

Un nuevo estudio identifica biomarcadores que pueden distinguir entre una neumonía bacteriana y una viral

Estos marcadores podrían servir de base para pruebas diagnósticas rápidas que faciliten la identificación de pacientes pediátricos que requieren tratamiento antibiótico

Barcelona, 10 de febrero, 2021.- El análisis de más de mil proteínas en sangre, aunado a un sistema de inteligencia artificial, identifica **marcadores que permiten distinguir entre neumonías causadas por bacterias, virus o la malaria**. Los resultados del estudio, co-liderado por el Broad Institute of MIT and Harvard y el Instituto de Salud Global de Barcelona (ISGlobal), centro impulsado por la Fundación “la Caixa”, proporcionan las bases para desarrollar una **prueba rápida de diagnóstico para identificar a los pacientes pediátricos que requieren tratamiento antibiótico**.

La **neumonía** es una de las principales causas de mortalidad infantil a nivel global. Aunque el cuadro clínico es muy parecido, la neumonía **puede ser causada por una bacteria, un virus o incluso por la malaria**. Mientras que las neumonías virales en la infancia a menudo son leves y pueden resolverse sin tratamiento específico, las causadas por bacterias requieren antibióticos, y en ausencia de estos, pueden progresar rápidamente hacia la muerte. Por tanto, identificar el agente etiológico responsable de causar la neumonía permite determinar qué tratamiento específico hay que administrar y con qué premura. Sin embargo, las pruebas diagnósticas para diferenciar entre los diferentes tipos de neumonía son laboriosas o poco sensibles.

“Para este estudio, partimos de la hipótesis que nuestro organismo responde de manera diferente a un virus, una bacteria o a un parásito, y que esta diferencia podría reflejarse en el tipo de proteínas derivadas de la respuesta del huésped al agente infeccioso, que circulan en la sangre y pueden detectarse con cierta facilidad,” explica **Quique Bassat**, investigador ICREA en ISGlobal y coautor senior del estudio. Así pues, el equipo investigador utilizó muestras de sangre de **195 pacientes pediátricos** con neumonía clínica y en los que se hizo un diagnóstico certero de la causa de la enfermedad (virus, bacteria, malaria, o mixta). Para cada muestra, analizaron más de 1.200 proteínas relacionadas con la inflamación, la transducción de señales y la respuesta inmune mediante una tecnología de punta que además tiene la ventaja de requerir una cantidad muy pequeña de plasma (basta 150 microlitros). Los resultados del análisis se usaron para generar un **modelo**, utilizando complejos algoritmos e inteligencia artificial, **capaz de distinguir con robustez entre infecciones virales, bacterianas o por malaria**. El estudio se realizó en el distrito de Manhiça, en el sur de **Mozambique**, una región endémica para la malaria y donde las neumonías son la primera causa de muerte en la infancia.

Los resultados muestran diferencias significativas en la expresión de proteínas entre neumonías bacterianas y virales (219 proteínas distintas) y entre neumonías bacterianas y mixtas -virales y malaria- (151 proteínas). Los modelos predictivos alcanzaron una sensibilidad

superior al 80% y una especificidad mayor del 90%. Las neumonías bacterianas se asociaron fuertemente con marcadores de activación de neutrófilos (que son células del sistema inmune innato).

En este modelo, la combinación de tan solo cinco marcadores proteicos permitió discriminar infecciones bacterianas de virales con una sensibilidad del 90% y una especificidad del 95%, lo cual cumple con creces los criterios establecidos por la organización FIND en materia de diagnóstico para neumonías. Los marcadores funcionaron bien incluso en un contexto como el del sur de Mozambique, donde la malaria, la malnutrición y la infección por VIH favorecen las infecciones mixtas.

“Con la tecnología apropiada, estos **marcadores podrían ser la base de futuras pruebas diagnósticas rápidas y sencillas**, que puedan llevarse al terreno o a la cabecera del paciente, para identificar a los niños y niñas con neumonía bacteriana, permitiendo así identificar de forma mucho más específica a aquellos que deben ser tratados con antibióticos, y a los que no los necesitan,” explica Bassat.

Referencia

Gillette MA, Mani DR, Uschnig MD et al. Biomarkers to distinguish bacterial from viral pediatric clinical pneumonia in a malaria endemic setting. Clin Infect Dis. 2021. Feb 3. doi: 10.1093/cid/ciaa1843.

Sobre ISGlobal

El Instituto de Salud Global de Barcelona (ISGlobal) es el fruto de una innovadora alianza entre la Fundación "la Caixa" e instituciones académicas y gubernamentales para contribuir al esfuerzo de la comunidad internacional con el objetivo de afrontar los retos de la salud en un mundo globalizado. ISGlobal consolida un nodo de excelencia basado en la investigación y la asistencia médica que tiene su origen en los ámbitos hospitalario (Hospital Clínic y Parc de Salut MAR) y académico (Universidad de Barcelona y Universitat Pompeu Fabra). Su modelo de trabajo apuesta por la traslación del conocimiento generado por la ciencia a través de las áreas de Formación y Análisis y Desarrollo Global. ISGlobal está acreditado como "Centro de Excelencia Severo Ochoa" y es miembro del sistema CERCA de la Generalitat de Catalunya.

Prensa ISGlobal

Beatriz Fiestas

beatriz.fiestas@isglobal.org

669 877 850

Una iniciativa de:

