



SOCIEDAD CHILENA DE
INFECTOLOGÍA
EDUCACIÓN MÉDICA CONTINUA

XXXVIII

CONGRESO CHILENO DE **INFECTOLOGÍA 2023**

14 AL 17 DE NOVIEMBRE

PRESIDENTE CONGRESO:
DR. RODRIGO MUÑOZ

HOTEL ENJOY, COQUIMBO



LIBRO DE RESÚMENES



COMITÉ CIENTÍFICO



**Dr. Leonardo
Chanqueo Cornejo**



**Dra. Yazmín
Pinos García**



**Dra. Yenis
Labraña Cornejo**



**Dr. Ariel
Figueroa Doren**



**Dra. Mónica
Pinto Álvarez**



**Dr. Alejandro
Velásquez Díaz**



**Dra. Alicia
Sciaraffia**



**Dr. José Miguel
Arancibia Henríquez**



**Dr. Thomas
Weitzel**



**Dr. Rodrigo
Muñoz B**



**Dr. Juan Pablo
Torres**



CONFERENCISTAS INTERNACIONALES



**Dra. Camilla
Rothe**



**Dra. Mónica
Gandhi**



**Dra. Rachel
Smith**



**Dra. Pranita Tamma,
MD, PhD**



**Dr. Francois
Lebreton, PhD**



**Dr. Cesar A. Arias,
MD, MSc, PhD**



**Dra. Kelika
Konda**



**Dra. Laura
Waters**



**Dr. Alejandro J.
Vila, PhD**



Comunicaciones Orales

Área: Control de infecciones asociadas a la atención en salud

Brote de *Burkholderia contaminans* asociado a contaminación de ampollas de suero fisiológico

CO01

Inés Cerón^{1,2}, Karen Aguayo², Gabriela De la Cerda², Daniela Ide², Myriam Medel², Carolina Palma², María Inés Riquelme², Patricia García^{3,4}

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Enfermedades Infecciosas del Adulto, Facultad de Medicina, Santiago, Chile

(2) Hospital Clínico UC, Red de Salud UC-CHRISTUS, Comité de Prevención y Control de IAAS, Santiago, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Laboratorios Clínicos, Facultad de Medicina, Santiago, Chile

(4) Red de Salud UC-CHRISTUS, Servicio de Laboratorios Clínicos, Laboratorio de Microbiología, Santiago, Chile

Introducción: Desde septiembre/21 se encuentra activo en nuestro país un brote multicéntrico por *Burkholderia cepacia* complex (Bcc), identificándose casos en más de 57 centros de salud a lo largo de todo Chile (Tarapacá a Magallanes). En el Hospital Clínico UC, entre septiembre/21 y noviembre/22 se habían detectado 26 casos de infecciones/colonizaciones por Bcc (10 bacteriemias, 9 colonizaciones/infecciones respiratorias y 7 de otras muestras), sin lograr identificar una fuente común causal. El comportamiento epidemiológico cambia radicalmente el 04/12/22 al presentarse 6 bacteriemias por Bcc en 24 hrs, lo que hizo sospechar de una fuente común contaminada de probable administración parenteral.

Objetivo: Describir el estudio epidemiológico realizado para identificar una fuente común contaminada como causa del explosivo aumento de bacteriemias por Bcc en nuestra institución

Materiales y métodos: Desde el inicio del brote multicéntrico por Bcc, el Laboratorio de Microbiología avisa de forma inmediata al CPC-IAAS todo cultivo positivo a Bcc. Una vez dada la alerta, el equipo de IAAS procede a la revisión de cada caso, registrando en base de datos pre hecha: datos demográficos, servicio clínico, antecedentes mórbidos, presencia CVC, procedimientos invasivos, cirugías y medicamentos recibidos desde 3 días antes de presentada la infección. Posteriormente, se procede a realizar cruce de información buscando puntos comunes entre todos los casos y se envía toda la información recabada a ISP (cepas) y autoridad sanitaria (IAAS MINSAL). **Resultados:** Entre el 04/12/22 y el 18/12/22 se detectaron 28 pacientes (15 en servicios pediátricos y 13 en servicios adultos) con infección por Bcc (26 bacteriemias y 2 infecciones respiratorias). De los pacientes con bacteriemia, 18 tenían CVC y de los pacientes con infección respiratoria, 1 estaba en VM. Solo 3 pacientes habían sido sometidos a procedimientos quirúrgicos y 2 recibían hemodiálisis de agudo por CVC transitorio. En relación a los medicamentos endovenosos, si bien había algunos que eran frecuentes, no había ninguno que se repitiera en la totalidad de los pacientes. Lo único coincidente en todos los pacientes eran las ampollas de suero fisiológico utilizadas para diluir los medicamentos endovenosos administrados; por lo que se plantea como primera hipótesis de fuente común contaminada, las ampollas de Cloruro de Sodio 0.9%, 20 mL (Laboratorio Sanderson). Dado que los casos estaban concentrados en algunos servicios clínicos específicos, se procedió a revisar todos los lotes de ampollas de Cloruro de Sodio 0.9%, 20 mL (Lab. Sanderson) disponibles en los servicios clínicos afectados, identificándose 17 lotes en total, pero solo 3 estaban presentes en todos los servicios con casos: 75SI1484 – 75SI1474 – 75SI1496. Por el alto número de casos, entre el 13/12/22 y el 18/12/22 se procede al retiro voluntario de todos los lotes de ampollas de Cloruro de Sodio 0.9%, 20 mL (Lab. Sanderson) de la institución. Posterior al retiro, no se vuelven a detectar casos de bacteriemia por Bcc. Con fecha 06/01/23, el ISP ordena el retiro del lote 75SI1496 de ampollas de Cloruro de Sodio 0.9%, 20 mL (Lab. Sanderson) por contaminación microbiológica, confirmando posteriormente que la contaminación era por *Burkholderia contaminans*, clon 006, mismo clon que dio cuenta del 92% de las cepas (22 de 24) para las cuales tenemos identificación de especie y clon por el ISP.

Conclusión: El estudio sistemático del explosivo aumento de casos de bacteriemia por Bcc, liderado por el comité de IAAS institucional, permitió la identificación de un lote de ampollas de Cloruro de Sodio 0.9%, 20 mL (Lab. Sanderson) como fuente causante del brote, permitiendo el control de brote a nivel local y contribuyendo de esta forma con el control del brote de infecciones por Bcc a nivel nacional.

Keywords: brote, *Burkholderia cepacia* complex

Infecciones relacionadas a líneas arteriales: IAAS a considerar en pacientes críticos. Descripción de serie de casos**Carolina Nunez Palma¹**, Inés Cerón Araya¹

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Enfermedades Infecciosas del Adulto, Facultad de Medicina, Diagonal Paraguay 362, Santiago, Chile

Introducción: Las líneas arteriales (LA) son de gran utilidad en las Unidades de Cuidados Intensivos (UCI) y clásicamente se ha descrito complicaciones mayores en menos del 1%, entre las que se incluyen sepsis. Por años se ha desestimado la LA como fuente de infección en pacientes críticos, a pesar de que estudios más modernos han demostrado que el riesgo de infección de LA es similar a la de los catéteres venosos centrales. Hasta el momento, no existe una definición universal de Infección Relacionada a LA (IRLA), por lo que se utilizan los mismos criterios de las infecciones relacionadas a catéteres vasculares.

En los últimos meses, de forma pasiva, el equipo de Infectología Adultos ha reportado casos de IRLA al Comité de IAAS, dado que ha llamado la atención el inusual aumento de casos sospechosos.

Objetivo: Describir las características de los casos IRLA y las variables que pudieran influir en su desarrollo, para determinar posibles medidas de mejora.

Materiales y métodos:

Diseño de estudio: Estudio retrospectivo observacional de casos sospechosos de IRLA entre enero 2019 y julio 2023.

Recolección de datos: Se listaron los nombres de los pacientes alertados al Comité de IAAS y se buscaron nuevos posibles casos en la base de datos del equipo de Infectología UC. Se determinaron los casos según los criterios de la Guía Clínica de manejo de catéteres intravasculares de la Sociedad Francesa de Medicina Intensiva 2020.

Se procedió a la búsqueda de información en el sistema de ficha electrónica y clínica de los pacientes para la creación de una base de datos que incluyó: Datos demográficos (edad, sexo y comorbilidades), datos de la IRLA (hemocultivos periféricos, de CVC y de LA, búsqueda de otro foco de infección, mejoría clínica en las siguientes 48 horas de la extracción del dispositivo, fiebre y parámetros inflamatorios en el día de la infección, muerte por ILA) y factores que podrían influir en las IRLA en base a los encontrados en la literatura: tipo de dispositivo, ubicación anatómica, tiempo de uso y estadía hospitalaria, técnica estéril en la instalación, entrenamiento del instalador, uso de ecógrafo, características de las curaciones y tiempo de uso del set.

Análisis de datos: Se realizó un análisis descriptivo utilizando: Medidas centrales (media/mediana), medidas de dispersión (sd/rango (min-max)) y porcentajes.

Resultados

Se obtuvo un total de 17 casos sospechosos, de los cuales 13 cumplían con los criterios definitorios IRLA. El promedio de edad de los casos fue de 49 años; 31% fueron mujeres y 59% hombres. Sólo 3/13 pacientes presentaban inmunosupresión y 3/13 padecían de diabetes mellitus 2. Todos los casos cumplieron con criterios de inflamación sistémica, pero no hubo decesos asociados a la infección.

Al analizar las posibles variables determinantes de infección, el promedio de tiempo de estadía de hospitalización fue 33 días y el de uso de LA fue 24 días, con un rango entre 6 y 123 días y una mediana de 15 días. En cuanto a la instalación del dispositivo, en 7/13 (53.8%) se pudo determinar el estamento al que pertenecía el responsable del procedimiento, el uso de ecógrafo se consignó en un caso, al igual que el uso de técnica estéril. El tipo de dispositivo estaba descrito en 8/13 (61.5%) casos, un 70% de las LA fueron de instalación radial, con un 30% braquial.

En cuanto a las curaciones de LA, la frecuencia promedio fue de 4.5 días, con DE 1.8 y todas se realizaron con clorhexidina, con instalación posterior de parche de poliuretano no medicado.

En 11 casos se encontró información sobre la frecuencia de cambio de set de LA: sólo 2 set habían sido cambiados posterior a la instalación de la LA, manteniéndose el mismo set todos los días de uso de LA en los casos restantes, con un rango entre 2 y 123 días y una mediana de 37.5 días.

Conclusiones: Existe una baja sospecha de IRLA como foco posible de descompensación infecciosa en pacientes críticos y un pobre registro del procedimiento de instalación, que es clave para la prevención de esta entidad. Como posible predisponente de IRLA se proponen el prolongado tiempo de permanencia de uso del dispositivo y la baja frecuencia de recambio de set, consecuencia de cambios en protocolos realizados en relación a la pandemia SARS-CoV 2.

Keywords: Infección relacionada a Línea Arterial, paciente crítico, IAAS

Financing: Sin financiamiento



Área: Infecciones por virus de inmunodeficiencia humana y otras infecciones de transmisión sexual

Punción lumbar para descartar de neurosífilis en pacientes VIH positivos y sífilis neuro asintomática. ¿Una oportunidad inesperada para evaluar la necesidad del examen?

C003

María Laura Otth Lagunas¹, Catalina Novoa Matus², Sandra González Bobadilla¹, Camila Jorquera Sepúlveda¹, María Fernanda Rodríguez Muñoz², Rebeca Northland Areyuna², Marcelo Wolff Reyes^{1,2}

(1) Universidad de Chile, Facultad de Medicina, Santiago, Chile

(2) Hospital Clínico San Borja Arriarán, Unidad de Infectología, Santiago, Chile

Introducción: La sífilis es una comorbilidad frecuente en la población adulta VIH positiva (VIH+) de incidencia independiente del estado inmune. El compromiso del SNC es más frecuente y precoz estimándose su prevalencia en sífilis latente entre 9 a 23%. La punción lumbar (PL) debe realizarse en todos los neurológicamente sintomáticos, pero en asintomáticos la recomendación ha variado en los últimos años. La tendencia actual es restringir el estudio a pacientes sintomáticos o con títulos altos persistentes, aunque aún no todas las guías concuerdan. Durante la pandemia de COVID-19 no se realizaron PLs en casos de sífilis neurológicamente asintomática en el policlínico VIH y los pacientes recibieron penicilina benzatina 1 ó 3 dosis según etapificación, lo que llevó a una oportunidad inesperada para evaluar desenlaces luego de esta práctica.

Objetivo: Describir evolución clínica y serológica de pacientes con coinfección VIH-Sífilis sin síntomas neurológicos al diagnóstico y sin estudio de LCR atendidos en el Policlínico de Infectología del Hospital Clínico San Borja Arriarán de Santiago. Obtener información que permita evaluar la necesidad rutinaria del examen en este contexto clínico.

Método: Estudio observacional longitudinal, retrospectivo. Se revisaron registros locales de sífilis y estudios serológicos mantenidos en el policlínico VIH entre enero/2020 y agosto/2022. Se obtuvo información de fichas clínicas para recopilación de datos y criterios de elegibilidad (VDRL \geq 1:32 sin síntomas neurológicos y sin estudio de LCR al diagnóstico) los cuales fueron analizados con Stata 15.1 para cálculo de medidas de tendencia central. Se exploraron asociaciones con método de regresión lineal, regresión logística y test de Kruskal-Wallis. De la selección inicial de 220 pacientes, se excluyeron 7 por estudio de LCR al diagnóstico (en todos se descartó neurosífilis) y 10 pacientes por falta de controles.

Resultados: 203 pacientes cumplieron criterios de elegibilidad (de 868 pacientes con sífilis notificados en ese periodo). 98,5% eran hombres. La mediana de edad fue 34 años. Las comorbilidades más frecuentes fueron dislipidemia (17,7%), prediabetes (4,4%), coinfección VHB (4,4%) y patología de salud mental (4,4%). Al momento del diagnóstico de sífilis un 64,3% se encontraba en TAR exitosa con una mediana de CD4 de 533 cel/mm³. La etapificación inicial fue sífilis latente precoz y sífilis latente tardía (51,7% y 27,5% respectivamente). Todos recibieron tratamiento adecuado con una media de seguimiento de 20 meses. La mediana de VDRL inicial fue 1/32. De 30 pacientes con control de VDRL a los 2 meses, el 83,3% disminuyó el título en 2 diluciones y de 59 controlados a los 6 meses, el 94,9%. Al control a los 12 meses un 83,6% tuvo un descenso de VDRL de 2 diluciones (N: 98) y a los 24 meses un 94,3% (N: 53). Un 21,1% de los pacientes logró VDRL no reactivo, con una media de 12,9 meses. Seis pacientes requirieron estudio de LCR por títulos de VDRL persistentemente elevados, ninguno cumplió criterios de neurosífilis (Ns). Ningún paciente presentó síntomas neurológicos durante el seguimiento. No se observó asociación estadísticamente significativa entre CD4 o carga viral y descenso de VDRL, así como tampoco entre título de VDRL al diagnóstico y etapa de sífilis.

Discusión: Este trabajo encontró que en las personas VIH + y sífilis, en su mayoría hombres jóvenes, su nivel de CD4 o carga viral no se asociaba con títulos iniciales de VDRL determinados ni cuantía y velocidad de descenso. La mayoría de los pacientes lograron un descenso adecuado de VDRL en el tiempo, sin embargo, sólo un 21% logró VDRL no reactivo.

La no realización de PL no implicó desenlaces clínicos ni serológicos diferentes a los de la práctica previa. Estos hallazgos están en concordancia con la literatura actual que restringe el estudio de LCR sólo a pacientes con síntomas neurológicos o títulos persistentemente elevados. Estudios de seguimiento a largo plazo son necesarios para evaluar formas tardías de Ns.

Keywords: sífilis, neurosífilis, punción lumbar, VIH, LCR

Área: Infecciones por virus de inmunodeficiencia humana y otras infecciones de transmisión sexual

CO04

Informe preliminar sobre la resistencia transmitida a los inhibidores de la integrasa del VIH en pacientes recién diagnosticados sin tratamiento antirretroviral previo.

PABLO FERRER¹, María Ignacia Puente¹, Verónica Ramos¹, Alejandro Afani¹

(1) Hospital Clínico Universidad de Chile, Medicina, Medicina, Dr. Carlos Lorca Tobar 999, Independencia, Santiago, Chile

Introducción

En Chile, la infección por VIH-1 sigue siendo un problema de salud pública. La terapia antirretroviral ha reducido drásticamente la morbilidad y mortalidad y ha reducido significativamente la transmisión del VIH. Sin embargo, problemas de adherencia, pueden llevar al fracaso virológico, debido al desarrollo de resistencia genotípica del virus. Esto hace necesaria una vigilancia permanente de la resistencia del VIH. La resistencia puede aparecer en un paciente durante el curso de su tratamiento (resistencia adquirida) o o bien en una persona recién diagnosticada sin terapia (resistencia transmitida). Actualmente se recomienda una monitorización exhaustiva de la resistencia adquirida y transmitida para optimizar el uso de los antirretrovirales (ARV).

Objetivos

Obtener un perfil de resistencia del VIH-1 a los inhibidores de la transferencia de cadena de la integrasa (INSTI) en pacientes recién diagnosticados que no han recibido tratamiento antirretroviral.

Material y Métodos

Se reclutó a un total de 50 personas con diagnóstico reciente de infección por VIH-1 que nunca habían recibido tratamiento antirretroviral. El gen completo de la integrasa se amplificó mediante RT-PCR anidada. Los amplicones resultantes fueron secuenciados mediante el método de Sanger. La calidad de las secuencias obtenidas se analizó con el software ReCall® y la predicción de resistencia a INSTI se llevó a cabo en la base de datos de Stanford, con el programa VIHdb v9.0.

Resultados

Solamente en 4 de los 50 pacientes ingresados se encontraron mutaciones que conferían algún grado de resistencia a los INSTI. Así, la prevalencia global transmitida por mutaciones con algún impacto en la actividad del INSTI durante el periodo de estudio fue de un 8%. La mutación principal E138K se detectó sólo en un paciente (2%) y la mutación secundaria G163R se detectó en los otros 3 (6%). Considerando que ambas mutaciones confirieron un bajo nivel de resistencia solo a los INSTI de primera generación Raltegravir (RAL) y Elvitegravir (EVG). La resistencia transmitida para este grupo fue de un 8% y para INSTI de segunda generación Dolutegravir (DTG), Bictegravir (BIC) y Cabotegravir (CAB) no hubo resistencia (0%).

Conclusiones

Nuestro estudio concuerda con trabajos preliminares realizados en Sudamérica, Europa y Estados Unidos, en los cuales se reclutaron un número similar o superior de pacientes, y confirma que la resistencia transmitida a los INSTI de primera generación en Chile es baja y no hay resistencia en general para los de segunda generación. Este resultado justificaría en nuestro país el uso de INSTI de segunda generación en la primera línea de tratamiento antirretroviral sin genotipo basal a integrasa.

Keywords: VIH/SIDA, INSTI, Inhibidores de Integrasa, Resistencia Transmitida, Genotipificación VIH

Financing: Hospital Clínico Universidad de Chile

Acknowledgments: Queremos agradecer a los Profesionales y Técnicos del Laboratorio de Medicina Molecular

Emergencia de nuevos linajes de *Klebsiella pneumoniae* productores de carbapenemasas tras la pandemia de COVID-19

Anne Peters^{1,2}, José RW Martínez^{1,2}, María Paz Riquelme^{1,2}, Pamela Rojas³, Cristian Orellana Chea³, María de los Ángeles Spencer-Sandino^{1,2}, José Conejeros², Juan Ugalde^{2,4}, Lorena Díaz Ortiz^{1,2}, Oscar Ortega Recalde^{1,2,5}, Lina María Rivas Jiménez^{1,2}, Rafael Araos^{1,2}, Patricia García^{2,6}, Kasim Allel^{2,7,8}, Eduardo A Undurraga^{2,9,10,11}, José M Munita^{1,2}

(1) Univ. del Desarrollo, Genomics & Resistant Microbes (GeRM), Facultad de Medicina Clínica Alemana, Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina, Santiago, Chile

(2) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research On Bacterial Resistance (MICROB-R), Santiago, Chile

(3) Hospital Padre Hurtado, Santiago, Chile

(4) Univ. Andrés Bello, Centro de Bioinformática y Biología Integrativa, Facultad de Ciencias de la Vida, Santiago, Chile

(5) Univ. Nacional de Colombia, Departamento de Morfología, Facultad de Medicina, Bogotá D.C., Colombia

(6) Univ. Católica de Chile, Departamento de Laboratorios Clínicos, Escuela de Medicina, Santiago, Chile

(7) London School of Hygiene and Tropical Medicine, Londres, Reino Unido

(8) Univ. College London, Instituto de Salud Mundial, Londres, Reino Unido

(9) Univ. Católica de Chile, Escuela de Gobierno, Santiago, Chile

(10) Centro de Investigación para la Gestión Integrada del Riesgo de Desastres (CIGIDEN), Chile

(11) Canadian Institute for Advanced Research (CIFAR) Azrieli Global Scholars Program, CIFAR, Toronto, Canada

1. Introducción

Los Enterobacterales resistentes a carbapenémicos (ERC) son considerados patógenos de alta prioridad por la OMS. En Chile, la cepa predominante es *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos (*Kpn*-RC), con una prevalencia aproximada de 35-40%. La pandemia de COVID-19 se tradujo en un aumento significativo en el uso de antimicrobianos, pero el impacto en la emergencia de nuevos linajes genómicos en ERC no ha sido evaluado suficientemente.

2. Objetivo

Caracterizar la emergencia de linajes genéticos de *Kpn*-RC productoras de carbapenemasas antes y después de la pandemia en un hospital chileno.

3. Métodos

Se analizaron aislados invasores de *Kpn*-RC recuperados en un hospital terciario de Santiago entre 2018 y 2022, divididos en tres periodos: prepandemia (T0: 3/2018-2/2020), pandemia temprana (T1: 3/2020-2/2021) y pandemia tardía (T3: 3/2021-7/2022). Se recolectaron prospectivamente aislados clínicos de *Kpn*-RC no susceptibles a ≥ 1 carbapenémico de infecciones invasoras (sangre, fluidos estériles o tejidos). Todos los aislados se enviaron a un laboratorio central para reconfirmar especie por MALDI-TOF y perfil de susceptibilidad antibiótica mediante el método de difusión en disco (CLSI 2023). Se detectaron genes de carbapenemasas (*bla*_{KPC}, *bla*_{NDM} y *bla*_{VIM}) por PCR y se realizó secuenciación del genoma completo (WGS) en plataforma Illumina.

