

DOI: 10.58490/ctjump.2026i99.4666

TỶ LỆ MANG GEN NDM-1 VÀ MỐI LIÊN QUAN VỚI KIỂU HÌNH ĐỀ KHÁNG KHÁNG SINH CỦA *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* Ở BỆNH NHÂN VIÊM PHỔI

Đặng Võ Minh Thy¹, Cao Thị Mỹ Thúy^{2*}, Trần Thanh Hùng¹

1. Trường Đại học Y Dược Cần Thơ

2. Bệnh viện Đa khoa Trung ương Cần Thơ

*Email: bscaothimythuy@gmail.com

Ngày nhận bài: 05/3/2026

Ngày phản biện: 20/6/2026

Ngày duyệt đăng: 25/6/2026

TÓM TẮT

Đặt vấn đề: Viêm phổi là bệnh lý với tỷ lệ mắc bệnh cao và tử vong ngắn hạn, dài hạn ở các nhóm tuổi trên toàn thế giới trong đó viêm phổi do *Klebsiella pneumoniae* chiếm phần lớn và đề kháng cao với nhiều kháng sinh đồng thời tỷ lệ trực khuẩn gram âm mang gen kháng thuốc ngày càng gia tăng. **Mục tiêu nghiên cứu:** 1. Xác định tỷ lệ nhiễm, kiểu hình đề kháng kháng sinh của *K.pneumoniae* ở bệnh nhân viêm phổi; 2. Xác định tỷ lệ mang gen kháng thuốc NDM-1 và mối liên quan với kiểu hình đề kháng kháng sinh của *K.pneumoniae* ở bệnh nhân viêm phổi. **Đối tượng và phương pháp nghiên cứu:** Nghiên cứu mô tả cắt ngang được thực hiện trên 153 bệnh nhân viêm phổi được điều trị nội trú tại Bệnh viện Đa khoa Trung ương Cần Thơ năm 2024-2026. Thực hiện nuôi cấy phân lập và định danh vi khuẩn từ mẫu bệnh phẩm đường hô hấp dưới bằng hệ thống tự động và kỹ thuật realtime PCR. **Kết quả:** Trong 153 bệnh nhân viêm phổi, tỷ lệ bệnh nhân viêm phổi do *Klebsiella pneumoniae* chiếm 37,9%. Kiểu hình đề kháng kháng sinh dựa trên kết quả kháng sinh đồ lần lượt là XDR(86,7%),MDR(13,3%) đồng thời tỷ lệ *K.pneumoniae* mang gen NDM-1 chiếm 44,8% và gen NDM-1 có mối liên quan có ý nghĩa thống kê với kiểu hình đề kháng kháng sinh. **Kết luận:** Viêm phổi do *K. pneumoniae* chiếm tỷ lệ đáng kể và có mức độ kháng kháng sinh cao. Gen NDM-1 lưu hành với tỷ lệ lớn và liên quan với kiểu hình đề kháng kháng sinh.

Từ khóa: Viêm phổi, *Klebsiella pneumoniae*, gen NDM-1, đề kháng kháng sinh.

ABSTRACT

PREVALENCE NDM-1 GENE AND ITS ASSOCIATION WITH ANTIBIOTIC RESISTANCE PHENOTYPE OF *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* IN PATIENTS WITH PNEUMONIA

Dang Vo Minh Thy¹, Cao Thi My Thuy^{2*}, Tran Thanh Hung¹

1. Can Tho University of Medicine and Pharmacy

2. Can Tho Central General Hospital

Background: Pneumonia remains a highly prevalent disease worldwide and is associated with significant short- and long-term mortality across all age groups. Among its etiological agents, *Klebsiella pneumoniae* accounts for a substantial proportion of cases and demonstrates high levels of resistance to multiple antimicrobial agents. Concurrently, the prevalence of Gram-negative bacilli harboring antimicrobial resistance genes has been increasing steadily. **Objectives:** 1. To determine the prevalence and antibiotic resistance patterns of *K. pneumoniae* in patients with pneumonia; 2. To identify the prevalence of the NDM-1 resistance gene and evaluate its association with antibiotic resistance phenotypes in *K. pneumoniae* isolates. **Materials and methods:** A cross-sectional descriptive study was conducted on 153 hospitalized patients diagnosed with pneumonia at Can Tho Central General Hospital from 2024 to 2026. Lower respiratory tract specimens were collected for

