

Estudian cómo ha evolucionado la bacteria multirresistente 'Klebsiella pneumoniae' en las UCI durante la pandemia

13/02/2023



Equipo del Laboratorio de Referencia e Investigación en Resistencia a Antibióticos del Centro Nacional de Microbiología del ISCIII, con Jesús Oteo, responsable del laboratorio, en el centro.

Un equipo del Instituto de Salud Carlos III (ISCIII), perteneciente al CIBER de Enfermedades Infecciosas (**CIBERINFEC**) en el **Centro Nacional de Microbiología**, ha estudiado cómo la pandemia y la alta ocupación de las Unidades de Cuidados Intensivos (UCI) han modificado la presencia de bacterias multirresistentes. Los resultados, publicados [en la revista *Antibiotics*](#), resaltan específicamente una probable modificación de la población de la bacteria *Klebsiella pneumoniae*, responsable de infecciones, neumonías y sepsis, y ante la que los pacientes en UCI son especialmente vulnerables.

- [Consulta el artículo completo](#)

Las infecciones por bacterias multirresistentes son un importante problema de salud pública, que cobra mayor relevancia en las UCI. **Jesús Oteo**, director del CIBERINFEC e investigador en el Centro Nacional de Microbiología del ISCIII, explica la base de la investigación:

"Hemos estudiado la interacción de dos de las principales amenazas sanitarias en el campo de las enfermedades infecciosas: la infección por SARS-CoV2 y la bacteria *K. pneumoniae* multirresistente productora de carbapenemasas, que son enzimas capaces de destruir muchos de los antibióticos utilizados para ésta y otras bacterias".

El estudio ha comparado la presencia de esta bacteria (Kpn-PC) antes y durante la pandemia, observando la emergencia de nuevos clones de *K. pneumoniae* productores de una carbapenemasa (VIM-1) que no se encontraba entre las más frecuentes previamente. El equipo observó también la asociación de esta enzima VIM-1 en estos clones a un mismo plásmido, un elemento que permite la transmisión de genes de resistencia entre bacterias: "Plásmidos muy similares han sido responsables previamente de una gran dispersión mundial de otro tipo de carbapenemasas", advierte Oteo.

Aumentos apreciados durante la pandemia

Durante la pandemia por COVID-19 ha aumentado el número de pacientes UCI coinfectados por microorganismos en el ambiente hospitalario. En este trabajo, los investigadores han tratado de determinar el grado en que la pandemia pudo influir en el estado de estos microorganismos: "Las estrategias para manejar a los pacientes con COVID-19 deben incluir enfoques para mitigar el impacto de las infecciones de bacterias multirresistentes", recuerda el investigador del CNM y del CIBERINFEC. Según Oteo, "las poblaciones de CP-Kpn de los períodos pandémico y prepandémico tienen similitudes; sin embargo, los aislados que presentan VIM-1 asociados con secuenciotipos atípicos parecen haber aumentado durante la pandemia, lo que requiere un seguimiento y una vigilancia adicionales".

El equipo caracterizó los tipos de aislados de *K. pneumoniae* multirresistente en 84 pacientes COVID-19 de las UCIs y comparó la epidemiología y características microbiológicas de dichos aislados con los obtenidos en 74 pacientes antes del inicio de la pandemia (40 UCIs y 34 no UCIs) en diferentes hospitales españoles. Estudiar los mecanismos de resistencia antimicrobiana.

El estudio ha permitido identificar las poblaciones y los mecanismos de resistencia de los aislados mediante la secuenciación del genoma completo, analizando la filogenia, la reconstrucción de plásmidos y llevando a cabo pruebas de susceptibilidad a antibióticos: "Los antibióticos que obtuvieron mayor sensibilidad frente a los aislados pandémicos y prepandémicos fueron el cefiderocol y la plazomicina; el

secuenciotipo 307 fue el más frecuente en ambos grupos, pero se detectaron CP-Kpn productores de carbapenemasas tipo VIM-1 en secuenciotipos poco frecuentes durante el período COVID-19", añade Oteo.

Cuidar el uso de antibióticos

Los antibióticos carbapenémicos se encuentran entre los últimos fármacos terapéuticos disponibles para erradicar estas infecciones. Además, los aislados por esta bacteria CP-Kpn frecuentemente demuestran una mayor capacidad de persistencia, dispersión rápida y emergencia, que tiene implicaciones para la colonización, la propagación de clones microorganismos en el ambiente hospitalario de alto riesgo y corresponsencia a los antibióticos no carbapenémicos: "Modificaciones en el uso de antibióticos en general, y en particular frente a infecciones producidas por CP-Kpn, pueden contribuir a la selección de diferentes tipos de carbapenemasas y clones propensos a portarlas. Tanto la pandemia como la comercialización de nuevos antibióticos contra este tipo de bacterias podrían haber sido factores que contribuyeron a cambiar el uso de antibióticos en las UCI", concluye el investigador del ISCIII.

Según el equipo, el conocimiento actualizado sobre bacterias resistentes permitirá la detección temprana de mecanismos emergentes de resistencia y los clones o elementos genéticos móviles que los portan y facilitan su propagación. También, apuntan a la necesidad de seguimiento continuo sobre la aparición de nuevos clones de esta bacteria. Además del equipo del Centro Nacional de Microbiología del ISCIII y CIBERINFEC, en este trabajo han participado profesionales del área de Enfermedades Respiratorias del CIBER (strong>CIBERES), también dependiente del ISCIII, y de los servicios de Microbiología de varios hospitales de Madrid: Hospital Universitario 12 de Octubre, Hospital Infanta Sofía, HM Hospitales, Hospital Clínico San Carlos y Hospital General Universitario Gregorio Marañón.

▪ **Referencia del artículo:** Cañada-García, J.E.; Ramírez de Arellano, E.; Jiménez-Orellana, M.; Viedma, E.; Sánchez, A.; Alhambra, A.; Villa, J.; Delgado-Iribarren, A.; Bautista, V.; Lara, N.; García-Cobos, S.; Aracil, B.; Cercenado, E.; Pérez-Vázquez, M.; Oteo-Iglesias, J. Carbapenemase-Producing *Klebsiella pneumoniae* in COVID-19 Intensive Care Patients: Identification of IncL-VIM-1 Plasmid in Previously Non-Predominant Sequence Types. *Antibiotics* 2023, 12, 107. <https://doi.org/10.3390/antibiotics12010107>.