4. Resultados

Se recopilieron 152 aislados de *Kpn*-RC (T0: 61, T1: 33, T2: 58). La sangre fue la fuente principal (n = 93), seguida de tejidos (n = 48) y otros líquidos estériles (n = 11). La resistencia a ertapenem se mantuvo constante durante el periodo de estudio (97-98%), pero la resistencia a meropenem e imipenem aumentó significativamente. La resistencia a meropenem subió del 53% en T0 al 79% y 95% en T1 y T2, respectivamente. La resistencia a imipenem aumentó del 5% y 9% en T0 y T1 al 83% en T2. En T0, solo el 3% de los aislados portaban una carbapenemasa (2/61; 2 *bla*_{KPC}). En T1, fue el 6% (2/33; 2 *bla*_{NDM}) y en T2, el 76% de los aislados portaban carbapenemasas (46/58; 19 *bla*_{KPC}, 25 *bla*_{NDM}, 2 *bla*_{VIM}). En cuanto a la prevalencia de linajes genéticos, en T0, dominó ST25 (54%), seguido de ST11 (11%). En T1, ST25 aumentó al 85%, ST11 disminuyó al 6% y emergió ST45 (3%). En T2, se estableció ST45 (41%), emergió ST1161 (21%) y se observaron otros linajes. Todos los aislados de los linajes ST1161 y ST45 portaban *bla*_{KPC} y *bla*_{NDM} respectivamente.

5. Conclusiones

Tras el inicio de la pandemia de COVID-19, se observó un aumento en la resistencia a meropenem e imipenem en *Kpn*-RC, asociado a la aparición de carbapenemasas *bla*_{KPC} y *bla*_{NDM}. También se evidenció un cambio en los linajes genéticos de *Kpn*-RC productoras de carbapenemasas, con predominio de ST45 y ST1161, sugiriendo un establecimiento de nuevos linajes productores de carbapenemasas.

Keywords: antimicrobiana, resistencia, COVID-19, carbapenemasas, genoma

Financing: Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research On Bacterial Resistance (MICROB-R)

Pesquisa de metiltransferasas de arnr 16s en cepas de *Klebsiella pneumoniae* aisladas en hospitales chilenos entre los años 1997 y 2023

Maximiliano Matus-Köhler¹, Francisco Astorga¹, Felipe Maurelia¹, David Fernández-Vergara^{1,2}, Celia A. Lima^{1,3}, Felipe Morales-León^{1,2}, Andrés Opazo-Capurro¹, Gerardo González-Rocha¹, Helia Bello-Toledo¹

(1) Universidad de Concepción, Depto. de Microbiología, Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos, Facultad de Ciencias Biológicas, Barrio Universitario, Concepción, Chile

(2) Universidad de Concepción, Depto. de Farmacia, Facultad de Farmacia, Edmundo Larenas 64, Concepción, Chile

(3) Universidad de Concepción, Departamento de Prevención y Salud Pública, Facultad de Odontología, Roosevelt 1550, Concepción, Chile

Introducción: Los aminoglucósidos (AMG) son antibióticos de amplio espectro considerados como una importante alternativa frente a patógenos multidrogo resistentes (MDR), siendo amicacina (AMK) y gentamicina (GEN) los representantes más utilizados en clínica. Sin embargo, en la última década se ha observado un aumento de la resistencia a todos los compuestos de esta familia de antibióticos como consecuencia de la síntesis de enzimas capaces de metilar el sitio blanco conocidas como metiltransferasas de ARNr 16S (16S-RMTasa), las cuales frecuentemente se encuentran en plásmidos portadores de múltiples genes de resistencia a diferentes familias de antibióticos.

En *Klebsiella pneumoniae*, una bacteria Gram-negativa, causante de infecciones nosocomiales considerada como patógeno de prioridad crítica por la OMS, se ha informado la adquisición de mecanismos de resistencia a AMG mediados por 16S-RMTasa, lo que limitaría aún más las opciones de tratamiento para enfrentar patógenos MDR. Por ello, es de vital importancia conocer la distribución y diversidad de estas enzimas en nuestro país.

Objetivo: Determinar la portación de genes codificantes de 16S-RMTasa en cepas de *K. pneumoniae* resistentes a AMK y GEN aisladas en hospitales chilenos entre los años 1997 y 2023.

Material y métodos: Se estudiaron 1.446 cepas de origen clínico aisladas entre 1997 y 2023, las cuales pertenecen a la colección del Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos (LIAA) de la Universidad de Concepción. A todas las cepas se les determinó la actividad de AMK y GEN mediante prueba de Kirby Bauer y concentración inhibitoria mínima (CIM) por microdilución. Posteriormente, se seleccionaron todas las cepas que presentaron resistencia a ambos antibióticos según puntos de corte CLSI-2023. La pesquisa de los genes codificantes de 16S-RMTasa se realizó mediante PCR convencional, empleando partidores específicos para *armA*, *rmtA*, *rmtB*, *rmtC*, *rmtD*, *rmtG* y *rmtE*.

Resultados: El 15% de las cepas (220) fue resistente a AMK y GEN. Entre los años 1997-2001, AMK presentó una CIM₉₀ de 32 mg/mL y GEN de 128 mg/mL, sin portación de genes de 16S-RMTasa. Una cepa aislada el año 2003 portó el gen *rmtD*, con valores de CIM de AMK >1024 mg/mL y GEN 512 mg/mL.

En el periodo de 2007-2011, la CIM₉₀ de AMK fue >512 mg/mL y de GEN >1024 mg/mL, encontrando 52 cepas portadoras de *rmtG* distribuidas en siete regiones del país. En cuanto a los años 2012-2016 la CIM₉₀ es la misma que el periodo anterior, encontrando 6 cepas portadoras de *armA*, 1 de *rmtD* y 28 de *rmtG*.

Con respecto al periodo 2017-2023 continúa esta tendencia respecto al perfil de resistencia, y tanto para AMK y GEN la CIM₉₀ fue >1024 mg/mL, con mayor diversidad en cuanto a la portación de genes de 16S-RMTasa, encontrando 24 cepas portadoras de *armA*, 17 de *rmtC*, 2 de *rmtD* y 3 de *rmtG* distribuidas en cinco regiones del país. No se identificaron cepas coportadoras de genes codificantes de 16S-RMTasa.

Conclusiones: Las cepas de *K. pneumoniae* portadoras de genes codificantes de 16S-RMTasa son resistentes a AMK y GEN con valores de CIM₉₀ >512 mg/mL, emergiendo en Chile a partir de 2003, luego desde el 2008 se encontraron en cepas aisladas desde la Región de Tarapacá hasta la Región de Los Lagos. Sumado a esto, en la última década, además, se pudo evidenciar una mayor diversidad de genes de 16S-RMTasa, siendo *armA* y *rmtC* actualmente los prevalentes, desplazando a *rmtG*.

Keywords: *Klebsiella pneumoniae*, Metiltransferasas ARNr 16S, Aminoglucósidos, Resistencia antimicrobiana



Área: Infecciones por virus de inmunodeficiencia humana y otras infecciones de transmisión sexual

Prevalencia de resistencia transmitida a terapia antirretroviral en Chile: resultados preliminares

María Elena Ceballos Valdivielso¹, Cinthya Ruiz-Tagle¹, Felipe Castañeda², Marcela Ferrés^{3,4}, Carlos Palma⁴, Angélica Domínguez⁵, Manuel Espinoza⁵, Alejandro Afani⁶, María Elvira Balcells¹

(1) Departamento de Enfermedades Infecciosas del Adulto, Escuela de Medicina, P. Universidad Católica de Chile.

(2) Escuela de Medicina, P. Universidad Católica de Chile

(3) Departamento de Enfermedades Infecciosas e Inmunología Pediátricas, Escuela de Medicina, P. Universidad Católica de Chile.

(4) Laboratorio de Infectología y Virología Molecular, Red de Salud UC-CHRISTUS.

(5) Departamento de Salud Pública, Escuela de Medicina, P. Universidad Católica de Chile.

(6) Centro VIH Hospital Clínico Universidad de Chile.

Introducción: En Chile, el número de nuevas infecciones por Virus de la Inmunodeficiencia Humana (VIH) ha aumentado. El uso de terapia antirretroviral (TARV) ha reducido la morbilidad y su transmisión. Sin embargo, podría ocurrir fracaso del tratamiento al adquirir una cepa con mutaciones que confieren resistencia a antirretrovirales. La resistencia transmitida a drogas antirretrovirales (RTD) reportada a nivel nacional es de 10,45% al año 2018 y ha aumentado a nivel mundial.

Objetivos: Estimar la prevalencia de RTD global y la pertinencia de incorporar el estudio de genotipificación en personas que viven con VIH vírgenes a TARV en Chile. Para efectos de estos resultados preliminares, se determinó el porcentaje de individuos con RTD a las familias de TARV más usadas actualmente y las mutaciones asociadas.

Material y Método: Estudio observacional, transversal, de 10 centros asistenciales en 7 regiones del país. El reclutamiento entre 2023-2024 contempla un tamaño muestral de 164 participantes, >18 años, con diagnóstico de VIH de los últimos 12 meses y sin TARV previa. El reclutamiento por centro es proporcional al porcentaje de la población total regional. Se definió como RTD a la detección de al menos una mutación de resistencia para inhibidores de transcriptasa reversa nucleosídicos (INTR), no nucleosídicos (INNTR) o proteasa (IP), de acuerdo al listado SDRM-2009. Para los inhibidores de integrasa (INSTI) se definió de acuerdo al listado de Tzou PL. La genotipificación de los ácidos ribonucleicos del gen de transcriptasa reversa, proteasa e integrasa, se realizó en el Laboratorio de Infectología y Virología Molecular, Red de Salud UC-CHRISTUS, mediante una reacción en cadena de la polimerasa de forma anidada y posterior secuenciación de Sanger. Se determinó el porcentaje de individuos con RTD e identificaron mutaciones asociadas a RTD, de acuerdo a la base *HIV Drug Resistance Database*, Universidad de Stanford.

Resultados: Entre febrero 2022 y agosto 2023, se incluyeron 76 participantes cumpliendo con los criterios de inclusión/exclusión, representando el 46,3% del tamaño muestral. La edad media es 33 años (19-78), 90,8% pertenece a población chilena, 59,2% pertenece a la macrozona centro, 27,6% a la sur y 13,2% a la norte del país. El 88,2% es de sexo masculino, de los cuales 71,6% tiene sexo con hombres. Se han genotipificado 57 de los 76 participantes. El 19,3% (n=11) de ellos presenta RTD a alguna familia de TARV. En esta población, se determinó la siguiente RTD para cada familia: INTR 0% [n=0], INNTR 12,3% [n=7], IP 0% [n=0], INSTI 12,3% [n=7]). Se detectaron las siguientes mutaciones asociadas a RTD: INNTR (K103N 71,4% [n=5]) e INSTI (E92G 12,5% [n=1]; Q148K 12,5% [n=1]; E157Q 12,5% [n=1]; G163K 37,5% [n=3]; G163R 25% [n=2]). Tres participantes presentaron resistencia conjunta a INNTR e INSTI. Además, 6 presentaron la mutación E138A/K del segmento de la transcriptasa reversa que confiere resistencia a rilpivirina; sin embargo, ésta no fue incluida para el cálculo del porcentaje de RTD a INNTR dado que no se encuentra en el listado de mutaciones de vigilancia de RTD de la Organización Mundial de la Salud.

Conclusiones: En Chile, se observa un aumento en el porcentaje de RTD a TARV respecto a lo históricamente reportado. Las principales familias afectadas son los INNTR y los INSTI (mayormente de primera generación). Considerando estos resultados preliminares, se estima pertinente incorporar el estudio de genotipificación basal en pacientes que inician TARV tanto con INNTR efavirenz o rilpivirina como con INSTI de primera generación.

Keywords: VIH, resistencia transmitida, genotipificación, Chile

Financing: Financiamiento: Proyecto FONIS SA22I0035 (Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo)

Acknowledgments: Equipos atención VIH Hospitales de Arica, Iquique, Antofagasta, Van Buren, Red de Salud UC-CHRISTUS, Sótero del Río, Barros Luco Trudeau, Concepción, Talcahuano, Puerto Montt

C007

Desarrollo de una nueva herramienta de tipificación rápida de los serotipos de *Salmonella enterica* subespecie *enterica* bajo la mirada de una salud

Patricia García^{1,2,3}, Andrea Moreno-Switt^{3,4}, Samuel Contreras², Fernando Dueñas⁵, Diego Fredes-García⁴, Aiko Adell^{3,5}

(1) Departamento de Laboratorios Clínicos. Escuela de Medicina. Pontificia Universidad Católica de Chile.

(2) Laboratorio de Microbiología. Servicio de Laboratorios Clínicos. Red de Salud UC-CHRISTUS

(3) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance (MICROB-R) Santiago, Chile

(4) Dirección Escuela de Medicina Veterinaria. Pontificia Universidad Católica de Chile

(5) Laboratorio de Inocuidad Alimentaria. Facultad de Ciencias de la Vida. Universidad Andrés Bello

Introducción: *Salmonella enterica* es una de las principales causas de infecciones transmitidas por alimentos en el mundo. Su transmisión al humano es atribuida a contaminación de aguas con heces de animales (bovinos, equinos y aves), por contaminación de sus productos alimentarios, o contacto directo con animales infectados. La diferenciación a nivel de serotipo es crucial tanto en el diagnóstico de las infecciones humanas porque la gravedad depende de factores de patogenicidad asociados a cada serotipo, como en la industria alimentaria para definir y controlar las fuentes de contaminación en el proceso productivo y por exigencias de los mercados de destino. A la fecha los métodos recomendados para la serotipificación (secuenciación total del genoma- NGS, aglutinación Kauffman White -KW y PCR específicos) son demorosos, de alto costo y laboriosos por lo que disponer de otros métodos serían de gran utilidad. La espectroscopia infrarroja con transformada de Fourier permite a través del análisis de espectros generados por la vibración de las moléculas de la pared bacteriana identificar serotipos en 3 horas. Dado que utiliza *machine learning* para el proceso de asociación de espectros es necesario el entrenamiento de la base de datos.

Objetivo: Evaluar el rendimiento de la determinación de serotipos de *Salmonella enterica* aislados de distintas fuentes humanas, de animales y ambientales mediante espectroscopia infrarroja.

Material y método: Se estudiaron 321 aislados de *Salmonella enterica* distribuidas en 133 *S. Infantis*, 87 *S. Enteritidis*, 54 *S. Typhimurium* y 47 otros serogrupos (*Agona*, *Senftenberg*, *Newport*, *Montevideo*, *Miami* y *Diarizonae*). Las cepas provenían de aislamiento humanos, carne de ave, deposiciones de equinos, cerdos y bovinos y aguas superficiales, cuyos serotipos había sido determinado por NGS y/o KW. Se seleccionaron un set de entrenamiento, que correspondió a 670 aislados y un set de 293 aislados de validación. Un volumen de 1 µL de cada cepa fue tratada con etanol y agua desionizada y 15 µL de la suspensión fue estudiada por espectroscopia infrarroja en el equipo IR Biotyper® (versión 4.0, Bruker, Daltonics). Cada cepa fue analizada en triplicado. Se analizaron finalmente 963 espectros, cuyo estudio inicial se realizó por un Análisis Jerárquico de Cluster (HCA) con la elaboración del dendrograma mediante el Análisis del Componente Principal (PCA). Posteriormente se realizó la fase de entrenamiento utilizando ANN (Artificial Neural Network) mediante el análisis de los componentes principales (PC28).

Resultados: En el set de entrenamiento, la metodología de la espectroscopia infrarroja a través del equipo IR Biotyper identificó correctamente los serotipos de *Salmonella* estudiados. Luego del entrenamiento, los serotipos de *Salmonella Typhimurium* y *S. Infantis* fueron identificadas con un 100% de concordancia. *S. Enteritidis* también mostró un 100% de concordancia, pero en un 45% se obtuvo un % bajo de tipificación, por lo se debe aumentar el número de espectros a estudiar.

Conclusión: La espectroscopia infrarroja en el sistema IR Biotyper® es rápida, de bajo costo y presentó un 100% de concordancia con los métodos convencionales para *S. Infantis* y *S. Typhimurium* permitiendo un análisis de los aislados de *Salmonella* seleccionados bajo la mirada de una salud.

Keywords: *Salmonella enterica*, IR Biotyper, una salud

Financing: Fondos de Investigación UC y UNAB



Área: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

Vigilancia nacional de laboratorio de bacterias productoras de carbapenemasas en Chile: periodo 2012-2021

Aura Villamil¹, Juan Carlos Hormazábal¹, Paula I. Rodas¹, Teresa Tapia¹, Ingrid Araya¹, Rodrigo Iglesias¹, Daniel Ibañez¹, Diego Garate¹, Gerardo González-Rocha², Helia Bello-Toledo², Andrés Opazp-Capurro², Tania Herrera³, Mauro Orsini³, Pamela Araya¹

(1) Instituto de Salud Pública de Chile, Subdepartamento de Enfermedades Infecciosas, Av. Marathon 1000., Santiago, Chile

(2) Universidad de Concepción, Microbiología, Ciencias Biológicas, Edmundo Larenas 219, Concepción, Chile

(3) Ministerio de Salud de Chile, Enrique Mac Iver 541, Santiago, Chile

Introducción

El Laboratorio Nacional de Referencia del Instituto de Salud Pública (ISP), mantiene una vigilancia activa de cepas bacterianas causantes de Infecciones Asociadas a la Atención en Salud (IAAS) productoras de carbapenemasa, siguiendo las directrices de la Red Latinoamericana de Vigilancia de la Resistencia a los Antimicrobianos (ReLavra) y la Organización Panamericana de la Salud (OPS). Dentro de esta vigilancia, el primer caso de Enterobacterales productores de carbapenemasa (EPC) en Chile se registró en marzo de 2012 y correspondió a una cepa de *Klebsiella pneumoniae* que portaba la variante KPC-2, con una amplia diseminación en el país en años posteriores.

Objetivo

Consolidar los análisis fenotípicos y moleculares de cepas clínicas de EPC y bacilos Gram negativos no fermentadores (BGN-NF) productores de carbapenemasa, recibidas dentro del marco de esta vigilancia en el periodo 2012-2021.

Metodología

Se realizó un estudio retrospectivo y descriptivo de 7 419 cepas clínicas de EPC y BGN-NF enviadas y/o notificadas al ISP dentro del marco del Sistema Nacional de Vigilancia de Laboratorio en bacterias que pueden producir IAAS. La identificación bacteriana se realizó mediante espectrometría de masas MALDI-TOF (Microflex LT Bruker Daltonik, Bruker, Alemania) y pruebas bioquímicas. La presencia de los genes codificantes de carbapenemasas *bla*_{KPC}, *bla*_{VIM}, *bla*_{NDM} y *bla*_{OXA-48} se confirmó mediante PCR, según protocolo estandarizado en el ISP y basado en las recomendaciones de ReLAVRA-OPS. Para determinar los perfiles de susceptibilidad antimicrobiana a cefalosporinas de tercera y cuarta generación (CAZ, CTX, FEP) y a carbapenémicos (ERT, IMI, MEM), se utilizaron los métodos de difusión en agar (Kirby-Bauer) y concentración inhibitoria mínima (CIM) por epsilometría y sistemas automatizados Phoenix (Becton Dickinson) y Sensititre (Thermo Fisher Scientific). Se utilizaron como controles las cepas de referencia *Pseudomonas aeruginosa* ATCC 27853, *Escherichia coli* ATCC 25922, ATCC 35218 y *K. pneumoniae* ATCC 700603, ATCC-BAA 1705, ATCC-BAA 1706.

Resultados

El mayor reporte de aislados productores de las carbapenemasas estudiadas correspondió a *K. pneumoniae* y complejo *Enterobacter cloacae* entre los EPC (n=4719), y *P. aeruginosa* (n=2660) entre los BGN-NF (n=2700). Los resultados revelaron la siguiente distribución de los genes codificantes para carbapenemasa: 53,2% (n = 3 960) correspondieron a *bla*_{KPC}, 27,2% (n = 2007) a *bla*_{VIM}, 17,4% (n = 1292) a *bla*_{NDM} y 0,5% (n = 38) a *bla*_{OXA-48}. Se detectaron además, cepas con co-producción de carbapenemasas con las combinaciones KPC/NDM (n = 73), KPC/VIM (n = 37), KPC/OXA-48 (n = 2) y NDM/VIM (n = 10), particularmente entre los años 2018-2021. Tanto en EPC (n = 4688) como en BGN-NF (n = 2731), el mayor porcentaje de no susceptibilidad (resistente o intermedio) se observó en las cepas co-productoras (EPC, n = 91 y BGN-NF, n = 31) y en aquellas productoras de NDM (EPC, n = 1283 y BGN-NF, n = 9).

Conclusiones

Estos resultados exponen de manera clara el panorama nacional de la vigilancia de laboratorio que se lleva a cabo en el país, reflejando la circulación de cepas productoras de carbapenemasas en Chile durante 10 años. Además, enfatiza la emergencia, rápida diseminación de mecanismos de resistencia antimicrobiana e impacto en el perfil de susceptibilidad a los antibióticos β-lactámicos de mayor uso en la red asistencial nacional. Estos hallazgos, y las colecciones bacterianas obtenidas, representan un recurso importante para fortalecer la investigación aplicada en resistencia antimicrobiana y para establecer información complementaria sobre la caracterización genética, mecanismos de diseminación y ensayos de potenciales alternativas terapéuticas.

Keywords: Vigilancia, Carbapenemasas, Resistencia antimicrobiana

C009

Área: Control de infecciones asociadas a la atención en salud

COTO

Susceptibilidad antimicrobiana y tiempo de hospitalización: ¿Cuándo se justifica el uso empírico de antimicrobianos de amplio espectro?**Francisco Zamora Vargas¹, Andrea Moreno Araya¹, Claudia Monterrosa¹, Ruth Rosales¹, Gustavo Saint-Pierre Contreras¹**

(1) Hospital Barros Luco Trudeau; Equipo Programa de Optimización y uso Racional de Antimicrobianos, Gran Avenida 3204, San Miguel, Chile

Antecedentes: El uso empírico de antimicrobianos de amplio espectro es común en el ámbito intrahospitalario. A menudo, esta elección se basa en una hospitalización >48-72 horas o en la exposición a una unidad de paciente crítico (UPC). Sin embargo, los estudios que demuestran infecciones asociadas a atención de salud, muestran datos contradictorios y en la práctica clínica habitual, se observa que gran parte de los aislamientos microbiológicos en este periodo de tiempo, infecciones son susceptibles a terapias de menor espectro (comunitarias)

Objetivo: Evaluar la evolución de la susceptibilidad antimicrobiana en el transcurso de los primeros 30 días de hospitalización y establecer cuando es pertinente y recomendable el uso empírico de esquemas de amplio espectro.

Material y método: Se analizaron todos los aislamientos microbiológicos del año 2021 de muestras clínicas obtenidas en nuestro centro. Cruzando la información con la base de datos de la unidad de gestión de camas y laboratorio, se estableció el día de hospitalización en el que se obtuvieron las muestras y de estos si existía el antecedente de ingreso a UPC. Se estratifican las muestras según "Días de Hospitalización" en 0-2, 3-5, 6-9, 10-13 y 14-30 días, "Exposición a UPC", como expuesto y no expuesto y según tipo de muestra, en respiratorio, urinario y hemocultivo. UPC definida como unidad coronaria, de tratamientos intermedios y de cuidados intensivos. Para no sobreestimar la resistencia producto del testeo de algunas familias de antibióticos de las cepas resistentes, se hizo ajuste de sensibilidad en las principales especies de bacterias aisladas en nuestro centro y en cada foco. La evaluación de sensibilidad (S) se estableció para el conjunto de bacterias en cada estrato. Se analizó la S si el estrato alcanzó 30 o más aislamientos. Se estableció un corte arbitrario de 80% de S para considerar el esquema apto para tratamiento empírico.

