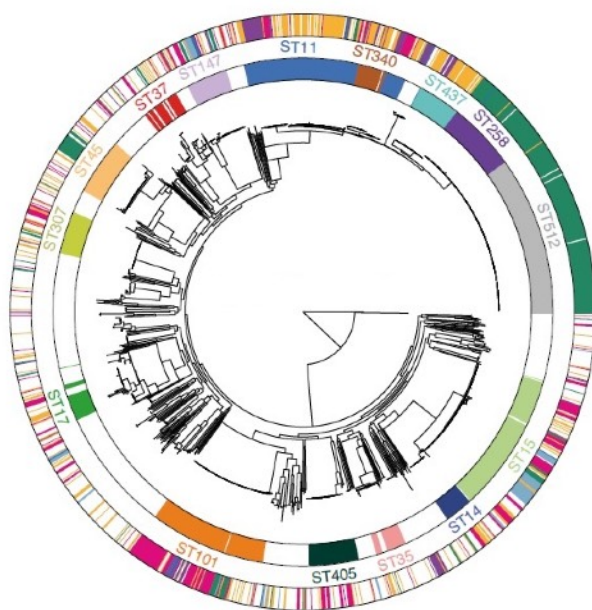


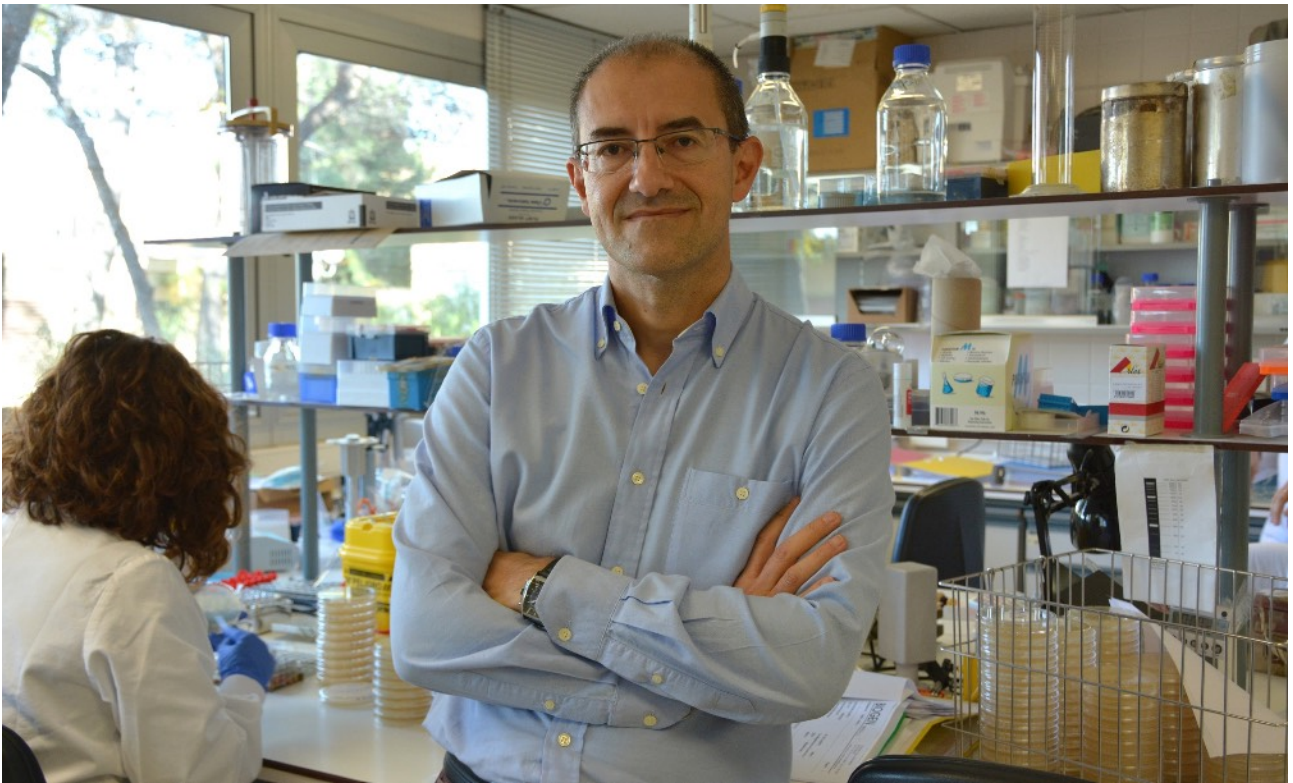
Nuevos hallazgos sobre la diseminación en hospitales de una de las bacterias más resistentes a los antibióticos

| 29/07/2019 |



Representación gráfica del análisis genómico realizado sobre diferentes cepas de *K. Pneumoniae*. Créditos: Nature/Centre for Genomic Pathogen Surveillance, Wellcome Genome Campus, Cambridge, UK.

