

Estado de la publicación: El preprint no ha sido enviado para publicación

Prevalencia de fenotipos de *Klebsiella pneumoniae* multirresistentes y extensivamente resistentes en institución hospitalaria de alta complejidad en Santa Marta, 2022

Emy Shilena Torres Villalobos

<https://doi.org/10.1590/SciELOPreprints.13750>

Enviado en: 2025-10-14

Postado en: 2025-12-11 (versión 1)

(AAAA-MM-DD)

Prevalencia de fenotipos de *Klebsiella pneumoniae* multirresistentes y extensivamente resistentes en institución hospitalaria de alta complejidad en Santa Marta, 2022

Prevalence of Multidrug-Resistant and Extensively Drug-Resistant *Klebsiella pneumoniae* Phenotypes in a High-Complexity Hospital Institution in Santa Marta, 2022

Prevalência de fenótipos de *Klebsiella pneumoniae* multirresistentes e extensivamente resistentes em instituição hospitalar de alta complexidade em Santa Marta, 2022

Perfil de autor

Emy Shilena Torres Villalobos, magíster en Ciencias - Biotecnología, profesora auxiliar del programa de Medicina, Universidad Cooperativa de Colombia, sede Santa Marta, Colombia.

Correo-e: emy.torresv@campusucc.edu.co;

estorresv@gmail.com. CvLAC:

CvLAC:

https://scienti.minciencias.gov.co/cvlac/visualizador/generarCurriculoCv.do?cod_rh=0001083201

ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-5314-0216>

Google Scholar:

https://scholar.google.es/citations?view_op=list_works&hl=es&hl=es&user=wHWCQJUAA_AAJ

Perfil del grupo de investigación

Este reporte de investigación ha sido realizado por una investigadora del Centro de Investigación en Salud para el Trópico (CIST) del programa de medicina de la Universidad Cooperativa de Colombia sede Santa Marta en el área temática de la resistencia antimicrobiana.

El proyecto del que surge el presente documento se titula *“Prevalencia de fenotipos bacterianos multirresistentes y extensivamente resistentes a los antimicrobianos, en infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS), en unidades de cuidados intensivos de institución hospitalaria del caribe colombiano: 2013- 2016”*; código INV2018, vigencia 2017 y fue aprobado y financiado por la Universidad Cooperativa de Colombia mediante Convocatoria de Mediana Cuantía 2016. Los datos del proyecto fueron actualizados con datos del 2022 para efectos de publicación.

Resumen

Introducción: El aumento de la incidencia de fenotipos bacterianas multirresistentes (MDR), extensamente resistentes (XDR) y pan-drogoresistentes (PDR) representa un gran problema de salud pública mundial y una amenaza para la eficacia de los tratamientos antibióticos actuales.

Objetivo: Determinar la prevalencia de aislados de *Klebsiella pneumoniae* con fenotipo MDR y XDR en clínica de alta complejidad en Santa Marta, 2022 .

Metodología: Se realizó un estudio observacional, descriptivo y retrospectivo basado en registros de cultivos y antibiogramas positivos para *Klebsiella pneumoniae*, provenientes de pacientes atendidos en el año 2022. La resistencia de los aislados bacterianos a los antibióticos fue categorizada según los criterios de Magiorakos y colaboradores (1). Mediante estadística descriptiva se determinó la

frecuencia y distribución de los fenotipos MDR y XDR por tipo de bacteria y el perfil de resistencia.

Resultados: Se encontraron resistencias a ceftriaxona (37,5%), cefepime (30,7%) y a ertapenem (28,1%). que superan el promedio nacional y lo encontrado en otros hospitales. Se identificaron fenotipos MDR en el 63,7% de los aislados, y fenotipos posibles de ser XDR en el 17,7%.

Conclusión: La detección de un alto porcentaje de fenotipos MDR y de fenotipos posibles de ser XDR muestra la necesidad de incrementar la vigilancia epidemiológica a nivel local para el monitoreo epidemiológico continuo, basado en la implementación del diagnóstico molecular para la identificación de clones de alto riesgo y de cepas hipervirulentas emergentes resistentes a los carbapenémicos.

Palabras clave: Farmacorresistencia Bacteriana Múltiple, farmacoresistencia microbiana, *enterobacteriaceae*, *Klebsiella pneumoniae*, Colombia.

Abstract

Introduction:

The increasing incidence of multidrug-resistant (MDR), extensively drug-resistant (XDR), and pandrug-resistant (PDR) bacterial phenotypes—particularly among Enterobacterales responsible for multiple community- and hospital-acquired infections—poses a major threat to the efficacy of current antibiotic therapies.

Objective:

To determine the prevalence of *Klebsiella pneumoniae* isolates exhibiting MDR and XDR phenotypes in a high-complexity clinical setting in Santa Marta (Magdalena), Colombia, during 2022.

Methods:

An observational, descriptive, and retrospective study was conducted based on microbiological records and positive cultures with susceptibility testing for *K. pneumoniae* obtained from patients treated in 2022. Antimicrobial resistance patterns were categorized according to the criteria established by Magiorakos et al.

(1). Descriptive statistics were used to determine the frequency and distribution of MDR and XDR phenotypes by bacterial type and resistance profile.

Results:

Resistance rates were 37.5 % for ceftriaxone, 30.7 % for cefepime, and 28.1 % for ertapenem—values exceeding both the national average and those reported in other hospitals. MDR phenotypes were identified in 63.7 % of isolates, and possible XDR phenotypes in 17.7 %.

Conclusion:

The detection of a high proportion of MDR and potentially XDR *K. pneumoniae* isolates highlights the urgent need to strengthen local epidemiological surveillance, emphasizing continuous monitoring and the implementation of molecular diagnostics to identify high-risk clones and emerging hypervirulent, carbapenem-resistant strains.

Keywords:

Multidrug-resistant bacteria, antimicrobial resistance, Enterobacterales, *Klebsiella pneumoniae*, Colombia.

Tabla de contenido

Perfil del grupo de investigación	2
Resumen	2
Introducción	6
1. Estado del arte	9
1.1 Panorama mundial de la resistencia antimicrobiana.....	9
1.2 Klebsiella pneumoniae y sus mecanismos de resistencia.....	9
1.3 Prevalencia de cepas MDR, XDR y PDR.....	11
2. Materiales y métodos	13
2.1 Diseño del estudio	13
2.2 Fuentes de información y auditoría de los datos.....	13
2.3 Resistencia general de los aislados.....	13
2.4 Categorización de cepas MDR y XDR	14
2.5 Análisis estadístico	14
2.6 Consideraciones éticas	15
2 Resultados	15
.....	16
3 Discusión.....	21
4 Conclusiones	25
Referencias Bibliográficas.....	27

Introducción

La propagación rápida de bacterias resistentes a múltiples antibióticos constituye un problema emergente de salud pública a nivel mundial. Las infecciones causadas por este tipo de fenotipos se asocia a disminución de la efectividad de la terapéutica antibiótica, mayores tasas de mortalidad, altos costos socioeconómicos, debido a la prolongación de la estancia hospitalaria y la utilización de antibióticos costosos (1). En el 2021, aproximadamente 5 millones de muertes se asociaron a infecciones causadas por bacterias multirresistentes y 1,14 millones de estas muertes se atribuyeron directamente a la resistencia bacteriana (2)

K. pneumoniae fue incluida por la Organización Mundial de la Salud (OMS), en la lista global de patógenos resistentes a los antibióticos, publicada en 2017 y actualizada en 2024, integrando el grupo de Prioridad Crítica, debido a su creciente resistencia a carbapenémicos y cefalosporinas de tercera generación, y a su rol como agente etiológico frecuente en infecciones hospitalarias graves, principalmente en pacientes inmunodeprimidos, siendo responsable de un tercio de las infecciones intrahospitalarias causadas por bacterias gramnegativas (3).