Resultados: Se evaluaron 1810 muestras respiratorias, 1518 urinarias y 428 hemocultivos, de éstos 90%, 26% y 59% respectivamente, corresponden a expuestos a UPC.

Respiratorio: No expuestos a UPC: Ceftriaxona (CFTX), Ampicilina/sulbactam (A/S) y Piperacilina/Tazobactam (P/T) en los primeros aislamientos se obtuvo 69%, 92% y 97% de S respectivamente. A/S baja su S a los 6-9 días a 70% y P/T mantiene a los 14-30 con 78%. Imipenem (IMI) inicia con 97% y llega a 81% en los días 14-30. IMI+VC inicia con 97% y llega a 92% en los días 14-30. Expuestos a UPC: CFTX inicia en 49%. A/S inicia con 87% y desciende bajo 80% en el tramo 10-13 con 74%. P/T, IMI e IMI/VC presentan similar evolución, iniciando con 93%, 93% y 96% y bajando de 80% en el tramo de 14-30, con 70%, 67% y 71% respectivamente. **Urinario:** hasta el día 14 similar a comunitarias, a partir de 14 días los expuestos a UPC: CIP y CFTX al inicio presentan 78% y 67% de S respectivamente. P/T, IMI, IMI/VC y AMP/AK inician con 98%, 100%, 100% y 98% respectivamente. P/T mantiene S sobre 80 hasta el tramo 10-13 donde cae a 78%. En el tramo 14-30 IMI, IMI/VC y AMP/AK tienen 85%, 86% y 87% de S respectivamente.

Hemocultivos: No expuestos a UPC: solo el tramo 0-2 y 14-30 días logró más de 30 aislamientos, por lo que la curva no es evaluable. En expuestos a UPC: P/T, IMI, meropenem (MRP), IMI+VC y A/S+AK, el primer tramo en alcanzar 30 muestras fue el de 6-9 días, aquí la S es de 87%, 87%, 85%, 98% y 89%, bajando a 72%, 79%, 79%, 89% y 79% respectivamente en los días 10-14. Entre los días 14-30 IMI, MRP y IMI+VC bajan a 74%, 72% y 82% respectivamente y A/S + AK sube a 80%. Acceso a gráficos en: <https://docs.google.com/document/d/15x53ADXbUu-FcbgHp48pBT0fCbiGmVFjmB4lv2UxOul/edit?usp=sharing>.

Conclusiones: Analizar la sensibilidad antimicrobiana desde los esquemas antibióticos y el foco clínico, en vez de hacerlo desde las bacterias, nos ha entregado una visión más real y práctica de la resistencia en nuestro centro, entregándonos argumentos para modificar de forma segura los esquemas empíricos. De los esquemas que empezamos a recomendar a partir de este análisis destacamos: El uso de IMI+VC debe reservarse para pacientes graves y para infección de foco no claro en pacientes con más de 10 días de hospitalización comn o sin exposicion a UPC. El aporte de VC es inferior al 11% tanto en foco respiratorio, urinario o en bacteremia, pudiendo plantearse la eliminación de su uso empírico en paciente estable sin factor de riesgo de SAMR.

Keywords: temporalidad, resistencia, tratamientos empiricos, IAAS

Financing: no

Acknowledgments: no

Área: Control de infecciones asociadas a la atención en salud

Utilidad de la espectroscopia infrarroja por ir biotyper® en la tipificación rápida de *Burkholderia contaminans*

Patricia García^{1,3}, Samuel Contreras², Tamara Gonzalez², Juan Carlos Román², Inés Cerón⁴, Aniela Wozniak^{1,3}

(1) Departamento de Laboratorios Clínicos. Escuela de Medicina. Pontificia Universidad Católica de Chile.

(2) Laboratorio de Microbiología. Servicio de Laboratorios Clínicos. Red de Salud UC-CHRISTUS

(3) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance (MICROB-R) Santiago, Chile

(4) Departamento de Enfermedades Infecciosas del Adulto. Escuela de Medicina. Pontificia Universidad Católica de Chile

Introducción: La aparición de casos de infecciones en pacientes hospitalizados por *Burkholderia contaminans* ha sido un grave problema desde finales de 2021 en nuestro país. Estudios realizados por el MINSAL y el ISP mostraron que la mayoría de los aislamientos eran clonales y que la fuente probable de la infección era algún producto de infusión endovenosa. En el caso de nuestro hospital los aislamientos pertenecían al subtipo genético 006 por Electroforesis de Campo Pulsado (PFGE). Si bien la definición de los casos nuevos era clínico -epidemiológica, la tipificación de la cepa realizada por el ISP permitía posteriormente la confirmación, lo que podría demorar semanas considerando que la PFGE es una técnica compleja y laboriosa. Por esto es necesario disponer de otros métodos sencillos y rápidos. La espectroscopia infrarroja asociada a la transformada de Fourier en el sistema IR Biotyper® permite, a través del análisis de espectros generados por la vibración de las moléculas de la pared bacteriana, identificar clones dentro de diferentes especies en 3 horas. Dado que utiliza *machine learning* para el proceso de asociación de espectros es necesario el entrenamiento de la base de datos.

Objetivo: Evaluar el rendimiento de la tipificación por espectroscopia infrarroja comparada con el método de referencia en los aislados clínicos de *Burkholderia contaminans* obtenidos de pacientes en un hospital universitario.

Material y método: Entre abril y agosto de 2023 se estudiaron 30 aislados de *Burkholderia contaminans*; 29 correspondían a cepas de pacientes del Hospital Clínico UC aisladas entre noviembre de 2022 y abril de 2023 y una cepa aislada de la filtración de 500 ampollas de suero fisiológico 0,9% Sanderson lote 755SI1496 en enero de 2023. De las cepas aisladas de pacientes 27 correspondían al subtipo genético 006 y las otras 2 a otros subtipos diferentes (036 y 052). Estos últimos dos aislados correspondían a pacientes hospitalizados en noviembre de 2022. Se incluyó además para el análisis la cepa ATCC 25608. Todas las cepas fueron analizadas por espectroscopia infrarroja en el sistema IR Biotyper® (Bruker Daltonics). Brevemente, se mezcló enérgicamente 1 uL de colonia bacteriana con 50uL de etanol en un tubo con barras metálicas y luego se agregó 15 uL de la suspensión en cada pocillo de la tarjeta del equipo, en triplicado. Al cabo de 3 horas se obtuvieron los espectros de cada pocillo. El análisis bioinformático de la totalidad de los aislados mediante el Análisis de Componente Principal (PCA) dio como resultado el ordenamiento jerárquico de los cluster o dendrograma, generándose automáticamente un cut-off que define los clusters. Para el análisis final se consideraron 93 espectros (cepas en triplicado).

Resultados: Todas las cepas de pacientes fueron correctamente catalogadas por IR Biotyper®, identificando como un mismo cluster a las 27 cepas del subtipo 006 y en clusters diferentes las 2 cepas de los subtipos 036 y 052. La cepa aislada de la filtración del suero fisiológico fue catalogada en el mismo cluster 006 de las 27 cepas clonales.

Conclusión: La espectroscopia infrarroja en el sistema IR Biotyper® es rápida, de bajo costo y presentó un 100% de concordancia con la PFGE. Permitió catalogar correctamente a la cepa aislada del cultivo del suero fisiológico filtrado, responsable de la mayoría de los casos del brote. El sistema puede tener una gran aplicabilidad en el control de las infecciones asociadas a la atención de salud, especialmente por la obtención rápida de los resultados que permite una oportuna toma de decisiones.

Keywords: *Burkholderia contaminans*, IR Biotyper, brote asociado a infusión contaminada, espectroscopia infrarroja

Financing: Fondos de Desarrollo Académico (FDA) del Departamento de Laboratorios Clínicos.

COII

Caracterización de cepas de *Klebsiella pneumoniae* productoras de carbapenemasa oxa-48 like en Chile

Aura Milena Villamil Pérez¹, Paula I Rodas¹, Teresa Tapia¹, Ingrid Araya¹, Rodrigo Iglesias¹, Daniel Ibañez¹, Diego Garate¹, Constanza Campano¹, Paulo Covarrubias¹, María Paz Aylwin¹, Jorge Fernández¹, Pamela Araya¹, Juan Carlos Hormazábal¹

(1) Instituto de Salud Pública de Chile, Subsepartamento Enfermedades Infecciosas, Av. Marathon 1000, Santiago, Chile

Introducción

La aparición de Enterobacterales resistentes a carbapenémicos ha generado un gran impacto en las infecciones asociadas a la atención de salud (IAAS) debido a su rápida diseminación, lo que restringe la disponibilidad de alternativas terapéuticas. La carbapenemasa tipo OXA-48 like fue detectada en Chile por primera vez en el año 2014 en un aislado de *K. pneumoniae* y posteriormente en el complejo *Enterobacter cloacae* en el año 2017; sin embargo, ambos casos fueron esporádicos, en pacientes provenientes del exterior. En el año 2021, se detectó en Chile el primer brote por *Klebsiella pneumoniae* productora de carbapenemasa tipo oxacilinas (OXA) de la subfamilia OXA-48 like, reportándose los primeros casos en pacientes hospitalizados y/o derivados de la zona norte del país.

Objetivo

Evaluar el perfil fenotípico y genotípico de 27 cepas de *K. pneumoniae* productoras de la carbapenemasa tipo OXA-48 like, recibidas en los años 2021 y 2022 en el Laboratorio Nacional de Referencia del Instituto de Salud Pública de Chile como parte del programa Nacional de Vigilancia de Laboratorio para Carbapenemasas en Bacterias que pueden producir IAAS.

Materiales y Métodos

Las cepas provinieron de tres regiones de Chile: Antofagasta (n = 18), Metropolitana (n = 1) y La Araucanía (n = 8). El perfil de susceptibilidad se obtuvo mediante técnicas tradicionales (Kirby-Bauer y epsilometría) y automatizadas (Phoenix y Sensititre). La producción de carbapenemasas fue confirmada mediante inmunocromatografía, y el análisis genotípico incluyó PCR para detección del gen *bla*_{OXA-48 like}, MLST, PFGE y secuenciación de genoma completo.

Resultados

En las cepas estudiadas se detectaron las variantes *bla*_{oxa-48}, *bla*_{oxa-232}, *bla*_{oxa-244}, *bla*_{oxa-245}, *bla*_{oxa-405}, *bla*_{oxa-519} y *bla*_{oxa-566}, con resistencia antimicrobiana inusual a lo descrito para esta subfamilia, tanto a carbapenémicos, como a cefalosporinas, piperacilina/tazobactam y temocilina. Todas las cepas pertenecieron al linaje ST25 y se agruparon en cinco subtipos por PFGE, siendo predominante el clon CL-Kpn-Spe-329 en la región de Antofagasta y el clon CL-Kpn-Spe-384 en la región de La Araucanía, con una estrecha relación filogenética entre ellos. En este estudio se identificaron dos mecanismos de resistencia: carbapenemasa (*bla*_{OXA-48 like}) y β-lactamasas de espectro extendido (BLEE: *bla*_{OXA-1}, *bla*_{SHV-11}, *bla*_{SHV-110}, *bla*_{TEM-1B}, *bla*_{CTX-M-15}), además de otros genes relacionados a resistencia a aminoglucósidos, fluoroquinolonas y trimetoprim.

Conclusiones

Los datos obtenidos demuestran la rápida diseminación que han tenido las variantes de la subfamilia *bla*_{OXA-48} en este periodo de tiempo, considerando que es una carbapenemasa de baja distribución en Chile, y confirman la necesidad de mantener una vigilancia activa que permita la oportuna detección de mecanismos de resistencia emergentes en el país, así como el control de nuevos brotes de cepas productoras de oxacilinas tipo OXA-48 like.

Keywords: Carbapenemasa, OXA-48 like, *K. pneumoniae*, Brote

Acknowledgments: Agradecimientos: Ministerio de Salud de Chile Instituto de Salud Pública de Chile



Área: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

Consumo de antibióticos y la emergencia de bacterias resistentes: un estudio de series temporales pre y post COVID-19 en Chile.

C013

José Daniel Conejeros^{1,2,3}, Kasim Allel^{3,5,6}, Jose Manuel Munita^{3,4}, Anne Peters^{3,4}, Eduardo Undurraga^{2,3}

(1) Facultad de Matemáticas, Departamento de Estadística, Pontificia Universidad Católica de Chile.

(2) Escuela de Gobierno, Pontificia Universidad Católica de Chile.

(3) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance (MICROB-R) Santiago, Chile.

(4) Genomics and Resistant Microbes (GeRM) lab, Facultad de Medicina Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo.

(5) Department of Disease Control, London School of Hygiene and Tropical Medicine, London, United Kingdom

(6) Institute for Global Health, University College London, London, United Kingdom

Introducción

La emergencia de resistencia antimicrobiana asociada al aumento en el consumo de antibióticos durante la reciente pandemia del COVID-19 ha sido poco documentada, a pesar su importancia crítica para el control de infecciones, transmisión de resistencia, los potenciales costos para el sistema de salud, y la preparación para futuras crisis sanitarias. Las infecciones por bacterias resistentes a los antimicrobianos generan una mayor morbilidad y mortalidad, potencialmente complicando los tratamientos y resultando en hospitalizaciones más prolongadas. Tener estimaciones confiables y comparables sobre el impacto de la pandemia en el uso de antibióticos y la aparición de bacterias resistentes en el entorno hospitalario chileno es esencial para desarrollar estrategias más efectivas para abordar esta crisis latente de salud pública.

Objetivos

El objetivo de este estudio es determinar el impacto de la pandemia del COVID-19 en el uso de antimicrobianos, específicamente los β -lactámicos antipseudomonas, carbapenémicos y colistina, así como en la prevalencia de bacterias resistentes a carbapenémicos (ERC).

Materiales y método

Recopilamos datos semanales sobre el consumo de antimicrobianos y la frecuencia de aislamientos de bacterias resistentes a carbapenémicos en cuatro hospitales de Chile: uno en el norte, dos en Región Metropolitana, y uno en el sur, entre marzo de 2018 y marzo 2022. Comparamos dos años antes del inicio de la pandemia COVID-19 (marzo 2018-2020) con dos años después (abril 2020-marzo 2022). Expresamos el consumo de antibióticos en dosis diarias definidas (DDD) por 1.000 pacientes-día siguiendo las recomendaciones de la Organización Mundial de la Salud. Usamos datos prospectivos de todos los aislamientos clínicos de ERC recuperados de infecciones invasivas, incluyendo torrente sanguíneo, fluidos estériles o tejidos. Aplicamos modelos de series de tiempo interrumpidas y series de tiempo con estructura bayesiana para analizar los efectos de la pandemia en el uso de antimicrobianos y la prevalencia de bacterias resistentes mediante un enfoque de simulación de contrafactuales de un escenario "sin pandemia".

Resultados

En comparación con el periodo pre-pandemia, nuestros resultados preliminares del modelo de series de tiempo interrumpidas sugieren un aumento estadísticamente significativo en el consumo de β -lactámicos (de 78,1 a 142,5, $p < 0,001$), carbapenémicos (de 50,9 a 110,1, $p < 0,001$) y colistina (de 4,1 a 13,3, $p < 0,001$), controlando por características observables de los hospitales. Las simulaciones de un escenario "sin pandemia" respaldan los resultados observados usando series de tiempo interrumpidas y de estructura bayesiana, lo que sugiere un aumento robusto en el consumo de antimicrobianos durante la pandemia. Sin embargo, los resultados preliminares son limitados en cuanto a la prevalencia de ERC y no muestran cambios significativos en el período observado respecto a las simulaciones de un escenario sin pandemia.

Conclusiones

Tanto las series de tiempo interrumpidas como con estructura bayesiana resalta un aumento consistente en el uso de antimicrobianos claves durante la pandemia del COVID-19. Estos resultados son consistentes con el aumento sustantivo en el número de hospitalizaciones y la incertidumbre asociada al tratamiento del COVID-19. Sin embargo, los resultados preliminares no muestran un aumento en la prevalencia de bacterias resistentes a carbapenémicos. Este resultado podría estar influido por varios factores, incluyendo la limitada ventana de observación utilizada para analizar los datos. La investigación ha enfatizado el manejo de la pandemia del COVID-19, pero es imperativo reconocer y abordar consecuencias indirectas de la crisis, como la potencial aparición de bacterias resistentes.

Keywords: Consumo de antimicrobianos, COVID-19, Bacterias resistentes, Series de tiempo interrumpidas, Series de tiempo con estructura bayesiana

Financing: Fondo Nacional de Desarrollo Científico y Tecnológico FONDECYT [Grant 1211933].

Diagnóstico de la fiebre de las matorrales en Chile utilizando qPCR: comparación entre material de la escara y muestras de sangre (buffy coat)

Constanza Martínez-Valdebenito¹, Gerardo Acosta-Jamett², Thomas Weitzel³, Katia Abarca Villaseca¹

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Enfermedades Infecciosas e Inmunología Pediátricas, Medicina, Diagonal Paraguay 362, Santiago, Chile

(2) Universidad Austral, Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, De Ciencias Veterinarias, Isla Teja SN, Valdivia, Chile

(3) Universidad del Desarrollo, Clínica Alemana de Santiago, Medicina, Av Plaza 683, Santiago, Chile

Antecedentes

Inicialmente limitada a la región de Asia Pacífico, el tifus de los matorrales, causado por *Orientia tsutsugamushi* es ahora endémica en el sur de Chile debido a la presencia de una nueva especie, llamada *Candidatus Orientia chiloensis*. Los métodos de diagnóstico desarrollados para *Orientia tsutsugamushi* no son confiables para detectar el agente de tifus de los matorrales en Chile, por lo que se desarrolló un nuevo ensayo de qPCR (Orien16S).

Objetivo

Describir el rendimiento de la qPCR Orien16S en diferentes tipos de muestras clínicas para el diagnóstico de TM en Chile.

Métodos

Las muestras clínicas incluyeron material de la escara y capa blanca o buffy coat de 44 pacientes confirmados con tifus de los matorrales durante enero/febrero de 2023. El material de escara consiste en una porción de la costra de la escara, enviada en un tubo de plástico seco a 4°C. La muestra de sangre es colectada en un tubo con EDTA del cual se separa el buffy coat. Previo a la extracción de ADN de material de escara, se añadió 1 mL de PBS 1X estéril, perlas de sílice y se trataron las muestras con un homogeneizador BeadBug (Sigma). Se utilizaron 400 µL de material de escara homogeneizado y 400 µL de BC para extraer el ADN mediante un extractor automatizado en base a perlas (Maelstrom 4810). El ADN se eluyó en 100 µL, se amplificó una porción del gen 16SDNA mediante la qPCR y se registró el punto de cruce (Ct, por sus siglas en inglés crossing threshold) para su comparación. Se definió el delta-Ct como el Ct(buffy coat) menos el Ct(material de escara) de cada muestra. La sensibilidad de la qPCR en BC se calculó utilizando material de escara como estándar de oro. Los valores de Ct obtenidos de material de escara y BC se compararon mediante la prueba de rango de Wilcoxon.

Resultados

Entre los 44 casos confirmados de tifus de los matorrales, el material de escara fue positivo en todos los casos y el buffy coat en 19 de los casos. La sensibilidad de la prueba en buffy coat fue del 43,2% (IC95% 28,7-58,9) en comparación con material de escara. En general, los valores de Ct del material de escara fueron significativamente más bajos que los de buffy coat ($p < 0,001$), con medianas de 28,6 (25,03-44,47) y 37,5 (31,58-43,78), respectivamente. Entre los 19 casos con resultado positivo en buffy coat, la mediana de Ct-delta fue de 7,6 (rango 0,6-18,6). Las medianas de Ct del material de escara entre casos con resultado positivo en buffy coat y resultado negativo en buffy coat fueron de 27,8 (25,2-38,12) y 28,8 (25,03-44,47), respectivamente.

Conclusión

La qPCR en buffy mostró una menor sensibilidad y valores de Ct más altos que las muestras de material de escara. La pequeña diferencia en la mediana de Ct de material de escara entre las muestras positivas y negativas en buffy coat indica que otros factores, como el tratamiento previo con doxiciclina, podrían haber influido en los resultados de buffy coat. Para el diagnóstico de ST en Chile mediante métodos moleculares, el material de escara es claramente el material preferido.

Keywords: orientia, diagnóstico, tifus de los matorrales, enfermedad emergente, enfermedades vectoriales

Financing: Este estudio fue financiado por FONDECYT Regular N°1130817, 1170810 y 1220813.

**Cambio en la epidemiología de *Streptococcus pyogenes*: implicancias para el desarrollo de una vacuna polivalente**Aniela Wozniak^{1,2,3}, Patricia García^{1,2,3}, Tomás Carrasco⁵, Javiera Jiménez⁴

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Laboratorios Clínicos, Facultad de Medicina, Av. Libertador Bernardo O'Higgins, Santiago, Chile

(2) Red de Salud UC-CHRISTUS, Laboratorio de Microbiología, Centro Médico San Joaquín, Av. Vicuña Mackenna 4686 3er piso, Santiago, Chile

(3) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance, MICROB-R, 340, Av. Libertador Bernardo O'Higgins, Santiago, Chile

(4) Pontificia Universidad Católica de Chile, Estudiante de la carrera de Bioquímica, Facultad de Ciencias Biológicas, Av. Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile

(5) Pontificia Universidad Católica de Chile, Estudiante de la carrera de Medicina, Medicina, 340, Av. Libertador Bernardo O'Higgins, Santiago, Chile

Introducción: *Streptococcus pyogenes* es un patógeno que causa infecciones localizadas e invasoras graves pudiendo presentar secuelas autoinmunes hasta en un 3% de los casos. En países en vías de desarrollo, las infecciones severas causan aproximadamente 517.000 muertes/año. Su principal factor de virulencia es la proteína M cuya región amino-terminal es hipervariable, con más de 220 tipos diferentes. Los tipos M3 y M18 se asocian al desarrollo de fiebre reumática y los tipos M1, M3 M6, M12, M18 y M28 a enfermedad invasora, siendo M1 el más asociado a fasciitis necrotizante y síndrome de shock tóxico (ISP 2019). La distribución varía geográficamente, siendo los tipos M predominantes en América Latina similares a los de países desarrollados pero diferentes a los de África o Asia, según datos del *Centers for Disease Control and Prevention* (CDC). A pesar de que la OMS declaró una prioridad mundial obtener una vacuna (2018), aun no existe ninguna disponible; algunas (en fase 2) se basan en el dominio hipervariable de la proteína M, porque induce anticuerpos con mayor efecto protector, con el inconveniente de la variabilidad geográfica. Nuestro grupo está desarrollando una vacuna intranasal basada en un vector bacteriano inocuo que expresa heterológicamente el dominio hipervariable de los 10 tipos M más frecuentes en Chile, denominada Mx10. La distribución de tipos M había sido determinada previamente (período 2008-2016), siendo los tipos M predominantes (80% de los circulantes) el M1, M2, M3, M4, M6, M9, M12, M22, M28 y M77. Recientemente la OMS advirtió sobre un aumento mundial de infecciones invasoras, atribuida a la co-circulación de virus respiratorios, a la pandemia de COVID-19, a la expansión de un clon exitoso (M1UK) y posiblemente a cambios en los tipos predominantes.

Objetivo: Determinar los tipos M predominantes de *S. pyogenes* circulantes durante el periodo pre y post COVID.

Material y método: Se estudiaron todos los aislamientos de *S. pyogenes* provenientes de infecciones localizadas e invasoras procesados en el Laboratorio de Microbiología de la Red de Salud UC-CHRISTUS durante el período 2018-2023 (n=110). Para la determinación del tipo M se realizó PCR del gen *emm* utilizando partidores y método sugerido por el CDC. Posteriormente se secuenció el producto de PCR con el método Sanger. Las secuencias obtenidas fueron analizadas en la plataforma del CDC: *Streptococci Group A Subtyping Request Form*, para la obtención del tipo M.

Resultados: Los tipos M predominantes entre los 110 aislados estudiados fueron M4, M1, M77, M12, M102, M73, M3, M58, M66, M68, M87, M9, M43, M75, M76, M89. Estos tipos representan el 80% de todos los aislados estudiados. Se evidencia un cambio en la distribución de los tipos M de *S. pyogenes* respecto al período anterior. Destaca el hallazgo de tipos M que no habían sido detectados previamente en Chile como M102, M68, M43 y M76. El tipo M102 ya ha sido reportado como emergente a nivel mundial y causante de infecciones invasoras graves. Según estos resultados, nuestra vacuna Mx10 disminuiría su cobertura de 80% a 45%. Es necesario incluir nuevos tipos M como son M102, M73, M58, M66, M68, M87, M43, M75, M76 y M89 y de esta manera obtener una nueva vacuna (Mx20) que tendrá una cobertura del 84% de las cepas circulantes en nuestro país.

Conclusión: Se evidencia un importante cambio epidemiológico de los tipos circulantes de *S. pyogenes* que puede tener implicancias clínicas como la emergencia de infecciones graves y que conduce a cambios en la estrategia en la elaboración de la vacuna polivalente Mx10.

Keywords: *Streptococcus pyogenes*, vacuna polivalente, distribución de tipos M, proteína M

Financing: Dpto de Laboratorios Clínicos. Escuela de Medicina. Pontificia Universidad Católica de Chile.

Uso racional de antimicrobianos en episodios de neutropenia y fiebre de origen desconocido en pacientes pediátricos con cáncer

Carolina Ibanez¹, Romina Valenzuela², Salome Bahamondes², Veronica De La Maza², Milena Villarroel^{1,8}, Paulina Coria¹, Juan Pablo Torres^{1,8}, Verónica Contardo^{3,8}, Ana María Álvarez^{4,8}, Marcela Zubieta⁵, Valentina Gutiérrez^{6,8}, Karen Ducasse^{7,8}, María Elena Santolaya^{1,8}

(1) Universidad de Chile, Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna, Pediatría y Cirugía Oriente, Medicina, Antonio Varas 360, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna, Pediatría y Cirugía Oriente, Unidad de Investigación, Medicina, Antonio Varas 360, Santiago, Chile

(3) Universidad de Chile, Hospital Dr. Roberto del Río, Departamento de Pediatría, Medicina, Profesor Zañartu 1085, Santiago, Chile

(4) Hospital San Juan De Dios, Pediatría, Huérfanos 3255, Santiago, Chile

(5) Hospital Exequiel González Cortés, Pediatría, Gran Av. José Miguel Carrera 3300, Santiago, Chile

(6) Hospital Dr. Sótero del Río, Pediatría, Av. Concha y Toro 3459, Santiago, Chile

(7) Hospital Gustavo Fricke, Pediatría, Álvarez 1532, Valparaíso, Chile

(8) Comité de Infectología, Programa Infantil Nacional de Drogas Antineoplásicas (PINDA), Chile

Introducción: La neutropenia febril (NF) es una importante complicación del cáncer infantil y se asocia a uso de antimicrobianos (AM) de amplio espectro, retraso de la quimioterapia y riesgo de resistencia a AM.

Objetivo: Determinar la eficacia y seguridad de mantener AM estándar o ajustar terapia AM en episodios de NF con fiebre de origen desconocido (FOD) en niños oncológicos y episodios de NF de evolución favorable.

Método: Estudio multicéntrico, prospectivo, aprobado por el comité de ética, desde marzo 2021 a la fecha, que incluyó niños hospitalizados por NF. Al ingreso se hizo estudio microbiológico que incluyó búsqueda de bacterias y virus. Si los resultados fueron negativos, el episodio de NF se catalogó como FOD. A las 48/72 horas de evolución se determinó si la evolución clínica fue favorable, definida como: temperatura < 38.5°C, estabilidad clínica, sin sepsis ni nuevos focos de infección y proteína C Reactiva < 90. Los episodios de NF y FOD que tuvieron evolución favorable se aleatorizaron 1:1 a mantener AM por al menos 7 días por vía intravenosa (IV) u oral, con el paciente hospitalizado o ambulatorio o a ajustar terapia AM, disminuyendo el número de AM y acotando su cobertura, acorde al foco clínico, por vía IV u oral. Se siguieron todos los episodios hasta que los niños estuvieron afebriles y sin neutropenia. Se realizó Test de Fisher y de U de Mann-Whitney para evaluar las diferencias de los grupos. Se consideró significativo un $p < 0,05$.

Resultados: Ingresaron 299 episodios de NF y FOD, de los que se aleatorizaron 242(81%): 112 (46%) a terapia estándar y 130 (54%) a terapia ajustada. La mediana de edad de ambos grupos fue 6 años ($p=0,441$), 53% y 56% de niños de sexo masculino en cada grupo ($p=0,698$). El 54 y 50% tuvo leucemia/linfoma como diagnóstico de base ($p=0,595$). La evolución clínica fue semejante en ambos grupos, sin diferencia en días de fiebre, ingreso a UCI, sepsis, hipotensión, ni letalidad. Los niños con terapia ajustada tuvieron menos días de hospitalización (5 versus 7 días $p= 0,002$) y menos días de terapia AM ($p=0,009$). En el grupo en que se ajustó terapia AM se observó menor número de AM posterior a la aleatorización ($p < 0,001$).

Conclusión: En pacientes con episodios de NF, que no tienen identificación de bacterias en cultivos de sitio estéril (FOD) y que tienen evolución clínica favorable, es eficaz y seguro ajustar la terapia AM, tanto en número como espectro y en duración, manteniendo el buen resultado clínico.

Keywords: Fiebre origen desconocido, Neutropenia

Financing: FONDECYT regular No1200964



Área: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

C017

Epidemiología genómica de *Enterococcus faecium* resistente a vancomicina en Chile.

Jose Rodrigo Waldemar Martínez Solís^{1,2}, Lorena Díaz^{1,2}, Lina Rivas^{1,2}, María Paz Riquelme^{1,2}, Juan Ugalde^{2,3}, Oscar Ortega^{1,2}, Anne Peters^{1,2}, Rodrigo Baptista⁴, Kavindra Singh⁴, Diana Panesso⁴, Truc Tran⁴, Rafael Araos^{1,2}, Patricia García^{2,5}, Cesar A Arias⁴, Jose Manuel Munita^{1,2,6}

(1) Genomics & Resistant Microbes (GeRM), Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina (ICIM), Facultad de Medicina Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo, Santiago, Chile

(2) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research On Bacterial Resistance (MICROB-R), Santiago, Chile

(3) Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Santiago, Chile

(4) Center for Infectious Diseases Research, Houston Methodist Research Institution, Houston, TX

(5) Departamento de Laboratorios Clínicos, Facultad de Medicina, Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica, Santiago, Chile

(6) Hospital Padre Hurtado, Santiago, Chile

Antecedentes. Las infecciones causadas por *Enterococcus faecium* resistente a vancomicina (VREfm) son una grave amenaza para la salud pública. La resistencia a vancomicina se debe a la adquisición de los genes *van*, que sintetizan monómeros de peptidoglicano de baja afinidad por los glicopéptidos. Si bien hay varios tipos de genes *van*, los más reportados son *vanA* o *vanB*. VREfm presenta una gran versatilidad genética para adquirir y transferir elementos genéticos, lo que complica las estrategias convencionales de epidemiología molecular como MLST o PFGE y demanda análisis genómicos más complejos. Pese a ser un patógeno de importancia clínica, la epidemiología molecular de VREfm en Chile ha sido poco explorada.

Objetivo. Caracterizar la epidemiología genómica de VREfm en Chile.

Métodos. A partir de una colección de 762 aislados de VREfm obtenidos por la Red de Laboratorios MICROB-R de forma prospectiva entre diciembre de 2018 y mayo de 2023, seleccionamos 261 aislados representativos para realizar caracterización genómica y análisis filogenómicos. Todos los aislados fueron confirmados como *E. faecium* por MALDI-TOF. Se determinó la susceptibilidad antimicrobiana por Kirby-Bauer (CLSI 2023) y se confirmó la presencia de los genes *van* por PCR. Se realizó secuenciación del genoma completo por Illumina de los 261 aislados, determinando el secuenciotipo (ST) por MLST *in silico*. La presencia de genes de resistencia se evaluó con AMRFinder. Se realizaron reconstrucciones filogenómicas con los 261 genomas chilenos y 98 genomas de *E. faecium* de diferentes fechas y áreas geográficas. Se evaluó el efecto de la pandemia de COVID-19 agrupando las fechas de aislamiento en: pre-pandemia COVID-19 (T1), primer año de pandemia (T2) y post-pandemia (T3). Finalmente, realizamos secuenciación de lecturas largas (Oxford Nanopore) en 5 aislados para comprender el contexto genético de los clusters de genes *van*.

Resultados. Los 261 aislados fueron confirmados como resistentes a vancomicina. Se observó una alta diversidad de linajes, siendo los más frecuentes el ST656 (n=70, 27%), un nuevo linaje designado como ST2446 (n=58, 22%) y el ST17 (n=55, 21%). El análisis temporal reveló una disminución gradual del ST656 (T1=47%, T2=31%, T3=15%), siendo reemplazado por ST2446 (T1=8%, T2=11%, T3=38%). Al evaluar los genes *van* observamos que el 81% (n=211) de los aislados portaban *vanB* y sólo un 7% (n=18) *vanA*. Sorprendentemente, el 12% (n=32) de los aislados portaban simultáneamente los clusters de genes *vanA* y *vanB* (*vanAB*). De las 32 cepas *vanAB*, el 53% (n=17) pertenecían a ST2137, el 34% (n=11) al ST233 y los 4 restantes al ST17 (n=2) y ST2446 (n=2). El análisis temporal sugirió un aumento en la frecuencia de aislados *vanAB*, pasando de 0,3% (n=1) en T1, a 5% (n=13) y 7% (n=18) en T2 y T3, respectivamente. La reconstrucción filogenómica mostró que los genomas chilenos pertenecían al denominado clado A1, agrupándose de forma independiente de los linajes de referencia circulantes a nivel mundial. El ensamblaje híbrido reveló que el cluster *vanB* se encontraba alojado en el cromosoma y el cluster *vanA* era portado en un plásmido de aproximadamente 45,000 pb, junto a otros genes de resistencia a antimicrobianos.

Conclusiones: La epidemiología genómica de VREfm en Chile es única, con emergencia de linajes endémicos y una alta frecuencia del genotipo *vanAB*. Se necesitan más estudios para comprender el impacto clínico de la presencia de *vanAB*. Nuestros datos resaltan la importancia de mantener una vigilancia genómica en el país para adaptar las medidas de salud pública a la realidad local.

Keywords: Resistencia antimicrobiana, *Enterococcus faecium*, Vancomicina, Genómica, Epidemiología genómica

Acknowledgments: Agradecemos a la Red de Laboratorios MICROB-R por los aislados evaluados en este trabajo.

Enfermedad neumocócica invasiva en niños: tendencias clínicas, epidemiológicas y microbiológicas durante la pandemia de COVID-19.

Maria Carolina Rivacoba Rojas^{1,8}, Rodolfo Villena^{1,4}, Marcela Zuñiga^{2,4}, Dona Benadof^{2,4}, Javiera Albornoz³, Marcela Rabello^{3,4}, Marcela Potin⁵, Felipe Reyes⁶, Leonor Jofré⁷, Pilar Rodríguez⁸, Stephania Passalacqua⁹, Maria Luz Endeiza¹⁰, Giannina Izquierdo^{1,4,10}

- (1) Hospital Exequiel González Cortés, Infectología, Chile
- (2) Hospital Roberto del Río, Chile
- (3) Hospital Calvo Mackenna, Chile
- (4) Facultad de Medicina Universidad de Chile, Chile
- (5) Red Salud UC Christus, Chile
- (6) Hospital Sótero del Río, Chile
- (7) Hospital La Florida, Chile
- (8) Clínica Santa María, Chile
- (9) Hospital de Osorno, Chile
- (10) Clínica Universidad de Los Andes, Chile

Introducción: Durante la pandemia de Covid-19, se reportó una reducción significativa de la enfermedad neumocócica invasora (ENI) en distintos países, sin embargo, se ha observado una tendencia al aumento de casos tras el levantamiento de las restricciones.

Objetivo: Describir las características clínicas, epidemiológicas y microbiológicas de la ENI en los períodos pre y post SARS-CoV-2.

Métodos: Estudio descriptivo de casos de ENI pediátricos, ingresados en 9 centros (públicos y privados) del país, durante los períodos preSARS-CoV-2 (2018-2019) y postSARS-CoV-2 (2020- 1er semestre 2023*). ENI se definió como el aislamiento mediante cultivo o detección de ADN de *S.pneumoniae* mediante RPC, en un sitio estéril. Los datos epidemiológicos, clínicos y microbiológicos se obtuvieron de registros clínicos y microbiológicos, Instituto de Salud Pública y Programa Nacional de Inmunizaciones (PNI). Se utilizó para variables cuantitativas: mediana (RIC), variables categóricas: frecuencia absoluta (%) y para variables análisis multivariado variable cuantitativas: test de Wilcoxon-Mann-Whitney y para variables categóricas: test exacto de Fisher.

Resultados: Se analizaron 205 casos de ENI, 89 y 116 en los períodos pre y postSARS-CoV-2, respectivamente, con una reducción durante el 2020. Las características de los pacientes fueron: edad de 36 meses (17-61), 55,1% hombres, 43% presentó alguna comorbilidad. El 88% de casos la detección se realizó por cultivo y en 12% por biología molecular, siendo más frecuente esta última en período postSARS-CoV-2. No hubo diferencia en el estado vacunal de los pacientes en ambos períodos.

Los diagnósticos más frecuentes fueron: neumonía complicada/bacteriémica (63%), bacteriemia (13%), shock séptico (10%) y meningitis (12%), sin diferencia entre los dos períodos.

La mediana de hospitalización fue de 9 días (5-18), con una tendencia a ser mayor en período postSARS-CoV-2 (10,5 vs 7 días, $p=0,044$; con un 48% de ingreso a UCIP, mayor en el segundo período (58.6% vs 44.9%, $p=0,036$), donde además hubo un mayor requerimiento de VMI (29.3% vs 18.4%, $p=0,012$). La letalidad a 30 días fue de 3,4%, sin diferencias entre ambos períodos.

Los drenajes quirúrgicos fueron más frecuentes en el período postSARS-CoV-2 (10 vs 30, $p=0,006$).

La identificación del serotipo *S.pneumoniae* se realizó en 171 casos (83%); siendo los más prevalentes: 19A (16,4%), 3 (12,3%), 24F (11,7%) y 15A (6%). Se identificaron serotipos no vacunales en 84 casos (49%). Se observó una diferencia en la distribución de serotipos en los dos períodos.

En relación a resistencia antimicrobiana, se observa una tendencia a mayor resistencia a penicilina en cepas aisladas en período postSARS-COV-2 vs pre, siendo esto más frecuente en serotipo 15A, 24F y 9N.

Un 67.3% de pacientes se encontraba con esquema de vacunación completo al presentar ENI. Respecto a la proporción de los serotipos incluidos en las vacunas disponibles PCV-10: 7%; PCV-13: 30.4% y PCV-20: 12.9%.

Conclusiones: Se observó reducción significativa de ENI durante la pandemia, especialmente en el año 2020, pero se evidenció un aumento sostenido después de que se levantaron las restricciones. Los serotipos no vacunales fueron predominantes en todo el período estudiado, observándose un cambio en la distribución de serotipos en los dos períodos. Impresiona una mayor gravedad de los casos de ENI postSARS-COV-2 manifestados en un mayor número de días de hospitalización global, ingreso a UCI e intervenciones quirúrgicas.

Keywords: Enfermedad neumocócica invasora, periodo postSARSCOV2, serotipos

Financing: No



Área: Infecciones emergentes, zoonóticas y parasitarias

Manifestaciones clínicas de 150 casos de Tifus de los Matorrales en Chile

Katia Abarca Villaseca¹, Constanza Martínez Valdebenito¹, Katia Velásquez Martínez², Gerardo Acosta Jamett³, Thomas Weitzel⁴

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Enfermedades Infecciosas e Inmunología Pediátricas, Facultad de Medicina, Diagonal Paraguay 362, Santiago, Chile

(2) Hospital de Ancud, Servicio de Medicina, Almirante Latorre 301, Ancud, Chile

(3) Universidad Austral, Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Campus Isla Teja S/N, Valdivia, Chile

(4) Universidad del Desarrollo, Clínica Alemana de Santiago, Laboratorio Clínico, Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina (ICIM), Facultad de Medicina Clínica Alemana, Vitacura 5951, Santiago, Chile

Introducción

El tifus de los matorrales (TM) estuvo geográficamente restringido a la región de Asia-Pacífico hasta 2006, cuando se identificó un caso de *Candidatus Orientia chuto* en Dubái y un organismo similar a *Orientia* en un caso adquirido en la Isla de Chiloé. Desde 2015 nuestro equipo de investigación ha identificado un número creciente de casos de TM en el país e identificado al agente causal, una especie distinta a *Orientia tsutsugamushi* del Asia-Pacífico, actualmente denominada *Candidatus Orientia chiloensis*. En este trabajo, presentamos las características clínicas de esta infección emergente en Chile.

Material y Métodos

Se implementó una vigilancia de TM como parte de nuestras investigaciones, a la que posteriormente se sumó el MINSAL, al incluirse el año 2020 a las rickettsiosis entre las Enfermedades de Notificación Obligatoria. La definición de caso sospechoso se basó en fiebre y al menos uno de los siguientes criterios: escara, exantema, trombocitopenia o elevación de transaminasas, en personas que han realizado actividades en contacto con vegetación en zonas rurales. Los datos demográficos y clínicos se recogieron mediante un cuestionario estandarizado, y se tomaron muestras de material de la escara y de sangre aguda/convaleciente. Se realizó una PCR convencional y posteriormente una PCR a tiempo real (qPCR) para el gen 16S ADN de *Orientia* utilizando ADN extraído de la capa blanca sanguínea y del material de la escara. Se realizaron pruebas serológicas comerciales (IFA) hasta 2021. Se consideró caso confirmado aquellos con PCR positiva en escara y/o en capa blanca o seroconversión de IgG.

Resultados

Desde enero de 2015 hasta mayo de 2023 se confirmaron 150 casos: 148 mediante PCR y 2 mediante serología. La edad de los pacientes osciló entre 8 y 89 años, y 99 (66%) eran hombres. La mayoría de los casos (85%) fueron diagnosticados durante los meses de verano (diciembre-marzo). El número anual de casos varió de 3 a 58; 2023 tuvo el mayor número de casos. Los signos y síntomas más frecuentes fueron: escara (97%), fiebre (90%), dolor de cabeza (86%), exantema (85%), mialgia (78%), sudores nocturnos (65%), artralgia (35%), linfadenopatía (27%) y compromiso del sensorio (11%). Las anomalías de laboratorio incluyeron proteína C-reactiva elevada (89%), transaminasas elevadas (71%), trombocitopenia (40%) y leucopenia (32%). El 23% de los pacientes fue hospitalizado (1 en unidad de cuidados intensivos). 146 casos presentaron escara única, mientras que 4 pacientes tuvieron 2 escaras. La escara se localizó en extremidades inferiores (52%), tronco (30%), extremidades superiores (13%) y cabeza/cuello (5%). Los casos se adquirieron en 6 regiones del sur de Chile (desde Biobío a Tierra del Fuego) y ocurrieron después del contacto con la vegetación/leña relacionada con actividades laborales/domésticas (residentes) o durante el senderismo/camping (turistas). El 86% de los pacientes recibió doxiciclina, evolucionando favorablemente; no se han reportado casos fatales.

Conclusiones.

La mayoría de los pacientes con TM en Chile se presentan con la tríada fiebre, escara y exantema, acompañado de síntomas constitucionales. La enfermedad muestra un claro patrón estacional con predominio en los meses de verano y afecta principalmente a adultos que realizan actividades en contacto con vegetación en zonas rurales del sur del país. Los pacientes muestran una muy buena respuesta a doxiciclina. Los datos confirman que esta rickettsiosis es endémica en el sur del país, por lo que los médicos deben estar capacitados en plantear el diagnóstico, realizar la notificación a la autoridad sanitaria, solicitar la toma de muestras confirmatorias e iniciar la terapia antibiótica recomendada. Persisten aun varios desafíos, entre ellos identificar casos incompletos o atípicos e identificar nuevas zonas geográficas afectadas

Keywords: Tifus de los matorrales, *Orientia*

Financing: Proyectos FONDECYT Regular 1100817 (2013-2016); 1180710 (2017-2021); 1220813 (2022-2026)

Acknowledgments: Al personal de salud de numerosos centros de salud que han detectado y reportado casos sospechosos.

C019

Intervenciones del programa de optimización del uso de antimicrobianos en el manejo de las infecciones del tracto urinario en pacientes hospitalizados en un servicio de urgencias

Nadía Curilén Valenzuela^{1,2}, Ruth Rosales Chacón¹, Ariel Castro Lara², Claudia Monterrosa Monterrosa¹, Claudio González Muñoz¹, Hanzel Oppliger Schmied¹, Francisco Zamora Vargas¹, Gustavo Saint-Pierre¹, Jorge Godoy¹

(1) Hospital Barros Luco Trudeau, Gran Av. José Miguel Carrera 3204, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Farmacia, Ciencias Químicas y Farmacéuticas, Dr. Carlos Lorca Tobar 964, Santiago, Chile

Introducción: El aumento y uso inadecuado de los antimicrobianos ha provocado un crecimiento de la resistencia a estos fármacos, lo que disminuye su efectividad y representa una amenaza global para la salud pública. Para enfrentar este problema, se han implementado los Programas de Optimización del Uso de Antimicrobianos (PROA) que incluyen diversas estrategias para lograr un uso racional de los antimicrobianos. Sin embargo, su aplicación en los Servicios de Urgencias es limitada. Las infecciones del tracto urinario (ITU), comúnmente causadas por Enterobacterales, son una causa frecuente de visitas a estos servicios, siendo un diagnóstico de interés por la creciente resistencia a los antimicrobianos de estos microorganismos.

Objetivos: Evaluar el efecto de un *bundle* de intervenciones propuesto por un equipo PROA y dirigido por un farmacéutico clínico sobre la estadía hospitalaria, la mortalidad a los 30 días y la duración del tratamiento antibiótico de las ITU en un Servicio de Urgencias.

Materiales y métodos: Estudio cuasiexperimental de diseño antes y después compuesto por una etapa diagnóstica (fase I), una de elaboración e implementación del *bundle* (fase II) y otra de intervención y evaluación (fase III). El *bundle* estuvo compuesto por una serie de intervenciones e incluyó 8 puntos críticos identificados durante la fase I del estudio. Este fue implementado en el Servicio de Urgencias a través de capacitaciones hacia el equipo clínico, distribución de infografías y material escrito, y retroalimentación activa. Se determinó la adherencia total al *bundle* y su impacto sobre la estadía hospitalaria, la mortalidad a los 30 días y la duración del tratamiento antibiótico total y por diagnóstico. Se compararon las variables entre fases mediante pruebas estadísticas para variables categóricas y continuas. El efecto de la intervención se evaluó mediante un modelo de regresión de *Poisson* ajustado por covariables, con medida de asociación el coeficiente beta. La mortalidad se evaluó mediante regresión logística ajustado por covariables, con la medida de asociación *Odds-Ratio* (OR). Se aceptó significancia estadística con un valor $p < 0.05$.

Resultados: Se evaluaron 67 pacientes en la fase I y 43 en la fase III. Se realizaron 288 intervenciones, con una tasa de aceptación del 85.1% y un 53.5% de adherencia al *bundle* ($p < 0.001$). La estadía hospitalaria disminuyó de 9 a 5 días ($p < 0.01$) y se correlacionó con la disminución de los días de tratamiento antibiótico total, cuya variación fue de 1 día entre las fases de estudio (coeficiente 0.078 a -0.061; $p = 0.367$). Se obtuvo una reducción significativa en la duración del tratamiento antibiótico en los casos de ITU baja de 5 a 3, cuyo resultado se atribuyó a la implementación y cumplimiento del *bundle*, lo cual fue comprobado en el análisis bivariado (coeficiente -0.721; $p = 0.033$). Por otra parte, el *odds* de mortalidad fue 2.2 veces mayor en los pacientes que no recibieron la intervención, lo cual no tuvo significancia estadística ($p = 0.343$).

Conclusiones: La implementación del *bundle* de intervenciones permitió optimizar el manejo antibiótico de las ITU y sus complicaciones, disminuyendo la estadía hospitalaria de forma significativa y también la duración del tratamiento antibiótico total y de la ITU baja. También se observó una magnitud de efecto relevante en la mortalidad a los 30 días de los pacientes intervenidos, aunque estos hallazgos no fueron significativos.

Keywords: bundle, PROA, resistencia bacteriana, antimicrobianos, infección del tracto urinario

Financing: Sin financiamiento



Área: Infecciones en inmunocomprometidos

Tratamiento antimicrobiano ajustado según etiología bacteriana en niños con cáncer y Neutropenia Febril: Nuevas estrategias para el uso racional de antimicrobianos, Chile

CO21

María Elena Santolaya de Pablo^{1,8}, Carolina Ibanez¹, Romina Valenzuela², Salomé Bahamondes², Verónica de la Maza², Milena Villarroel^{1,8}, Paulina Coria¹, Verónica Contardo^{3,8}, Ana María Álvarez^{4,8}, Marcela Zubieta⁵, Valentina Gutiérrez^{6,8}, Karen Ducasse^{7,8}, JUAN PABLO TORRES T.^{1,8}

- (1) (1) Departamento de Pediatría, Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
- (2) (2) Unidad de Investigación, Departamento de Pediatría, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
- (3) (3) Departamento de Pediatría, Hospital Dr. Roberto del Río, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
- (4) (4) Departamento de Pediatría, Hospital San Juan de Dios
- (5) (5) Departamento de Pediatría, Hospital Dr. Exequiel González Cortés.
- (6) (6) Departamento de Pediatría, Hospital Dr. Sótero del Río
- (7) (7) Departamento de Pediatría, Hospital Gustavo Fricke
- (8) (8) Comité de Infectología, Programa Infantil Nacional de Drogas Antineoplásicas (PINDA)

Antecedentes: En niños con episodios de neutropenia febril (NF) se recomienda mantener terapia AM de amplio espectro pese a la identificación bacteriana si el paciente se mantiene neutropénico. Esta conducta puede relacionarse a efectos adversos, incluido el incremento de la resistencia bacteriana.

Objetivo: Determinar la eficacia y seguridad del uso de terapia AM ajustada en niños con episodios de NF de etiología bacteriana.

Método: Estudio multicéntrico, prospectivo, realizado en 8 hospitales en Chile, desde marzo 2021 a julio 2023, en pacientes < 18 años con cáncer y episodios de NF, previa firma de consentimiento informado por los padres y asentimiento por los niños > de 9 años. El proyecto fue aprobado los Comités de Ética de los hospitales participantes. Al ingreso cada paciente fue evaluado de forma protocolizada. Si el paciente tuvo hemocultivos (+) se catalogó como una NF de etiología bacteriana. Todos los pacientes fueron seguidos de forma diaria. Si en la evaluación de las 48/72 la evolución clínica fue favorable, fueron aleatorizados 1:1 a mantener terapia AM de amplio espectro o a ajustar terapia AM. Se realizó test de Fisher y de U de Mann-Whitney para evaluar diferencias entre los grupos. Se consideró significativo un $p < 0,05$.

Resultados: Entre marzo 2021 y julio 2023 se evaluaron 861 episodios de NF, de los cuales 193 (22%) fueron de etiología bacteriana. De estos, 83/193 (43%) tuvieron evolución clínica favorable y se aleatorizaron luego de 48/72 horas de evolución: 37 (45%) a terapia estándar y 46 (55%) a terapia ajustada. La mediana de edad fue de 7 años (4-11) y 6 años (2-10) ($p=0,45$), el 44% y 39% fueron hombres ($p=0,62$) y el 57% y 58% tuvieron leucemia/linfoma como enfermedad de base ($p=0,94$). Los microorganismos más prevalentes fueron *Enterobacter cloacae*, *Escherichia coli* y *Streptococcus* grupo viridans. La evolución clínica fue similar en ambos grupos, evaluada a través de días de fiebre ($p=0,13$), días de hospitalización ($p=0,24$), desarrollo de sepsis ($p=0,5$) e ingreso a UCI ($p=0,69$). No hubo fallecidos en ninguno de los dos grupos. La mediana de número de AM usados por los pacientes disminuyó de tres (2-3) a uno (1-2) post aleatorización ($p=0,002$).

Conclusiones: Ajustar la terapia AM en niños con episodios de NF de etiología bacteriana es eficaz y seguro, disminuyendo significativamente el uso de AM y manteniendo la misma evolución clínica. Esta estrategia contribuye al uso racional de AM en esta población.

Keywords: Cáncer infantil, Neutropenia febril, Infección bacteriana

Financing: FONDECYT regular 1200964

Enterobacterias productoras de carbapenemasas aisladas desde superficies ambientales en dos recintos hospitalarios en Chile.

Esteban Alfredo Paredes Osses¹, Dafne Grobier¹, Omar Morales¹, María Cristina Martínez Hernández¹

(1) Instituto de Salud Pública de Chile, Departamento Nacional y de Referencia en Salud Pública, Marathon 1000, Santiago, Chile

Introducción: Los depósitos medio ambientales de resistencia a los antibióticos son motivo de creciente preocupación y están captando más la atención como posibles fuentes de infección en los seres humanos. Sin duda, los entornos hospitalarios constituyen el principal reservorio de bacterias multirresistentes. Las enterobacterias resistentes a los carbapenémicos son particularmente peligrosas, ya que los carbapenémicos suelen ser los últimos fármacos disponibles para tratar infecciones multirresistentes. Además, la genética de estos patógenos permite conferir resistencia a los carbapenémicos mediante ciertos genes productores de carbapenemasas, enzimas que descomponen los carbapenémicos y otros antibióticos tipo β -lactámicos, los cuales pueden ser fácilmente transferidos en forma vertical como horizontal.

Objetivo: Identificar la presencia de enterobacterias productoras de carbapenemasas desde superficies medio ambientales en dos centros hospitalarios chilenos.

Materiales y Métodos: Se realizaron 110 hisopados en total desde los sifones de lavamanos, lavacopas y duchas considerando a los dos recintos hospitalarios de la Región Metropolitana de Chile. También se consideraron al menos 5 aguas residuales desde la red de descargas en cada recinto hospitalario. De cada hisopado se realizaron siembras para el aislamiento de enterobacterias en medios de cultivos selectivos y la identificación de ellas se realizó mediante espectroscopia de masas (MALDI-TOF). Se determinaron los perfiles de susceptibilidad antibiótica mediante equipo automatizado Sensititre® y en base a estos resultados se seleccionaron 39 cepas bacterianas. Finalmente, se les realizó la búsqueda de genes de resistencia mediante la reacción en cadena de la polimerasa. Los genes de interés fueron carbapenemasa de *Klebsiella pneumoniae* (bla_{KPC}), metalo- β -lactamasa de Nueva Delhi (bla_{NDM}), carbapenemasas tipo oxacilinas-48 (bla_{OXA-48}) y metalo- β -lactamasa mediada por integrón de Verona (bla_{VIM}).

Resultados: Se identificaron 16 especies de enterobacterias, dentro de las cuales destacan *Enterobacter kobei*, *Enterobacter hormaechei*, *Enterobacter roggenkampii*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas oleovorans*, *Raoultella ornithinolytica*, *Citrobacter amalonaticus* y *Citrobacter freundii*, siendo esta última la especie mayormente aislada. Las Enterobacterias estudiadas resultaron 100% resistentes a los antibióticos amoxicilina/ácido clavulánico y cefotaxima. Con valores por sobre el 50% de las cepas estudiadas resultaron resistentes a ceftazidima (94,9%), ceftolozano/tazobactam (94,9%), piperacilina/tazobactam (92,3%), imipenem (82,1%), ertapenem (74,4%), ceftazidima/avibactam (71,8%), trimetoprim/sulfametoxazol (71,8%), meropenem (69,2%), tobramicina (66,7%) y ciprofloxacino (61,5%). Los genes de resistencia a carbapenemasas identificados fueron: bla_{NDM} (53,8%), bla_{VIM} (38,5%) y bla_{KPC} (20,5%). El gen bla_{OXA-48} no fue identificado en ninguna cepa estudiada. También se identificaron cepas con dos genes a carbapenemasas bla_{NDM} - bla_{VIM} (10,3%) y bla_{KPC} - bla_{NDM} (2,6%).

Conclusiones: La presencia de enterobacterias resistentes a carbapenemasas en los sifones de lavamanos, lavacopas y duchas de los centros hospitalarios era algo predecible. El contacto tanto de personal médico, como pacientes, fómites, o las diferentes vías de movimientos de estas bacterias patógenas, favorece su permanencia en sitios que habitualmente presentan rutinas de limpieza y desinfección. Los resultados sugieren la persistencia de ellas, frente a los diferentes métodos de control de crecimiento y diseminación. Sin duda, este trabajo propone una vigilancia activa que debe ser llevada por los diferentes actores del sistema de salud y generar nuevos estudios que permitan observar las rutas probables de desarrollo y diseminación de estas bacterias resistentes a carbapenémicos y conocer sus mecanismos de sobrevivencia a pesar de los múltiples esfuerzos de erradicación.

Keywords: bacterias resistencia antimicrobianos ambiente salud

Financing: Instituto de Salud Pública

Acknowledgments: Sección Microbiología de Alimentos y Ambiente. Departamento Nacional y de Referencia en Salud Ambiental. ISP.



Área: Infecciones en inmunocomprometidos

Validación de la suspensión de terapia antimicrobiana en episodios de neutropenia febril en niños con cáncer e infección respiratoria viral demostrada: ensayo clínico aleatorizado

CO23

Juan Pablo Torres^{1,8}, Carolina Ibanez¹, Romina Valenzuela², Salomé Bahamondes², Verónica De la Maza², Milena Villarroel^{1,8}, Paulina Coria¹, Verónica Contardo^{3,8}, Ana María Álvarez^{4,8}, Marcela Zubieta⁵, Valentina Gutiérrez^{6,8}, Karen Ducasse^{7,8}, María Elena Santolaya de Pablo^{1,8}

- (1) (1) Departamento de Pediatría, Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
- (2) (2) Unidad de Investigación, Departamento de Pediatría, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
- (3) (3) Departamento de Pediatría, Hospital Dr. Roberto del Río, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
- (4) (4) Departamento de Pediatría, Hospital San Juan de Dios
- (5) (5) Departamento de Pediatría, Hospital Dr. Exequiel González Cortés.
- (6) (6) Departamento de Pediatría, Hospital Dr. Sótero del Río
- (7) (7) Departamento de Pediatría, Hospital Gustavo Fricke
- (8) (8) Comité de Infectología, Programa Infantil Nacional de Drogas Antineoplásicas (PINDA)

Introducción: Los niños con cáncer están expuestos a infecciones virales, bacterianas o fúngicas durante los episodios de neutropenia febril (NF), recibiendo habitualmente terapia antimicrobiana (AM) por al menos 7 días. Las infecciones respiratorias virales (IRV) se han descrito cada vez más como agentes etiológicos en episodios de NF. Previamente, nuestro grupo reportó la eficacia y seguridad de suspender la terapia AM en episodios de NF en niños con cáncer que tuvieran una IRV demostrada. Nuestro objetivo en el presente estudio fue validar esta estrategia en una nueva cohorte prospectiva de pacientes.

Métodos: Estudio prospectivo y aleatorizado en niños con NF de 8 hospitales de Chile, evaluados al ingreso para diagnóstico de bacterias y virus incluyendo panel molecular para detección de 20 patógenos respiratorios, posterior a la firma de consentimiento/ asentimiento. Los niños con detección de un virus respiratorio, sin detección de bacterias y con una evolución favorable tras 48 horas de evolución fueron aleatorizados para mantener o suspender la terapia AM. El resultado primario fue el porcentaje de episodios con resolución sin complicaciones. Los criterios secundarios fueron días de fiebre, días de hospitalización, sepsis, ingreso en unidad de cuidados intensivo (UCI) y muerte. Estudio aprobado por comité de ética de cada institución.

Resultados: Entre marzo 2021 y julio 2023 se enrolaron 861 episodios de NF, de los cuales 263 (30%) tuvieron un virus respiratorio como microorganismo único identificado, de los cuales 138 (52%) tuvieron una evolución favorable a las 48/72 horas y fueron aleatorizados, 72 a mantener terapia AM y 66 a suspenderla. La mediana de duración del uso de AM fue de 5 versus 3 días ($p < 0,01$). La frecuencia de evolución clínica favorable fue similar en ambos grupos (70/72 (97%) y 65/66 (98%) respectivamente ($p > 0,05$). El número de días de fiebre fue menor en el grupo con suspensión de AM (1 vs 2 días, $p = 0,01$) y los días de hospitalización fueron similares en ambos grupos (5 días). Se reportó un caso de sepsis que requirió ingreso a UCI en el grupo que mantuvo AM, sin casos de muerte en la serie.

Conclusiones: Fue posible validar una estrategia de suspensión de terapia AM en episodios de NF en niños con cáncer e IRV demostrada. Esto permitirá avanzar a un uso más racional de AM, adoptando un manejo basado en la evidencia en las diferentes guías de manejo en esta población y con un potencial impacto en la resistencia bacteriana.

Keywords: Cáncer infantil, Neutropenia febril, Infección viral

Financing: FONDECYT regular n° 1200964

Caracterización de bacterias Gram negativas productoras de carbapenemasas aisladas de colonización de pacientes hospitalizados: estudio prospectivo

Celia A. Lima¹, Gisela Riedel^{2,3}, Henriette Chabouty⁴, Alejandra Vera Leiva⁵, Néstor Herrera-Chávez⁴, Vanessa Grosollí⁴, Iván Rodríguez López⁴, Roberto Vega⁴, Luis Luengo¹, Helia Bello Toledo⁶, Gerardo Gonzalez Rocha⁶

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Prevención y Salud Pública, Facultad de Odontología, Concepción, Chile

(2) Universidad de Concepción, Departamento de Medicina Interna, Facultad de Medicina, Concepción, Chile

(3) Servicio de Medicina Interna, Hospital Guillermo Grant Benavente, Concepción, Chile.

(4) Laboratorio Clínico, Hospital Guillermo Grant Benavente, Concepción, Chile.

(5) Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andres Bello, Talcahuano, Chile.

(6) Universidad de Concepción, Depto. de Microbiología, Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos, Facultad de Ciencias Biológicas, Concepción, Chile.

Introducción:

La resistencia a los antibióticos es una de las mayores amenazas que enfrenta la humanidad en todo el mundo y se espera que empeore con el tiempo. La resistencia a los carbapenémicos es de suma importancia, ya que limita las opciones de tratamiento, que pueden llegar a ser incluso inexistentes, lo que se traduce en un aumento de la morbimortalidad de los pacientes, así como en un aumento de los costos hospitalarios. Es de importancia identificar qué pacientes presentan colonización por microorganismos resistentes a carbapenémicos, tanto para predecir el riesgo de presentar una infección clínica y proporcionar un tratamiento empírico adecuado a los pacientes como para prevenir la diseminación de estos microorganismos a otros pacientes o al entorno hospitalario.

Objetivos: El objetivo de este estudio piloto prospectivo fue evaluar la prevalencia de bacterias Gram negativas resistentes a carbapenémicos en pacientes hospitalizados en unidades de paciente crítico del Hospital Clínico Regional Dr. Guillermo Grant Benavente (HGGB), un hospital terciario de alta complejidad en Concepción, Chile, y caracterizar fenotípica y genotípicamente los aislados bacterianos.

Material y método: La detección de bacterias portadoras de carbapenemasa mediante tamizaje por crecimiento en agar CHROMID® CARBA SMART (Biomérieux) fue pesquisada a través de hisopado rectal en 507 adultos hospitalizados el año 2022 en unidades de cuidados intensivos e intermedios médicas y quirúrgicas del HGGB. Se obtuvo la información demográfica de los participantes (edad, sexo, unidad de hospitalización). Las bacterias aisladas (n=35) se caracterizaron mediante inmunocromatografía para la detección de las carbapenemasas OXA-48-like, KPC, NDM, VIM y VIM (O.K.N.V.I. Resist-5, CORIS), test de carba NP, antibiograma y se determinó la concentración mínima inhibitoria (CIM) para 24 antibióticos. La secuenciación del genoma completo de las bacterias aisladas se realizó mediante la plataforma Illumina NovaSeq. (2x150 pb) y el análisis bioinformático se realizó mediante métodos de CosmosID-HUB.

Resultados: Se encontró una prevalencia de colonización por bacterias portadoras de carbapenemasas del 7% (35/507), el 8% de los hombres y el 6% de las mujeres eran portadores de estas bacterias, rango de edad 29-76 años. Los pacientes colonizados se encuentran hospitalizados tanto en las unidades de paciente crítico como en las unidades de tratamiento intermedio, no observándose diferencias significativas.

Las carbapenemasas más prevalentes encontradas por el test de inmunocromatografía fueron, KPC, NDM y VIM (63%, 31% y 6% respectivamente). El análisis molecular confirmó la presencia de genes de carbapenemasas bla_{NDM} , bla_{KPC} y bla_{VIM} . La secuenciación de ADN identificó las especies bacterianas *Klebsiella pneumoniae* (n=24) pertenecientes a los secuenciotipos ST348, ST273, ST25 y ST258, *Citrobacter braakii* (n=4), *Pseudomonas aeruginosa* (n=6) secuenciotipos ST654 y ST111, y *Providencia rettgeri* (n=1). No se detectaron otros genes codificadores de carbapenemasas en la secuenciación del genoma de las cepas.

Todas las cepas son no susceptibles al menos a uno de los cuatro carbapenémicos ensayados (imipenem, meropenem, ertapenem, doripenem), y todas son resistentes a las cuatro cefalosporinas ensayadas (ceftriaxona, cefepime, ceftazidima y cefazolina). La clase de las tetraciclinas fue la que menos resistencia evidenció. Resistencia a fluoroquinolonas (91% ciprofloxacino, 94% levofloxacino), aminoglucósidos (86% gentamicina y tobramicina, 44% ampicacina) y trimetoprim sulfametoxazol (86%) fue común así como a nitrofurantoína (82%). No se observó resistencia a tigeciclina.

Conclusiones: Los pacientes hospitalizados en el HGGB colonizados por bacterias Gram negativas portadoras de carbapenemasas eran diversos en edad y unidad de hospitalización, y no hubo preferencia por sexo. Se aislaron cuatro especies bacterianas con diferentes MLST, cada una de las cuales portaba una de las tres variantes de carbapenemasa identificadas. Los aislados bacterianos tenían en su mayoría un perfil de resistencia a betalactámicos, incluyendo aquellos agentes combinados con tazobactam, sulbactam o ácido clavulánico, así como resistencia a carbapenémicos.

Keywords: prevalencia, UCI, carbapenemasa, Resistencia antibiótica, genoma bacteriano

Financing: innovation for Evidence I4E Pfizer Grant #60346825

Área: Infecciones por virus de inmunodeficiencia humana y otras infecciones de transmisión sexual

Resultados clínicos y factores de riesgo para recuperación inmunológica y mortalidad en Latinos viviendo con VIH en terapia exitosa: una cohorte retrospectiva

CO25

Gabriel Castillo-Rozas^{1,2,3,4,12}, Shengxin Tu^{4,5}, Paula M. Luz^{4,6}, Fernando Mejía^{4,7}, Juan Sierra-Madero^{4,8}, Vanessa Rouzier^{4,9}, Bryan E. Shepherd^{4,5}, Claudia P. Cortés^{3,4,10,11,12}

- (1) Laboratorio de Virología Molecular y Celular, Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad de Chile, Santiago, Chile
- (2) Laboratorio de Regulación e Inmunomodulación del Cáncer, Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad de Chile, Santiago, Chile
- (3) Center for HIV/AIDS Integral Research, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile
- (4) Caribbean, Central and South America Network for HIV Epidemiology (CCASAnet)
- (5) Departamento de Bioestadística, Universidad de Vanderbilt, Nashville, Tennessee, EUA
- (6) Instituto Nacional de Enfermedades Infecciosas Evandro Chagas, Fundación Oswaldo Cruz, Rio de Janeiro, Brasil
- (7) Instituto de Medicina Tropical Alexander von Humboldt, Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú
- (8) Instituto Nacional de Ciencias Médicas y Nutrición Salvador Zubirán, Ciudad de México, México
- (9) Grupo Haitiano de Estudios del Sarcoma de Kaposi y de las Infecciones Oportunistas, Puerto Príncipe, Haití
- (10) Departamento de Medicina Interna Centro, Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile
- (11) Hospital Clínico San Borja Arriarán & Fundación Arriarán
- (12) Instituto Milenio de Inmunología e Inmunoterapia, Santiago, Chile

Introducción: la reconstitución inmune tras el inicio de la terapia antirretroviral (TAR) es crucial para prevenir comorbilidades asociadas (y no) a VIH/SIDA. Aquellos pacientes que no logran recuperar la inmunidad celular están expuestos a un mayor riesgo de morbilidad durante el seguimiento a largo plazo, aunque los mecanismos subyacentes no se comprenden cabalmente.

