



## 1378 - CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE CEPAS DE *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* PRODUCTORA DE BETALACTAMASAS DE ESPECTRO EXTENDIDO EN PACIENTES CON BACTERIEMIA INGRESADOS EN UN HOSPITAL DE TERCER NIVEL

**Raquel Tascón Rodríguez, Laura Pérez Abad, Marcos Larrosa Moles, Lucía Tari Ferrer, Silvia Crespo Aznárez, Juan Vallejo Grijalba, Javier García Lafuente y Eugenia Mercedes Sanz Valer**

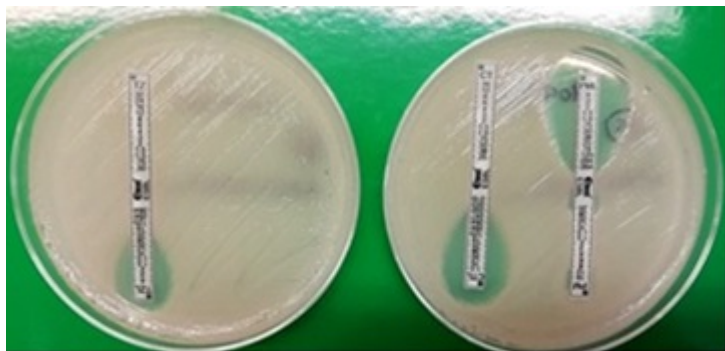
Hospital Clínico Universitario Lozano Blesa, Zaragoza.

### Resumen

**Objetivos:** Detectar fenotípicamente el mecanismo de resistencia a betalactámicos en las cepas de *K. pneumoniae* productora de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) causantes de bacteriemia en un hospital de tercer nivel y realizar su tipificación molecular.

**Métodos:** Se realizó una búsqueda retrospectiva de los hemocultivos positivos durante un período de 12 meses (desde el 1 de enero de 2018 al 31 de diciembre de 2018), seleccionando los aislamientos de *K. pneumoniae* productora de BLEE. Se utilizó para ello una base de datos anonimizada de Modulab del Servicio de Microbiología. La confirmación fenotípica del mecanismo de resistencia se realizó con el Epsilon-test ( $\epsilon$ -test<sup>®</sup>). La tipificación molecular de las cepas se realizó mediante electroforesis en campo pulsante (PFGE) y Multilocus Sequence Typing (MLST).

**Resultados:** Durante el período de estudio se procesaron en el laboratorio de Microbiología del HCULB 15.405 hemocultivos, de los cuales 1.923 fueron positivos (12,48%). Se aislaron enterobacterias en 810; de los cuales 120 correspondieron a *K. pneumoniae* (6,24%), documentándose un total de 60 bacteriemias por este microorganismo. Once de ellas fueron producidas por cepas productoras de BLEE (18,33%). Se realizó el  $\epsilon$ -test a los 11 aislamientos en vistas a confirmar el fenotipo de resistencia basado en la producción de BLEE asignado en el estudio primitivo de las cepas. Se aplicaron las 3 tiras recomendadas (ESBL CT/CTL, TZ/TZL, PM/PML) hallando fenotipo BLEE en las 11 cepas de *K. pneumoniae* con relación CT/CTL  $\geq 8$  y/o TZ/TZL  $\geq 8$  y/o PM/PML  $\geq 8$  (fig.). En cuanto a la tipificación molecular; fueron detectados 6 patrones en PFGE. Mediante MLST se detectaron 5 STs diferentes (ST405, ST307, ST392, ST340 y ST3035), siendo ST405 el más frecuente, aislándose en 5 de 11 aislamientos (45,45%). El segundo ST más frecuente fue ST307, siendo identificado en 3 aislamientos.



*Discusión:* *K. pneumoniae* productora de BLEE es un patógeno oportunista y multirresistente responsable de un alto y creciente porcentaje de bacteriemias nosocomiales, lo que exige el reconocimiento temprano de los individuos en situación de riesgo y su abordaje diagnóstico y terapéutico precoz en vistas a disminuir su morbimortalidad. El empleo de técnicas moleculares como PCR, PFGE y secuenciación permite la identificación de estas bacterias multirresistentes y, dada la asociación existente y cada vez más popular entre determinados perfiles moleculares con mecanismos de resistencia concretos, todas ellas se han convertido en una herramienta crucial en vigilancia epidemiológica.

*Conclusiones:* El fenotipo productor de BLEE fue confirmado en el 100% de los aislamientos, hidrolizando en todos los casos cefotaxima, ceftazidima y cefepima. *K. pneumoniae* ST405 y ST307 fueron los clones más prevalentes detectándose en 5 y 3 bacteriemias, respectivamente, demostrando una gran capacidad de diseminación horizontal.