La prevalencia mundial de *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos en infecciones nosocomiales se ha estimado en 28,7%; sin embargo, es muy variable entre países y regiones; es así como en Norteamérica la prevalencia es del 14,29%, mientras que en el sur de Asia alcanza el 66%, y en Asia Occidental el 20,95%. En África del Norte y Medio-occidental los aislados productores de carbapenemasa se han hallado en un

26,6% (4); mientras que en la provincia de Gauteng en el Sur de África el 84% fueron XDR, 12% MDR y 4% PDR (5). En estudios realizados en Europa occidental se ha reportado un 42,05% y en países de Europa Central como Polonia se han reportado fenotipos MDR hasta con el 68,8% (6).

Un estudio multicéntrico en Colombia reportó que el 48% de los aislamientos fueron resistentes a carbapenémicos (7), otra investigación realizada en 21 departamentos mostró que el 93,9% de los aislados resistentes a carbapenémicos fueron MDR y el 40,5% tuvieron resistencia al menos a un antibiótico en todas las categorías evaluadas (8). En Medellín se encontró que el 100% de los aislamientos de pacientes involucrados en un brote ocurrido en unidades cuidados eran multirresistentes (9). Por otra parte, las infecciones intrahospitalarias causadas por *K. pneumoniae* resistentes a Betalactamasas de Espectro Extendido (BLEE-MDR) han incrementado en las últimas décadas, asociándose también a infecciones graves de difícil tratamiento (10).

Los paciente con infecciones por fenotipos MDR y XDR pueden alcanzar tasas de mortalidad entre el 40-50%; en un hospital en China se reportó un 55,2% (11) ; en otro, de revisión sistemática la mortalidad causada por fenotipos resistentes a carbapenémicos fue 40% (12). La evolución de los mecanismos de resistencia limitan cada vez más la terapéutica antibiótica y la diseminación clonal genera brotes entre hospitales, de acuerdo con lo anterior el Banco Mundial ha estimado que para el 2050 pérdidas, a nivel mundial, de aproximadamente 100 billones de dólares (13).

En la región caribe colombiana existen pocos estudios de prevalencia y caracterización de fenotipos MDR y XDR de *Klebsiella*, por lo que es necesario fortalecer la vigilancia epidemiológica al interior de las instituciones hospitalarias para conocer la magnitud del problema, controlar la diseminación clonal y la aparición de nuevas fenotipos. Por lo anterior, el objetivo de este estudio fue determinar la prevalencia de fenotipos MDR

y XDR de *K. pneumoniae* en una institución de salud de alto nivel de complejidad en Santa Marta (Magdalena) durante el año 2022.

1. Estado del arte

1.1 Panorama mundial de la resistencia antimicrobiana

La resistencia antimicrobiana constituye un gran problema de salud pública mundial reconocida por la OMS como una amenaza creciente para la salud humana, y también animal, que afecta a los tratamientos antibióticos disponibles para el tratamiento de infecciones graves, eleva el costo terapéutico y aumenta el tiempo de estancia hospitalaria. En 2019, 1,27 millones de muertes fueron atribuidas directamente a infecciones causadas por bacterias multirresistentes y 4,95 millones de muerte se asociaron a este tipo de bacterias (14).

En el 2024 la OMS actualizó la lista de patógenos de importancia crítica (15), luego de una evaluación exhaustiva de los patógenos priorizados en la lista emitida en 2017, entre los cuales *K. pneumoniae* fue el microorganismo con más puntaje (84%) entre los demás especies bacterianas evaluadas (16).

1.2 *Klebsiella pneumoniae* y sus mecanismos de resistencia

Klebsiella pneumoniae es una bacteria gramnegativa, anaerobia facultativa, encapsulada, inmóvil, perteneciente a la familia Enterobacteriaceae. Es ubicua, distribuyéndose ampliamente en el suelo, agua y plantas. Además es oportunista, siendo un miembro importante de la microbiota de la piel, tracto respiratorio y gastrointestinal y urogenital de humanos y animales. Esta bacteria es la causa de diversas infecciones graves: neumonía adquirida en la comunidad y de tipo nosocomial, infecciones urinarias, septicemia, infección de heridas quirúrgicas y gastroenteritis (14) (15).

K. pneumoniae posee una gran capacidad para resistir y adaptarse a la presión selectiva que ejercen los antibióticos, es así como ha adquirido diferentes mecanismos

de resistencia, entre los cuales se cita la producción de betalactamasas, la alteración de porinas, la sobreexpresión de bombas de eflujo, la transferencia horizontal de genes a través de plásmidos y más recientemente la convergencia entre hipervirulencia y producción de carbapenemasas (16).

La producción de betalactamasas es el mecanismo más común, entre las cuales resulta de gran impacto clínico la producción de Betalactamasas de Espectro Extendido (BLEE), las cuales confieren resistencia no solo a penicilinas (amoxicilina, ampicilina, piperacilina), cefalosporinas de tercera generación (ceftriaxona, ceftazidima, ceftazidima) y de cuarta generación (cefepime) y monobactámicos (aztreonam) (17). Por otra parte, las AmpC, otra clase de betalactamasas pueden destruir el anillo betalactámico de cefalosporinas de primera a tercera generación y cefamicinas (cefoxitin), pero no son inhibidas por inhibidores de betalactamasas como el ácido clavulánico, sulbactam o tazobactam. *K. pneumoniae* puede adquirir los genes que codifican para las AmpC, a través de plásmidos conjugativos (18).

La producción de carbapenemasas, en especial la *Klebsiella pneumoniae* carbapenemasa KPC, la tipo oxacilinasas-48 (OXA-48), las similares a OXA y la metalo- β -lactamasas de Nueva Delhi (NDM) se han propagado rápida y masivamente en diversos entornos en el mundo. Estas cepas suelen resistir la mayoría de los antibióticos betalactámicos e incluso a otros no betalactámicos, limitando la terapéutica a antibióticos de uso reservado como la colistina, la tigecicilina, la fosfomicina y las polimixinas (19). En Colombia se ha documentado la presencia endémica de KPC y NDM (20,21).

Se han detectado también otros mecanismo como la pérdida o alteración de porinas (OmpK35/OmpK36) debida a mutaciones, que reducen la permeabilidad de la membrana externa a betalactámicos y carbapenémicos (22). Existen también estrategias de resistencia basadas en sistemas ACRA-B-TolC que funcionan como bombas de eflujo para expulsar principalmente quinolonas, tetraciclinas y betalactámicos (23). Adicionalmente, la transferencia horizontal de genes contenidos

en plásmidos IncF, IncN e IncX3, que permiten la propagación rápida de clones de alto riesgo como ST258 y ST307 (24). Finalmente la emergencia de cepas hipervirulentas que adicionalmente producen carbapenemasas (hvKp-KPC) representan en la actualidad el mayor desafío terapéutico ya que pueden ser resistentes a tratamientos de pultima línea, y los sistemas de vigilancia actuales de muchos países no están preparados para su detección por carecer de capacidad diagnóstica basada en técnicas moleculares. Se ha conocido además que estas cepas pueden evadir eficazmente el sistema inmune, por lo que su capacidad de invasión es mayor que la de otras cepas (25).

1.3 Prevalencia de cepas MDR, XDR y PDR

La prevalencia de cepas MDR reportada en estudios de meta-análisis de alcance mundial ha alcanzado aproximadamente un 33% (26), dentro de las cuales se han identificado subgrupos resistentes a carbapenémicos en un 28,7% (27). Adicionalmente, se han reportado fenotipos XDR en unidades de cuidados intensivos de hospitales de Europa del Este, Asia y Medio Oriente (28–30).