Objetivos: describir la morbilidad y los factores de riesgo para un peor desenlace inmunológico y mortalidad por todas las causas en personas viviendo con VIH (PVVIH) de 5 países latinoamericanos, estratificados de acuerdo con su desenlace inmunológico tras el inicio de la TAR.

Métodos: se estudió una cohorte retrospectiva a partir de la base de datos de la red para la investigación epidemiológica en VIH de Latino América y el Caribe (CCASAnet): se incluyeron PVVIH ≥ 18 años al inicio de la TAR bajo tratamiento con un esquema triasociado, carga viral indetectable y con seguimiento por al menos 24 meses tras el inicio del tratamiento. Los centros participantes fueron Chile, Perú, Brasil, México y Honduras, contando con la aprobación de los Comités de Ética respectivos. Los pacientes fueron divididos en 4 grupos según los cuartiles aproximados de aumento de linfocitos T CD4 (LT CD4) a los 2 años de iniciada la terapia: (<150 , [150, 250], [250, 350] y >350 células/mm³). Los desenlaces evaluados incluyeron: mortalidad por todas las causas, eventos definitorios de SIDA y enfermedades no transmisibles detectadas tras 2 años de terapia efectiva. Los factores asociados con mayor incremento de LT CD4 a los 2 años de tratamiento fueron evaluados usando un modelo de probabilidad acumulada. Cada centro

Resultados: En nuestra cohorte de 4.496 pacientes se encontró que aquellos con el menor aumento de LT CD4 a 2 años (<150) tuvieron la probabilidad más baja de sobrevida a 10 años de seguimiento. A su vez, un menor aumento de LT CD4 (y no un menor recuento basal previo al inicio de la terapia) y mayor edad (>40 años) constituyeron factores de riesgo para mortalidad por todas las causas. Además, la mayor edad, el sexo masculino y un mayor recuento basal de LT CD4 se asociaron con un menor aumento de LT CD4 tras el inicio del tratamiento.

Conclusiones: Nuestro estudio muestra que las PVVIH con menor incremento de LT CD4 tendrían menores probabilidades de sobrevida. El aumento de LT CD4 durante el seguimiento podría ser un mejor predictor de mortalidad en PVVIH indetectables que el recuento basal previo al inicio de la TAR, que es lo utilizado actualmente. Por lo tanto, debería ser incluido como una variable clínica a registrar con el fin de evaluar la recuperación inmunológica y la sobrevida global durante el seguimiento.

Keywords: reconstitución inmune, morbilidad en VIH/SIDA, recuento de linfocitos T CD4, VIH en Latinoamérica

Financing: Este trabajo fue apoyado por CCASAnet, red que es financiada por el NIH (EEUU).

Acknowledgments: Agradecimientos a todos los sitios miembros de CCASAnet que aceptaron colaborar en este trabajo.

Secuelas a largo plazo en pacientes con enfermedad meningocócica invasora: Evaluación física, psicológica, neurocognitiva, audiológica y de calidad de vida

Rodolfo Villena Martínez^{1,2}, **María Elena Santolaya de Pablo**^{3,4}, Cindy Arteta Acosta³, Salome Bahamondes⁴, Romina Valenzuela⁴, Belen Sepulveda⁵, Eduardo Cifuentes⁶, Jimena Alvarado^{3,4}, Karla Mascaró⁷

- (1) Universidad de Chile, Pediatría Sur, Medicina, Santiago, Chile
- (2) Hospital de niños Dr Exequiel González Cortes, Santiago, Chile
- (3) Universidad de Chile, Pediatría Oriente, Medicina, Santiago, Chile
- (4) Hospital de niños Dr Luis Calvo Mackenna, Santiago, Chile
- (5) Instituto de Salud Pública, Sección de farmacovigilancia de vacunas, Santiago, Chile
- (6) Universidad Andres Bello, Programa de Doctorado en Biociencias moleculares, Santiago, Chile
- (7) Municipalidad de La Reina, Programa de Integración escolar, Corporación de Desarrollo, Santiago, Chile

Introducción: Se estima que alrededor de 30% de los sobrevivientes de la enfermedad meningocócica invasora (EMI) podrían presentar secuelas a largo plazo, por lo que la OMS promueve su evaluación para entregar apoyo a los pacientes y sus familias, sin embargo, se desconocen datos de la prevalencia de secuelas en Latinoamérica.

Objetivo: Evaluar y describir las secuelas a largo plazo de pacientes pediátricos que hayan tenido EMI.

Materiales: Estudio caso-control de pacientes ingresados por EMI microbiológicamente confirmada, entre los años 2005-2019 en 2 hospitales pediátricos de Santiago, Chile, que al momento de la evaluación actual fueran > 6 años. El grupo control consistió en sujetos pareados por edad, sexo y condición socioeconómica. Casos y controles fueron evaluados por infectólogo, y en forma ciega por kinesiólogo, fonoaudiólogo (audiometría), fisiatra (escala de calidad de vida con software PediCat) y psicóloga (función neurocognitiva, utilizando la escala de inteligencia de WISC-V para sujetos entre 6-16 años y WAISV-IV para >17 años). El estudio fue aprobado por los comités de ética de cada hospital y se obtuvieron consentimientos/asentimientos previo a las evaluaciones. Se realizó un análisis univariado con test de Fisher para variables categóricas y U de Mann-Whitney para cuantitativas, considerando significativo un valor de $p < 0,05$.

Resultados: Se evaluaron un total de 40 casos y 42 controles; mediana de edad 10 (9-13) y 11 (9-14) años respectivamente, predominó sexo masculino en ambos grupos (68% y 69%). La distribución de serogrupos y manifestaciones clínicas de los casos fueron MenB (35%), MenW (50%), MenC (3%), NG (12%); meningitis (15%), meningococemia (25%), meningitis+meningococemia (40%), artritis séptica (12%) y bacteriemia (8%). Los casos fueron evaluados 9,4 años postEMI, encontrándose secuelas en el 70% (versus 24% en los controles ($p=0,000$)); predominando las neurológicas (55%, $p=0,003$), dermatológicas (23%, $p=0,001$) y auditivas (20%, $p=0,01$), principalmente en meningitis, independiente del serogrupo. Se encontraron diferencias entre los casos y controles, en la percepción de situación económica estable (80% y 95%, $p=0,046$), número de personas que trabajan fuera del hogar (en 38% y 52%, $p=0,02$); tener nivel educativo superior (20% y 59%, $p=0,000$), ser dueñas de casa (20% y 2%, $p=0,013$); en el ingreso per capita familiar ($p=0,002$), puntuación de coeficiente intelectual total < 90 (55% y 22%, $p=0,006$), y audiometría anormal (22% y 2%, $p=0,007$). No hubo diferencias en las evaluaciones de fuerza ni dominancia entre ambos grupos, pero si en los metros recorridos evaluados mediante el TM6M ($p=0,03$). No hubo diferencias entre ambos grupos respecto de la interpretación de calidad de vida, sin embargo, en el subgrupo de casos con secuelas se reportó una baja calidad de vida, de manera más frecuente que aquellos sin secuelas (62% versus 8%, $p=0,004$)

Conclusiones: la EMI se mantiene como un problema de salud pública, con una alta tasa de secuelas a largo plazo, de predominio neurocognitivo y auditivos, principalmente en pacientes con antecedentes de meningitis. Se necesitan protocolos de seguimientos multidisciplinarios a largo plazo para optimizar la calidad de vida de aquellos pacientes que sobreviven a la EMI y sus familias.

Keywords: Enfermedad meningocócica invasora, Meningitis, Neisseria meningitidis, Secuelas

Financing: Proyecto de investigación colaborativo con Pfizer

Área: Infecciones emergentes, zoonóticas y parasitarias

Intervención educativa sobre hidatidosis/equinococosis quística en escolares del norte de Chile

Mauricio Castillo Montes¹, Alejandra Lagos Kramm¹, Marcela Cortés Sepúlveda¹

(1) Universidad Católica del Norte, Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Larrondo 1281, Coquimbo, Chile.

Introducción: La hidatidosis es una zoonosis cuyo control más eficiente y eficaz es la promoción en salud, especialmente en la población infanto-juvenil.

Objetivos: Medir el impacto de un programa de intervención educativa sobre hidatidosis en escolares de 3 comunas de la provincia de Limarí del norte de Chile.

Material y método: Estudio intervencional educativo con fases pre-post test en 3.145 estudiantes de educación preescolar, primaria y secundaria de las comunas de Combarbalá, Monte Patria y Punitaqui, Provincia de Limarí, Región de Coquimbo, realizado entre los años 2014 y 2018. Las 3 comunas se caracterizan por tener altas prevalencias de hidatidosis. Se definieron dimensiones, unidades educativas y sistemas de evaluación incorporados en las bases curriculares para 7 niveles educacionales, desde 2° nivel de educación parvularia hasta 4° año de educación media. Los objetivos y metodologías se adecuaron a cada nivel. Se diseñaron 7 instrumentos de evaluación (pre y post test), uno para cada nivel, los que fueron sometidos a un proceso de validación de contenido por un panel de expertos, un piloto, análisis de fiabilidad y validez de constructo. Los instrumentos midieron 5 dimensiones: causas, ciclo del parásito, tenencia responsable de perros, medidas de autocuidado, descripción e historia natural de la enfermedad. Se realizaron análisis descriptivos y de frecuencias para caracterizar la muestra, posteriormente se revisó el cumplimiento de normalidad (Kolmogorov-Smirnov) y se encontró una distribución normal ($p > 0,05$). Se calculó el puntaje de logro de respuestas correctas utilizando la prueba t. Se estimó el tamaño del efecto mediante d de Cohen (d entre 0 y 0,1 sin efecto prácticos; entre 0,2 y <0,4 tiene un efecto pequeño; entre 0,5 y 0,7 efecto moderado y, superior a 0,7 revela tamaños del efecto grandes). Finalmente se realizó análisis de varianza mixto (intra e inter-sujetos).

Resultados: Se encontraron diferencias estadísticamente significativas en la muestra total y en las variables género, comuna, procedencia rural-urbana y nivel de educación ($p < 0,001$). Los puntajes post-intervención fueron mayores y con tamaños de efecto grandes (d de Cohen=0,9) a excepción educación parvularia y 1°-2° de educación básica donde fueron moderados. Se hallaron puntajes mayores post-test y efectos de interacción con diferencias significativas en el sector rural sobre el urbano y en la comuna de Punitaqui sobre Combarbalá y Monte Patria (escolares de Punitaqui habían sido intervenidos anteriormente en otros proyectos educativos). Al analizar las 5 dimensiones, se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre los puntajes pre y post-intervención para la muestra total, género, comuna, procedencia y nivel de educación ($p < 0,001$), siendo los puntajes post-intervención mayores que los pre-intervención, y en general los tamaños del efecto para la muestra total son mayoritariamente moderados en las dimensiones. Al analizar por nivel, las fluctuaciones entre tamaños del efecto oscilan entre pequeños hasta grandes, siendo las más bajas en "tenencia responsable de perros", cuyas preguntas en los test tenían incorporados temas tales como alimentar perros con vísceras, tratamientos antiparasitarios, control veterinario, ingreso a la vivienda, acceso libre a huertas, entre otros. Por otra parte, los tamaños del efecto grandes se encontraron en la dimensión "medidas de autocuidado", la que contenía temas de hábitos de vida saludable como el correcto lavado de manos, lavado de verduras y frutas y evitar el lamido de perros.

Conclusiones: La educación sanitaria persistente permite obtener buenos resultados, lo que se evidenció en la comuna de Punitaqui que había sido intervenida anteriormente al proyecto con programas educativos sobre hidatidosis. Los mejores resultados obtenidos en las zonas rurales en comparación con las urbanas, demostraría la relevancia que tiene esta zoonosis en la ruralidad, donde existe mayor conocimiento e interés sobre el tema. El menor efecto encontrado en la dimensión "tenencia responsable de perros" demuestra que esta área debiera ser considerada por el rol del perro en la transmisión de la enfermedad. El programa educativo fue efectivo al ser dirigido a grupos etarios, mediante métodos pedagógicos en las bases curriculares de los establecimientos educacionales. Son fundamentales las políticas públicas, financiación estatal y participación de la comunidad que permitan su permanencia en el tiempo.

Keywords: Hidatidosis; equinococosis quística; educación sanitaria; evaluación educacional; pre-post test.

Financing: Gobierno Regional Coquimbo, según licitación del Ministerio de Salud de Chile (ID1657-15-LP13)

Acknowledgments: SEREMI de Salud Coquimbo, SEREMI de Educación Coquimbo, JUNJI de Limarí, Municipalidades de Combarbalá, Monte Patria y Punitaqui, establecimientos educacionales y personal docente

CO27

Implementación de un Protocolo de Prevención de Transmisión Vertical del virus linfotrópico de células T humano tipo I/II en una Región de Chile.

Yessenia Ortunio Martínez¹, Ximena Aramayo Seoane², Su-elen Jofre Gonzalez¹

(1) Hospital Dr. Juan Noé Crevani, Programa de Enfermedades Emergentes y Reemergentes, Arica, Chile.

(2) Hospital Dr Juan Noé Crevani, Servicio de Neonatología y Consulta Pediátrica de Infectología, Arica, Chile.

Introducción: El virus linfotrópico de células T humano, denominado HTLV, es el primer retrovirus descubierto en 1977 y es capaz de generar infección asintomática de forma prolongada, siendo considerado el más potente de los oncovirus humanos. Se transmite principalmente por contacto directo con fluidos corporales infectados como sangre, leche materna y semen. Actualmente, la vía perinatal por lactancia materna es muy importante pues es una de la más susceptible de prevención. En Chile, estudios iniciales mostraron una prevalencia de 0,7% en la población general, se desconocen cifras de prevalencia en gestantes y tasas de transmisión vertical. En 2018 se publica el Protocolo de atención de pacientes HTLV-I del Ministerio de Salud, el cual sugiere como estrategias de prevención el tamizaje de infección por HTLV a toda embarazada en control prenatal y la recomendación de suspensión de lactancia materna en toda madre HTLV positiva. En Arica se pone en marcha este protocolo en el año 2021

Objetivos: Describir el desarrollo y la implementación de un Protocolo de Prevención de Transmisión Vertical de HTLV I/II en la Región de Arica y Parinacota y Determinar la prevalencia de las gestantes con HTLV-I/II en el sistema de salud pública en esta región entre Septiembre de 2021 a Mayo de 2023.

Materiales y Método: Se trata de un estudio observacional, descriptivo que se enmarca en un trabajo dinámico interinstitucional, entre el Servicio de Salud Arica de la Región de Arica y Parinacota (SSA), Hospital Dr Juan Noé Crevani (HJNC) y la Dirección de Salud Municipal (DISAM) con el apoyo del Instituto de Salud Pública (ISP) y que se inicia con la toma de una muestra de sangre venosa en el segundo trimestre del embarazo a todas las gestantes en control prenatal en el sistema de salud público de la región, con la técnica de Inmunoensayo de electroquimioluminiscencia (ECLIA) para HTLV I/ II. Las muestras reactivas se envían a confirmación al ISP, mediante IFI, inmunoensayo y PCR. Las gestantes confirmadas, ingresaron a control con infectólogo en el programa de enfermedades emergentes y reemergentes (PoliERRE) para educación y seguimiento además de control obstétrico de alto riesgo, determinándose la vía del parto según las condiciones materno-fetales. En puerperio se refuerza la supresión farmacológica de la lactancia y al alta el recién nacido recibe fórmula láctea hasta su ingreso al programa de alimentación complementaria y simultáneamente es derivado a infectología pediátrica con controles hasta los 36 meses de edad, tiempo durante el cual se le toman 3 muestras de PCR y ECLIA de HTLV I/II, la primera en los primeros 15 días de vida, la segunda a los 12 meses de edad y la tercera a los 36 meses.

Resultados: Se realizaron 4589 test ECLIA HTLV I/II a gestantes desde Septiembre de 2021 a Mayo 2023 con resultado de 18 embarazadas confirmadas por ISP, determinando una prevalencia de 0,39%. Se cumplió protocolo de supresión farmacológica de lactancia en todas las gestantes, solo una de ellas inició al quinto de día de nacimiento por negativa inicial. En cuanto a los recién nacidos se les ha tomado 1ra PCR-ECLIA a los 18 RN de madres positivas siendo todos negativos en esta primera muestra, 8 tienen 2da PCR negativa y aún están pendientes datos por edad no cumplida.

Conclusiones: La prevalencia de HTLV I/II en gestantes controladas en el sistema de salud público de la región de Arica y Parinacota fue de 0,39% de HTLV. El 100% de las madres adhirió a suspensión farmacológica de lactancia materna y hasta la actualidad no se han confirmado casos de transmisión vertical, aunque aún falta seguimiento dado la edad de los lactantes para el momento de esta publicación.

Keywords: HTLV, TRANSMISION, VERTICAL, GESTANTE, PROTOCOLO

Financing: Recursos del SSA y las autoras.

Acknowledgments: SSA- Especialmente EU Makarena LilloHJNC: Directiva, Comité de Ética, Obstetricia, Pediatría, PoliERRE, Banco de Sangre (Especialmente Dra Magdalena Gardilic)ISPDISAM

Área: Diagnóstico de laboratorio

Comparación de método estándar vs panel molecular de neumonía en diagnóstico etiológico de las infecciones respiratorias bajas graves en pacientes pediátricos

CO29

Maria Carolina Rivacoba Rojas^{1,3}, Monica Lafourcade², Pamela Lama¹, Michelangelo Lapadula¹, Karla Yohannessen⁵, Javiera Antinao⁴, Valentina Comte⁴, Ginger Marin⁴, Ximena Ormazabal⁴, Jose Peñaloza⁴

(1) Clínica Santa María, Unidad paciente crítico pediátrico clínica Santa María, Chile

(2) Microbióloga Laboratorio Vidaintegra Clínica Santa María, Laboratorio Vidaintegra Clínica Santa María, Chile

(3) Clínica Santa María, Pediatría- Infectología pediátrica, Chile

(4) TM Laboratorio Microbiología Vida Integra Clínica Santa María, Laboratorio Microbiología Vida Integra Clínica Santa María, Chile

(5) Escuela de salud pública Universidad de Chile, Programa de epidemiología, Chile

INTRODUCCIÓN

La neumonía constituye una de las principales causas de ingreso a UCI en pediatría. Conocer su etiología permite adecuar la terapia, siendo esto importante en el paciente crítico, ya que el tratamiento optimizado ajustado al microorganismo detectado ha demostrado mejores resultados y evita el uso innecesario de esquemas que pudieran generar resistencia antimicrobiana. Contar con técnicas moleculares rápidas que detecten virus, bacterias y genes de resistencia puede ser un apoyo al estudio tradicional que es lento y de bajo rendimiento.

OBJETIVOS:

Describir la etiología y clínica de las infecciones respiratorias (IRA) bajas que ingresan a UCI pediátrica que requieren ventilación mecánica (VM) y su manejo.

Evaluar el impacto clínico del panel FilmArray (FA) de Neumonía en el manejo de IRA bajas del paciente pediátrico.

Evaluar el desempeño del panel FA de Neumonía en el diagnóstico etiológico de infecciones respiratorias bajas de niños con IRA baja comparado con el estudio microbiológico estándar.

METODOLOGÍA:

Estudio prospectivo entre 2019 – 2022 de niños con IRA baja que ingresa a VM invasiva en Clínica Santa María. Se realizó aspirado endotraqueal (AET) al momento de intubar al cual se le hizo cultivo cuantitativo y FA de Neumonía; además se tomó hemocultivos y FA respiratorio en hisopado nasofaríngeo, previa firma de consentimiento informado por los representantes de los niños.

RESULTADOS

Durante el período se reclutaron 78 niños, de los cuales se excluyeron 3 por no cumplir con los criterios de inclusión. 75 pacientes de los cuales el 50.7% (38) corresponden a niños, la mediana de edad fue de 16,5 meses (IQR 3-47). El 58.7% tenía alguna enfermedad de base.

Los diagnósticos de egreso más frecuentes fueron: Neumonía de la comunidad 62.7%, Bronquiolitis 14.7% y NAVM 6.7%. Un 34.7% (26) usó antimicrobianos previo al ingreso. Todos ingresaron a VM, un 5.3% a VAFO y 1.3% a ECMO. Un 78.7% recibió corticoides y 6.7% óxido nítrico por hipertensión pulmonar. El 97.3% usó antibióticos con una mediana de duración de 10 días.

En un 49% se detectó virus por panel FA neumonía, en tanto que en por FA respiratorio en un 72% de casos. En un 45.3% el AET fue positivo, en tanto que en 90.7% FA de neumonía fue positivo, lo que determina un VPP de 94.1 (CI95% 80.3-99.3). Respecto a las detecciones el FA neumonía en 31 pacientes detectó bacteria/virus (45.6%), en 29 sólo bacterias (43%) y en 7 sólo virus (10.3%). En 6 casos se detectó algún gen de resistencia.

En un 52% de los casos se detectó coinfección virus-bacteria por FA neumonía en tanto que en un 36% por cultivo AET + FA respiratorio. Los principales MO detectados por ambos métodos fueron: *Haemophilus influenzae*, seguido de *S. pneumoniae*.

La concordancia entre el método estándar y FA neumonía fue total en 27 pacientes, parcial en 11, es decir, al menos 1 de los agentes microbiológicos detectados por cultivo AET y en 38 detecciones no hubo concordancia. Cabe destacar que en 46.2% de casos en que AET negativo con FA de neumonía positivo, había uso previo de antimicrobianos (p=0,001). De los 8 agentes bacterianos detectados por FA neumonía en recuento 10⁴ sólo 1 se detectó por cultivo.

En 35 pacientes (51.4%) el resultado de FA de neumonía determinó un cambio de conducta clínico esto es ajuste de esquema antimicrobiano o adición precaución específica.

Citomegalovirus congénito (CMVc) en Chile: resultados de la red nacional de CMVc.

