

Grupos del CIBER y el CNM analizan la propagación en España de un mecanismo poco estudiado de resistencia a antibióticos

28/10/2022



Grupo de investigación del CIBERINFEC en el Centro Nacional de Microbiología del ISCIII, liderado por Jesús Oteo.

Un nuevo estudio colaborativo, liderado por el área de Enfermedades Infecciosas del CIBER (**CIBERINFEC**) y con participación del **Centro Nacional de Microbiología** del ISCIII, ha secuenciado el genoma completo de todas las bacterias productoras de IMP recibidas en el Programa de Vigilancia de Resistencia a Antibióticos del Centro Nacional de Microbiología del Instituto de Salud Carlos III (ISCIII) en un periodo de 9 años (2012-2021), proporcionando datos actualizados de la propagación interregional de estas bacterias en España. Los resultados del trabajo [se publican en la revista *Frontiers in Microbiology*](#).

Algunas enterobacterias -bacterias del tipo Gram negativo- tienen la capacidad de producir carbapenemasas, unas enzimas que degradan los antibióticos carbapenémicos, una familia de fármacos antimicrobianos de última línea terapéutica que se emplean para tratar infecciones en las que fallan otros antibióticos. Entre estas enzimas se encuentran las del tipo IMP. Las bacterias productoras de carbapenemasas de tipo IMP representan un mecanismo de resistencia a antibióticos poco estudiado, cuyo conocimiento es crucial para su prevención y control, ya que pueden causar brotes hospitalarios.

En este trabajo han participado investigadores de los grupos del CIBERINFEC liderados por **Jesús Oteo**, en el Centro Nacional de Microbiología del ISCIII, y por **M^a Carmen Fariñas** en el Instituto de Investigación Sanitaria Valdecilla (IDIVAL), así como investigadores del área de Enfermedades Respiratorias del CIBER (CIBERES) en el Hospital Universitario Gregorio Marañón.

Unificar información

"Aunque la detección de enterobacterias productoras de IMP sigue siendo infrecuente en España, sí se ha observado que están causando recientemente brotes en hospitales", explican Jesús Oteo y María Pérez-Vázquez, investigadores del CIBERINFEC y del Laboratorio de Resistencia a Antibióticos del Centro Nacional de Microbiología, que han coordinado este trabajo. Por ello, el objetivo de esta investigación fue contribuir a resolver la falta de información unificada sobre las IMP a nivel nacional.

Este equipo recogió los datos remitidos por un total de 19 hospitales de 13 provincias españolas. En total, se analizaron 50 aislados de enterobacterias productoras de IMP, con el fin de caracterizarlas, analizar los métodos de identificación más eficaces, la sensibilidad a diferentes familias de antibióticos y su propagación en España. Estos aislados habían producido infecciones clínicas (64%) –incluidas infecciones del tracto urinario (32%), infecciones del tracto respiratorio (10%), casos de bacteriemia (8%) y otras infecciones (14%)–, y otros que se correspondieron con muestras rectales (36%).

La investigación constató que este mecanismo de resistencia a antimicrobianos se ha diseminado en diferentes bacterias. En concreto, las especies detectadas fueron: *Klebsiella pneumoniae* en el 48% de los aislados; *Enterobacter roggenkampii*, en el 26%; *Enterobacter hormaechei*, en el 16%; *Klebsiella oxytoca*, en el 4%; *Enterobacter asburiae*, en el 2%; y *Serratia marcescens*, en el 2%, al igual que *Escherichia coli*.

Detección de clones de riesgo

La secuenciación del genoma completo ha permitido la detección de distintos tipos de enzimas IMP en estas cepas, predominando IMP-8 en *K. pneumoniae* e IMP-22 en *E. roggenkampii*. Además, en seis cepas se detectó producción de una segunda carbapenemasa (OXA-48, KPC-3 o VIM-1), por lo que suponen clones de mayor riesgo al coexistir varios mecanismos de resistencia. Asimismo, se detectó en un 28% de las cepas analizadas la producción de betalactamasas de espectro extendido (BLEE), enzimas responsables de resistencia ante la acción de antibióticos betalactámicos como las penicilinas, las cefalosporinas, y monobactámicos.

El trabajo también analizó la eficacia de distintos antimicrobianos frente a estas enterobacterias productoras de IMP, y demostró que la colistina y la amikacina presentaban los mejores valores de sensibilidad para su tratamiento. Asimismo, la investigación aportó datos para la mejora de los métodos de detección actuales, determinando que dos tipos de test (test beta-CARBA y test de Hodge modificado) presentaron la mayor sensibilidad para la identificación fenotípica de este tipo de bacterias frente a otras técnicas empleadas. El uso de estos test, que han conseguido en las pruebas una sensibilidad del 100%, podría contribuir a avanzar en la vigilancia de estas bacterias. "Una vigilancia microbiológica y molecular activa es esencial para la mejor comprensión y control de la diseminación de enterobacterias productoras de IMP", concluyen los autores.

- **Referencia del artículo:** Cañada-García JE, Grippo N, de Arellano ER, Bautista V, Lara N, Navarro AM, Cabezas T, Martínez-Ramírez NM, García-Cobos S, Calvo J, Cercenado E, Aracil B, Pérez-Vázquez M, Oteo-Iglesias J and the Spanish IMP Study Group (2022). Phenotypic and molecular characterization of IMP-producing Enterobacterales in Spain: Predominance of IMP-8 in *Klebsiella pneumoniae* and IMP-22 in *Enterobacter roggenkampii*. *Front. Microbiol.* 13:1000787. [doi: 10.3389/fmicb.2022.1000787](https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.1000787).