Castanheira et al. \(2023\)](#) reportaron que la producción de β -lactamasas se ha convertido en uno de los principales mecanismos de resistencia en enterobacteriales capaz de inactivar penicilinas, cefalosporinas y otros β -lactámicos, lo que dificulta la eficacia de estos antibióticos.



scienceevolution

ISSN: 2810-8728 (En línea)

5.1

ENERO - MARZO
2026

Revisión Bibliográfica

87 - 96

Klebsiella pneumoniae y resistencia bacteriana

Alexander Acosta Gavilán
ORCID: 0009-0006-7530-1870

Paola L. Ribadeneira Freire
ORCID: 0009-0001-2312-0350

https://revista.scienceevolution.com



En esa misma línea, [Qala Nou et al. \(2025\)](#) señalaron que, debido a que los carbapenémicos se consideraban antibióticos de último recurso para infecciones graves, la aparición y rápida propagación de cepas resistentes a los carbapenémicos en los últimos diez años marcó un punto de inflexión crucial en la evolución de la resistencia, consolidando a este patógeno como una amenaza prioritaria para la salud pública mundial.

Mecanismos de resistencia en *Klebsiella pneumoniae*

[Han et al. \(2025\)](#) advirtieron que la *K. pneumoniae* presenta resistencia a los antibióticos, mediada por mecanismos fenotípicos y genéticos que disminuyen la eficacia de diversas clases de antimicrobianos. Como consecuencia de estos procesos, han surgido cepas multirresistentes y resistentes a los carbapenémicos, que se han extendido y representan un importante desafío terapéutico.

Entre estos mecanismos se encuentran:

β -lactamasas de espectro extendido. Las enzimas capaces de hidrolizar penicilinas y cefalosporinas de tercera generación, como la cefotaxima, la ceftriaxona y la ceftazidima, se conocen como betalactamasas de espectro extendido. Mediante la hidrólisis del anillo betalactámico, esta actividad enzimática neutraliza la acción bactericida de los antibióticos betalactámicos al disminuir su afinidad por sus dianas bacterianas ([Husna et al., 2023](#)).

Carbapenemasas. Las carbapenemasas son una subclase de β -lactamasas que pueden degradar otros antibióticos β -lactámicos y carbapenémicos, antibióticos que se utilizan como última opción en la práctica clínica. Generalmente, los plásmidos con alta capacidad de transferencia horizontal de genes contienen los genes principales asociados a estas enzimas. Se ha demostrado que las cepas productoras de carbapenemasas (CRKP) se originan y se propagan por todo el mundo, lo que representa un grave peligro para el tratamiento de infecciones graves, puesto que estas enzimas degradan eficazmente los carbapenémicos, limitando drásticamente las alternativas terapéuticas ([Gauba & Rahman, 2023](#)).

Quinolonas. La resistencia a quinolonas y fluoroquinolonas es producida por las alteraciones en las regiones que marcan la resistencia de las enzimas diana, disminuyendo así la afinidad de los antibióticos por dichas dianas enzimáticas, lo cual sería una de las causas por las que la eficacia de aquéllas se ve mermada. Sin embargo, también se han descrito mecanismos de resistencia adquirida mediados por elementos genéticos móviles, en que se incluyen sistemas de bombas de eflujo encargadas de expulsar a la célula el antibiótico ([Rezaei et al., 2024](#)).

Aminoglucósidos. La resistencia a los aminoglucósidos se confiere a las enzimas modificadoras de aminoglucósidos, dado que estas introducen modificaciones químicas al antibiótico y evitan que se una al ribosoma bacteriano. Estos genes frecuentemente se encuentran en plásmidos junto con las β -lactamasas de espectro extendido, facilitando perfiles de multirresistencia ([Gauba & Rahman, 2023](#)).

