

CONTROL DE CALIDAD DE MICROBIOLOGÍA MOLECULAR (BM-1/10)

En el presente control, se envió a los distintos laboratorios participantes una alícuota que contenía una muestra de exudado nasal resuspendido en agua destilada, que pertenecía a un paciente varón de 71 años de edad, que había sido diagnosticado, mediante un ecocardiograma transtorácico, de disfunción de ventrículo izquierdo y regurgitación mitral. El paciente ingresó de forma urgente en Cirugía Cardíaca para recambio valvular mitral y aórtico por empeoramiento de su estado general y aumento de la disnea habitual. Se le realizó un frotis nasal para descartar que se tratara de un portador nasal asintomático de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (SARM). Dicho escobillón fue remitido al Servicio de Microbiología para cribado de SARM mediante realización de PCR.

Se solicitó a los participantes que procesaran la muestra del exudado nasal para la detección de **genoma de SARM** mediante PCR, así como que formularan los comentarios que consideraran oportunos.

El laboratorio que actuó como centro de referencia informó la detección de genoma de SARM, mediante la realización de PCR *real-time* con el equipo comercial GeneXpert MRSA (Cepheid).

ANÁLISIS DE LOS RESULTADOS DE LA DETECCIÓN DE GENOMA DE MTBC

La muestra de exudado nasal fue enviada a 69 laboratorios de los que 45 remitieron hoja de respuesta (65,2%). De ellos, doce centros informaron que en su laboratorio no se realizaba esta determinación, por lo que en realidad fueron 33 los centros que aportaron resultados valorables, siendo el porcentaje de participación real del 47,8%. Este porcentaje fue muy inferior al del control de Microbiología Molecular anterior (año 2009), que fue del 77,1%, y en el que se solicitaba la detección de genoma de *Mycobacterium tuberculosis* en una alícuota de LCR.

En total, la detección de PCR de SARM resultó positiva en todos los centros que enviaron hoja de respuesta con datos analizables (100,0%). El método mayoritariamente empleado fue la PCR *real-time* y, dentro de este grupo, el equipo GeneXpert de Cepheid (57,6%), seguido del BD GeneOhm de Becton-Dickinson (15,2%). Un porcentaje importante de centros, el 24,2%, emplearon una PCR convencional de desarrollo propio, detectando en la mayoría de los casos un gen específico de *S. aureus* (*femB* o *nuc*), junto con el gen de resistencia a la meticilina *mecA*.

Tabla 1. Métodos y marcas utilizados en la detección de genoma de SARM

Método ^a	Marca comercial	Número (%)	Acierto (%)
PCR	Desarrollo propio	8 (24,2)	8 (100,0) ^a
PCR <i>real-time</i>	GeneXpert (Cepheid)	19 (57,6)	19 (100,0)
	BD GeneOhm (Becton-Dickinson)	5 (15,2)	5 (100,0)
	LightCycler (Roche)	1 (3,0)	1 (100,0)
Total		33 (100,0)	33 (100,0)

^aUn centro realizó únicamente PCR frente a un gen específico de *S. aureus*, mientras que otro laboratorio realizó una PCR frente al gen *mecA*.

UTILIZACIÓN DE LABORATORIO EXTERNO

Por lo que respecta a la necesidad de utilizar un laboratorio externo de referencia para la realización de la prueba solicitada, de los 33 centros que realizaron esta técnica, 30 (90,9%) afirmaron no haberlo utilizado, mientras que 1 laboratorio indicó que sí lo había utilizado (3,0%). Hubo 2 participantes (6,0%) que no aportaron información al respecto.

COMENTARIOS

Tres centros que realizaron PCR convencional señalaron que la cepa de SARM era portadora del *casette* cromosómico SCC*mec* de tipo IV. Además, dos de estos laboratorios indicaron además que dicha cepa tenía el subtipo IVc del SCC*mec*, y que la detección de los genes que codifican la leucocidina de Pantón-Valentine (LPV) fue negativa en la misma.

Por otra parte, dos laboratorios afirmaron que no realizaban la PCR de SARM en exudados nasales debido a que no resultaba coste-efectiva.