Giannina Izquierdo^{1,2,11}, Cesar Haro⁴, Manuel Paredes⁵, Loreto Twele⁵, Fernanda Cofré⁶, María Eugenia Castro⁷, Daniela Pavéz¹⁰, Yenis Labraña¹⁰, Carolina Cerda⁸, Juan Pablo Torres^{3,11}, Miembros RED CMVc Chile⁹

- (1) Servicio de Neonatología. Hospital Barros Luco Trudeau. Santiago, Chile.
- (2) Unidad de Infectología Pediátrica. Hospital Exequiel González Cortés. Santiago, Chile.
- (3) Unidad de Infectología Pediátrica. Hospital Luis Calvo Mackenna. Santiago, Chile.
- (4) Unidad de Infectología Pediátrica. Hospital Carlos Van Buren, Valparaíso, Chile
- (5) Servicio de Neonatología. Hospital de Puerto Montt, Puerto Montt, Chile
- (6) Unidad de Infectología Pediátrica. Hospital Roberto del Río, Santiago, Chile
- (7) Hospital Dr. Guillermo Grant Benavente, Concepción, Chile
- (8) Hospital Hernán Henríquez Aravena, Temuco, Chile
- (9) Miembros RED CMVc Chile, Santiago, Chile
- (10) Hospital San Juan De Dios, Santiago, Chile
- (11) Facultad de Medicina, Universidad de Chile, Santiago, Chile

Introducción: El citomegalovirus es la causa más frecuente de infección congénita (CMVc), con prevalencias y morbimortalidad variables a nivel mundial. La proporción de infección congénita por CMV o "carga de enfermedad" en el recién nacido (RN) es desconocida (el 90% son asintomáticos), en especial en países de bajos y medios ingresos.

Debido a que se trata de una enfermedad de baja prevalencia, se desarrolló un Registro Nacional con Fines de Investigación (RED CMVc-Chile) para generar conocimiento acerca de la infección por CMVc en nuestro país.

Objetivo: Caracterizar a la población de RN con infección por CMVc incluidos en la RED CMVc-Chile en sus variables demográficas, antecedentes clínicos, microbiología y tratamiento.

Métodos: Estudio prospectivo, descriptivo de RN nacidos con CMVc (RPC-CMV o aislamiento viral positivo en orina, sangre y/o LCR antes de los 21 días de vida) nacidos entre enero 2022 a la fecha, en los centros participantes de la RED CMVc-Chile. Los datos fueron anonimizados e ingresados a un registro electrónico (REDCap-Universidad de Chile). Se incluyeron variables demográficas, clínicas, microbiológicas y de tratamiento. Se utilizó estadística descriptiva, expresando los resultados en porcentajes y medianas (p_{25-75}). El estudio fue aprobado por el Comité de ética de la Universidad de Chile, Santiago, Chile.

Resultados: Se han diagnosticado 24 casos de CMVc en 8 de los 20 centros que forman parte de la RED CMVc-Chile en distintas zonas geográficas del país. Ningún caso fue diagnosticado durante el embarazo. La edad materna al parto fue de 30 años (27-36). El 50% de las madres fueron extranjeras (Venezuela 29%, Haití 17% y Rep. Dominicana 4%). 2 casos correspondieron a hijos de madre VIH. Un 46% de los casos fueron detectados por búsqueda activa según factores de riesgo (PEG<p3=8; hijos de madre con inmunodeficiencia=2, <1.000 gr=1), 29% por tamizaje universal y 25% por clínica compatible. La edad al diagnóstico fue de 3 días (1-8).

La edad gestacional y peso de nacimiento fue 37 semanas (35-38) y 2.289 gr (1.608-3095) respectivamente, con un 54% de sexo masculino. El 100% fue confirmado con RPC-CMV en orina, 79% tuvo carga viral (CV) en sangre (405 UI/ml, 91-6.186;) y 42% una punción lumbar, todas con RPC-CMV LCR negativa. En el estudio de laboratorio general destaca un recuento plaquetario normal 206.500/uL (62.250-266.500) con GOT 42 U/L (30-57), GPT 15 U/L (9-18) normales y GGT elevada 114 U/L (67-205). Se reportó una correlación significativa entre la CV en sangre de CMV con los valores de GGT en los RN infectados ($r=0.69$; $p=0.004$).

10 de 23 RN evaluados (43%) presentaron algún grado de hipoacusia, alteración al examen neurológico 5 de 19 RN (26%) y alteración del fondo de ojo 3 de 22 RN (14%). 16 de 24 (67%) tenían una ecografía cerebral (7 con alguna alteración compatible) y 10 de 24 (42%) tienen una evaluación con RNM (5 alteradas).

Un 71% (17) fue catalogado como sintomático e inició tratamiento antiviral con GCV/VGCV, reportándose 2 fallecidos (sintomáticos).

Conclusiones: Crear una RED de recolección de datos con fines de investigación permite conocer la realidad de enfermedades de baja prevalencia, como CMVc. La principal forma de diagnóstico en nuestro país fue por búsqueda activa frente a factores de riesgo y la presencia de hallazgos clínicos que permiten sospechar el diagnóstico. Sólo un centro cuenta con cribado universal hasta el momento. Esto explica la alta proporción de RN sintomáticos y de HSN en esta primera serie. El tener un registro de datos nacionales permitirá caracterizar mejor a los RN con CMVc y posiblemente encontrar factores de riesgo, pronósticos y conducta terapéutica.

Keywords: Citomegalovirus congénito, RedCMVc, Infección congénita

Financing: Sin financiamiento



Área: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

Identificación y caracterización de enterobacteriales co-portadores de carbapenemasas causantes de infecciones invasivas en Chile

C031

Ana María Quesille-Villalobos^{1,2}, Aura Milena Villamil Pérez¹, Jose Rodrigo Waldemar Martínez Solís^{1,2}, Valeria Quiroz Palma^{1,2}, Camila Solar^{1,2}, Juan Ugalde³, Caro-Vilches Francisca⁴, Anne Peters^{1,2}, Maria Paz Riquelme^{1,2}, Lina Rivas^{1,2}, Paula Rodas¹, Rafael Araos^{1,2}, Ignacio Rodriguez⁵, Patricia García⁴, Jose Manuel Munita^{1,2}, Lorena Díaz^{1,2}

(1) Genomics & Resistant Microbes (GeRM), Facultad de Medicina Clínica Alemana, Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina (ICIM), Universidad del Desarrollo, Chile.

(2) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance (MICROB-R), Chile.

(3) Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello, Chile.

(4) Departamento de Laboratorios Clínicos, Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile.

(5) Hospital La Florida, Santiago, Chile.

Introducción: La diseminación de Enterobacteriales resistentes a carbapenémicos productores de carbapenemasas (ERC-PC) continúa en aumento a nivel mundial. En Chile, el 2012 se reportó el primer caso de KPC y en 2014 el de NDM, pero no fue hasta el 2017 cuando el incremento paulatino tuvo un punto de inflexión, sobrepasando en frecuencia a las ERC no productoras de carbapenemasa. Incluso más preocupante, es el incipiente aumento de ERC portadores de más de una carbapenemasa, usualmente llamados co-portadores de carbapenemasas (ERC-CPC). La identificación y caracterización de ERC-CPC es fundamental para comprender la epidemiología local y tomar medidas de control oportunas y efectivas.

Objetivo: Identificar aislados de ERC-CPC causantes de infecciones invasivas en pacientes adultos, caracterizando su perfil fenotípico y genómico.

Materiales y métodos: Se evaluó un total de 1335 ERC recuperados desde infecciones invasivas en pacientes adultos en 11 hospitales chilenos entre enero 2019 y diciembre 2022. La especie bacteriana se determinó por MALDI-TOF y el perfil de resistencia por Kirby Bauer. Se realizó concentración mínima inhibitoria (MIC) para cefiderocol (FDC). Todas las técnicas de susceptibilidad se realizaron según indicaciones del CLSI (2023). La presencia de los genes *bla*_{KPC}, *bla*_{VIM} y *bla*_{NDM} se evaluó por PCR convencional. Adicionalmente, en los aislados identificados como ERC-CPC la producción enzimática se realizó por inmunocromatografía. Todos los aislados de ERC-CPC fueron secuenciados por Illumina y Oxford Nanopore con ensamblaje híbrido para caracterización genómica.

Resultados: De los 1335 ERC, 428 (32%) fueron ERC-PC. De éstos, 11 aislados se identificaron como ERC-CPC, todos fueron portadores de *bla*_{KPC} y *bla*_{NDM}: 6 *Escherichia coli* (ST295 y ST361), 2 *Klebsiella pneumoniae* (ST24 y ST45), 2 *Klebsiella oxytoca* (ST242) y un *Citrobacter freundii*. Todas las ERC-CPC exhibieron resistencia a cefalosporinas de tercera y cuarta generación, carbapenémicos, aminoglucósidos, quinolonas y las combinaciones disponibles de β-lactámicos con inhibidores de β-lactamasas. FDC demostró actividad en 10/11

aislados (MIC=1–4µg/mL), excepto en *C. freundii*, que presentó susceptibilidad intermedia (MIC=8µg/mL). El análisis genómico confirmó la presencia simultánea de *bla*_{KPC-2} y *bla*_{NDM-7} en 10/11 aislados. Solo un aislado de *K. pneumoniae* portaba *bla*_{KPC-3} y *bla*_{NDM-7}. Dicho análisis determinó que todos los ERC-CPC presentaban genes de resistencia a aminoglucósidos (*aac*(6)-Ib, *aadA16*), sulfonamidas (*sull*) y trimetropim (*dfpA27*). Además los aislados de *K. pneumoniae*, *K. oxytoca* y *C. freundii* portaban otros genes de β-lactamasas (e.g. *bla*_{CTX-M-15}, *bla*_{TEM-1}). El ensamblaje híbrido permitió demostrar que *bla*_{KPC-2} y *bla*_{NDM-7} estaban contenidos en plásmidos independientes de 57Kb y 46 Kb, respectivamente.

Conclusiones: Reportamos la emergencia de múltiples especies de ERC-CPC en hospitales de Chile. Ambos genes estaban ubicados en elementos genéticos móviles, sugiriendo una diseminación horizontal de estos genes entre especies mediada por plásmidos. Así mismo, confirmamos la presencia de otros genes de resistencia en estas ERC-CPC. FDC mantuvo actividad *in vitro* contra la mayoría de estos aislados, sugiriendo que podría ser una alternativa para tratar estas infecciones.

Keywords: Enterobacteriales, Doble Productores, Carbapenemasas, Plásmidos, Resistomas

Financing: FONDECYT REGULAR N°1211947FONDECYT POSTDOCTORADO N°3220577

Acknowledgments: Red de Laboratorios MICROB-R

Aislamiento en Chile de *Klebsiella pneumoniae* st23 hipervirulenta coproductora de carbapenemasas kpc-2 y vim-1 codificadas en un único plásmido conjugativo

Matias Gálvez-Silva¹, Patricio Arros¹, Camilo Berríos-Pastén¹, **Aura Milena Villamil Pérez**³, Paula I Rodas³, Ingrid Araya³, Rodrigo Iglesias³, Pamela Araya³, Juan Carlos Hormazábal³, Constanza Bohle⁴, Francisco P Chávez², Rosalba Lagos¹, Andrés E Marcoleta¹

(1) Universidad de Chile, Grupo de Microbiología Integrativa. Laboratorio de Biología Estructural y Molecular BEM, Ciencias, Las Palmeras 3425, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Laboratorio de Microbiología de Sistemas, Ciencias, Las Palmeras 3425, Santiago, Chile

(3) Instituto de Salud Pública, Subdepartamento Enfermedades Infecciosas. Sección Bacteriología, Av. Marathon 1000, Santiago, Chile

(4) Complejo Hospitalario San José, Laboratorio de Microbiología, San José 1196, Santiago, Chile

Introducción

La relación entre hipervirulencia y resistencia a carbapenémicos en *Klebsiella pneumoniae* es un problema crítico de salud mundial. *K. pneumoniae* hipervirulenta (hvKp), de secuencia tipo 23 (ST23) con una cápsula K1, un conjunto característico de elementos genéticos móviles y mucoviscosidad mejorada, se asocia a infecciones invasivas graves adquiridas en la comunidad. Los reportes de hvKp se habían limitado inicialmente al Sudeste Asiático siendo susceptibles a antibióticos, pero reportes recientes dan cuenta de infecciones por hvKp resistentes a carbapenémicos en todo el mundo. En este trabajo se describe el aislamiento en Chile de una cepa hvKp ST23 de alto riesgo, co-productora de carbapenemasas codificadas en un único plásmido conjugativo.

Metodología

K. pneumoniae fue recolectada por el Instituto de Salud Pública de Chile como parte de la Vigilancia Nacional de Carbapenemasas. La mucoviscosidad se evaluó mediante la prueba de cuerdas y un ensayo de sedimentación a baja velocidad. Se llevó a cabo un ensayo de conjugación estándar en *Escherichia coli* (K12). Las transconjugantes se analizaron por PCR para *bla*_{KPC-2} y *bla*_{VIM-1} y su expresión se confirmó por inmunocromatografía. El perfil de susceptibilidad antimicrobiana se estudió midiendo la concentración inhibitoria mínima (CIM) por epsilometría y Phoenix. La secuenciación de genoma completo se realizó mediante Illumina y Nanopore. El ensamblaje se evaluó utilizando QUASt v5.0.2 y CheckM, y se anotó con Bakta v1.8.1. Se construyó un alineamiento de secuencia múltiple del genoma central (cg-MSA) utilizando 629 locus previamente definidos para los 435 genomas CG23.

Resultados

Las pruebas fenotípicas y moleculares de este aislado hvKp ST23 revelaron amplia resistencia a antibióticos y producción de carbapenemasas KPC-2 y VIM-1. Inesperadamente, este aislado carecía de hipermucoviscosidad, desafiando los criterios de identificación de hvKp comúnmente utilizados. La secuenciación y el análisis completo del genoma confirmaron el tipo capsular K1, el plásmido de virulencia grande KpVP-1 y las islas genómicas GIE492 e ICEKp10 que portan factores de virulencia fuertemente asociados con hvKp. Aunque este aislado perteneció al grupo clonal hvKp CG23-I diseminado globalmente, es único ya que formó un clado separado con un aislado chileno de hvKp ST23 previamente reportado, adquiriendo un plásmido IncN KPC-2 altamente diseminado en América del Sur pero ausente en otros genomas de hvKp, ahora con un integrón clase I que porta *bla*_{VIM-1} y otros genes de resistencia. En particular, este aislado fue capaz de conjugarse el plásmido codificante para dos carbapenemasas con *E. coli* K12, confiriendo resistencia a cefalosporinas de primera a quinta generación (incluidas las combinaciones con inhibidores de betalactamasas), penicilinas, monobactámicos y carbapenémicos.

Conclusiones

Reportamos el aislamiento en Chile de un aislado de alto riesgo de hvKp resistente a carbapenémicos, que porta un plásmido conjugativo con alto potencial de diseminación, codifica las carbapenemasas KPC-2 y VIM-1, y confiere resistencia a la mayoría de betalactámicos. Además, la falta de hipermucoviscosidad va en contra de este rasgo como marcador seguro de hvKp. Estos hallazgos resaltan la rápida expansión y evolución hacia la resistencia de hvKp, la importancia de los plásmidos conjugativos y otros elementos móviles en la diseminación de marcadores de resistencia antimicrobiana, y lo imperativo de la vigilancia genómica para monitorear y mitigar su expansión.

Keywords: *K. pneumoniae*, Hipervirulencia, Carbapenemasas



Área: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

CO33

La carga económica y de enfermedad de infecciones con bacterias resistentes en hospitales en Chile.

José Daniel Conejeros^{3,4}, Anne Peters^{4,5}, María de los Angeles Spencer Sandino^{4,5}, Patricia García^{4,6}, José Manuel Munita^{4,5,7}, Eduardo Undurraga^{3,4}, Kasim Allel^{1,2,3,4}

(1) Department of Disease Control, London School of Hygiene and Tropical Medicine, London, United Kingdom

(2) Institute for Global Health, University College London, London, United Kingdom

(3) Escuela de Gobierno, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile

(4) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance (MICROB-R), Chile

(5) Genomics and Resistant Microbes (GeRM), Facultad de Medicina Clínica Alemana, Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina (ICIM), Universidad del Desarrollo, Santiago, Chile

(6) Departamento de Laboratorios Clínicos, Escuela de Medicina, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile

(7) Hospital Padre Hurtado, Santiago, Chile

Introducción

Las bacterias resistentes a los antibióticos (ARB) imponen una carga de enfermedad sustantiva a los sistemas de salud. Estimar la carga de ARB en los hospitales es esencial para tomar decisiones de salud pública, definir prioridades de investigación y evaluar el impacto de los programas de prevención y control de enfermedades. Sin embargo, existe limitada evidencia sobre la carga atribuible a las ARB.

Objetivos

Combinando distintas fuentes de datos, incluyendo datos clínicos de tres hospitales en el norte, centro, y sur de Chile, estimaciones recientes del Global Burden of Disease, y datos administrativos del Ministerio de Salud, en este trabajo cuantificamos y medimos el impacto de la resistencia a los antibióticos en pacientes hospitalizados con bacteriemia en Chile. Nos enfocamos en bacterias de alta prioridad según la Organización Mundial de la Salud.

Material y Método

Hicimos un estudio retrospectivo de cohortes paralelas emparejadas para estimar la carga de enfermedad y económica de las ARB en bacteriemias confirmadas clínicamente por *Acinetobacter baumannii*, Enterobacterales, *Staphylococcus aureus*, *Enterococcus* spp. y *Pseudomonas aeruginosa*, utilizando datos de tres hospitales de Chile desde 2018 hasta 2022. Emparejamos a los pacientes por puntajes de propensión y ponderación por probabilidad inversa (IPW) basados en características observables, incluyendo datos sociodemográficos, hospitalizaciones, uso de antibióticos y condiciones de salud subyacentes. Expresamos los resultados como mortalidad, a los 30 días y en el hospital, duración de la hospitalización, y admisión a la unidad de cuidados intensivos (UCI) después de la toma de muestra de sangre. Usamos regresiones multivariadas ajustadas por IPW para estimar el impacto de las ARB en estos resultados, y un modelo de supervivencia extendido. Utilizamos micro-costeo para estimar los costos hospitalarios, costos asociados con la mortalidad y la morbilidad atribuible a ARB utilizando datos administrativos. Finalmente, extrapolamos la carga de enfermedad y económica atribuible a infecciones por ARB usando datos de Global Burden of Disease.

Resultados

Reclutamos a 1218 pacientes adultos que experimentaron 1349 bacteriemias. Los resultados preliminares sugieren que la mitad (47.3%, n=638) fueron por ARB. La mayoría de los episodios de BSI correspondieron a *Staphylococcus aureus* (N=404, 33% resistente a la meticilina 'MRSA'), Enterobacterales (N=468, 50% resistente a carbapenémicos 'CRE') y *Pseudomonas aeruginosa* (N=238, 65% resistente a carbapenémicos 'CRPA'). Comparado con infecciones por bacterias susceptibles, las infecciones por ARB se asocian a 1.14 veces (IC del 95%=1.05-1.24, p<0.001), 1.25 veces (IC del 95%=1.07-1.46, p-valor=0.005) y 1.42 veces (IC del 95%=1.20-1.68, p-valor<0.001) mayor duración de la hospitalización, admisión a la UCI, y mortalidad después del cultivo. Comparado con su contraparte susceptible, el análisis de supervivencia extendido mostró un riesgo 1.35 veces mayor de mortalidad entre pacientes con ARB, considerando covariables que varían en el tiempo (IC del 95%=1.16-1.58, p-valor<0.001), específicamente entre MRSA y CRE (un riesgo 1.46 y 1.36 veces mayor). Observamos costos hospitalarios sustancialmente más altos entre los pacientes con ARB para todos los patógenos estudiados. Estamos actualmente estimando las diferencias en años de vida ajustados por discapacidad y la carga económica total para el país atribuible a infecciones por ARB.

Conclusiones

Mostramos un análisis exhaustivo del efecto atribuible a infecciones por ARB en la salud de la población y los costos para el sistema de salud en Chile, en comparación con bacterias susceptibles a antibióticos. Estimamos una carga de enfermedad y económica sustantiva, con MRSA y el CRE responsables de la mayor parte de esta carga.

Keywords: Bacterias resistentes, Salud pública, Economía de la salud, Infecciones hospitalarias

Financing: Fondo Nacional de Desarrollo Científico y Tecnológico FONDECYT [Grant 1211933].

Caracterización de aislados clínicos de *Streptococcus pneumoniae* productores de infecciones invasoras por espectroscopia infrarroja

Javiera Jiménez¹, Patricia García^{2,3,4}, Marcela Potin⁵, Cecilia Zumaran⁴, Aniela Wozniak^{2,3,4}

(1) Alumna de la Carrera de Bioquímica, Facultad de Ciencias Biológicas. Pontificia Universidad Católica de Chile.

(2) Departamento de Laboratorios Clínicos, Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile.

(3) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance (MICROB-R). Chile

(4) Laboratorio de Microbiología. Red de Salud UC-CHRISTUS.

(5) Departamento de Enfermedades Infecciosas del Niño. Escuela de Medicina. Pontificia Universidad Católica de Chile.

Introducción: *S. pneumoniae* es causa de morbilidad y mortalidad en niños y adultos. Estimaciones de la OMS, evidencian 500.000 muertes/año en menores de 5 años. Se han descrito alrededor de 100 serotipos diferentes, sin embargo, solo un número limitado causan la mayoría de las enfermedades a nivel mundial, dependiendo de las estrategias de vacunación. En nuestro país, hasta el año 2021, los serotipos 3, 19A y 7F, han sido los más frecuentes, seguidos por el serotipo 14, 12F y 6F, evidenciándose un aumento de la contribución porcentual de los serotipos 3 y 19A y una disminución de los serotipos 14 y 1 (datos ISP de Chile). La vigilancia de los serotipos circulantes en la población, que producen infecciones invasoras y no invasoras, es una herramienta epidemiológica que permite evaluar el impacto de la vacunación en la distribución de serotipos y posibles ajustes en vacunas futuras. Para ello, hoy en día, se ha propuesto la espectroscopia infrarroja con transformada de Fourier, como una técnica rápida y rentable, para la identificación de serotipos basada en la exposición bacteriana con luz infrarroja, generando un espectro de absorción específico para cada serotipo. Disponer de un sistema rápido y de bajo costo podría no solo tener ventajas epidemiológicas sino también aplicación clínica, al conocer en forma oportuna el serotipo que produce la infección invasora, así como estudiar la prevalencia de los tipos circulantes en portadores.

Objetivos: Tipificar aislados clínicos de *S. pneumoniae* causantes de enfermedades invasoras en un hospital universitario en Chile por medio de la espectroscopia infrarroja con transformada de Fourier.

Material y método: Se estudiaron 40 cepas de *S. pneumoniae* aisladas de pacientes de la Red de Salud UC CHRISTUS entre los años 2018 y 2023. Estas habían sido previamente serotipificadas por el ISP y almacenadas a -80°C. Las 40 cepas correspondían a 19 serotipos diferentes: 3, 4, 6A, 6C, 7F, 10A, 12F, 15A, 18B, 19A, 20, 22F, 23B, 23F, 24B, 24F, 31, 35B y 38. Se realizaron dos trasplantes en agar sangre con incubaciones de 24-26 horas, a 37°C con CO₂. Las cepas fueron tratadas con etanol y agua desionizada y estudiadas por espectroscopia infrarroja en el equipo IR Biotyper® (versión 4.0, Bruker, Daltonics). Cada cepa fue analizada en triplicado. Se analizaron finalmente 363 espectros, cuyo estudio inicial se realizó por un Análisis Jerárquico de Cluster (HCA) con la elaboración del dendrograma mediante el Análisis de Discriminación Lineal (LDA). El cut-off utilizado fue el entregado por el programa. Posteriormente se realizó la fase de entrenamiento utilizando ANN (Artificial Neural Network) mediante el análisis de los componentes principales (PC₂₈) y por último, la fase de validación.