Tetraciclinas. La resistencia a las tetraciclinas, en particular la tigeciclina, puede deberse a diversos mecanismos, como la expresión de bombas de eflujo (OqxAB, AdeABC, Tet(A) mutante, KpgABC) y mutaciones en proteínas ribosomales. Además, se ha descrito una mutación en el gen rpsJ, que codifica la proteína ribosomal S10, la cual altera el sitio de unión de la tigeciclina en la subunidad 30S del ribosoma, contribuyendo así a la resistencia incluso en ausencia de bombas de eflujo ([Huy, 2024](#)).

El estudio de [Leus y Zgurskaya \(2025\)](#) expuso que los cambios en la permeabilidad de la membrana externa y las bombas de eflujo son procesos no enzimáticos que poseen un papel determinante en la multirresistencia de la *K. pneumoniae*, interviniendo en la eliminación de distintas clases de antibióticos de manera activa de la célula, lo que disminuye su concentración intracelular de forma activa y favorece la multirresistencia. Por otro lado, la reducción de la permeabilidad de la membrana limita el acceso de los antibióticos hidrofílicos (como los betalactámicos) a sus dianas al impedir su paso a través de la membrana externa. Los procesos mencionados suelen actuar en conjunto con enzimas que inactivan los antibióticos; como resultado, se intensifican los altos niveles de resistencia y se complica el uso de diversas clases de fármacos.

Prevención y control ante la resistencia bacteriana por *Klebsiella pneumoniae*

De acuerdo con [Akbari et al. \(2025\)](#), la resistencia bacteriana en *K. pneumoniae* requiere una estrategia de prevención y control completa que contenga los siguientes componentes: intervenciones hospitalarias; políticas públicas sobre el uso de antibióticos; vigilancia epidemiológica y educación sanitaria. En su estudio, los autores descubrieron que la introducción de un grupo de medidas que incluía vigilancia activa, mejores prácticas de higiene de manos, control del personal, atención correcta de los pacientes intubados y educación continua, produjeron una reducción



scienceevolution

ISSN: 2810-8728 (En línea)

5.1

ENERO - MARZO
2026

Revisión Bibliográfica

87 - 96

Klebsiella pneumoniae y resistencia bacteriana

Paola L. Ribadeneira Freire
ORCID: 0009-0001-2312-0350

Roberto L. Acosta Gavilán
ORCID: 0000-0002-8162-7600

Alexander Acosta Gavilán
ORCID: 0009-0006-7530-1870

<https://revista.scienceevolution.com>



significativa de las infecciones/colonizaciones por esta bacteria.

Del mismo modo, [Geng et al. \(2025\)](#) han afirmado que las intervenciones más efectivas son las combinadas, aunque las específicas también son eficaces dependiendo del contexto y el tipo de bacteria resistente. Por ejemplo, las precauciones de contacto, como el uso de equipo de protección personal, la higiene de manos, la limpieza ambiental, los baños con clorhexidina y los programas de optimización de antimicrobianos.

La [OMS \(2022\)](#) ha destacado que la educación para la salud dirigida a la población general y la formación de los profesionales de la salud, es uno de los elementos más importantes a tener en cuenta para prevenir la resistencia bacteriana. Esto no solo debe incluir programas de capacitación para el personal médico, sino también campañas públicas de concienciación sobre los peligros del uso incorrecto de antibióticos y la importancia de seguir el tratamiento prescrito. También, ha promovido el apoyo a iniciativas internacionales como la Semana Mundial de Concienciación sobre los Antibióticos, cuyo objetivo es informar al público y a los profesionales médicos acerca de la resistencia de los microorganismos y promover comportamientos responsables.

Fortalezas y limitaciones de la revisión

La presente revisión presenta varias fortalezas. Para garantizar la actualidad de los datos y proporcionar una visión general actualizada del tema, la revisión se centró inicialmente en publicaciones de 2018 a 2025. Además, la búsqueda se realizó en bases de datos reconocidas por su validez e importancia científica, lo que garantiza la precisión, la exhaustividad en la recopilación de información y una amplia cobertura del tema. Otra fortaleza importante es la organización de la información recopilada, que permitió realizar una síntesis crítica de los datos científicos, integrando los hallazgos de forma clara y lógica. Esto ofrece información valiosa para futuras investigaciones y para la toma de decisiones en materia de salud pública. Se declaran algunas limitaciones, dado que, al tratarse de una revisión narrativa, no genera datos originales ni permite establecer relaciones causales entre las variables.

