

Carta al Director

Álvaro Leal-Negredo
Cristian Castelló-Abietar
Pilar S. Leiva
Javier Fernández

Infección urinaria por *Lelliottia amnigena* (*Enterobacter amnigenus*): un patógeno infrecuente

Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Central de Asturias, Instituto de Investigación Sanitaria del Principado de Asturias (ISPA). Oviedo

Sr. Editor. El género *Enterobacter* es ubicuo y muchas de las distintas especies que lo conforman están relacionadas con patología en humanos, encontrándose especialmente en el medio hospitalario y afectando fundamentalmente a pacientes inmunodeprimidos¹. Dicho género está sometido a constantes cambios taxonómicos y continua reclasificación de las especies que lo componen, siendo en ocasiones compleja su diferenciación y diagnóstico con las herramientas disponibles en los laboratorios de microbiología clínica². Recientemente, una nueva clasificación ha dado lugar a cinco géneros distintos tradicionalmente clasificados dentro de *Enterobacter*: *Cronobacter*, *Enterobacter*, *Kosakonia*, *Lelliottia* y *Pluralibacter*^{2,3}.

Se presenta la descripción de un caso infrecuente de infección urinaria por *Lelliottia amnigena* (antes *Enterobacter amnigenus*). Se trata de un paciente de 70 años con los antecedentes de adenocarcinoma de próstata (Gleason 9), adenocarcinoma de recto inferior, obesidad y varios episodios de litiasis ureteral. En el último ingreso en el servicio de Urología del Hospital Universitario Central de Asturias en el mes de marzo, al realizar la tomografía axial computarizada (TAC) se observa la presencia de ureterohidronefrosis renal derecha con litiasis de 1 cm por encima del cruce con los iliacos que ocasiona retraso funcional. Se le coloca un catéter doble J de nefrostomía para posteriormente practicar una utereroscopia y así conseguir la fragmentación de la litiasis. Esta última intervención se intenta sin éxito debido a que el paciente sufre una importante estenosis de uréter distal, por lo que se valoran otras posibles soluciones (sustitución con íleon o nefrectomía). El paciente permanece afebril y con buena diuresis por la nefrostomía, en el cultivo de orina enviado al Servicio de Microbiología se aíslan en BBD CHROMagar Orientation Me-

dium (Becton Dickinson, Heidelberg, Germany) 10⁴ UFC/mL de un bacilo gramnegativo oxidasa negativo y catalasa positivo (colonias mucosas verde-azuladas) y el mismo recuento de un coco grampositivo (colonias verdosas). La identificación y antibiograma realizado por Microscan (MicroScan; Beckman Coulter, CA, USA) reveló que el primer aislado se trataba de un *Enterobacter intermedius* y el segundo de un *Enterococcus faecalis*, ambos sensibles a todos los antimicrobianos testados. Sin embargo, MALDI-TOF MS (Microflex™; Bruker Daltonik GmbH, Bremen Germany) identificó al primer aislado como *L. amnigena*. Con el fin de resolver esta discrepancia se realizó una galería API 20E (bioMérieux, Marcy L'Etoile) y una PCR del gen codificante de la subunidad ribosomal 16S con posterior secuenciación del fragmento obtenido⁴. El primer método identificó erróneamente al bacilo como *Enterobacter cloacae* mientras que al analizar la secuencia del 16S se encontró una homología del 100% con *L. amnigena* en la plataforma Basic Local Alignment Search Tool (BLAST). El paciente fue tratado con amoxicilina/ácido clavulánico 500/125 mg cada 8 horas durante 10 días y se resolvió la infección.

En nuestro conocimiento, se trata de uno de los pocos casos descritos de *L. amnigena* en muestras clínicas. La diferenciación de las distintas especies dentro del género *Enterobacter* o relacionadas por MALDI-TOF MS puede en ocasiones resultar confusa al clínico ya que no está familiarizado con la nueva nomenclatura. Sin embargo, esta diferenciación es de gran relevancia, especialmente en casos como el aquí descrito en el cual existen diferencias en cuanto a resistencia intrínseca a antibióticos o en cuanto a patogenidad entre los distintos géneros/especies del grupo. *L. amnigena*, al igual que algunas otras especies anteriormente incluidas en el género *Enterobacter*, carece del gen codificante de la betalactamasa cromosómica de tipo *AmpC*, lo que hace que sea sensible de forma natural a la totalidad de antimicrobianos betalactámicos. Por tanto, el abordaje terapéutico de las infecciones causadas por la misma puede ser muy diferente a la de otras especies relacionadas. Esto supone un argumento más sobre la importancia

Correspondencia:
Javier Fernández Domínguez.
Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Central de Asturias.
Avenida Roma s/n, 33011-Oviedo, España.
E-mail: javifdom@gmail.com

de la identificación precisa de los microorganismos a nivel de género/especie y la utilidad que algunas herramientas como el MALDI TOF/MS presenta en los laboratorios de microbiología clínica.

L. amnigena es una bacteria cuyo potencial patógeno y virulencia no se han establecido claramente y por tanto son necesarios futuros estudios que ayuden a expandir el conocimiento sobre ella, así como a interpretar lo que supone el hallazgo de esta bacteria en muestras clínicas y a definir el abordaje terapéutico de las infecciones causadas por la misma.

FINANCIACIÓN

Los autores declaran no haber recibido financiación para la realización de este estudio.

CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses.

BIBLIOGRAFÍA

1. Mezzatesta ML, Gona F, Stefani S. *Enterobacter cloacae* complex: clinical impact and emerging antibiotic resistance. *Future Microbiol* 2012;7:887-902.
2. Brady C1, Cleenwerck I, Venter S, Coutinho T, De Vos P. Taxonomic evaluation of the genus *Enterobacter* based on multilocus sequence analysis (MLSA): proposal to reclassify *E. nimipressuralis* and *E. amnigenus* into *Lelliottia* gen. nov. as *Lelliottia nimipressuralis* comb. nov. and *Lelliottia amnigena* comb. nov., respectively, *E. gergoviae* and *E. pyrinus* into *Pluralibacter* gen. nov. as *Pluralibacter gergoviae* comb. nov. and *Pluralibacter pyrinus* comb. nov., respectively, *E. cowanii*, *E. radicincitans*, *E. oryzae* and *E. arachidis* into *Kosakonia* gen. nov. as *Kosakonia cowanii* comb. nov., *Kosakonia radicincitans* comb. nov., *Kosakonia oryzae* comb. nov. and *Kosakonia arachidis* comb. nov., respectively, and *E. turicensis*, *E. helveticus* and *E. pulveris* into *Cronobacter* as *Cronobacter zuri-chensis* nom. nov., *Cronobacter helveticus* comb. nov. and *Cronobacter pulveris* comb. nov., respectively, and emended description of the genera *Enterobacter* and *Cronobacter*. *Syst Appl Microbiol* 2013;36:309-19.
3. Bhatti MD, Kalia A, Sahasrabhojane P, Kim J, Greenberg DE, Shelburne SA. Identification and Whole Genome Sequencing of the First Case of *Kosakonia radicincitans* causing a human bloodstream infection. *Front Microbiol* 2017;8:62.
4. Xu, J., Millar, B.C., Moore, J.E., Murphy, K., Webb, H., Fox, A.J., et al. Employment of broad-range 16S rRNA PCR to detect etiological agents of infection from clinical specimens in patients with acute meningitis – rapid separation of 16S rRNA PCR amplicons without the need for cloning. *J. Appl. Microbiol* 2003;94:197-206.