En Colombia, según informes del Instituto Nacional de Salud (INS), de la vigilancia de la resistencia antimicrobiana en el ámbito hospitalario, mediante WHONET, mostró para el 2022 la resistencia de *K. pneumoniae* a ceftriazona del 41 – 32% en unidades de cuidados intensivos, y del 29,5 al 33,8% en salas de hospitalización. De otro lado, la resistencia frente a carbapenémicos en unidades de cuidados intensivos fue reportada para imipenem entre 5,1 a 18,%, y para meropenem entre 4,6 a 17,6%. En salas de hospitalización se reportaron resistencia para imipenem entre 9,2 a 17,9%; y para meropenem entre 8,3 a 17,3% (35). Finalmente, se ha documentado el hallazgo de aislamientos de *K. pneumoniae* con NDM y co-producción de KPC y NDM en diferentes hospitales del país. Los análisis genómicos en cepas multirresistentes han mostrado que los clones CG258 y ST307 son endémicos y constituyen la causa principal de la diseminación de cepas resistentes a carbapenémicos en Colombia (7,8).

El reporte del Centro Europeo para el Control de Enfermedades (ECDC, por sus siglas en inglés) en febrero del 2025 muestra una tendencia creciente de *K. pneumoniae* en toda Europa (31). El informe del Sistema Mundial de Vigilancia de la Resistencia y el Uso de los Antimicrobianos (GLASS, por sus siglas en inglés) evidencia el aumento de la prevalencia de *K. pneumoniae* en infecciones invasivas, su alta resistencia a cefalosporinas de tercera generación y a carbapenémicos (32). Otros estudios longitudinales muestran la evolución de cepas MDR a XDR en los últimos 5 años (28).

En América Latina, los informes de la OPS, a través de la Red Latinoamericana de Vigilancia de la Resistencia a los Antimicrobianos (ReLAVRA) documentan un aumento en los reportes de enterobacterias productoras de carbapenemasas y el riesgo de la emergencia de las cepas hipervirulentas portadoras de genes de resistencia a carbapenémicos). Las resistencias más altas se han reportado en Brasil, Argentina, Perú y Colombia (33). Sin embargo, no existen consolidados de prevalencia de fenotipos MDR y XDR debido a las diferencias en métodos de detección y cobertura que existe entre los sistemas de vigilancia de los países de la región (34).

1.4 Vigilancia de la resistencia antimicrobiana

En Colombia se ha venido trabajando en la consolidación de una red sistemática de vigilancia de la resistencia antimicrobiana, la cual está alineada con el Plan de Acción Mundial contra la Resistencia Antimicrobiana. El INS es el ente que coordina la vigilancia, a través de los laboratorios de salud pública departamentales, y mediante el software WHONET de la OMS, el cual recoge los datos de diferentes laboratorios clínicos de hospitales y clínicas del país para el análisis de la susceptibilidad a antimicrobianos. Estos datos se integran al sistema GLASS y a la red ReLAVRA de la OPS, para comparar tasas de resistencia y de tendencia a nivel internacional(26). Las estrategias para el control de la propagación de cepas resistentes y la disminución de la aparición de nuevas cepas resistentes están basadas en la implementación de los Programas de Optimización del Uso de Antibióticos (PROA) y los programas de control de infecciones (27)

2. Materiales y métodos

2.1 Diseño del estudio

Se llevó a cabo un estudio descriptivo, de corte transversal retrospectivo, a partir de los registros de cultivos y pruebas de susceptibilidad a antimicrobianos del laboratorio clínico de una institución hospitalaria de alto nivel de complejidad en Santa Marta (Magdalena), en el período de enero a diciembre del 2022.

El enfoque del estudio fue la determinación de la prevalencia de fenotipos MDR y XDR de *K. pneumoniae* según los criterios propuestos por Magiorakos et al. (2012)

2.2 Fuentes de información y auditoría de los datos

El laboratorio clínico institucional procesó los cultivos y las pruebas de susceptibilidad a antibióticos en el sistema Phoenix 100® (Becton Dickinson), los datos fueron extraídos en formato .txt y convertidos en el programa Microsoft Excel, versión 2024 (Microsoft Corporation, (13)). Se realizó auditoría de los datos, eliminando registros con datos incompletos o duplicados (dos o más cultivos del mismo paciente y mismo tipo de muestra), siguiendo los criterios del Sistema Mundial de Vigilancia de la Resistencia y el Uso de los Antimicrobianos (GLASS, por sus siglas en inglés). Se excluyeron también los registros de cultivos de control de calidad interno y externo del laboratorio y de vigilancia epidemiológica.

2.3 Resistencia general de los aislados

El análisis de la resistencia fue realizado en WHONET siguiendo los lineamientos del Clinical Laboratory Standard Institute (CLSI), 2022. Las categorías antimicrobianos y los antibióticos evaluados fueron los correspondientes al panel usado para los antibiogramas, que cubrían 13 de las 17 disponibles para *K. pneumoniae* en la actualidad: aminoglucósidos (gentamicina); penicilinas asociadas a inhibidores de

betalactamasas (ampicilina sulbactam); penicilinas pseudomonales asociadas a inhibidores de betalactamasas (piperacilina tazobactam); carbapenémicos (ertapenem, imipenem, meropenem); cefalosporinas de primera y segunda generación (cefazolina), cefalosporinas de tercera y cuarta generación (ceftriazona, ceftazidima y cefepime); cefamicinas (cefoxitin); fluoroquinolonas (ciprofloxacina); ácido fosfónico (fosfomicina); inhibidores de la vía del folato (trimetoprim sulfametoxazol); gliciliclinas (tigeciclina); polimixinas (colistina); y tetraciclinas (minociclina).

Se determinó la frecuencia general de aislados de *K. pneumoniae* por tipo de muestra (orina, sangre, secreciones respiratorias y de piel y tejidos blandos) y tipo de servicio clínico: servicios ambulatorios (consulta externa y urgencias) y servicios hospitalarios (salas de hospitalización y unidades de cuidados intensivos).

2.4 Categorización de cepas MDR y XDR

La categorización de la resistencia se realizó de acuerdo con los criterios de Magiorakos et al. (2012): el nivel de resistencia en MDR (3 o más categorías de antimicrobianos con resistencia al menos a un antibiótico) y XDR (todas las categorías de antimicrobianos con resistencia, al menos a un antibiótico; menos 2 categorías sin resistencia). Se determinaron también los perfiles de resistencia de cada uno de los aislados y la frecuencia de los mismos para definir el número de fenotipos o fenotipos de resistencia.

2.5 Análisis estadístico

El cálculo de las frecuencias absolutas y relativas de los aislados y su distribución por servicio clínico, tipo de muestra y perfil de resistencia antimicrobiana fue realizado en Microsoft Excel (Microsoft Corp., Redmond, WA, EE. UU.).

2.6 Consideraciones éticas

El presente estudio se clasificó como una investigación sin riesgo con base en la Resolución 8430 de 1993 del Ministerio de Salud, por emplearse un método de investigación documental de tipo retrospectivo, por lo cual no se realizó ninguna intervención o modificación intencionada de las variables biológicas, fisiológicas, psicológicas o sociales de la población en estudio. Adicionalmente no se tuvo acceso a datos personales de los pacientes y se tuvieron en cuenta los principios de confidencialidad de la información y responsabilidad.

2 Resultados

2.1 Distribución de los aislados por origen y tipo de muestra

Se analizaron 1.023 aislados bacterianos de pacientes provenientes de los servicios de consulta externa, salas de hospitalización y unidades de cuidados intensivos, de los cuales 124 corresponden a *K. pneumoniae*. La distribución de los aislados, de acuerdo con el origen de la muestra o servicio clínico de atención mostró que la frecuencia más alta se obtuvo en los servicios ambulatorios (69,4%); seguidas por salas de hospitalización (19,4%) y unidades de cuidados intensivos (0,8%).

Tabla 1. Frecuencia de aislados de *K. pneumoniae* por tipo de origen o servicio clínico.

Origen	No. aislados	%
Ambulatorio	86	69,4
Salas de hospitalización	24	19,4
Unidades de cuidados intensivos	13	10,5
Sin especificar	1	0,8
Total	124	100,0

En el análisis de la distribución por tipo de muestra, *K. pneumoniae* fue más frecuente en orina (67,7%), seguida de las muestras de origen respiratorio (14,5%) y de las muestras de sangre (12,1%). La frecuencia más baja se obtuvo en muestras de piel y tejidos blandos con 5,6%.

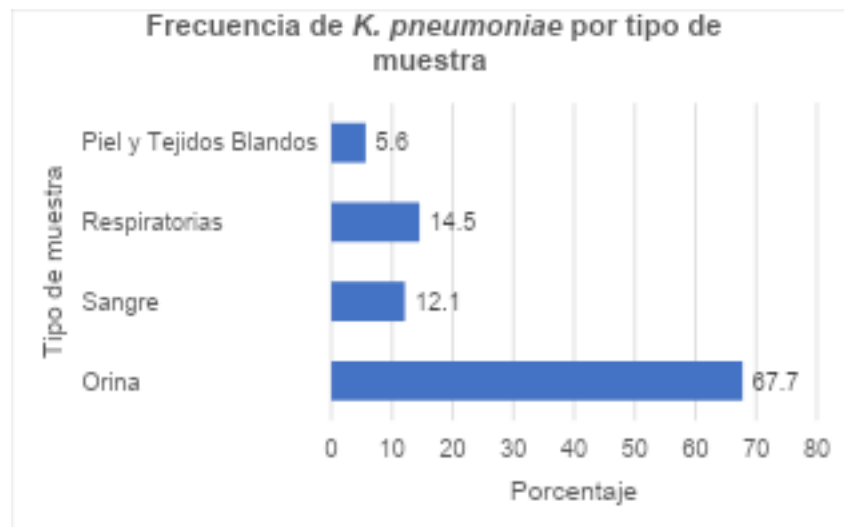


Figura 1. Distribución de aislados de *K. pneumoniae* según el tipo de muestra.

3.2 Resistencia general de los aislados a los antibióticos

El análisis de la resistencia general de los aislados de *K. pneumoniae* a los antibióticos evaluados se halló que las resistencias más altas se presentaron frente a cefalosporinas de primera generación (cefazolin, 39,4%), 3GC y cuarta generación (ceftriaxona, 37,5%; ceftazidima, 25,2%; y cefepime, 30,7%), penicilinas con inhibidores de betalactamasas (ampicilina-sulbactam, 37%), inhibidores de la vía del ácido fólico (trimetoprim sulfametoxazol, 32,8%), carbapenémicos (ertapenem, 28,1%) y tetraciclinas (minociclina, 28,1%) (tabla 2).

Tabla 2. Frecuencia de la resistencia de fenotipos MDR a los antibióticos.

Categorías antimicrobianas	Antibiótico	No. aislados	%R	%R 95%C.I.
Penicilinas + inhibidores de betalactamasas	Ampicillin/Sulbactam	123	37,0	28,5-46,5
Penicilinas pseudomonales + inhibidores de betalactamasas	Piperacillin/Tazobactam	124	16,4	10,4-24,6
Cefalosporinas de 1a. y 2a. generación	Cefazolin	123	39,4	30,5-48,9
Cefalosporinas de 3a. y 4a. generación	Ceftazidime	123	25,2	18,0-34,2
	Ceftriaxone	124	37,5	29,1-46,7
	Cefepime	123	30,7	22,9-40,0
Cefamicinas	Cefoxitin	31	25,8	13,0 -44,0
Carbapenémicos	Ertapenem	124	28,1	20,6-37,2
	Imipenem	124	4,7	2,0-10,7
	Meropenem	124	10,2	5,5-17,8
Gentamicina	Amikacin	124	2,4	0,7-7,9
	Gentamicin	124	18,8	12,4-27,4
Fluoroquinolonas	Ciprofloxacina	124	27,3	19,9-36,4
Inhibidores de la vía del ácido fólico	Trimethoprim/Sulfametoxazole	124	32,8	24,9-42
Ácido fosfónico	Fosfomicin	32	18	9,4-34,4
Polimixinas	Colistin	124	7,8	4,0-14,7
Tetraciclinas	Minocycline	96	28,1	19,9-38,1
Gliciliclinas	Tigecycline	124	3,9	1,4-9,2

3.3 Prevalencia y caracterización de fenotipos MDR y XDR

La aplicación de los criterios de Magiorakos et al. (1) para la clasificación de los fenotipos con fenotipos MDR y XDR permitió determinar su prevalencia y la identificación de perfiles de resistencia. Se identificaron 79 aislados de *K. pneumoniae*

con fenotipo MDR, correspondiendo al 63,7% del total de los aislamientos. Adicionalmente, se determinaron 72 fenotipos o perfiles únicos, que presentaron diferencias en cuanto al número y tipo de resistencia a antibióticos (anexo 1).

En el análisis de la resistencia de las fenotipos MDR de *K. pneumoniae* según el tipo de categorías de antimicrobianos disponibles para el tratamiento de distintas infecciones, se observó resistencia al menos a un antibiótico en el 100% de las categorías evaluadas. Las categorías afectadas con altos porcentajes de resistencia fueron en su orden: cefalosporinas de primera generación (resistencia a cefazolina de 65,3%), cefalosporinas de tercera y cuarta generación (resistencia a cefepime del 63,9%, ceftriaxona del 56,9% y ceftazidima del 50%, y fluoroquinolonas (resistencia a ciprofloxacina del 52,8%). También se presentaron resistencias superiores al 40% en las categorías: carbapenémicos (ertapenem con 41,7%) (tabla 3).

En cuanto a la frecuencia de categorías antimicrobianas afectadas con resistencia en cada perfil, se halló que los perfiles con cuatro categorías afectadas fueron los más frecuentes (20,8%), seguidos de los que tenían 7 (15,3%) y 3 (13,9%) categorías afectadas (tabla 4).

Por otra parte, en el análisis de resistencia por categoría antimicrobiana para la identificación de fenotipos XDR, no se encontraron fenotipos que fueran resistentes a 14 de 16 categorías; sin embargo, se encontró que el 17,7% (14 aislados) son posibles XDR, entre los cuales se identificaron 10 patrones de resistencia. Dado que no fueron evaluadas frente a todas las categorías de antimicrobianos posibles; como son los monobactámicos (aztreonam), inhibidores de betalactamasas combinados de nueva generación (Ceftazidima-avibactam, Meropenem-vaborbactam) y los nitrofuranos (nitrofurantoína).

Tabla 3. Frecuencia de la resistencia de las fenotipos MDR según el número de categorías antimicrobianas afectadas.

Categorías antimicrobianas	Antibiótico	Fenotipos MDR	
		No.	%
Penicilinas + inhibidores de betalactamasas	AMP SAM	30	41,7
Aminoglucósidos	GEN	19	26,4
Penicilinas pseudomonales + inhibidores de betalactamasas	TZP	23	31,9
Carbapenémicos	ETP	30	41,7
	IMP	10	13,9
	MEM	17	23,6
Cefalosporinas de 1a. y 2da. Generación	CZO	47	65,3
Cefalosporinas de 3ra. y 4ta. Generación	CRO	41	56,9
	CAZ	36	50,0
	FEP	46	63,9
Cefamicinas	FOX	10	13,9
Fluoroquinolonas	CIP	38	52,8
Ácido fosfónico	FOS	6	8,3
Inhibidores de la vía del folato	SXT	34	47,2
Gliciliclinas	TGC	14	19,4
Polimixina	COL	9	12,5
Tetraciclina	MNO	30	41,7

Tabla 4. Categorías antimicrobianas identificadas con resistencia.