Conclusión

La presente revisión bibliográfica reúne la literatura científica actualmente disponible sobre las características biológicas, clínicas y los patrones de resistencia antimicrobiana de *Klebsiella pneumoniae*, posicionándose como uno de los patógenos gramnegativos más importantes para la salud pública. Los estudios analizados ponen de manifiesto que sus factores de virulencia favorecen la colonización, la evasión de la respuesta inmunitaria y el desarrollo de infecciones invasivas graves, especialmente en pacientes hospitalizados, inmunodeprimidos y personas con comorbilidades. Asimismo, se confirma que la transmisión de esta bacteria ocurre tanto en el ámbito hospitalario como en la comunidad, lo que contribuye a entender su impacto epidemiológico.

La evidencia analizada también muestra una expansión sostenida de cepas productoras de *betalactamasas* de espectro extendido, *carbapenemasas* y otros mecanismos moleculares de resistencia, lo que limita las posibilidades terapéuticas y se asocia con mayor mortalidad, hospitalización prolongada y costos sanitarios elevados. En ese sentido, resulta imprescindible potenciar la vigilancia microbiológica, el control de la infección y el uso apropiado de antimicrobianos, así como promover la investigación orientada al desarrollo de nuevas estrategias diagnósticas y terapéuticas que ayuden a combatir de manera

efectiva el creciente desafío de la resistencia bacteriana.

Referencias

- Akbari, M., Giske, C. G., Alenaseri, M., Zarei, A., Karimi, N., & Solgi, H. (2025). Infection control interventions against carbapenem-resistant *Acinetobacter baumannii* and *Klebsiella pneumoniae* in an Iranian referral university hospital: A quasi-experimental study. *Antimicrobial Resistance & Infection Control*, 14(48). <https://doi.org/10.1186/s13756-025-01569-8>
- Al-Amri, H. A., Almalhan, L. A., Alghamdi, M. A., & Ibrahim, M. E. (2025). Catheter-associated urinary tract infection and associated factors among patients admitted to intensive care unit at King Abdullah Hospital, Bisha, Saudi Arabia. *BMC Infectious Diseases*, 25(1640). <https://doi.org/10.1186/s12879-025-12061-4>
- Arcari, G., & Carattoli, A. (2022). Global spread and evolutionary convergence of multidrug-resistant and hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* high-risk clones. *Pathogens and Global Health*, 117(4), 328–341. <https://doi.org/10.1080/20477724.2022.2121362>



scienceevolution

ISSN: 2810-8728 (En línea)

5.1

ENERO - MARZO
2026

Revisión Bibliográfica

87 - 96

Paola L. Ribadeneira Freire
ORCID: 0009-0001-2312-0350

Roberto L. Acosta Gavilán
ORCID: 0000-0002-8162-7600

Klebsiella pneumoniae y resistencia bacteriana
Alexander Acosta Gavilán
ORCID: 0009-0006-7530-1870
<https://revista.scienceevolution.com>



Bain, W., Ahn, B., Peñaloza, H. F., McElheny, C. L., Tolman, N., Van Der Geest, R., Gonzalez-Ferrer, S., Chen, N., An, X., Hosuru, R., Tabary, M., Papke, E., Kohli, N., Farooq, N., Bachman, W., Olonisakin, T. F., Xiong, Z., Griffith, M. P., Sullivan, M., Franks, J., ... Lee, J. S. (2023). In vivo evolution of a Klebsiella pneumoniae capsule defect promotes complement-mediated opsono-phagocytosis and persistence during recurrent infection. *bioRxiv: the preprint server for biology*, <https://doi.org/10.1101/2023.05.31.542722>

