

torácica en 3 pacientes con COVID-19 leves, desde el inicio de los síntomas hasta la resolución ecográfica completa.

Presentamos el caso de un varón de 35 años (paciente 1), una mujer de 35 años (paciente 2) y una mujer de 45 años (paciente 3) que acudieron al servicio de urgencias con tos seca, astenia y febrícula. El examen físico fue normal y los 3 presentaron un test positivo de reacción en cadena de la polimerasa con transcriptasa inversa (RT-PCR) en exudado nasofaríngeo.

Se realizó una ecografía torácica explorando esquemáticamente áreas anteriores, laterales y posteriores bilateralmente, con un equipo de bolsillo (Butterfly IQ), mostrando un patrón de líneas A (paciente 1, [fig. 1](#)), línea B aislada (paciente 2, [fig. 2](#)), pleura irregular y consolidación subpleural (paciente 3, [fig. 3](#)), todo ello en bases posteriores. Los 3 pacientes recibieron el alta, con tratamiento sintomático e hidroxiclolorquina (pacientes 2 y 3), siguiendo controles ecográficos diarios ([figs. 1-3](#)). En los siguientes días se observó una progresión hacia mayor número de líneas B, aisladas y confluyentes, derrame pleural y consolidaciones subpleurales (momento más sintomático). A medida que fue resolviéndose el cuadro, la ecografía torácica mostró la progresiva sustitución de consolidaciones por líneas B aisladas, y finalmente reaparición de líneas A normales (asintomáticos), si bien esto se produjo en días diferentes en cada paciente. La resolución sintomática se produjo entre el día 14 y 21, si bien, los pacientes 1 y 2, persistieron con clínica de astenia y disnea a los esfuerzos hasta prácticamente el día 35.

Existe cada vez mayor evidencia del uso de las técnicas de imagen en el manejo de la enfermedad por COVID-19. En un estudio previo de 1.049 pacientes sometidos a RT-PCR y TAC se observó que las alteraciones de la TAC tenían mayor sensibilidad (59 vs. 88%, respectivamente)⁴, lo que sugiere que la TAC debe considerarse como una herramienta de detección, especialmente en áreas epidémicas. En otro estudio, 21 pacientes con neumonía por COVID-19 no complicada⁵, se observó que la realización de TAC seriados cada 4 días, permitió determinar que el momento de mayor afectación radiológica ocurría alrededor del día 10, y la resolución fue muy gradual, persistiendo más allá del día 26, momento en el que se detuvo el seguimiento con TAC.

La presencia de consolidaciones subpleurales, irregularidad pleural y las líneas B, en este contexto de pandemia, sugieren la presencia de afectación pulmonar por COVID-19. Como hemos visto ejemplificado en los 3 casos expuestos, es posible correlacionar los hallazgos en la ecografía torácica con los síntomas y su resolución, que en 2 de ellos no se produjo hasta la quinta semana, momento en el que observamos la reaparición de las líneas A (patrón aireación normal). Pudiendo justificar algunos de los síntomas residuales que muchos pacientes describen tras el alta médica, evitando la realización de otras pruebas complementarias más invasivas.

Si bien hasta ahora la radiografía de tórax y la TAC se emplean para el diagnóstico y el seguimiento de los pacientes con COVID-19,

especialmente en aquellos pacientes con síntomas residuales, estos recursos pueden no estar disponibles de manera ubicua o existen contraindicaciones para su uso, es por ello que se necesitan valorar modalidades alternativas.

La ecografía torácica es inocua y su examen se completa rápidamente siguiendo protocolos sencillos y fáciles de aplicar. Actualmente existe una amplia disponibilidad de ecógrafos portátiles y de bolsillo, que permiten la realización de estudios en pacientes asintomáticos como inestables, en domicilio o en ámbito hospitalario. Aunque hay un debate en curso sobre cómo se debe aplicar, existe un consenso generalizado sobre su utilidad⁶.

La principal limitación de la ecografía torácica es su baja especificidad, pudiendo encontrar hallazgos similares en distintas enfermedades. Si bien, en la situación pandémica actual, encontrar estos hallazgos pueden ser altamente sugestivos de infección por COVID-19.

En conclusión, vale la pena considerar el empleo de la ecografía torácica en el manejo de pacientes con COVID-19, especialmente en el seguimiento, hasta la completa resolución sintomática.

Bibliografía

1. Johns Hopkins Coronavirus Resource Center. [consultado 25 Abr 2020] Disponible en: <https://coronavirus.jhu.edu/map.html>.
2. Guan W, Ni Z, Hu Y, Liang W, Ou C, He J, et al. Clinical Characteristics of Coronavirus Disease 2019 in China. *N Engl J Med*. 2020; <http://dx.doi.org/10.1056/NEJMoa2002032>.
3. Guidance for Corona Virus Disease 2019: Prevention, Control, Diagnosis and Management National Health Commission (NHC) of the PRC, General Office; National Administration of Traditional Chinese Medicine of the PRC, General Office. [consultado 25 Abr 2020]. Disponible en: <http://www.pmph.com>.
4. Ai T, Yang Z, Hou H, Zhan C, Chen C, Lv W, et al. Correlation of Chest CT and RT-PCR Testing in Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) in China: A Report of 1014 Cases. *Radiology*. 2020;2019:200642.
5. Pan F, Ye T, Sun P, Gui S, Liang B, Li L, et al. Time Course of Lung Changes On Chest CT During Recovery From 2019 Novel Coronavirus (COVID-19) Pneumonia. *Radiology*. 2020;13, 200370.
6. Walter JM, Satterwhite L, Lyn-Kew KE. POINT: Should the Use of Diagnostic Point-of-Care Ultrasound in Patient Care Require Hospital Privileging/Credentialing? *Yes. Chest*. 2020;157:496–8.

Yale Tung-Chen*, Raquel Marín-Baselga, Rubén Soriano-Arroyo y Elena Muñoz-del Val

Servicio de Urgencias, Hospital Universitario La Paz, Madrid, España

* Autor para correspondencia.

Correo electrónico: yale.tung.chen@gmail.com (Y. Tung-Chen).

<https://doi.org/10.1016/j.eimc.2020.05.002>

0213-005X/ © 2020 Publicado por Elsevier España, S.L.U.

Bacteremia caused by *Propionibacterium* (*Propionimicrobium*) *lymphophilum*



Bacteriemia producida por *Propionibacterium* (*Propionimicrobium*) *lymphophilum*

Propionibacterium (*Propionimicrobium*) *lymphophilum* has undergone several name changes,^{1,2} and the description of this microorganism has recently been amended.³ This pathogen forms part of human skin and urinary tract microbiota and has been associated with a very small number of infections in humans.^{4,5} We recently published the first case of bacteremia caused by this bacterium who was isolated in pure culture from an elderly

patient,⁶ and we now report another case obtained from a blood culture that was initially misidentified by MALDI-TOF MS.

An 83-year-old man was admitted to the Trauma-Emergency Department of our hospital with head trauma. Two foci of subarachnoid hemorrhage were observed on cranial CT scan, and severe abdominal pain was reported by the patient, who was transferred to the General Emergency Department. The abdominal CT scan revealed distal ileus perforation with fecaloid peritonitis, and the clinical records showed a history of diabetes mellitus and Parkinson disease. The patient underwent abdominal surgery with resection and anastomosis of the involved small intestine. At admission, blood analysis results were normal but the patient had a fever

(38 °C). Blood cultures were taken on the same day and at the same hour from each arm and delivered to the hospital microbiology laboratory. At this time, empirical therapy was initiated with meropenem (1 g/8 h) and linezolid (600 mg/12 h). The samples were inoculated onto the BACTEC FX 40 (Becton Dickinson, Franklin Lakes, NY) monitoring system for culture. On day 2 of incubation, both anaerobic bottles were found to be positive. The samples were subcultured in aerobic or anaerobic blood agar (BD Columbia Agar with 5% Sheep Blood, Becton Dickinson, Franklin Lakes, NY). All media were incubated at 37 °C, and AnaeroGen Compact (Oxoid Ltd., Wide Road, Basingstoke, UK) was used as anaerobic system. Gram staining of the blood cultures exhibited abundant Gram-positive coccobacilli; on the second day of incubation, abundant colonies of these microorganisms were observed in pure culture only in anaerobic blood agar medium. Application of MALDI-TOF MS version 9 (8468 msp) (Bruker Biotyper, Billerica, MA) identified the strain as *Peptoniphilus indolicus* (score 1.86). Given the relatively low score, the strain was sent to the Center of Genomic and Oncologic Research (GENYO, Granada, Spain) for 16S rRNA gene sequence analysis using a previously reported method.⁷ A fragment of 1482 bp was obtained, yielding 99.3% similarity with the *P. lymphophilum* type strain JCM 5829 Gene Bank sequence (AB729070). The 16S sequence was also submitted to the GenBank (accession number: MT126739).

The E-test was employed for antimicrobial susceptibility evaluation, applying the 2020 EUCAST criteria⁸ with the exception of moxifloxacin, for which the 2020 CLSI criteria⁹ was used. MIC values were penicillin (0.032 mg/L), amoxicillin-clavulanate (<0.016 mg/L), piperacillin-tazobactam (<0.016 mg/L), clindamycin (>256 mg/L), meropenem (0.006 mg/L), imipenem (0.016 mg/L), moxifloxacin (0.38 mg/L), and metronidazole (>256 mg/L).

Linezolid was withdrawn, and meropenem was changed to piperacillin-tazobactam (1 g/12 h) for 7 days. The patient became afebrile at 2 days after starting the antimicrobial treatment, and he was discharged one month later.

P. lymphophilum is among the most infrequent anaerobic bacteria associated with human infection, and, to our knowledge, only four cases have been reported in the medical literature to date.^{4–6} Here, we report a second case of bacteremia due to *P. lymphophilum* isolated in pure culture. A key issue in relation to this microorganism is whether its isolation corresponds to a true pathogen, which is supported in the present case by its isolation in pure culture in both sets of blood cultures, which were taken using aseptic procedures. In this case, it can be considered a secondary bacteremia from an abdominal source.

MALDI-TOF MS is used for fast routine analyses in clinical laboratories and may be highly useful for the identification of anaerobic microorganisms and for the detection of new species responsible for infection. However, results should be interpreted with caution, and this technique produced the initial misidentification of *P. indolicus* in the present case. Species identification is highly probable when the score is ≥ 2.0 ¹⁰ but must be confirmed when the score is below this cutoff by employing other diagnostic techniques, such as 16S rRNA gene sequencing. Moreover, a new MALDI software update is recommended in order to improve the scoring.

In conclusion, this is the second report of *P. lymphophilum* as cause of bacteremia isolated in pure culture and indicates that this pathogen can be responsible for severe infections. This case highlights the need to confirm results when low MALDI-TOF scores are obtained.

Funding

Support for this research was provided by the Ministerio de Agricultura, Alimentación y Medio Ambiente, SAF2015-71714-R (MINECO/FEDER).

Conflict of interest

Authors declare no conflict of interest.

Acknowledgments

The authors are grateful to Guadalupe Garcia-Medina for technical support.

Bibliografía

1. Torrey JC. Bacteria associated with certain types of abnormal lymph glands. *J Med Res.* 1916;34:65–80.
2. Stackebrandt E, Schumann P, Schaal KP, Weiss N. *Propionimicrobium* gen. nov., a new genus to accommodate *Propionibacterium lymphophilum* (Torrey 1916) Johnson and Cummins 1972, 1057AL as *Propionimicrobium lymphophilum* comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol.* 2002;52:1925–7.
3. Nouioui I, Carro L, García-López M, Meier-Kolthoff JP, Woyke T, Kyrpides NC, et al. Genome-based taxonomic classification of the phylum Actinobacteria. *Front Microbiol.* 2018;9:2007.
4. Williams GD. Two cases of urinary tract infection caused by *Propionimicrobium lymphophilum*. *J Clin Microbiol.* 2015;53:3077–80.
5. Ikeda M, Kobayashi T, Suzuki T, Wakabayashi Y, Ohama Y, Maekawa S, et al. *Propionimicrobium lymphophilum* and *Actinotignum schaalii* bacteraemia: a case report. *New Microb New Infect.* 2017;18:18–21.
6. Cobo F, Gómez E, Rodríguez-Granger J, Sampedro A, García-Salcedo JA, Navarro-Marí JM. A rare case of bacteremia caused by *Propionibacterium* (*Propionimicrobium*) *lymphophilum*. *Anaerobe.* 2020;62:102166.
7. Klindworth A, Pruesse E, Schweer T, Peplies J, Quast C, Horn M, et al. Evaluation of general 16S ribosomal RNA gene PCR primers for classical and next-generation sequencing-based diversity studies. *Nucleic Acids Res.* 2013;41:e1.
8. European Committee on antimicrobial susceptibility testing. Breakpoint tables for interpretation of MICs and zone diameters. Version 10.0, 2020. <http://eucast.org>.
9. Clinical and Laboratory Standards Institute. Performance Standards for antimicrobial susceptibility testing, 30th ed., CLSI supplement M100, CLSI 2020, Wayne PA.
10. Nagy E, Becker S, Kostrzewa M, Barta N, Urbán E. The value of MALDI-TOF MS for the identification of clinically relevant anaerobic bacteria in routine laboratories. *J Med Microbiol.* 2012;61:1393–400.

Fernando Cobo^{a,*}, José A. García-Salcedo^{a,b},
José María Navarro-Marí^a

^a Department of Microbiology and Instituto de Investigación Biosanitaria ibs.GRANADA, University Hospital Virgen de las Nieves, Granada, Spain

^b GENYO, Centre for Genomics and Oncological Research, Pfizer/University of Granada/Andalusian Regional Government, Granada, Spain

* Corresponding author.

E-mail address: fernando.cobo.sspa@juntadeandalucia.es (F. Cobo).

<https://doi.org/10.1016/j.eimc.2020.05.003>

0213-005X/ © 2020 Elsevier España, S.L.U. and Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica. All rights reserved.