No. Categorías antimicrobianas afectadas con resistencia	Fenotipos MDR	
	No.	%
2	3	4,2
3	10	13,9
4	15	20,8
5	6	8,3
6	7	9,7
7	11	15,3
8	6	8,3
9	7	9,7
10	5	6,9
11	2	2,8
Total	72	100,0

Tabla 5. Frecuencia de fenotipos MDR y posibles XDR por tipo de muestra.

Tipo de muestra	Fenotipos MDR		Fenotipos posibles XDR	
	No.	%	No.	%
Orina	54	68,4	9	64,3
Sangre	9	11,4	3	21,4
Respiratorias	11	13,9	2	14,3
Piel y Tejidos Blandos	5	6,3	0	0,0
Total	79	100,0	14	100,0

El análisis de la frecuencia por tipo de origen mostró que la mayoría de las fenotipos MDR son de origen comunitario (72,2%); pero también se hallaron en salas de hospitalización (16,5%) y unidades de cuidados intensivos (11,4%). De otro lado, las fenotipos posibles de ser XDR mostraron también mayor prevalencia en las muestras de origen comunitario (64,3%), seguido por las unidades de cuidados intensivos (28,6%) (tabla 6).

Tabla 6. Frecuencia de fenotipos MDR y posibles XDR por tipo de ambiente de origen

Tipo de muestra	Fenotipos MDR		Fenotipos posibles XDR	
	No.	%	No.	%
Comunitario	57	72,2	9	64,3
Hospitalización	13	16,5	1	7,1
Unidades de cuidados intensivos	9	11,4	4	28,6
Total	79	100,0	14	100,0

3 Discusión

En este estudio se halló resistencia a antibióticos de importancia crítica para la salud humana, en aislados de *K. pneumoniae*, encontrándose resistencia a más de un antibiótico en las categorías correspondientes a 3GC y cuarta generación, carbapenémicos, fluoroquinolonas, cefalosporinas de primera generación y polimixinas.

En el análisis de la resistencia a las 3GC y cuarta generación se encontró que la resistencia a ceftriaxona encontrada en este estudio superó el promedio nacional

reportado por el INS, la cual osciló entre 25–35%, entre los años 2018 – 2020. Respecto de la resistencia a la ceftazidima, se encontró que está en el rango nacional (19,8 – 35,1%) (28). En los reportes de resistencia de *K. pneumoniae* de un estudio realizado en instituciones de III y IV nivel de atención, realizado entre 2018 y 2021, en salas de hospitalización y en unidades de cuidados intensivos, se encontraron porcentajes ligeramente inferiores para ceftriazona (27 – 35%) y valores similares a lo encontrado para ceftazidima en nuestro estudio (22-28%). Sin embargo, la resistencia a cefepime hallada en este estudio (30,7%) fue superior a lo encontrado en estas instituciones (17-22%) (29).

Al comparar con datos regionales, los reportes en América Latina muestran que la distribución de fenotipos resistentes a 3GC es diferente entre países y regiones, oscilando entre el 20 y más del 60%, según el tipo de muestra, servicio clínico y nivel de complejidad en la atención (30). Particularmente, en México el promedio es entre 40% a 60%, en Ecuador se han reportado resistencias superior al 50% en unidades de cuidados intensivos (31). A nivel mundial, el reporte más reciente del GLASS revela que en 87 países, más de la mitad de las infecciones invasivas críticas, como la bacteriemia, causadas por *K. pneumoniae* son resistentes a esta categoría de antibióticos. El aumento exponencial de la tendencia de la resistencia se ve reflejado en hospitales de Europa, este es el caso de un hospital de tercer nivel en Rumania en 202, donde entre 2019 a 2021 pasó del 40% al 60% de resistencia a 3GC (32).

La resistencia a los carbapenémicos evaluados en este estudio mostró un alto porcentaje de resistencia a ertapenem, comparado con los hallados en otros centros clínicos de alto nivel de complejidad en Colombia (13-21%); pero un porcentaje inferior a lo observado en imipenem (14-22%) y ligeramente inferior a meropenem (14-22%), en el mismo estudio (29). Adicionalmente, la resistencia a imipenem (23%) y meropenem (23,9%) en infecciones asociadas a dispositivos en Colombia es superior a la reportada aquí (33). Asimismo, en el reporte nacional de la resistencia antimicrobiana entre 2018-2022 a imipenem (18,5%) y

meropenem (17,6%) resultan también superior a lo encontrado en este estudio.

En América Latina la tendencia de la resistencia a carbapenémicos es hacia el alza, la detección de fenotipos de *K. pneumoniae* resistentes a carbapenémicos pasó de <1% en 2007 a aproximadamente 16% en 2006, y alcanzado niveles superiores al 20% en 2021. En un estudio de metaanálisis que involucró diversos hospitales de países de la región documentó un rango de resistencia entre 18 – 25% para Argentina (34). A nivel mundial, la prevalencia agrupada de este tipo de resistencia se estimó en un estudio de meta-análisis en 28,7%, con niveles más altos de resistencia en América Latina, la región pacífica de Asia y en el este de Europa. En Europa Occidental y Norteamérica se han encontrado tasas de resistencia menores pero con tendencia al alza (35).

Dentro de este marco, es primordial evaluar el consumo de ceftriaxona, cefepime y ertapenem, tanto a nivel institucional como comunitario, esto último, debido a que más del 60% de las muestras provienen de servicios ambulatorios. Es necesaria la evaluación de la implementación del (PROA), así como del Programa de Control de Infecciones, para reducir su uso indiscriminado, reducir costos en los tratamientos y disminuir la emergencia de cepas multirresistentes (36).

Es de resaltar la alta prevalencia de fenotipos MDR encontrada en este estudio, donde más de la mitad de los aislados de *K. pneumoniae* presentaron resistencia múltiple a 3 o más categorías de antibióticos usados de manera rutinaria para el tratamiento de diversas infecciones (63,7%). De igual manera, es también importante señalar el hallazgo de fenotipos posibles de ser XDR (17,7%), lo cual se relaciona directamente con estudios de genómica, con amplia cobertura a nivel nacional, que han confirmado la endemidad de fenotipos MDR (7,8). Es importante aclarar que estos los fenotipos categorizados como posibles XDR se mantuvieron en esta clasificación, debido al diseño propio de los paneles usados en el laboratorio clínico para la realización de pruebas de susceptibilidad, que no evaluaba todos los antibióticos disponibles para el tratamiento de infecciones por este microorganismo.

Si bien es cierto, no existe un informe oficial que consolide y describa el porcentaje de prevalencia nacional de fenotipos MDR / XDR; sin embargo, diversas publicaciones dan cuenta de la circulación de estos fenotipos al evidenciar sus mecanismos de resistencia y la propagación clonal, pero estos estudios se enfocan en determinar la frecuencia por tipo de servicio clínico, dispositivo médico o por antibióticos; así las evidencias de la circulación de fenotipos KPC y NDM que dan cuenta de la magnitud del problema (37,38).

En diversos países de América Latina se ha documentado ampliamente la prevalencia de fenotipos MDR; en Brasil se reportó un 84% de cepas MDR en un hospital de tercer nivel de atención, lo que resulta inferior a lo encontrado en este estudio. La OPS ha indicado que los reportes de KPC, y así de otras enterobacterias productoras de carbapenemasas, han aumentado en las últimas décadas, un panorama que empeora debido a la emergencia de cepas que son al mismo tiempo hipervirulentas y productoras de carbapenemasas (39)

En Europa se ha reportado la prevalencia de aislados MDR en el 84% de los aislados de un hospital de Rumania, un estudio que comprendió el período 2019 a 2021; lo que resulta superior al presente reporte. Es de precisar que este estudio evalúa la evolución de los aislados MDR y XDR/PDR en el tiempo y en el tipo de muestras, evidenciando que los fenotipos XDR se han incrementado en el tiempo, desplazando a los fenotipos MDR. Con respecto a la prevalencia por tipo de muestra, hallaron altos porcentajes de MDR y XDR en muestras respiratorias, seguida por muestras de orina y de piel y tejidos blandos (40). A diferencia, en este estudio la prevalencia de aislados con fenotipo MDR fue más alta en muestras de orina, seguidas de muestras de sangre.

Si bien es cierto, a nivel mundial la prevalencia de cepas MDR de *K. pneumoniae* en entornos hospitalarios se ha estimado, a través de estudios de metaanálisis, en un 32,8%, (41). Aunque no existe una estimación global de la tasa de resistencia de cepas MDR / XDR de *K. pneumoniae*, debido a las diferencias en cobertura y metodología en los sistemas de vigilancia epidemiológica entre los diferentes

países, existe suficiente documentación del ascenso en el perfil de resistencia de *K. pneumoniae* y de su asociación con altas tasas de morbilidad y mortalidad (42).

En este contexto, el ECDC se ha pronunciado acerca de la gran amenaza que representan *K. pneumoniae* y *E. coli* resistente a carbapenémicos para los pacientes y los sistemas sanitarios de la **Unión Europea (UE)**, dando a conocer las particularidades de la magnitud de esta problemática, entre las que se cita la propagación de linajes de *K. pneumoniae* de alto riesgo entre hospitales de 23 Estados miembros de la UE y la convergencia de cepas hipervirulentas y productoras de carbapenemasas, que se han asociado con la emergencia de cepas XDR (43). La OMS ha advertido que desde el 2024, el sistema GLASS detectó la presencia de este tipo de cepas, al menos en un país dentro de las 6 regiones que evalúa este sistema por lo que ha recomendado la vigilancia epidemiológica sistémica, primeramente a nivel de los laboratorios clínicos al interior de los países, mejorando la capacidad diagnóstica a través de la detección molecular de estas cepas; y reforzando la calidad y oportunidad de la notificación, tanto a nivel hospitalario, aportando datos sobre hospitalizaciones, infecciones y la carga general de la enfermedad; como comunitario, realizando inspección y seguimiento a la aparición de estas cepas emergentes.

4 Conclusiones

En este estudio se halló una alta prevalencia de aislados de *K. pneumoniae* que expresan fenotipo MDR; y así también, un porcentaje no despreciable de aislados con posible fenotipo XDR. La resistencia a los antibióticos, hallada en los fenotipos MDR compromete preocupantemente antibióticos que pertenecen a categorías antimicrobianas de importancia crítica para la salud humana, según lo ha establecido la OMS, como son las 3GC y cuarta generación (ceftriaxona, ceftazidima y los carbapenémicos), las cefalosporinas de primera generación (cefazolina) y las fluoroquinolonas (ciprofloxacina), superando el 50% de resistencia en las categoría

citadas, a excepción de los carbapenémicos donde más del 40% de los aislados MDR son resistentes.

Es de precisar que la resistencia a ceftriaxona, del total de aislados de *K. pneumoniae*, hallada en este estudio supera el promedio nacional, y a la reportada en otro estudio, que involucra otras instituciones de alto nivel de complejidad en el país. De manera similar, la resistencia encontrada al cefepime, una cefalosporina de cuarta generación, es también mayor a la reportada en el estudio citado, junto con la hallada para ertapenem que también supera lo reportado en informes epidemiológicos del INS.

Se recomienda ampliamente la implementación del PROA, mayormente para la vigilancia del consumo institucional de los antibióticos antes mencionado, con el fin de controlar la propagación de cepas resistentes y disminuir la emergencia de cepas hipervirulentas y multirresistentes. De igual manera se evidencia la necesidad de realizar estudios a nivel de la comunidad que permitan conocer la magnitud de la resistencia de *K. pneumoniae*, principalmente a estos antibióticos.

Es necesario el mejoramiento de la capacidad diagnóstica del laboratorio clínico institucional y de los demás laboratorios de la ciudad para la detección molecular de cepas XDR, en especial las hipervirulentas productoras de carbapenemasas, dada su creciente emergencia a nivel mundial, con el fin de implementar una vigilancia sistémica que permita la identificación oportuna de las mismas para la seguridad de los pacientes y del sistema sanitario en general.

Declaración de conflictos de interés

El autor declara que **no existen conflictos de interés** relacionados con la realización o publicación de este estudio.

Declaración de disponibilidad de datos:

Los datos que respaldan los resultados de este estudio contienen información sensible de pacientes y no pueden ser compartidos públicamente por razones éticas. Los datos anonimizados están disponibles a solicitud razonable al autor de correspondencia.

Referencias Bibliográficas

1. Owaid HA, Al-Ouqaili MTS. Molecular and bacteriological investigations for the co-existence CRISPR/Cas system and β -lactamases of types extended-spectrum and carbapenemases in Multidrug, extensive drug and Pandrug-Resistant *Klebsiella pneumoniae*. Saudi J Biol Sci. julio de 2024;31(7):104022.
2. GBD 2021 Antimicrobial Resistance Collaborators. Global burden of bacterial antimicrobial resistance 1990-2021: a systematic analysis with forecasts to 2050. Lancet. 28 de septiembre de 2024;404(10459):1199-226.
3. WHO Bacterial Priority Pathogens List 2024: Bacterial Pathogens of Public Health Importance, to Guide Research, Development, and Strategies to Prevent and Control Antimicrobial Resistance. 1st ed. Geneva: World Health Organization; 2024. 1 p.
4. Global and Regional Prevalence of Hospital-Acquired Carbapenem-Resistant *Klebsiella pneumoniae* Infection: A Systematic Review and Meta-analysis | Open Forum Infectious Diseases | Oxford Academic [Internet]. [citado 11 de octubre de 2025]. Disponible en: https://academic.oup.com/ofid/article/11/2/ofad649/7479891?utm_source=chatgpt.com
5. Salvador-Oke KT, Pitout JDD, Peirano G, Strydom KA, Kingsburgh C, Ehlers MM, et al. *Klebsiella pneumoniae* with carbapenemases: high prevalence of sequence type 307 with blaOXA181 in South African community hospitals. Eur J Clin Microbiol Infect Dis. 1 de noviembre de 2024;43(11):2239-44.
6. Kot B, Piechota M, Szweda P, Mitrus J, Wicha J, Gruzewska A, et al. Virulence analysis and antibiotic resistance of *Klebsiella pneumoniae* isolates from hospitalised patients in Poland. Sci Rep. 17 de marzo de 2023;13(1):4448.
7. Medina VA, García-Vega AS, Rodríguez F, Triviño-García ES, Robledo JA, Leal AL, et al. Epidemiological Genomics of *Klebsiella pneumoniae* isolates from hospitals across Colombia. NPJ Antimicrob Resist. 21 de julio de 2025;3:64.
8. Saavedra SY, Bernal JF, Montilla-Escudero E, Arévalo SA, Prada DA, Valencia MF, et al. Complexity of Genomic Epidemiology of Carbapenem-Resistant *Klebsiella pneumoniae* Isolates in Colombia Urges the Reinforcement of Whole Genome Sequencing-Based Surveillance Programs. Clin Infect Dis. 25 de noviembre de 2021;73(Suppl 4):S290-9.