Belay, W. Y., Getachew, M., Tegegne, B. A., Teffera, Z. H., Dagne, A., Zeleke, T. K., Wondm, S. A., Abebe, R. B., Gedif, A. A., Fenta, A., Yirdaw, G., Tilahun, A., & Aschale, Y. (2025). Antimicrobial resistance with a focus on antibacterial, antifungal, antimalarial, and antiviral drugs resistance, its threat, global priority pathogens, prevention, and control strategies: A review. *Therapeutic Advances in Infectious Disease*, 12. <https://doi.org/10.1177/20499361251340144>

Bray, A. S., Zafar, M. A. (2024). Deciphering the gastrointestinal carriage of Klebsiella pneumoniae. *Infection and Immunity*, 92(9), e0048223. <https://doi.org/10.1128/iai.00482-23>

Camacho Silvas, L. A. (2023). Resistencia bacteriana, una crisis actual. *Revista Española de Salud Pública*, 97, e202302013. <https://www.scielosp.org/article/resp/2023.v97/e202302013/es/#>

Castanheira, M., Kimbrough, J. H., DeVries, S., Mendes, R. E., & Sader, H. S. (2023). Trends of β -Lactamase Occurrence Among Escherichia coli and Klebsiella pneumoniae in United States Hospitals During a 5-Year Period and Activity of Antimicrobial Agents Against Isolates Stratified by β -Lactamase Type. *Open Forum Infectious Diseases*, 10(2), ofad038. <https://doi.org/10.1093/ofid/ofad038>

Centers for Disease Control and Prevention. (2019). *Antibiotic resistance threats in the United States 2019* [PDF]. U.S. Department of Health and Human Services. <https://www.cdc.gov/antimicrobial-resistance/media/pdfs/2019-ar-threats-report-508.pdf>

De Pascale, G., Cortegiani, A., Rinaldi, M., Antonelli, M., Cattaneo, S., Cecconi, M., Cuffaro, R., Dalfino, L., Di Biase, F., Donati, A., Fasano, F. R., Fasciana, T., Foti, G., Frattari, A., Fumagalli, R., Girardis, M., Gottin, L., Mattei, A., Milazzo, M... & Viale, P. (2025). Incidence of hospital-acquired infections due to carbapenem-resistant Enterobacterales and Pseudomonas aeruginosa in critically ill patients in Italy: A multicentre prospective cohort study. *Critical Care*, 29(32). <https://doi.org/10.1186/s13054-025-05266-1>

Ejaz, H., Qamar, M. U., Farhana, A., Younas, S., Batool, A., Lone, D., Atif, M., Alruways, M. W., Alruwaili, M., Hamad, I., Selim, S., Mazhari, B. B. Z., Farooq, A., & Junaid, K. (2024). The rising tide of antibiotic resistance: A study on extended-spectrum beta-lactamase and carbapenem-resistant Escherichia coli and Klebsiella pneumoniae. *Journal of Clinical Laboratory Analysis*, 38(10), e25081. <https://doi.org/10.1002/jcla.25081>

European Centre for Disease Prevention and Control. (2025). *EARS-Net: European antimicrobial resistance surveillance network*. Recuperado el 7 de enero de 2026, de <https://www.ecdc.europa.eu/en/about-us/networks/disease-networks-and-laboratory-networks/ears-net-data>

Gaub, A., & Rahman, K. M. (2023). Evaluation of Antibiotic Resistance Mechanisms in Gram-Negative Bacteria. *Antibiotics*, 12(11), 1590. <https://doi.org/10.3390/antibiotics12111590>

Geng, Y., Liu, Z., Ma, X., Pan, T., Chen, M., Dang, J., Zhang, P., Chen, C., Zhao, Y., Pan, D., & Liang, P. (2025). Infection prevention and control measures for multidrug-resistant organisms: a systematic review and network meta-analysis. *Infection*, 53(5), 1789-1800. <https://doi.org/10.1007/s15010-025-02498-9>

Grosjean, V., Gressens, S. B., Pham, T., Gaudry, S., Ait-Oufella, H., De Prost, N., ... & Roux, D. (2024). Community-acquired Klebsiella pneumoniae pneumonia in ICU: a multicenter retrospective study. *Annals of Intensive Care*, 14(69). <https://doi.org/10.1186/s13613-024-01269-3>

