



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

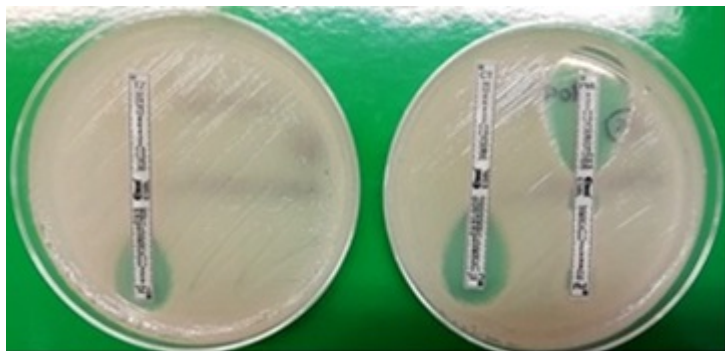
Hospital Clínico Universitario Lozano Blesa, Zaragoza.

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 (ϵ -test[®]). 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 ϵ -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 ≥ 8 y/o TZ/TZL ≥ 8 y/o PM/PML ≥ 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.