

Frequently Asked Questions (FAQ)

Envío de Cepas y Secuencias RedLabRA

Índice

Notificación de los casos totales	2
1. ¿Qué cepas hay que incluir en la plantilla (Excel)?	2
2. ¿Registramos sólo cepas implicadas en infección o también las colonizaciones?	2
3. En la plantilla de introducción de datos, ¿qué es el “Identificador único de cepa”?	2
4. ¿Qué diferencia hay entre el “Identificador único de cepa” y el “número de GIPI”?	2
5. Si se identifican dos cepas del mismo paciente, ¿las incluimos?	2
6. ¿Rellenamos una plantilla de registros de casos totales para cada Laboratorio de Nivel 1 (LN1)?	2
Envío de cepas al CNM	3
7. ¿Enviamos todas las cepas notificadas en el Excel?	3
8. ¿Cómo seleccionamos los representantes que hay que enviar al CNM?	3
9. Tenemos parte de las cepas, pero nos faltan algunas para completar la colección. ¿Preferís que os enviemos los aislados según las vayamos teniendo o es mejor enviar todos juntos al final?	3
10. ¿Cómo registramos en GIPI las cepas que queremos enviar al CNM?	3
11. ¿Podemos realizar una única petición en GIPI para varias cepas?	3
12. ¿Podemos enviar parte de las cepas como aislados y otra parte como secuencias?	3
13. ¿Podemos enviar tanto aislado como secuencia de la misma cepa?	3
14. No disponemos de una de las cepas que queríamos enviar como representante	3
15. ¿Qué días preferís que os enviemos las cepas?	3
16. ¿En qué formato hay que enviar las cepas?	3
Envío de secuencias al CNM	4
17. ¿Cómo registramos en GIPI las secuencias que queremos enviar al CNM?	4
18. Queremos enviar secuencias a través del SFTP. ¿En qué formato las enviamos?	4
19. Estamos intentando acceder al SFTP a través de Filezilla para cargar las secuencias, pero no conseguimos conectarnos.	4

Notificación de los casos totales

1. ¿Qué cepas hay que incluir en la plantilla (Excel)?

Se solicitan los registros de todas las cepas clínicas de *K. pneumoniae*, *E. coli* y *E. cloacae* complex productores de carbapenemasas detectados durante el periodo de estudio. Quedan excluidas *K. oxytoca*, *K. aerogenes*, pero se incluyen todas las especies pertenecientes a *E. cloacae* complex.

2. ¿Registramos sólo cepas implicadas en infección o también las colonizaciones?

Se incluyen todas las cepas de las especies mencionadas productoras de carbapenemasas, independientemente de si están asociadas a infección o a colonización.

3. En la plantilla de introducción de datos, ¿qué es el “Identificador único de cepa”?

El “indicador único de cepa” es el código que se le asigna al aislado en el hospital.

Añadimos la anotación “Introducir el código único del aislado, NO el código de paciente ni el código de muestra”, para evitar posibles duplicidades en el caso de que se aislen dos microorganismos en una misma muestra. Lo que se pretende es que ese código no se repita porque provenga de la misma muestra o del mismo paciente, sino que identifique al aislado de forma única.

4. ¿Qué diferencia hay entre el “Identificador único de cepa” y el “número de GIPI”?

El “número de GIPI” es el que se le asigna al registrar en GIPI la cepa que se va a enviar al Centro Nacional de Microbiología (CNM), es por tanto diferente. Todas las cepas tendrán “identificador único de la cepa”, pero sólo los representantes que se van a enviar tendrán “número de GIPI”. Mirar apartado “Registro de aislados/secuencias en GIPI” del protocolo.

5. Si se identifican dos cepas del mismo paciente, ¿las incluimos?

Se incluyen ambas siempre y cuando sean o bien de especies o secuenciotipos diferentes o bien produzcan diferente tipo de carbapenemasa. En ese caso es importante que el “identificador único de la cepa” sea diferente para cada una de ellas. Si no lo fuera, sugerimos añadir “-1” y “-2” al final de cada código para diferenciarlas.

6. ¿Rellenamos una plantilla de registros de casos totales para cada Laboratorio de Nivel 1 (LN1)?

No, para facilitar el tratamiento de los datos agradeceríamos el envío de una sola tabla por Laboratorio de Nivel 2 (LN2) integrando los datos de todos los LN1 que coordina, intentando que el formato sea homogéneo, según se indica en la plantilla.

Envío de cepas al CNM

7. ¿Enviamos todas las cepas notificadas en el Excel?

No. Se seleccionará una cepa por especie/ST/carbapenemasa de cada LN1 para su envío al CNM.

8. ¿Cómo seleccionamos los representantes que hay que enviar al CNM?

Una vez tenemos completada la plantilla de casos totales, hay que seleccionar una cepa por especie/ST/carbapenemasa de cada hospital para su posterior envío al CNM. Sugerimos seleccionar la más invasiva o la primera en caso de provenir del mismo tipo de muestra.

Con los representantes seleccionados, o en caso de no disponer de alguno de los datos necesarios para realizar la selección, contactar con el CNM antes de realizar el envío.

9. Tenemos parte de las cepas, pero nos faltan algunas para completar la colección. ¿Preferís que os enviemos los aislados según las vayamos teniendo o es mejor enviar todos juntos al final?

Una vez enviado el registro de casos totales, seleccionado los representantes y registrado éstos últimos en GIPI, el objetivo es establecer un envío trimestral de los aislados con el fin de llevar a cabo una vigilancia continua.

10. ¿Cómo registramos en GIPI las cepas que queremos enviar al CNM?

El registro de las cepas en GIPI (<https://cnm-laboratorios.isciii.es/Login.aspx?ReturnUrl=%2f>) se realiza abriendo una "Hoja de Petición" e indicando "Programas de Vigilancia Microbiológica" y "Bacterias (cepas/aislados de muestra clínica)". Rellenar la información de la cepa y seleccionar programa: "Resistencia a antibióticos" y muestra: "Cepa/aislado". Tras seleccionar "continuar/enviar" se abre el formulario de resistencia a antibióticos, donde es importante indicar RedLabRA: "SI".

11. ¿Podemos realizar una única petición en GIPI para varias cepas?

No. Cada petición asigna un número de GIPI que identifica cada cepa de forma única, así que se debe realizar una petición para cada cepa.

12. ¿Podemos enviar parte de las cepas como aislados y otra parte como secuencias?

Preferiblemente, todas las cepas de un mismo LN2 se deben enviar en el mismo formato para facilitar el tratamiento de la información. Si no fuera posible, contactad con el CNM y se estudiará cada caso individualmente.

13. ¿Podemos enviar tanto aislado como secuencia de la misma cepa?

No, sólo se registrará en GIPI y se enviará o bien el aislado o bien la secuencia de cada cepa que se enviará al CNM.

14. No disponemos de una de las cepas que queríamos enviar como representante.

Sugerimos que se compruebe si se dispone de un candidato con características similares que pueda sustituirlo como representante. De ser así, notificarlo al CNM para que se pueda dejar indicado el cambio. La nueva cepa se registraría en GIPI y se enviaría de la misma forma.

15. ¿Qué días preferís que os enviemos las cepas?

Los días de preferencia de envío de aislados son entre lunes y miércoles, notificándolo siempre con tiempo suficiente para preparar su recepción y procesamiento.

16. ¿En qué formato hay que enviar las cepas?

Estamos solicitando la recepción de aislados en placas de agar.

Envío de secuencias al CNM

17. ¿Cómo registramos en GIPI las secuencias que queremos enviar al CNM?

El registro de las cepas en GIPI (<https://cnm-laboratorios.isciii.es/Login.aspx?ReturnUrl=%2f>) se realiza abriendo una “Hoja de Petición” e indicando “Programas de Vigilancia Microbiológica” y “Bacterias (cepas/aislados de muestra clínica)”. Rellenar la información de la cepa y seleccionar programa: “Resistencia a antibióticos” y muestra: “secuencia”. Tras seleccionar “continuar/Enviar” se abre el formulario de resistencia a antibióticos, donde es importante indicar RedLabRA: “SI”.

18. Queremos enviar secuencias a través del SFTP. ¿En qué formato las enviamos?

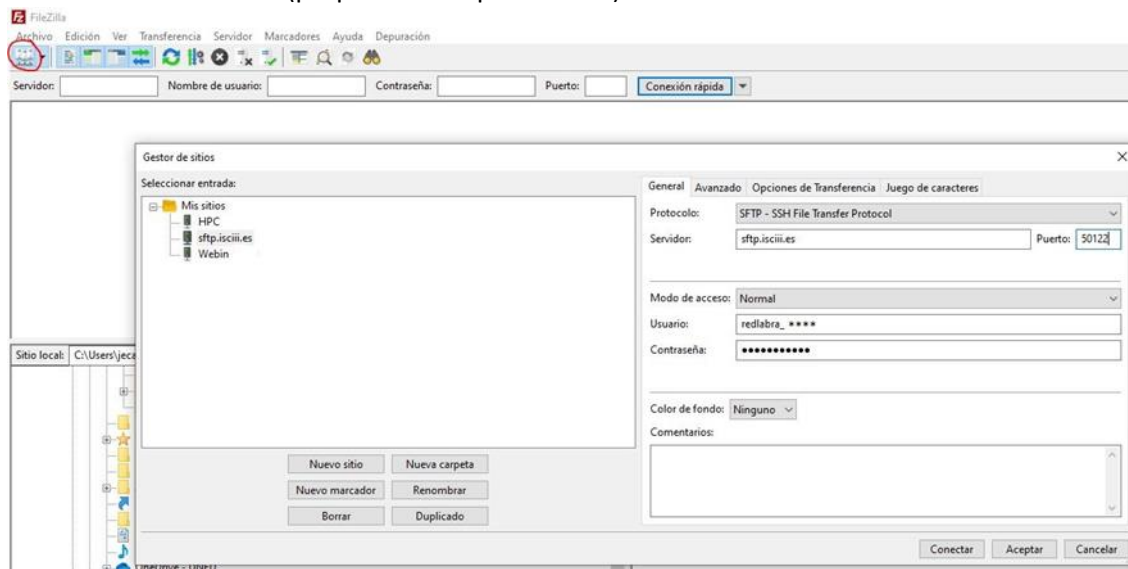
Actualmente estamos analizando las secuencias crudas (*.fastq.gz) obtenidas a partir de la plataforma Illumina. Si se dispusiera de otro formato o secuencias obtenidas a partir de otra plataforma se valorará individualmente contactando con el CNM.

19. Estamos intentando acceder al SFTP a través de Filezilla para cargar las secuencias, pero no conseguimos conectarnos.

La conexión rápida de Filezilla puede dar algún problema, así que aconsejamos utilizar la opción de Gestor de Sitios como se indica en la imagen.

Si aun así no se consigue acceder, hay que asegurarse de que los parámetros introducidos son correctos:

- Protocolo: SFTP – SSH File Transfer Protocol
- Servidor: sftp.isciii.es
- Puerto: 50122
- Modo de acceso: Normal
- Usuario: redlabra_**** (proporcionado por el CNM).
- Contraseña: ***** (proporcionada por el CNM).



- Es importante que el puerto para el acceso sea el 50122.
- El usuario y contraseña no deben tener espacios, hay que asegurarse de que las mayúsculas/minúsculas están escritas correctamente y revisar si la contraseña tiene algún punto al final que se haya dejado sin copiar.
- El SFTP tiene un sistema de seguridad que, tras varios intentos fallidos, bloquea el acceso durante unas horas. Si se ha probado todo lo anterior y se sigue sin poder acceder, esperad unas horas para intentarlo de nuevo.
- Si aun así no se puede acceder, contactad con el CNM para buscar una solución juntos.