Han, B., Feng, C., Jiang, Y., Ye, C., Wei, Y., Liu, J., & Zeng, Z. (2025). Mobile genetic elements encoding antibiotic resistance genes and virulence genes in Klebsiella pneumoniae: important pathways for the acquisition of virulence and resistance. *Frontiers in Microbiology*, 16, 1529157. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1529157>

Huy, T. X. N. (2024). Overcoming Klebsiella pneumoniae antibiotic resistance: new insights into mechanisms and drug discovery. *Beni-Suef University Journal of Basic and Applied Sciences*, 13(13). <https://doi.org/10.1186/s43088-024-00470-4>

Huang, X., Yao, X., Hou, Y., Zhang, D., Xie, R., Shi, C., Shang, Y., Bi, H., Song, W., Hua, L., Li, C., Chen, H., Wu, B., & Bin, W. (2025). Global trends of antimicrobial resistance and virulence of Klebsiella pneumoniae from different host sources. *Communications Medicine*, 5, (383). <https://doi.org/10.1038/s43856-025-01112-1>



scienceevolution

ISSN: 2810-8728 (En línea)

5.1

ENERO - MARZO
2026

Revisión Bibliográfica

87 - 96

Paola L. Ribadeneira Freire
ORCID: 0009-0001-2312-0350

Roberto L. Acosta Gavilán
ORCID: 0000-0002-8162-7600

Klebsiella pneumoniae y resistencia bacteriana
Alexander Acosta Gavilán
ORCID: 0009-0006-7530-1870
<https://revista.scienceevolution.com>



Husna, A., Rahman, M. M., Badruzzaman, A. T. M., Sikder, M. H., Islam, M. R., Rahman, M. T., Alam, J., & Ashour, H. M. (2023).

Extended-Spectrum β -Lactamases (ESBL): Challenges and Opportunities. *Biomedicines*, 11(11), 2937.

<https://doi.org/10.3390/biomedicines11112937>

Ibrahim, M. E. (2023). Risk factors in acquiring multidrug-resistant *Klebsiella pneumoniae* infections in a hospital setting in Saudi Arabia. *Scientific Reports*, 13(11626).

<https://doi.org/10.1038/s41598-023-38871-7>

Jones, J. A., Andreas, M. P., & Giessen, T. W. (2024). Structural basis for peroxidase encapsulation inside the encapsulin from the Gram-negative pathogen *Klebsiella pneumoniae*. *Nature Communications*, 15(2558).

<https://doi.org/10.1038/s41467-024-46880-x>

Leus, I. V., & Zgurskaya, H. I. (2025). No two are alike: on the role of *Klebsiella pneumoniae* permeability barriers in antibiotic susceptibility and persistence. *Antimicrobial agents and chemotherapy*, 69(8), e0008525.

<https://doi.org/10.1128/aac.00085-25>

Li, D., Huang, X., Rao, H., Yu, H., Long, S., Li, Y., & Zhang, J. (2023). *Klebsiella pneumoniae* bacteremia mortality: a systematic review and meta-analysis. *Frontiers in cellular and infection microbiology*, 13, 1157010.

<https://doi.org/10.3389/fcimb.2023.1157010>

Liu, S., Fang, R., Zhang, Y., Chen, L., Huang, N., Yu, K., et al. (2021). Characterization of resistance mechanisms of *Enterobacter cloacae* complex co-resistant to carbapenem and colistin. *BMC Microbiology*, 21(208).

<https://doi.org/10.1186/s12866-021-02250-x>

Li, Y., & Farzana, R. (2026). Mobile genetic elements in shaping *Klebsiella pneumoniae* pathogenicity. *Frontiers in Microbiology*, 16, 1730961.

<https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1730961>

Lodise, T. P., Zhao, Q., Fahrbach, K., Gillard, P. J., & Martin, A. (2018). A systematic review of the association between delayed appropriate therapy and mortality among patients hospitalized with infections due to *Klebsiella pneumoniae* or *Escherichia coli*: How long is too long?. *BMC Infectious Diseases*, 18(625).