9. Ocampo AM, Vargas CA, Sierra PM, Cienfuegos AV, Jiménez JN. Molecular characterization of an outbreak of carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* in a tertiary care hospital in Medellín, Colombia. *Biomédica*. 1 de diciembre de 2015;35(4):496-504.
10. Sanchez L, Rios R, Mattar S. Detección de beta-lactamasas de espectro extendido en *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* aislados en una clínica de Villavicencio, Colombia. *Infectio* [Internet]. 2008 [citado 11 de octubre de 2025];12(3). Disponible en: https://www.revistainfectio.org/P_OJS/index.php/infectio/article/view/121
11. Frontiers | Seven-year change of prevalence, clinical risk factors, and mortality of patients with carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* bloodstream infection in a Chinese teaching hospital: a case-case-control study [Internet]. [citado 11 de octubre de 2025]. Disponible en: https://www.frontiersin.org/journals/microbiology/articles/10.3389/fmicb.2025.1531984/full?utm_source=chatgpt.com
12. Ramos-Castañeda JA, Ruano-Ravina A, Barbosa-Lorenzo R, Paillier-Gonzalez JE, Saldaña-Campos JC, Salinas DF, et al. Mortality due to KPC carbapenemase-producing *Klebsiella pneumoniae* infections: Systematic review and meta-analysis. *Journal of Infection*. 1 de mayo de 2018;76(5):438-48.
13. Home | AMR Review [Internet]. [citado 11 de octubre de 2025]. Disponible en: <https://amr-review.org/>
14. Dong N, Yang X, Chan EWC, Zhang R, Chen S. *Klebsiella* species: Taxonomy, hypervirulence and multidrug resistance. *EBioMedicine*. mayo de 2022;79:103998.
15. Wyres KL, Lam MMC, Holt KE. Population genomics of *Klebsiella pneumoniae*. *Nat Rev Microbiol*. junio de 2020;18(6):344-59.
16. De Angelis G, Del Giacomo P, Posteraro B, Sanguinetti M, Tumbarello M. Molecular Mechanisms, Epidemiology, and Clinical Importance of β -Lactam Resistance in Enterobacteriaceae. *Int J Mol Sci*. 18 de julio de 2020;21(14):5090.
17. Husna A, Rahman MdM, Badruzzaman ATM, Sikder MH, Islam MR, Rahman MdT, et al. Extended-Spectrum β -Lactamases (ESBL): Challenges and Opportunities. *Biomedicines*. 30 de octubre de 2023;11(11):2937.
18. Bush K, Bradford PA. Epidemiology of β -Lactamase-Producing Pathogens. *Clinical Microbiology Reviews*. 26 de febrero de 2020;33(2):10.1128/cmr.00047-19.
19. Han R, Shi Q, Wu S, Yin D, Peng M, Dong D, et al. Dissemination of Carbapenemases (KPC, NDM, OXA-48, IMP, and VIM) Among Carbapenem-

Resistant Enterobacteriaceae Isolated From Adult and Children Patients in China. *Front Cell Infect Microbiol.* 2020;10:314.

20. Valderrama CD. Vigilancia intensificada por laboratorio de resistencia a ceftazidima/avibactam mediada por betalactamasas en Enterobacterales, en Colombia.

21. Remolina G SA, Conde M CE, Escobar C JC, Leal C AL, Bravo O JS, Saavedra R SY, et al. [Carbapenemases produced in *Klebsiella* spp., and *Pseudomonas aeruginosa* in six hospitals in Bogotá - Colombia]. *Rev Chilena Infectol.* octubre de 2021;38(5):720-3.

22. Tsai YK, Fung CP, Lin JC, Chen JH, Chang FY, Chen TL, et al. *Klebsiella pneumoniae* Outer Membrane Porins OmpK35 and OmpK36 Play Roles in both Antimicrobial Resistance and Virulence. *Antimicrob Agents Chemother.* abril de 2011;55(4):1485-93.

23. Jang S. AcrAB-TolC, a major efflux pump in Gram negative bacteria: toward understanding its operation mechanism. *BMB Rep.* 30 de junio de 2023;56(6):326-34.

24. Marsh JW, Mustapha MM, Griffith MP, Evans DR, Ezeonwuka C, Pasculle AW, et al. Evolution of Outbreak-Causing Carbapenem-Resistant *Klebsiella pneumoniae* ST258 at a Tertiary Care Hospital over 8 Years. *mBio.* 3 de septiembre de 2019;10(5):10.1128/mbio.01945-19.

25. Hetta HF, Alanazi FE, Ali MAS, Alatawi AD, Aljohani HM, Ahmed R, et al. Hypervirulent *Klebsiella pneumoniae*: Insights into Virulence, Antibiotic Resistance, and Fight Strategies Against a Superbug. *Pharmaceuticals.* mayo de 2025;18(5):724.

26. Serna LFC, Dávila CE, Bernal GB, Gómez C. PLAN NACIONAL DE RESPUESTA A LA RESISTENCIA A LOS ANTIMICROBIANOS.

27. Barlam TF, Cosgrove SE, Abbo LM, MacDougall C, Schuetz AN, Septimus EJ, et al. Implementing an Antibiotic Stewardship Program: Guidelines by the Infectious Diseases Society of America and the Society for Healthcare Epidemiology of America. *Clin Infect Dis.* 15 de mayo de 2016;62(10):e51-77.

28. Resistencia antimicrobiana [Internet]. Instituto Nacional de Salud; 2022 ene [citado 12 de octubre de 2025]. Disponible en: <https://www.ins.gov.co/buscador-eventos/SitePages/Evento.aspx?Event=70>

29. De La Cadena E, Pallares CJ, García-Betancur JC, Porrás JA, Villegas MV. Actualización sobre la resistencia antimicrobiana en instituciones de salud de nivel III y IV en Colombia entre enero del 2018 y diciembre del 2021. *Biomedica.* 1 de diciembre de 2023;43(4):457-73.

30. ReLAVRA+: Leading the fight against antimicrobial resistance in Latin America and the Caribbean - PAHO/WHO | Pan American Health Organization [Internet]. 2025 [citado 13 de octubre de 2025]. Disponible en: <https://www.paho.org/en/documents/relavra-leading-fight-against-antimicrobial-resistance-latin-america-and-caribbean>
31. Cuenca-Riascos EB, Riascos-Jaramillo HD, Ortiz–Tejedor JG. Resistencia antimicrobiana de bacterias aisladas de secreciones bronquiales en una Unidad de Cuidados Intensivos. *Kasmera*. 7 de abril de 2023;51:e5138570-e5138570.
32. Cireșă A, Tălăpan D, Vasile CC, Popescu C, Popescu GA. Evolution of Antimicrobial Resistance in *Klebsiella pneumoniae* over 3 Years (2019–2021) in a Tertiary Hospital in Bucharest, Romania. *Antibiotics (Basel)*. 10 de mayo de 2024;13(5):431.
33. Resistencia antimicrobiana en Infecciones Asociadas a Procedimientos Médico Quirúrgicos en Colombia, 2023. [Internet]. [citado 13 de octubre de 2025]. Disponible en: https://www.ins.gov.co/BibliotecaDigital/resistencia-antimicrobiana-en-infecciones-asociadas-a-procedimientos-medico-quirurgicos-iapmq-colombia-2023.pdf?utm_source=chatgpt.com
34. Wise MG, Karlowsky JA, Mohamed N, Hermsen ED, Kamat S, Townsend A, et al. Global trends in carbapenem- and difficult-to-treat-resistance among World Health Organization priority bacterial pathogens: ATLAS surveillance program 2018-2022. *J Glob Antimicrob Resist*. junio de 2024;37:168-75.
35. Lin XC, Li CL, Zhang SY, Yang XF, Jiang M. The Global and Regional Prevalence of Hospital-Acquired Carbapenem-Resistant *Klebsiella pneumoniae* Infection: A Systematic Review and Meta-analysis. *Open Forum Infect Dis*. febrero de 2024;11(2):ofad649.
36. Pallares CJ, Porras J, De La Cadena E, García-Betancur JC, Restrepo-Arbeláez N, Viveros SMC, et al. Antimicrobial stewardship programs in seven Latin American countries: facing the challenges. *BMC Infect Dis*. 11 de julio de 2023;23:463.
37. Medina VA, García-Vega AS, Rodríguez F, Triviño-García ES, Robledo JA, Leal AL, et al. Epidemiological Genomics of *Klebsiella pneumoniae* isolates from hospitals across Colombia. *NPJ Antimicrob Resist*. 21 de julio de 2025;3(1):64.
38. Saavedra SY, Bernal JF, Montilla-Escudero E, Arévalo SA, Prada DA, Valencia MF, et al. Complexity of Genomic Epidemiology of Carbapenem-Resistant *Klebsiella pneumoniae* Isolates in Colombia Urges the Reinforcement of Whole Genome Sequencing-Based Surveillance Programs. *Clin Infect Dis*. 1 de diciembre de 2021;73(Suppl_4):S290-9.