bacterial isolation and identification using automated microbiological systems. Detection of the NDM-1 gene was performed using real-time polymerase chain reaction (RT-PCR). Results: Among 153 pneumonia patients, the prevalence of pneumonia caused by K. pneumoniae was 37.9%. Based on antimicrobial susceptibility testing, 86.7% of isolates were extensively drug-resistant (XDR) and 13.3% were multidrug-resistant (MDR). The prevalence of the NDM-1 gene was 44.8%, and a statistically significant association was found between the presence of NDM-1 and antimicrobial resistance phenotypes. Conclusions: Klebsiella pneumoniae accounted for a considerable proportion of pneumonia cases and exhibited a high level of antimicrobial resistance. The NDM-1 gene was highly prevalent and was significantly associated with antimicrobial resistance phenotypes.

Keywords: Pneumonia, *Klebsiella pneumoniae*, NDM-1 gene, antibiotic resistance.

I. ĐẶT VẤN ĐỀ

Viêm phổi là bệnh lý nhiễm trùng đường hô hấp dưới cấp tính phổ biến có tác nhân vi sinh vật gây bệnh đa dạng trong đó viêm phổi do vi khuẩn chiếm vị trí hàng đầu với tỷ lệ viêm phổi do *Klebsiella pneumoniae* chiếm phần lớn và đề kháng với nhiều loại kháng sinh [1]. Ngày nay, tình hình đề kháng kháng sinh là một mối đe dọa với sức khỏe cộng đồng. Tổ chức Y tế Thế giới đã công bố danh sách các mầm bệnh đề kháng kháng sinh cần ưu tiên để phát triển kháng sinh mới trong đó trực khuẩn gram âm tiết beta-lactamase phổ rộng (ESBL) có mức độ ưu tiên cấp thiết. *K.pneumoniae* đã trở thành nguyên nhân chính gây ra các bệnh nhiễm trùng trong bệnh viện và là yếu tố nguy cơ gây nhiễm trùng nghiêm trọng có nguồn gốc từ cộng đồng [2]. Sự xuất hiện nhanh chóng của các carbapenemase được tạo ra từ các vi khuẩn gram âm thể hiện khả năng đề kháng β -lactam phổ rộng, đặc biệt là New Delhi metallo- β -lactamase (NDM). Trong số các họ gen mã hoá sinh carbapenemase, gen *NDM-1* được ghi nhận ở nhiều nước và đóng vai trò chính trong cơ chế kháng carbapenem ở khu vực Đông Nam Á. *NDM-1* và các biến thể đang liên tục lan rộng trên toàn thế giới [3], [4], [5].

Hiện nay chưa có nhiều nghiên cứu về trực khuẩn gram âm mang gen kháng thuốc, đặc biệt là *Klebsiella pneumoniae* trên bệnh nhân viêm phổi cũng như các dữ liệu về mối liên quan giữa kiểu gen kháng thuốc với kiểu hình đề kháng kháng sinh. Từ những lí do trên, nghiên cứu này được thực hiện với hai mục tiêu: 1) Khảo sát tỷ lệ nhiễm, kiểu hình đề kháng kháng sinh của *K.pneumoniae* ở bệnh nhân viêm phổi; 2) Xác định tỷ lệ mang gen kháng thuốc *NDM-1* và mối liên quan với kiểu hình đề kháng kháng sinh của *K.pneumoniae* ở bệnh nhân viêm phổi.

II. ĐỐI TƯỢNG VÀ PHƯƠNG PHÁP NGHIÊN CỨU

2.1. Đối tượng nghiên cứu

Bệnh nhân được chẩn đoán viêm phổi điều trị nội trú tại Bệnh viện Đa khoa Trung ương Cần Thơ.