<https://doi.org/10.1186/s12879-018-3524-8>

Ma, Z., Mo, L., Li, C., Hu, J., Zheng, W., Zeng, S., Yu, B., & Jiang, S. (2025). Epidemiology and genomic characteristics of carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* in intensive care unit from 2021 to 2024. *BMC microbiology*, 25(774).

<https://doi.org/10.1186/s12866-025-04497-0>

Macesic, N., Hawkey, J., Vezina, B., Wisniewski, J. A., Cottingham, H., Blakeway, L. V., Harshegyi, T., Pragastis, K., Badoordeen, G. Z., Dennison, A., Spelman, D. W., Jenney, A. W. J. & Peleg, A. Y. (2023). Genomic dissection of endemic carbapenem resistance reveals metallo-beta-lactamase dissemination through clonal, plasmid and integron transfer. *Nature Communications*, 14(4764).

<https://doi.org/10.1038/s41467-023-39915-2>

Martin, R. M., & Bachman, M. A. (2018). Colonization, infection, and the accessory genome of *Klebsiella pneumoniae*. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 8(4).

<https://doi.org/10.3389/fcimb.2018.00004>

Naghavi, M., Vollset, S. E., Ikuta, K. S., Swetschinski, L. R., Gray, A. P., Wool, E. E., Aguilar, G. R., Mestrovic, T., Smith, G., Han, C., Hsu, R. L., Chalek, J., Araki, D. T., Chung, E., Raggi, C., Hayoon, A. G., Weaver, N. D., Lindstedt, P. A., Smith, A. E., ... & Murray, C. J. L. (2024). Global burden of bacterial antimicrobial resistance, 1990–2021: a systematic analysis with forecasts to 2050. *The Lancet*, 404(10459), 1199-1226.

[https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(24\)01867-1](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(24)01867-1)

Olund-Matos, E., Franco-Duarte, R., Santa-Cruz, A., Nogueira, M., Correia-Neves, M., Lopes, D., Silva, R. J., Araújo, M. R., Araújo, I. M., Martins, A. F., Nogueira, C. M., Faustino, A., Cunha, P. G., Soares, P., & Rito, T. (2025). Hospital-Based Genomic Surveillance of *Klebsiella pneumoniae*: Trends in Resistance and Infection. *Biology*, 14(12), 1795.

<https://doi.org/10.3390/biology14121795>

Organización Mundial de la Salud (s.f.). *Global Antimicrobial Resistance and Use Surveillance System (GLASS)*. Recuperado el 11 de enero de 2026, de <https://www.who.int/initiatives/glass>

Organización Mundial de la Salud. (2021). *Resistencia a los antimicrobianos*. Recuperado el 5 de enero de 2026, de <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/antimicrobial-resistance>



scienceevolution

ISSN: 2810-8728 (En línea)

5.1

ENERO - MARZO
2026

Revisión Bibliográfica

87 - 96

Klebsiella pneumoniae y resistencia bacteriana

Paola L. Ribadeneira Freire
ORCID: 0009-0001-2312-0350

Roberto L. Acosta Gavilán
ORCID: 0000-0002-8162-7600

Alexander Acosta Gavilán
ORCID: 0009-0006-7530-1870

<https://revista.scienceevolution.com>



Organización Mundial de la Salud. (2022). *Manual de la OMS para la aplicación de los planes de acción nacionales sobre la resistencia a los antimicrobianos: guía para el sector de la salud humana*. Recuperado el 5 de enero de 2026, de <https://www.who.int/es/publications/i/item/9789240041981>

Organización Mundial de la Salud. (2024). *Antimicrobial resistance, hypervirulent Klebsiella pneumoniae – Global situation*. Recuperado el 9 de enero de 2026, de <https://www.who.int/emergencies/disease-outbreak-news/item/2024-DON527>