39. Evaluación Rápida de Riesgo para la salud pública relacionada con *Klebsiella pneumoniae* hipervirulenta portadora de genes de carbapenemasas en la Región de las Américas [Internet]. [citado 13 de octubre de 2025]. Disponible en: https://www.paho.org/sites/default/files/2024-03/2024marzoevaluacion-riesgohvkvpresistentephespfinal.pdf?utm_source=chatgpt.com
40. Sava M, Vintila BI, Bereanu AS, Fratila AM, Codru IR. Lessons from Four Years (2021–2024) of *Klebsiella Pneumoniae* Resistance Surveillance Epidemiological Trends in a Romanian Intensive Care Unit. *Antibiotics*. agosto de 2025;14(8):825.
41. Mohd Asri NA, Ahmad S, Mohamud R, Mohd Hanafi N, Mohd Zaidi NF, Irekeola AA, et al. Global Prevalence of Nosocomial Multidrug-Resistant *Klebsiella pneumoniae*: A Systematic Review and Meta-Analysis. *Antibiotics (Basel)*. 8 de diciembre de 2021;10(12):1508.
42. Ali Alshuqayfi Snr KA, Elhaj YHA, Albanghali MA, Alharbi RA, Sindi AAA, Aljadani S, et al. *Klebsiella pneumoniae* Isolates from the Intensive Care Unit at South Qunfudah Hospital in Saudi Arabia: An Emerging Antimicrobial Resistance Profile. *Infect Drug Resist*. 13 de mayo de 2025;18:2451-60.
43. Rapid risk assessment - Carbapenem-resistant Enterobacterales – third update [Internet]. 2025 [citado 13 de octubre de 2025]. Disponible en: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/carbapenem-resistant-enterobacterales-rapid-risk-assessment-third-update>

Anexo 1. Perfiles de resistencia de aislados de *K. pneumoniae* MDR

Fenotipo	Perfil de resistencia	No. aislados
1	--- ETP MEM --- --- COL --- ---	1
2	--- --- --- CIP --- --- COL --- MNO ---	1
3	--- --- CRO FEP --- --- --- COL --- ---	1
4	--- CZO --- --- --- AMP SAM --- --- COL --- ---	2
5	--- IPM CZO --- --- --- --- COL --- ---	1
6	--- ETP --- CRO --- --- --- COL --- ---	1
7	--- ETP MEM --- --- --- --- COL --- ---	1
8	GEN --- --- --- SXT --- --- COL --- ---	1
9	--- --- ETP MEM --- --- --- TGC --- --- COL --- ---	1
10	--- CZO --- FOX --- AMP SAM --- COL --- ---	1
11	--- ETP --- --- TGC --- AMP SAM --- COL --- ---	1
12	--- TZP CZO --- --- AMP SAM --- COL --- ---	1
13	--- --- --- CIP SXT --- --- COL --- MNO ---	1
14	--- --- CAZ --- --- AMP SAM --- --- COL --- MNO ---	1
15	--- CZO --- --- --- AMP SAM --- --- COL --- MNO ---	2
16	--- CZO --- --- SXT --- AMP SAM --- --- COL --- ---	1
17	--- CZO --- --- CIP --- --- COL --- MNO ---	1
18	--- CZO --- --- CIP --- AMP SAM --- --- COL --- ---	1
19	--- IPM --- --- --- AMP SAM --- --- COL --- MNO ---	1
20	--- ETP --- CRO FEP --- --- --- COL --- ---	1
21	--- ETP MEM --- FEP --- --- --- COL --- ---	1
22	--- CZO --- FOX CIP --- AMP SAM --- COL --- ---	1
23	--- CZO --- CRO FEP --- AMP SAM --- COL --- ---	1
24	--- ETP MEM --- FEP CIP --- --- COL --- ---	1
25	--- ETP MEM --- CRO FEP --- --- COL --- ---	1
26	--- ETP --- CRO FEP --- SXT --- --- COL --- ---	1
27	--- ETP MEM --- FEP --- --- --- COL --- MNO ---	1
28	--- ETP MEM --- CAZ FEP --- --- --- COL --- ---	1
29	--- ETP IPM --- FEP --- --- --- COL --- MNO ---	1
30	--- TZP CZO --- --- --- AMP SAM --- --- COL --- MNO ---	2
31	GEN --- --- --- CIP SXT --- AMP SAM --- --- COL --- ---	1
32	--- TZP CZO --- CAZ --- --- AMP SAM --- --- COL --- MNO ---	1
33	GEN --- CZO --- --- CIP SXT --- AMP SAM --- --- COL --- ---	1
34	--- TZP CZO --- CRO FEP SXT --- AMP SAM --- COL --- ---	1

Este preprint fue presentado bajo las siguientes condiciones:

- Los autores declaran que se obtuvieron los términos necesarios del consentimiento libre e informado de los participantes o pacientes en la investigación y se describen en el manuscrito, cuando corresponde.
- Los autores declaran que la preparación del manuscrito siguió las normas éticas de comunicación científica.
- Los autores declaran que son conscientes de que son los únicos responsables del contenido del preprint y que el depósito en SciELO Preprints no significa ningún compromiso por parte de SciELO, excepto su preservación y difusión.
- Los autores declaran que los datos, las aplicaciones y otros contenidos subyacentes al manuscrito están referenciados.
- El manuscrito depositado está en formato PDF.
- Los autores declaran que la investigación que dio origen al manuscrito siguió buenas prácticas éticas y que las aprobaciones necesarias de los comités de ética de investigación, cuando corresponda, se describen en el manuscrito.
- Los autores declaran que una vez que un manuscrito es postado en el servidor SciELO Preprints, sólo puede ser retirado mediante solicitud a la Secretaría Editorial deSciELO Preprints, que publicará un aviso de retracción en su lugar.
- Los autores aceptan que el manuscrito aprobado esté disponible bajo licencia [Creative Commons CC-BY](#).
- El autor que presenta el manuscrito declara que las contribuciones de todos los autores y la declaración de conflicto de intereses se incluyen explícitamente y en secciones específicas del manuscrito.
- Los autores declaran que el manuscrito no fue depositado y/o previamente puesto a disposición en otro servidor de preprints o publicado en una revista.
- Si el manuscrito está siendo evaluado o siendo preparando para su publicación pero aún no ha sido publicado por una revista, los autores declaran que han recibido autorización de la revista para hacer este depósito.
- El autor que envía el manuscrito declara que todos los autores del mismo están de acuerdo con el envío a SciELO Preprints.