- **Tiêu chuẩn chọn mẫu:** Tiêu chuẩn chẩn đoán viêm phổi do các vi khuẩn của Trung tâm kiểm soát và phòng ngừa dịch bệnh Hoa Kỳ CDC (2021), chẩn đoán viêm phổi khi bệnh nhân thoả cả 2 tiêu chuẩn về hình ảnh học và triệu chứng lâm sàng.

- **Tiêu chuẩn loại trừ:** Bệnh nhân lao phổi tiến triển hoặc đang sử dụng thuốc kháng lao. Tử vong trong vòng 48 giờ kể từ khi được chẩn đoán viêm phổi.

2.2. Phương pháp nghiên cứu

- **Thiết kế nghiên cứu:** Nghiên cứu mô tả cắt ngang có phân tích.

- **Cỡ mẫu:** Áp dụng công thức tính cỡ mẫu cho ước lượng một tỷ lệ. Theo tác giả Hoàng Thị Minh Hoà năm 2021 là 25,84%, chọn $p=0,2584$, $\alpha=0,05$, $d=0,07$ tính được 150 mẫu, thực tế chúng tôi thu thập 153 mẫu.

- **Phương pháp chọn mẫu:**

+ Chọn mẫu thuận tiện theo tiêu chuẩn chọn mẫu và tiêu chuẩn loại trừ.

+ Thu thập các thông tin cần thiết và phiếu thu thập số liệu. Thực hiện kỹ thuật nuôi cấy, định danh bằng hệ thống nuôi cấy định danh và kháng sinh đồ tự động Vitek 2 compact, kết quả kháng sinh đồ được đọc và phân loại nhạy cảm (S), trung gian (I), đề kháng (R) theo tiêu chuẩn của Viện Tiêu chuẩn Lâm sàng và Xét nghiệm Hoa Kỳ (CLSI M100 2024) và kỹ thuật realtime PCR phát hiện gen kháng thuốc được phát triển bởi công ty cổ phần dịch vụ và thương mại Nam Khoa Biotek.

+ *Klebsiella pneumoniae* được xác định là tác nhân vi sinh có khả năng gây viêm phổi khi nuôi cấy phân lập *Klebsiella pneumoniae* là khuẩn lạc ưu thế (theo tiêu chuẩn CLSI 2024) hoặc kết quả PCR định lượng phát hiện *Klebsiella pneumoniae* $\geq 10^5$ copies/mL và chiếm tải lượng cao nhất trong số tất cả tác nhân phát hiện được trên mẫu bệnh phẩm

- **Nội dung nghiên cứu:** Tỷ lệ nhiễm và kiểu hình đề kháng kháng sinh của *Klebsiella pneumoniae* ở bệnh nhân viêm phổi. Tỷ lệ mang gen *NDM-1* và mối liên với kiểu hình đề kháng kháng sinh.

- **Định nghĩa biến:**

+ Đa kháng thuốc (MDR: Multidrug Resistant): là tình trạng vi khuẩn đề kháng ít nhất với 10 loại kháng sinh trong ít nhất 03 họ kháng sinh.

+ Đa kháng diện rộng (XDR: Extream / Extensive Drug Resistance): là tình trạng vi khuẩn đề kháng.

- **Phương pháp xử lý số liệu:** Dữ liệu được xử lý bằng phần mềm SPSS 20.0, trình bày dưới dạng trung bình \pm độ lệch chuẩn cho biến định lượng và tần số (tỷ lệ %) cho biến định tính. Chúng tôi sử dụng các kiểm định χ^2 hoặc Fisher để so sánh sự khác biệt giữa các nhóm. Mức ý nghĩa thống kê được xác định khi $p < 0,05$.