Un proyecto europeo multicéntrico con participación española, *European Survey of Carbapenemase-Producing Enterobacteriaceae (EuSCAPE)*, ha estudiado el problema sanitario que supone la diseminación de *Klebsiella pneumoniae*. Esta bacteria causa numerosas infecciones nosocomiales (las adquiridas en un centro sanitario) debido a su resistencia a los antibióticos carbapenémicos, una de las familias de antibióticos consideradas de última línea terapéutica. Una de las conclusiones del trabajo es que la propensión de la bacteria a diseminarse en entornos hospitalarios se relaciona con el grado de resistencia a los antibióticos.



En esta investigación se ha analizado información epidemiológica y secuencias genómicas de 1.717 cepas de esta bacteria, 944 resistentes y 773 sensibles a los carbapenémicos. **Jesús Oteo y Belén Aracil**, del Centro Nacional de Microbiología (CNM) del Instituto de Salud Carlos III (ISCIII), están entre los firmantes del estudio, ya que el ISCIII ha coordinado la parte española de la investigación. Oteo es el coordinador en España del proyecto europeo, y tanto él como Aracil desarrollan su trabajo en el laboratorio de referencia e investigación en resistencia a antibióticos e infecciones relacionadas con la asistencia sanitaria del CNM. La investigación está dirigida por científicos del Centre for Genomic Pathogen Surveillance, situado en Cambridge (Reino Unido).

En el trabajo, [que publica este lunes Nature Microbiology](#), han participado 244 hospitales de 32 países europeos, 20 de ellos centros españoles de diferentes comunidades autónomas. El objetivo era mejorar el conocimiento de las vías de diseminación de bacterias con resistencia a múltiples antibióticos para adecuar las intervenciones de salud pública dirigidas a su control. Oteo explica que las multirresistencias a antibióticos "limitan mucho las alternativas terapéuticas, con casos en los que incluso no hay opción de tratamiento antibiótico. *K. Pneumoniae* es un paradigma de este problema", señala.

El estudio demuestra que la adquisición de carbapenemasas (enzimas que produce la bacteria para destruir los antibióticos carbapenémicos) es la causa principal de la resistencia a estos antibióticos en *K. pneumoniae*, y que su dispersión en Europa se debe principalmente a cuatro grupos clonales de esta especie. Los autores señalan que la propensión de *K. pneumoniae* a diseminarse en ambientes hospitalarios está directamente relacionada con el grado de resistencia y que los aislamientos productores de carbapenemasas muestran una mayor tasa de transmisión.

Genómica para mejorar la salud pública

Los autores consideran que los casos de diseminación de *K. pneumoniae* resistente a múltiples antibióticos están definidos por la expansión de un pequeño número de clones de esta bacteria productores de carbapenemasas (clones de alto riesgo), que se propagan principalmente por rutas de transmisión nosocomial en los hospitales y que el uso de antibióticos actúa como un factor modificador de la capacidad de transmisión de la bacteria. Además, recomiendan que las acciones de salud pública vayan encaminadas a una mayor vigilancia mediante análisis de genómica bacteriana, y que se centren en el estudio de la expansión de estos clones de alto riesgo en los primeros momentos de una incipiente epidemia.

Oteo recuerda que hay más estudios similares al que publica este lunes Nature, pero que éste incluye la selección más grande hasta el momento de secuencias genómicas de *K. Pneumoniae*, y de comparación con casos control. Con respecto a la participación española en el proyecto, ha añadido que los 20 hospitales nacionales han aportado gran parte de las cepas resistentes estudiadas, y que el trabajo puede abrir nuevas puertas al manejo de las multirresistencias antibióticas.