

CONTROL DE CALIDAD DE MICROBIOLOGÍA MOLECULAR (BM-2/14)

En el presente control, se envió a los distintos laboratorios participantes una alícuota de un muestra de broncoaspirado, resuspendida en agua destilada, perteneciente a un paciente varón de 73 años de edad, con antecedentes de hipertensión arterial y EPOC severa, que acudía a la consulta de Neumología por presentar un cuadro de astenia, anorexia, pérdida de peso y tos escasamente productiva de unos tres meses de duración. El paciente relataba que, además, durante el último mes había sufrido un aumento de su disnea habitual y febrícula vespertina, síntomas que no habían cedido a pesar de haber sido tratado con diferentes pautas antibióticas y corticoesteroides. A la auscultación pulmonar se objetivaba hipoventilación generalizada, y crepitantes y subcrepitantes bilaterales de predominio en campo pulmonar derecho. La radiografía de tórax mostró un infiltrado que afectaba al lóbulo pulmonar derecho con adenopatías hiliares. Dado que el cultivo bacteriológico y de micobacterias de los esputos seriados no aportó resultados significativos, se realizó una fibrobroncoscopia, remitiéndose una muestra de broncoaspirado para estudio bacteriológico y de micobacterias al Servicio de Microbiología. Aunque la baciloscopia fue negativa y en el cultivo bacteriológico se informó de flora bacteriana habitual, mediante técnicas de biología molecular se pudo establecer el diagnóstico etiológico del cuadro.

Se solicitó a los participantes la **detección del genoma** del complejo *Mycobacterium tuberculosis* mediante PCR, así como que formularan los **comentarios** que considerasen oportunos.

El laboratorio que actuó como centro de referencia informó que la muestra era positiva para el complejo *M. tuberculosis* mediante la realización de una PCR *real-time* con el equipo comercial GeneXpert® (de Cepheid).

ANÁLISIS DE LOS RESULTADOS DE LA DETECCIÓN DEL GENOMA DEL COMPLEJO *M. tuberculosis*

La muestra de broncoaspirado fue enviada a 91 laboratorios de los que 76 (83,5%) remitieron hoja de respuesta. De ellos, un centro informó que en su laboratorio no se realizaba esta determinación, por lo que en realidad fueron 75 los centros que aportaron resultados valorables, siendo el porcentaje de participación real del 82,4%, superior al control de Microbiología Molecular del 2009 (77,1%), en el que también se solicitaba la misma determinación.

Para esta prueba, se analizaron un total de 80 resultados, ya que cinco participantes emplearon dos sistemas moleculares diferentes para su realización. La detección del genoma del complejo *M. tuberculosis* resultó positiva en todas las 80 determinaciones (100,0%), resultado concordante con el del centro de referencia.

De las 80 determinaciones efectuadas, 60 se hicieron con una PCR a tiempo real (75,0%), mientras que 16 (20,0) con una PCR seguida de hibridación inversa, y las 4 restantes por otros métodos moleculares. Respecto a la PCR a tiempo real, hubo un predominio del equipo GeneXpert de Cepheid, seguido del FluoroType de Hain. La totalidad de métodos y marcas empleadas se muestran en la tabla 1.

Tabla 1. Métodos y marcas utilizados en la detección del genoma del complejo *M. tuberculosis*.

Método ^a	Marca comercial	Número (%)	Acierto (%)
PCR <i>real-time</i>	GeneXpert (Cepheid, Izasa)	33 (41,2)	33 (100,0)
	FluoroType (Hain)	11 (13,7)	11 (100,0)
	Artus (Qiagen)	4 (5,0)	4 (100,0)
	Anyplex (Seegene)	3 (3,7)	3 (100,0)
	Cobas Taqman (Roche)	3 (3,7)	3 (100,0)
	Progenie Molecular	3 (3,7)	3 (100,0)
	Abbott	2 (2,5)	2 (100,0)
	Desarrollo propio	1 (1,3)	1 (100,0)
PCR seguida de hibridación inversa	GenoType MTBDR _{plus} (Hain)	15 (18,8)	15 (100,0)
	GenoQuick (Hain)	1 (1,3)	1 (100,0)
TMA	Gen-Probe (bioMérieux)	2 (2,5)	2 (100,0)
PCR	Desarrollo propio	1 (1,3)	1 (100,0)
SDA	ProbeTec (BD)	1 (1,3)	1 (100,0)
Total		80 (100,0)	80 (100,0)

^aAbreviaturas: SDA: amplificación por desplazamiento de cadenas; TMA: amplificación mediada por transcripción.

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 75 centros que realizaron alguna técnica molecular para la detección del complejo *M. tuberculosis*, 72 (96,0%) afirmaron no haberlo utilizado, mientras que los 3 laboratorios restantes indicaron que sí lo utilizaron (4,0%).

COMENTARIOS

Bastantes centros (38) comentaron que no detectaron mutaciones de resistencia a la rifampicina (y a otros tuberculostáticos). Fueron cinco los centros que realizaron recomendaciones terapéuticas, principalmente sobre el tratamiento con isoniazida, rifampicina, pirazinamida y etambutol durante los primeros 2 meses, seguido de isoniazida y rifampicina en los siguientes 4 meses.