- **Đạo đức trong nghiên cứu:** Nghiên cứu đã được Hội đồng Đạo đức trong nghiên cứu Y sinh học Trường Đại học Y Dược Cần Thơ phê duyệt và cấp giấy chấp thuận đạo đức nghiên cứu số 24.237.HV/PCT-HĐĐĐ ngày 28/6/2024.

III. KẾT QUẢ NGHIÊN CỨU

3.1. Đặc điểm chung của đối tượng nghiên cứu

Bảng 1. Đặc điểm chung của đối tượng nghiên cứu

Đặc điểm	Phân nhóm	Tần số (Tỷ lệ) (n=153)
Tuổi	Cao tuổi (≥ 60 tuổi)	136 (88,8%)
	Không cao tuổi (< 60 tuổi)	17 (11,2%)
Giới	Nam	96 (62,7%)
	Nữ	57 (37,3%)
Bệnh đồng mắc	Tăng huyết áp	95 (62%)
	Đái tháo đường type 2	45 (29%)
	COPD	35 (22,8%)
	Bệnh tim thiếu máu cục bộ	46 (30%)
	Tai biến mạch máu não	27 (17,6%)
	Ung thư	17 (11,1%)
	Không có bệnh nền	9 (5,8%)

Nhận xét: Trong số bệnh nhân viêm phổi, tỷ lệ bệnh nhân ≥ 60 tuổi chiếm 88,8%, giới nam chiếm ưu thế với 62,7% cao gấp 2 lần so với nữ giới. Hầu hết các bệnh nhân đều có bệnh đồng mắc, trong đó tăng huyết áp chiếm tỷ lệ cao nhất với 62%, bệnh tim thiếu máu cục bộ 30%, đái tháo đường type 2 chiếm 29%.

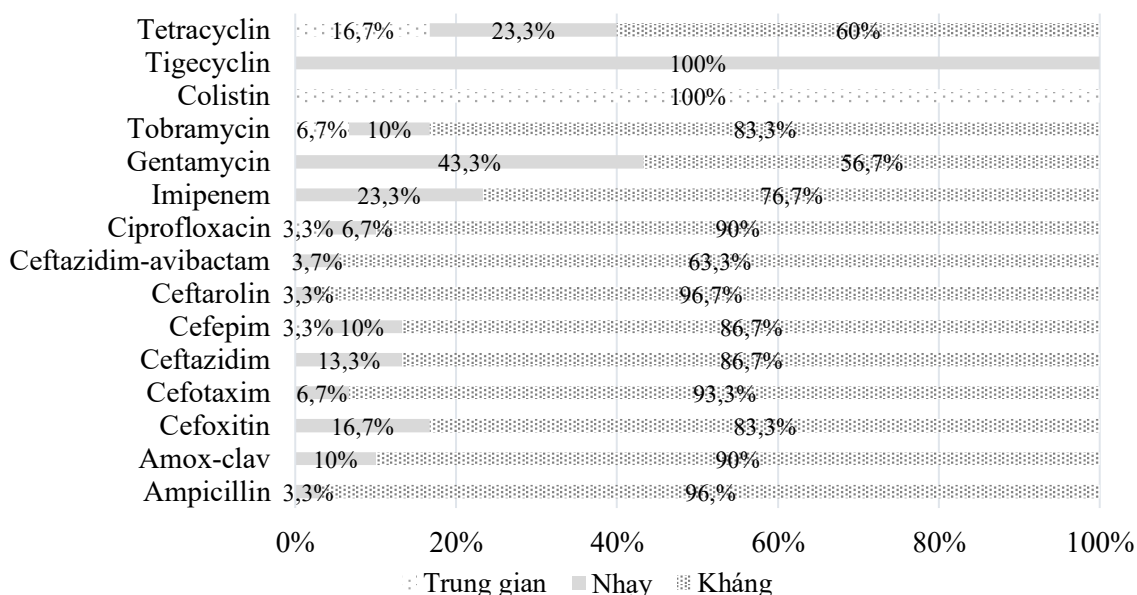
3.2. Tỷ lệ viêm phổi do *Klebsiella pneumoniae*

Bảng 2. Tỷ lệ viêm phổi do *Klebsiella pneumoniae*

	Tần số	Tỷ lệ
Viêm phổi do <i>K.pneumoniae</i>	58	37,9%
Viêm phổi do tác nhân khác	95	62,1%

Nhận xét: Trong 153 bệnh nhân viêm phổi nhập viện, tỷ lệ viêm phổi do *K.pneumoniae* chiếm 37,9% trong tổng số nghiên cứu.