Organización Mundial de la Salud. (2025). *Global antibiotic resistance surveillance report 2025: WHO Global Antimicrobial Resistance and Use Surveillance System (GLASS)*. Recuperado el 4 de enero de 2026, de <https://iris.who.int/server/api/core/bitstreams/139d068a-1086-43f7-a47d-575d0118d034/content>

Organización Panamericana de la Salud. (2025). *La OMS advierte de la resistencia generalizada en todo el mundo a antibióticos de uso habitual*. Recuperado el 7 de enero de 2026, de <https://www.paho.org/es/noticias/13-10-2025-om-s-advier-te-resistencia-generalizada-todo-mundo-antibioticos-uso-habitual>

Qala Nou, M. S., Amirian, Z., Dehghani, F., Vejdani, A. K., Roojin, R., & Dehghanmehr, S. (2025). Systematic review and meta-analysis on the carbapenem-resistant hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* isolates. *BMC pharmacology & toxicology*, 26(25). <https://doi.org/10.1186/s40360-025-00857-8>

Rezaei, S., Tajbakhsh, S., Naeimi, B., & Yousefi, F. (2024). Investigation of gyrA and parC mutations and the prevalence of plasmid-mediated quinolone resistance genes in *Klebsiella pneumoniae* clinical isolates. *BMC Microbiology*, 24(265). <https://doi.org/10.1186/s12866-024-03383-5>

Russo, T. A., Alvarado, C. L., Davies, C. J., Drayer, Z. J., Carlino-MacDonald, U., Hutson, A., Luo, T. L., Martin, M. J., Corey, B. W., Moser, K. A., Rasheed, J. K., Halpin, A. L., McGann, P. T., & Lebreton, F. (2024). Differentiation of hypervirulent and classical *Klebsiella pneumoniae* with acquired drug resistance. *MBio*, 15(2), e02867-23. <https://doi.org/10.1128/mbio.02867-23>

Russo, T. A., Lebreton, F., & McGann, P. T. (2025). A Step Forward in Hypervirulent *Klebsiella*

pneumoniae Diagnostics. *Emerging infectious diseases*, 31(1), 1–3. <https://doi.org/10.3201/eid3101.241516>

Xu, L., Li, J., Wu, W., Wu, X., & Ren, J. (2024). *Klebsiella pneumoniae* capsular polysaccharide: Mechanism in regulation of synthesis, virulence, and pathogenicity. *Virulence*, 15(1), 2439509. <https://doi.org/10.1080/21505594.2024.2439509>

Zhuo, X., Lei, Z., Pu, D., Wu, Y., Zhao, J., & Cao, B. (2025). Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae* have better clinical outcomes than classical *Klebsiella pneumoniae* for lower respiratory tract infection patients. *BMC microbiology*, 25(40). <https://doi.org/10.1186/s12866-024-03726-2>

Conflicto de intereses

Los autores declaran que no tienen ningún conflicto de intereses.

Financiación

Todos los costos asociados a la realización de este estudio fueron cubiertos por el autor. No se recibió financiación, subvención ni patrocinio externo.

© El/Los autor(es) 2026. Este artículo se distribuye bajo los términos de la Licencia Internacional Creative Commons Atribución 4.0 (CC BY 4.0), que permite el uso, la distribución, la adaptación y la reproducción en cualquier medio o formato, siempre que se otorgue el crédito adecuado al/los autor(es) y a la fuente, se incluya un enlace a la licencia y se indique si se han realizado cambios.

Las imágenes u otro material de terceros incluidos en este artículo están cubiertos por la licencia Creative Commons del artículo, salvo que se indique lo contrario en una línea de crédito. Si el material no está incluido en la licencia Creative Commons y el uso previsto no está permitido por la legislación vigente o excede el uso permitido, será necesario obtener autorización directamente del titular de los derechos.

Puede consultarse una copia de la licencia en: <http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>

La renuncia a la dedicación al dominio público de Creative Commons (CC0 1.0; <http://creativecommons.org/publicdomain/zero/1.0/>) Se aplica a los datos disponibles en este artículo, salvo indicación contraria en la línea de crédito correspondiente.

