

Estudio de un algoritmo de diagnóstico precoz de bacteriemia producida por bacilos gramnegativos.

Manuel Causse del Rio, Irene Gracia-Ahufinger, Esther Donoso-Cóntreas, Rocío Talaro-García*, Julia Guzmán-Púche, Fernando Rodríguez-López, Manuel Casal-Román. IMIBIC-HOSPITAL REINA SOFÍA-UNIVERSIDAD DE CORDOBA, Córdoba, Spain.

INTRODUCCIÓN

- El diagnóstico precoz es cada vez más relevante en las bacteriemias/sepsis donde el diagnóstico de rutina se alcanza 48-72h tras la positividad del hemocultivo.
- Se sabe que la supervivencia de los pacientes sépticos aumenta cuando se conoce el microorganismo causal, y el paciente recibe el tratamiento de acuerdo al antibiograma.

El objetivo de este trabajo es estudiar un algoritmo diagnóstico que incluya la identificación precoz y fiel del microorganismo así como de las resistencias antimicrobianas más relevantes.
- Esto supondría un ahorro en el tiempo de estancia hospitalaria, disminuiría el gasto farmacéutico, y disminuiría la morbilidad en estos pacientes.

MATERIAL & MÉTODOS

- Durante 100 meses de febrero a mayo de 2014 se seleccionaron 35 casos de bacteriemia por bacilos gramnegativos, cribados a partir de la tinción de gram.
- La identificación de rutina se realizó mediante el sistema automático WIDER (Francisco Soria Melguizo) y los resultados se compararon con la identificación obtenida mediante espectrometría de masas MALDI-TOF (Bruker) directamente del hemocultivo.
- Además se realizó una PCR a tiempo real para la detección de betalactamasas y de carbapenemasas (SmartCycles RealCycler blaCTX: CTX-M1, CTX-M2 y CTX-M9; y KPND: KPC y NDM-1).

RESULTADOS

La identificación de los microorganismos detectados en las 35 muestras está recogida en la figura 1. El índice de concordancia entre la identificación realizada mediante WIDER y la identificación por MALDI-TOF fue del 100%.

La PCR de blaCTX se realizó para todas las muestras. Sólo se detectó el enzima CTX-M1 en 4 muestras (11,4%).

La Sensibilidad de la PCR de blaCTX fue del 30% (4/13) y la Especificidad del 100% (18/18), Valor predictivo positivo del 100% y Valor predictivo negativo del 66%.

Figure 1. Microorganismos aislados.

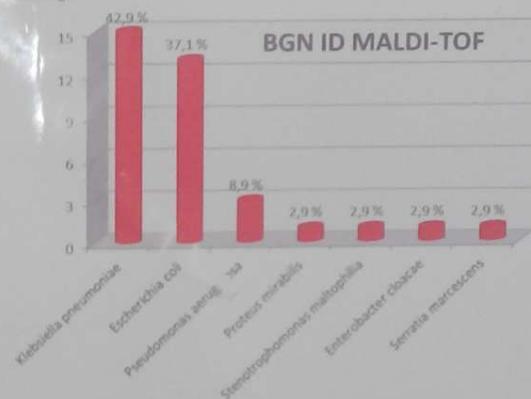
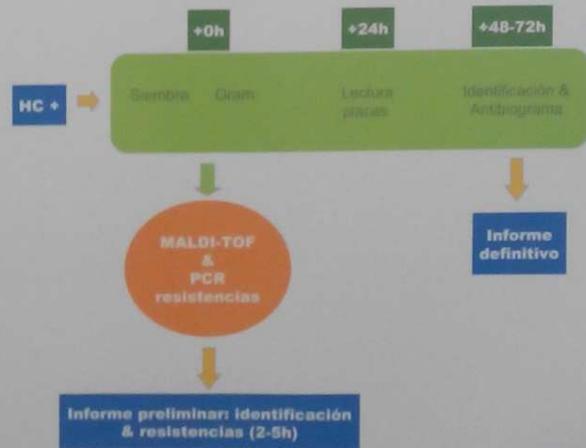


Figure 2. Algoritmo para diagnóstico precoz de la bacteriemia.



Detección de blaCTX*		
POSITIVO	NEGATIVO	INVÁLIDO
11,4%**	77,1%	11,4%

*BLEEs tipo CTX-M1, CTX-M2 y CTX-M9.
** CTX-M1 positivos: 3 cepas de *K. pneumoniae*, 1 cepa de *E. coli*.

WIDER	Fenotipo BLEEs	48,6%
	No fenotipo BLEEs	51,4%

La sensibilidad de la PCR de KPND fue del 100% (6/6), la especificidad del 96% (24/25), el valor predictivo positivo del 85,7% y el valor predictivo negativo del 100%.

Detección carbapenemasas*		
POSITIVO	NEGATIVO	INVÁLIDO
20%**	68,5%	11,4%

* Carbapenemasas tipo KPC y NDM-1.
** *K. pneumoniae* resistente.

WIDER	Fenotipo KPC	22,9%***
	No fenotipo KPC	77,1%

*** 8 cepas de *K. pneumoniae* KPC.

CONCLUSIONES

Con el algoritmo empleado en este trabajo (Figura 2) el diagnóstico de bacteriemia se realiza en 5h desde la positividad del hemocultivo en comparación con las 48-72h para el método convencional.
En nuestro medio la utilidad de la PCR de blaCTX para la detección de BLEEs en un algoritmo de diagnóstico precoz de las bacteriemias por bacilos gramnegativos depende de la epidemiología de las BLEAs.
Sin embargo, en un escenario de alta incidencia y prevalencia de KPC, sólo la identificación de *Klebsiella pneumoniae* directamente del hemocultivo y la PCR para la detección de KPC (con una alta Sensibilidad, Especificidad, VPP y VPN) asegura el diagnóstico y por tanto el tratamiento guiado 48h antes del diagnóstico de rutina.