3.3. Kiểu hình đề kháng kháng sinh của *Klebsiella pneumoniae* ở bệnh nhân viêm phổi



Biểu đồ 1. Tỷ lệ đề kháng kháng sinh của *Klebsiella pneumoniae* ở bệnh nhân viêm phổi (n=30)

Nhận xét: Trong số bệnh nhân viêm phổi được nuôi cấy phân lập ra *Klebsiella pneumoniae*, 96,7% bệnh nhân đề kháng với Ampicillin và Ceftarolin, 93,3% bệnh nhân đề kháng với Cefotaxim, 90% đề kháng với Amoxicilin-acid clavulanic và Ciprofloxacin. 100% bệnh nhân còn nhạy với Tigecyclin và 100% bệnh nhân trung gian với nhóm Colistin. Dựa vào kết quả kháng sinh đồ trên, chúng tôi xác định tỷ lệ nhóm đề kháng diện rộng (XDR) chiếm 86,7% cao gấp 6 lần so với nhóm đa kháng kháng sinh (MDR).

3.4. Tỷ lệ mang gen kháng thuốc *NDM-1* và mối liên quan với kiểu hình đề kháng kháng sinh của *Klebsiella pneumoniae* trên bệnh nhân viêm phổi

Bảng 3. Kết quả PCR xác định gen *NDM-1* trên *K.pneumoniae* ở bệnh nhân viêm phổi (n=58)

Kết quả PCR	Tần số (n)	Tỷ lệ (%)
Phát hiện gen <i>NDM-1</i>	26	44,8%
Chưa phát hiện gen <i>NDM-1</i>	32	55,2%

Nhận xét: Tỷ lệ *K.pneumoniae* mang gen *NDM-1* chiếm 44,8% trong tổng số bệnh nhân viêm phổi do *K.pneumoniae*.

Bảng 4. Mối liên quan giữa kiểu gen *NDM-1* với kiểu hình đề kháng kháng sinh của *K.pneumoniae* (n=30)

	MDR	XDR	p
Mang gen <i>NDM-1</i>	0	17	p=0.026*
Không mang gen <i>NDM-1</i>	4	9	

*Fisher Exact Test

Nhận xét: Trong số 58 ca viêm phổi do *Klebsiella pneumoniae* được xác định qua kỹ thuật realtime PCR có 30 trường hợp có kết quả nuôi cấy dương tính. Trong đó, nhóm chủng mang gen *NDM-1*, 100% *Klebsiella pneumoniae* biểu hiện kiểu hình kháng thuốc diện rộng (XDR). Ở nhóm không mang gen, tỷ lệ XDR là 69,2%, cao gấp đôi so với nhóm đa kháng (MDR). Sự hiện diện của gen *NDM-1* có mối liên quan có ý nghĩa thống kê với kiểu hình đề kháng kháng sinh ($p < 0,05$), cho thấy vai trò quan trọng của gen này trong cơ chế kháng thuốc mức độ cao.

IV. BÀN LUẬN

4.1. Tỷ lệ viêm phổi do *Klebsiella pneumoniae*

Tỷ lệ viêm phổi do *Klebsiella pneumoniae* trong nghiên cứu của chúng tôi là 37,9%, kết quả này tương đồng với nghiên cứu của Hồng Thị Xuân Liễu và cộng sự (2022) với tỷ lệ 35,9%, và nằm trong khoảng dao động ghi nhận ở một số nghiên cứu trong nước [6]. Đáng chú ý, Nguyễn Thị Mai Hương và cộng sự (2024) ghi nhận tỷ lệ lên tới 65,7%, cao gấp đôi so với nghiên cứu của chúng tôi. Sự chênh lệch này có thể phản ánh sự tập trung mẫu bệnh phẩm tại các khoa hồi sức hoặc nhóm viêm phổi bệnh viện, nơi *Klebsiella pneumoniae* đa kháng lưu hành mạnh [7]. Ngược lại, tỷ lệ trong nghiên cứu của chúng tôi cao hơn so với Bùi Nam Phong và cộng sự (2024) là 30,3% và Nguyễn Đình Quân và cộng sự (2023) là 22,22%. Sự chênh lệch này có thể xuất phát từ khác biệt về tiêu chuẩn chọn mẫu, thời gian thu thập số liệu, tỷ lệ viêm phổi bệnh viện so với viêm phổi cộng đồng, cũng như sự lưu hành của các chủng Gram âm đa kháng tại từng cơ sở [8] [9].

4.2. Kiểu hình đề kháng kháng sinh của *Klebsiella pneumoniae* ở bệnh nhân viêm phổi

Về tình hình đề kháng, tỷ lệ *Klebsiella pneumoniae* đa kháng thuốc (MDR) trong nghiên cứu của chúng tôi là 13,3%, trong khi kháng thuốc mở rộng (XDR) chiếm tới 86,7%. So với Phạm Thị Ngọc Nga và cộng sự, tỷ lệ MDR là 22,6%, XDR 60,4% và kháng toàn bộ 7,5%, nghiên cứu của chúng tôi có tỷ lệ XDR cao hơn rõ rệt nhưng MDR thấp hơn [10]. Điều này có thể phản ánh xu hướng dịch chuyển từ đa kháng sang kháng mở rộng tại cơ sở nghiên cứu, đặc biệt trong bối cảnh sử dụng carbapenem kéo dài. Theo Lê Công Trứ và cộng sự (2022), tỷ lệ *Klebsiella pneumoniae* đa kháng lên đến 89,1%, và đặc biệt, nghiên cứu của Uc-Cachón A.H. và cộng sự (2019) tại Mexico ghi nhận tỷ lệ lên tới 83,65% [11] [12]. So sánh này cho thấy mức độ kháng thuốc dao động đáng kể giữa các quốc gia và cơ sở y tế, phụ thuộc vào chính sách kiểm soát nhiễm khuẩn, quản lý kháng sinh và đặc điểm dịch tễ địa phương.

Đáng chú ý, 100% chủng *Klebsiella pneumoniae* trong nghiên cứu của chúng tôi trung gian với colistin. Kết quả này cần được diễn giải trong bối cảnh thay đổi tiêu chuẩn phân loại của CLSI: từ năm 2020, CLSI đã loại bỏ danh mục nhạy cảm (S) đối với colistin và chỉ duy trì hai mức phân loại là trung gian (I) khi MIC ≤ 2 $\mu\text{g/mL}$ và đề kháng (R) khi

MIC ≥ 4 $\mu\text{g/mL}$. Bên cạnh đó, dữ liệu từ chương trình giám sát SENTRY (2011–2017) cho thấy phần lớn chủng *K. pneumoniae* trong tự nhiên có MIC colistin ≤ 2 $\mu\text{g/mL}$, tương ứng với mức trung gian theo CLSI. Do đó, kết quả 100% trung gian phản ánh bản chất sinh học của vi khuẩn và cách diễn giải theo CLSI 2024, không đồng nghĩa với thất bại điều trị trên lâm sàng [13].

4.3. Tỷ lệ mang gen kháng thuốc *NDM-1* và mối liên quan với kiểu hình đề kháng kháng sinh của *Klebsiella pneumoniae* trên bệnh nhân viêm phổi

Trong nghiên cứu của chúng tôi, tỷ lệ *Klebsiella pneumoniae* mang gen *NDM-1* chiếm 44,8%. Đây là mức khá cao, cho thấy sự lưu hành đáng kể của chủng sinh carbapenemase tại cơ sở nghiên cứu. So với Trần Thị Tuyết Ngọc ghi nhận tỷ lệ 11%, kết quả của chúng tôi cao hơn rõ rệt [14]. Tuy nhiên, thấp hơn so với nghiên cứu của Hussein.N.H. với tỷ lệ 67,27% [15]. Sự dao động này phản ánh khác biệt về địa điểm nghiên cứu, đối tượng bệnh nhân, mức độ sử dụng carbapenem và tình hình kiểm soát nhiễm khuẩn tại từng khu vực. Kết quả của chúng tôi ghi nhận mối liên quan có ý nghĩa thống kê giữa sự hiện diện gen *NDM-1* và kiểu hình đề kháng kháng sinh. Điều này phù hợp với cơ chế sinh học đã được xác lập. *NDM-1* là một metallo- β -lactamase có khả năng thủy phân hầu hết các kháng sinh β -lactam, bao gồm carbapenem. Sự hiện diện của gen này thường đi kèm các plasmid mang thêm gen kháng aminoglycoside, fluoroquinolone hoặc trimethoprim-sulfamethoxazole, làm gia tăng nguy cơ đa kháng và kháng mở rộng.

V. KẾT LUẬN

Klebsiella pneumoniae là căn nguyên quan trọng trong viêm phổi và cần được lưu ý trong điều trị kinh nghiệm. Viêm phổi do *Klebsiella pneumoniae* đa kháng kháng sinh chiếm tỷ lệ cao phản ánh mức độ kháng thuốc cao và hạn chế đáng kể lựa chọn điều trị. Sự xuất hiện của các gen kháng thuốc ngày càng gia tăng, trong đó có *NDM-1* đồng thời chúng tôi ghi nhận có mối liên quan có ý nghĩa thống kê giữa *NDM-1* và kiểu hình đề kháng. Sự hiện diện gen này gợi ý vai trò quan trọng vào tình trạng kháng carbapenem và kháng mở rộng của *Klebsiella pneumoniae*.

TÀI LIỆU THAM KHẢO

1. Lê Quang Phương, Nguyễn, Minh Lực. Đặc điểm hình ảnh nội soi phế quản và nguyên nhân gây viêm phổi bệnh viện của bệnh nhân thở máy điều trị tại khoa hồi sức tích cực–Bệnh viện Hữu Nghị. *Tạp chí Y học Việt Nam*. 2021.498 (1). <http://doi.org/10.51298/vmj.v498i1.124>.
2. Podschun Rainer, Ullmann, Uwe. *Klebsiella* spp. as nosocomial pathogens: epidemiology, taxonomy, typing methods, and pathogenicity factors. *Clinical microbiology reviews*. 1998.11 (4), 589-603. <http://doi.org/10.1128/CMR.11.4.589>.
3. Farhat N., Khan, A. U. Evolving trends of New Delhi Metallo-beta lactamase (NDM) variants: A threat to antimicrobial resistance. *Infect Genet Evol*. 2020. 86, 104588. <http://doi.org/10.1016/j.meegid.2020.104588>.
4. Malchione M. D., Torres, L. M., Hartley, D. M., Koch, M. Carbapenem and colistin resistance in Enterobacteriaceae in Southeast Asia: Review and mapping of emerging and overlapping challenges. *Int J Antimicrob Agents*. 2019.54 (4), 381-399. <http://doi.org/10.1016/j.ijantimicag.2019.07.019>.
5. Zhang Y., Wang, Q., Yin, Y., Chen, H. Epidemiology of Carbapenem-Resistant Enterobacteriaceae Infections: Report from the China CRE Network. *Antimicrob Agents Chemother*. 2018. 62 (2). <http://doi.org/10.1128/aac.01882-17>.

6. Hồng Thị Xuân Liễu, Trần, Đỗ Hùng. Tỷ lệ nhiễm và đề kháng kháng sinh của một số vi khuẩn gram âm trên bệnh nhân viêm phổi tại Bệnh viện Đa khoa thành phố Cần Thơ năm 2022-2023. *Tạp chí Y học Việt Nam*. 2023. 527 (1B). <http://doi.org/10.51298/vmj.v527i1B.5748>.
 7. Nguyễn Thị Mai Hương, Đặng, Quốc Tuấn. Đặc điểm vi khuẩn *Klebsiella pneumoniae* gây viêm phổi tại trung tâm hồi sức tích cực Bệnh viện Bạch Mai giai đoạn 2023 – 2024. *Tạp chí Y học Việt Nam*. 2025. 547 (1). <http://doi.org/10.51298/vmj.v547i1.12888>.
 8. Bùi Nam Phong, Nguyễn, Thị Bích Thủy, Phan, Hồng Ân. Nghiên cứu đặc điểm vi sinh và tính kháng kháng sinh của vi khuẩn phân lập được ở bệnh nhân viêm phổi tại khoa điều trị tích cực Bệnh viện 19-8 – năm 2024. *Tạp chí Y học Việt Nam*. 2025. 557 (2). <http://doi.org/10.51298/vmj.v557i2.16691>.
 9. Nguyễn Đình Quân, Nguyễn, Tuấn Anh, Vũ, Thanh Tùng. Đặc điểm căn nguyên vi sinh ở người cao tuổi viêm phổi nặng tại Bệnh viện lão khoa Trung ương năm 2023. *Tạp chí Y học Việt Nam*. 2025.556 (1). <http://doi.org/10.51298/vmj.v556i1.16318>.
 10. Phạm Thị Ngọc Nga, Ong Văn, Phát. Mức độ đề kháng kháng sinh của một số vi khuẩn gây viêm phổi bệnh viện tại khoa hồi sức tích cực – chống độc Bệnh viện đa khoa thành phố Cần Thơ năm 2023 – 2024. *Tạp chí Y học Việt Nam*. 2025.548 (1). <http://doi.org/10.51298/vmj.v548i1.13470>.
 11. Lê Công Trứ, Long, Đỗ Hoàng, Hùng, Trần Đỗ. Tình hình đề kháng kháng sinh của *Klebsiella pneumoniae* tại Bệnh viện đa khoa Trung ương Cần thơ. *Tạp chí Y học Việt Nam*. 2022. 518 (2). <http://doi.org/10.51298/vmj.v518i2.3492>.
 12. Uc-Cachón A. H., Gracida-Osorno, C., Luna-Chi, I. G., Jiménez-Guillermo, J. G. High Prevalence of Antimicrobial Resistance Among Gram-Negative Isolated Bacilli in Intensive Care Units at a Tertiary-Care Hospital in Yucatán Mexico. *Medicina (Kaunas)*. 2019.55 (9). <http://doi.org/10.3390/medicina55090588>.
 13. Kar P., Behera, B., Mohanty, S., Jena, J. Detection of Colistin Resistance in Carbapenem Resistant Enterobacteriaceae by Reference Broth Microdilution and Comparative Evaluation of Three Other Methods. *J Lab Physicians*. 2021.13 (3), 263-269. <http://doi.org/10.1055/s-0041-1731137>.
 14. Trần Thị Tuyết Ngọc, Lê Thị Lan Hương, Nguyễn Hoàng, Bách, Lê Văn An. Khảo sát đặc điểm kiểu hình kháng thuốc kháng sinh và một số đặc trưng về gen của các chủng *Klebsiella pneumoniae* gây nhiễm khuẩn tại Bệnh viện Trường Đại học Y Dược Huế và Bệnh viện đa khoa tỉnh Khánh Hòa. 2021. <http://doi.org/10.34071/jmp.2021.5.9>.
 15. Hussein Nadheema Hammood. Emergence of NDM-1 among carbapenem-resistant *Klebsiella pneumoniae* in Iraqi hospitals. *Acta microbiologica et immunologica Hungarica*. 2018. 65 (2), 211-227. <http://doi.org/10.1556/030.64.2017.026>.
-