Resultados: El dendrograma logró agrupar correctamente los aislados del mismo serotipo en el mismo cluster. Para la fase de validación se logró un 100% de concordancia entre el serotipo determinado por serología y el determinado por espectroscopia infrarroja para los 19 serotipos estudiados.

Conclusiones: La espectroscopia infrarroja abre nuevas herramientas para la serotipificación de *S. pneumoniae* en Chile, permitiendo conocer de manera rápida y económica los serotipos prevalentes, su distribución y epidemiología. Además, permite evaluar posibles cambios de serotipos a futuro, lo cual podría ser de ayuda para la formulación de nuevas vacunas.

Keywords: Espectroscopia infrarroja, Tipificación, Vacunas, *Streptococcus pneumoniae*

Financing: Fondo de desarrollo académico del departamento de laboratorios clínicos

Acknowledgments: Agradecimientos a todo el personal de laboratorios clínicos

Enterocolitis necrosante y factores de riesgo asociados en prematuros extremos: estudio de casos y controles

LUIS DELPIANO^{1,5}, Alejandra Sandoval^{2,5}, Miguel A Pantoja¹, Marta Aravena^{3,5}, Jeanne Smith³, Héctor Pérez³, Sebastián Espinoza⁴

(1) Hospital Clínico San Borja Arriarán, Santiago, Chile

(2) Service de Pédiatrie, Division des Maladies Infectieuses des Enfants, Hôpital CHU Sainte-Justine, Montreal, Canadá

(3) Complejo Asistencial Dr. Sótero del Río, Santiago, Chile

(4) Universidad de Valparaíso, Facultad de Odontología, Valparaíso, Chile

(5) Comité Consultivo Infecciones Neonatales SOCHINF, Santiago, Chile

Antecedentes: La enterocolitis necrosante (ECN) corresponde a una patología que ocasiona entre el 1-5% de las admisiones a las unidades de cuidado intensivo neonatal, es más frecuente en pacientes prematuros (70-90%) y la incidencia va entre un 7 a 10% en los menores de 1500g, Entre un 20-60% requieren cirugía y la mortalidad varía entre un 20-30%. Pese a su relevancia, no existen factores de riesgo bien establecidos, por falta de estudios prospectivos.

Objetivo:

Determinar los factores de riesgo que predisponen a la evolución de ECN en pacientes prematuros.

Comparar el riesgo de mortalidad entre pacientes que cursaron y no cursaron con ECN

Material y método: Estudio prospectivo de casos y controles. Incluyó seguimiento de todos los recién nacidos prematuros (RNP) ≤ 1500 g y/o ≤ 32 semanas, con foco particular de aquellos con diagnóstico de ECN grado II-III según la clasificación de Bell modificada, del hospital Clínico San Borja Arriarán y Complejo Asistencial Dr. Sótero del Río, entre enero 2017 y abril de 2018. El diagnóstico de ECN fue en base a la sospecha clínica reportado por el neonatólogo tratante, confirmándose con el neonatólogo participante del estudio de cada hospital. Se recopiló información en base de datos Excel y los análisis fueron realizados con el programa STATA 7. Ambos centros tuvieron la aprobación del Comité de Ética.

Resultados: Se ingresaron a seguimiento un total de 182 pacientes de los cuales 16 (8,8%) evolucionaron con ECN. De estos 16 pacientes con ECN, 10 (62,5%) fueron de género femenino y 10 nacieron por cesárea, su promedio de edad gestacional y peso de nacimiento fue de 26,8 semanas ($\pm 2,7$) y 968g ($\pm 393,9$) y 3 RNP (18,5%) fueron pequeños para la edad gestacional, 11 pacientes fueron ≤ 28 semanas (68,7%) y 12 pacientes ≤ 1000 g (62,5%). La edad promedio de debut con ECN fue de 17,4 días ($\pm 12,7$). Los síntomas clínicos más importantes fueron dolor – distensión abdominal (100%), presencia de residuos gástricos y letargia (86,5% cada uno).

Los factores predictores de evolucionar con una ECN fueron uso de antibióticos previo con un OR de 3,3, alimentación con fórmula láctea OR de 7,3, poliglobulia OR 3,8 y Ventilación Mecánica Invasiva con OR 5,5. Factor protector fue ausencia de asfixia OR 0,2. Fallecieron en total 25 pacientes (13,7%), 5 de ellos por ECN (2,7%). El riesgo de fallecer fue mayor en aquellos que cursaron con ECN, resultado no estadísticamente significativo.

Al realizar un análisis combinado y adicionando los pacientes que fallecieron dentro de la primera semana de vida, y, por ende, potenciales de cursar con ECN posterior, observamos que la supervivencia es menor en aquellos que cursaron con ECN, disminuyendo en un 35% durante el primer mes de vida, este último hallazgo fue el único estadísticamente significativo $p=0,04$.

Conclusiones: La incidencia de ECN fue similar a lo reportado en la literatura, al igual que los factores de riesgo. A diferencia de la reciente literatura que describe que los antibióticos no serían un factor de riesgo, hay que considerar que la mayoría de estos estudios son retrospectivos. El único análisis significativo fue la menor supervivencia en aquellos pacientes que cursaron con ECN. El valor de nuestro estudio fue el seguimiento prospectivo de toda la población de prematuros, donde pudo observarse la evolución de ECN durante el seguimiento de toda la población, siendo más fidedignos y de mayor calidad los datos recopilados. La limitación fue el número de pacientes que cursaron con ECN, influyendo en los análisis al no encontrarse significancia estadística, pero si una tendencia de riesgo.

Keywords: enterocolitis necrosante, prematuro extremo, factores de riesgo

Financing: Sin financiamiento

Actividad de cefiderocol contra aislados clínicos de *Klebsiella pneumoniae* resistentes a carbapenémicos

Camila Solar¹, Oscar Ortega^{2,5}, Ana María Quesille-Villalobos^{1,2}, María Paz Riquelme^{1,2}, Anne Peters^{1,2}, José RW Martínez^{1,2}, Rafael Araos^{1,2}, Juan Ugalde^{2,6}, William R Miller⁷, Pamela Rojas⁴, Patricia García^{2,3}, Lorena Díaz^{1,2}, José M Munita^{1,2,4}

- (1) Facultad de Medicina Clínica Alemana, Laboratorio de Genómica y Resistencia Microbiana (GeRM), Facultad de Medicina Clínica Alemana, Santiago, Chile
- (2) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research On Bacterial Resistance (MICROB-R)
- (3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Laboratorio Clínico, Escuela de Medicina, Santiago, Chile.
- (4) Hospital Padre Hurtado, Santiago, Chile
- (5) Universidad Nacional de Colombia, Bogota, Colombia.
- (6) Universidad Andrés Bello, Centro de Bioinformática y Biología Integrativa, Facultad Ciencias de la Vida, Santiago, Chile.
- (7) Houston Methodist Hospital, Division of Infectious Diseases and Center for Infectious Diseases Research, Houston, United States.

Introducción: La emergencia y diseminación de bacterias multirresistentes es una amenaza a la salud pública. *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos (CR-*Kpn*) causa infecciones severas y es catalogada como una prioridad crítica por la OMS. El principal mecanismo de resistencia a carbapenémicos es la degradación enzimática mediante carbapenemasas. Preocupantemente, en los últimos años se ha reportado un aumento en la detección de aislados CR-*Kpn* productores de carbapenemasas (CP-CR-*Kpn*) en Chile. Cefiderocol (FDC) es una nueva sidero-cefalosporina cuya estructura química le provee estabilidad contra carbapenemasas. Sin embargo, ya se han descrito aislados resistentes a FDC. Si bien FDC no se encuentra disponible en Chile, el estudio de su actividad en aislados CR-*Kpn* chilenos es relevante para evaluar su potencial utilidad en el país.

Objetivo: Evaluar la actividad *in vitro* de FDC frente a una colección de aislados de CR-*Kpn* provenientes de infecciones invasivas de un hospital de Santiago, Chile.

Metodología: A partir de una colección de 141 aislados de CR-*Kpn* obtenidos desde pacientes hospitalizados en un hospital de Santiago entre 2018 y 2022, se seleccionaron aleatoriamente 84 aislados (uno por paciente). La colección forma parte de la Red de Laboratorios MICROB-R, la cual recolecta y caracteriza prospectivamente patógenos multirresistentes provenientes de sangre y sitios estériles. La concentración mínima inhibitoria (CMI) a FDC fue evaluada mediante microdilución en caldo utilizando Muller-Hinton ajustado a cationes depletado de hierro (ID-CA-MHB), según el CLSI 2023. Todos los aislados fueron secuenciados por Illumina y su linaje genético fue identificado mediante MLST *in silico*. El resistoma fue evaluado mediante AMRFinder.

Resultados: Del total de 84 aislados CR-*Kpn*, 26 (31%) fueron portadores de una carbapenemasa: 20 (24%) bla_{NDM-7} , 5 (6%) bla_{KPC-2} y 1 (1%) bla_{KPC-3} . Los linajes genéticos más frecuentes fueron el ST25 (40%), ST45 (20%) y ST11 (15%). El rango de CMI a FDC fue de 0.25 y >128 $\mu\text{g/mL}$ y la $CIM_{50/90}$ fue de 2/8 $\mu\text{g/mL}$. El 85% (71/84) de los aislados tuvieron una CMI $\leq 4 \mu\text{g/mL}$, siendo catalogados como susceptibles. De los 13 restantes, 5 exhibieron una CIM = 8 $\mu\text{g/mL}$ (susceptibilidad intermedia) y 8 una CMI $\geq 16 \mu\text{g/mL}$, catalogados como resistentes. De éstos, 6 portaban bla_{NDM-7} y 1 bla_{KPC-2} , mientras que los 6 restantes fueron no productores de carbapenemasas. Los aislados portadores de bla_{NDM-7} exhibieron CMI más altas que el resto de la colección ($CIM_{50/90}$ 4/16 $\mu\text{g/mL}$). El 29% (24/84) de los aislados tenían al menos una mutación en *cirA*, receptor de sideróforos cuya alteración ha sido asociada a menor susceptibilidad a FDC. Los aislados que portaron la sustitución Y183W en CirA presentaron CIMs más altas ($CIM_{50/90}$ 4/16 $\mu\text{g/mL}$) que el resto de los aislados. Interesantemente, todos los aislados que tenían la sustitución Y183W eran a su vez portadores de bla_{NDM-7} .

Conclusiones: Observamos una alta actividad de FDC contra los aislados de CR-*Kpn* evaluados. Sin embargo, se identificaron 13 aislados no susceptibles a FDC. Los aislados portadores de bla_{NDM-7} y CirA Y183W presentaron valores de CMI mayores que el resto de la colección. Considerando que FDC no se encuentra en Chile y se ha observado un aumento de aislados portadores de bla_{NDM-7} , estos resultados comprometen el potencial de FDC en el tratamiento de infecciones por CR-*Kpn* en nuestro país.

Keywords: cefiderocol, *Klebsiella pneumoniae*, resistencia antimicrobiana, patógenos multirresistentes

Financing: ANID FONDECYT N°1211947ANID MICROB-R

Primera experiencia nacional de cribado universal de citomegalovirus congénito a través de pool-testing en saliva

Giannina Izquierdo^{1,2,6}, Roberto Reyes², Carolina Guerra², Leslie Araya^{1,2}, Belen Sepulveda², Camila Cabrera², Pamela Medina², Eledier Mardones², Leonel Villavicencio³, Luisa Montecinos³, Felipe Tarque³, William Acevedo³, Marlon Barraza⁴, Mauricio Farfán⁵, Jocelyn Mendez⁵, Juan Pablo Torres^{1,7}

(1) Departamento de Pediatría. Facultad de Medicina, Universidad de Chile., Santiago, Chile

(2) Servicio de Neonatología. Hospital Barros Luco Trudeau., Santiago, Chile

(3) Laboratorio de Biología Molecular. Hospital Lucio Córdova., Santiago, Chile

(4) Unidad de Farmacia, Hospital Luis Calvo Mackenna, Santiago, Chile

(5) Laboratorio de Biología Molecular. Hospital Luis Calvo Mackenna., Santiago, Chile

(6) Unidad de Infectología Pediátrica. Hospital Exequiel González Cortés., Santiago, Chile

(7) Unidad de Infectología Pediátrica. Hospital Luis Calvo Mackenna., Santiago, Chile

INTRODUCCIÓN

Citomegalovirus es la principal causa de infección congénita (CMVc) con prevalencias que varían según región geográfica y nivel socioeconómico. En Latinoamérica existen escasos reportes de prevalencia de CMVc y en Chile los datos son de hace más de dos décadas.

OBJETIVO

Determinar la prevalencia de CMVc a través de cribado universal en saliva a recién nacidos (RN) con y sin factores de riesgo y caracterizar a los RN con infección congénita.

MÉTODO

Estudio prospectivo, de cribado universal de CMVc, en el Servicio de Maternidad y Neonatología del Hospital Barros Luco, entre septiembre de 2022 y agosto de 2023.

Se obtuvieron muestras de saliva de RN <21 días y estudiadas mediante técnica Alethia-LAMP-CMV en pools de 5 muestras. Los pools positivos fueron analizados individualmente por Alethia-LAMP-CMV y RPC-CMV en saliva. Los casos positivos se confirmaron con RPC-CMV en orina. Se excluyeron los RN trasladados de otro centro.

Se definió un grupo de RN de alto riesgo de CMVc (PEG severos <p3, <1000 grs, aquellos que "no pasan" el estudio auditivo, hijos de madre VIH y RN con signos clínicos/laboratorio compatibles con CMVc), a quienes se les tomó adicionalmente RPC-CMV en orina. Todo RN con CMVc confirmado tuvo evaluación clínica, de laboratorio, imágenes cerebrales, fondo de ojo y estudio auditivo (PEAT). Se realizó estadística descriptiva, utilizando Rstudio. Las variables categóricas fueron presentadas como frecuencia y porcentaje mientras que las variables numéricas se expresan como mediana y rango intercuartílico (RIQ). El estudio fue aprobado por el Comité de Ética del Servicio de Salud Metropolitano Sur, Chile.

RESULTADOS

Se invitó a participar a 2198 madres/tutores legales, 12 rechazaron el consentimiento informado. Se incluyeron 2186 RN (99,5%) estudiados en 437 pools de saliva, confirmando 10 casos de CMVc con RPC-CMV en orina. Se obtuvo una prevalencia de 0,46% (IC95% 0,22-0,84) siendo significativamente mayor en el grupo de riesgo, 2,1% (IC95% 0,58-5,3) (p=0,04). Se reportaron 2/2186 (0,09%) casos de falsos positivos en saliva.

La mediana de edad al diagnóstico fue 2 días (RIQ 1-2). 6/10 RN con CMVc fueron pesquizados por cribado universal en saliva, 4/10 por estudio por factores de riesgo (3 PEG severo y 1 <1000 g). Todos los RN con CMVc tuvieron examen físico normal, no hubo diferencias significativas en tipo de parto, sexo, EG y edad al diagnóstico entre los con diagnóstico de CMVc y los no infectados. La mediana de recuento plaquetario y los valores de GPT y GOT fueron normales. La mediana de GGT de 105 U/L (RIQ 62.7-202.2) y la carga viral (CV)-CMV en sangre fue de 305.5 UI/ml (RIQ 67.5-2802.5)/Log 2.6 (RIQ 1.71-3.13) Se reportó una correlación significativa entre la CV en sangre de CMV con los valores de GGT en los RN infectados (r=0.66; p=0.03). 9/10 RN tuvo ecografía cerebral normal. Se inició tratamiento en 5/10 RN, 3 por "no pasar" estudio auditivo, 1 por gravedad clínica y 1 por GGT elevada persistente. 4/5 con valganciclovir y 1 con ganciclovir. Falleció un paciente de la serie, pero no asociado a CMVc. Se observó un mayor riesgo de tener CMVc en hijos de madre extranjera (Haitianas) con OR ajustado de 5,59 (IC95% 0,93-32,8)(p=0.04) y un efecto protector en los RN con peso normal.

CONCLUSIONES

La prevalencia de CMVc en nuestro centro fue de 0,46%, menos que lo reportado previamente en nuestro país, pero 5 veces más alta en el grupo de RN con factores de riesgo. La toma de muestra en saliva fue bien aceptada, con una baja tasa de rechazo y falsos positivos. El grupo de mayor riesgo de CMVc estuvo principalmente caracterizado por RN hijos de madres de nacionalidad haitiana y menor peso de nacimiento. El cribado universal en saliva a través de pool-testing aumentó el diagnóstico de CMVc en un 60%, asociado a una disminución de los costos y las necesidades de infraestructura de laboratorio.

Desentrañando la tuberculosis en Chile: tendencias espaciotemporales y determinantes sociales (2011-2021)José Conejeros^{1,2,3}, Salvador Vargas⁴, Eduardo Undurraga^{2,3}, María Elvira Balcells⁴

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Estadística, Facultad de Matemáticas

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Gobierno

(3) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance (MICROB-R), Santiago, Chile

(4) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Enfermedades Infecciosas del Adulto, Escuela de Medicina

Introducción

La tuberculosis (TB) es una enfermedad infecciosa respiratoria crónica causada por *Mycobacterium tuberculosis*. Es una de las principales causas de muerte en el mundo. La Organización Mundial de la Salud, estima que aproximadamente 1.700 millones de personas (23%) padecen infección tuberculosa latente, con unos 10 millones de nuevos casos y 1.4 millones de muertes asociadas a TB anualmente. En América Latina, la incidencia de TB es de alrededor de 40 casos por cada 100,000 habitantes, y ha aumentado en los últimos años. Datos del Ministerio de Salud en Chile muestran que la incidencia de TB en Chile en 2019 era cercana a 20 casos por 100.000 habitantes, con una considerable heterogeneidad espacial. La TB es curable y prevenible, y el número de personas infectadas puede reducirse sustantivamente con vigilancia y esfuerzos multisectoriales para reducir factores de riesgo como la desnutrición, VIH, diabetes, o tabaquismo. Tener estimaciones robustas y comparables en el tiempo y el espacio de la incidencia y prevalencia de la TB es esencial para mejorar los programas de prevención, haciéndolos más efectivos y focalizados. En este contexto, el presente estudio se propone el análisis de tendencias temporales y espaciales para comprender mejor la dinámica de la transmisión de TB, así como patrones de propagación, poblaciones más vulnerables, y factores de riesgo, integrando diversas bases de datos.

Objetivos

Combinando distintas fuentes de datos, el objetivo de este estudio es analizar las tendencias espaciotemporales y las variaciones geográficas en la prevalencia de la tuberculosis en Chile y los factores sociales asociados a esta prevalencia durante el período comprendido entre 2011 y 2021.

Materiales y método

Hicimos un estudio retrospectivo combinando datos administrativos, de vigilancia epidemiológica, y de encuestas públicas. El análisis principal se basó en 28,406 casos de tuberculosis notificados entre enero de 2011 y diciembre de 2021 y anonimizados. Los casos de TB se agregaron a nivel mensual (totalizando 120 puntos en el tiempo) y comunal (abarcando 345 comunas), ajustando las tasas por cada 100,000 habitantes. Se incorporó información para caracterizar la situación de vulnerabilidad de las comunas utilizando datos de la encuesta CASEN del año 2017. Para caracterizar los patrones de distribución de la TB, se empleó un análisis descriptivo espaciotemporal y aplicamos estadísticas de autocorrelación espacial global (índice de Moran) e indicadores locales de asociación espacial (LISA) para identificar la autocorrelación espacial y delinear las áreas con una alta prevalencia de TB. Por último, usamos estadísticas de barrido espaciotemporal para detectar conglomerados espaciotemporales en diferentes períodos en todo el país.

Resultados preliminares

Los resultados sugieren una tendencia decreciente con picos estacionales en el invierno. Encontramos una heterogeneidad espacial sustantivas con grupos de enfermedades en muchas regiones, especialmente en el norte del país. Estos patrones sugieren que el movimiento de población y las condiciones socioeconómicas y materiales de vida podrían afectar la distribución espaciotemporal de TB en Chile, incluyendo la mayor presencia de población migrante.

Conclusiones

Este estudio ha identificado los patrones espaciotemporales de la tuberculosis (TB) en Chile, subrayando la capacidad y utilidad del enfoque espaciotemporal en epidemiología social. La comprensión de la distribución espaciotemporal de la tuberculosis es fundamental para estimar los períodos y áreas de alto riesgo, lo que es especialmente crucial en países de ingresos bajos y medios, donde la comprensión precisa de los patrones espaciales y temporales de la carga de tuberculosis es esencial para el diseño de programas de control efectivos y para la asignación eficaz de recursos.

Financing: ANID/Fondecyt 1211225, 1211933.



Área: Diagnóstico de laboratorio

Resultados diagnósticos de PCR universal bacteriana en muestras clínicas de pacientes. Experiencia de un centro universitario.

C039

Maximiliano Ramírez¹, Aniela Wozniak², Carolina Miranda³, Claudia Castillo³, Patricia García²

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Enfermedades Infecciosas del Adulto, Facultad de Medicina, Santiago, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Laboratorios Clínicos, Facultad de Medicina, Santiago, Chile

(3) Red de Salud UC-CHRISTUS, Laboratorio de Microbiología, Santiago, Chile

Introducción: La PCR universal bacteriana (PCR RNA ribosomal 16S o uPCR) es una herramienta de diagnóstico molecular microbiológico que se fundamenta en la amplificación y posterior secuenciación de la región del genoma bacteriano que codifica para la subunidad 16S del ribosoma procarionte. Este gen alterna secuencias conservadas con zonas de alta variabilidad, específicas a cada especie. Es conocida su utilidad en la identificación bacteriana de aislados (cepas), así como en la detección de bacterias directamente de muestras de tejidos, especialmente en válvulas cardíacas y prótesis articulares, pero con menor evidencia para otras matrices. Se describe que la principal utilidad de la uPCR es en el diagnóstico de infecciones por bacterias de difícil desarrollo. De nuestro conocimiento, nuestro laboratorio corresponde al único centro a nivel nacional que ha implementado la uPCR en el diagnóstico rutinario de muestras clínicas de pacientes, y no existen reportes de los resultados obtenidos.

Objetivos: Determinar la sensibilidad analítica de la técnica y reportar los resultados de uPCR realizadas directamente en muestras clínicas de pacientes de un centro universitario en un período de 2 años.

Métodos: Estudio descriptivo retrospectivo de las uPCR analizadas y reportadas por el Laboratorio de Microbiología de la Red UC-CHRISTUS desde octubre 2020 a agosto 2022, realizadas según procedimientos de rutina del laboratorio. La extracción del DNA se realizó por métodos automatizados. Se utilizaron partidores de PCR descritos en la literatura para el gen mencionado. La secuenciación se realizó por método de Sanger en SeqStudio Genetic Analyzer (Applied Biosystems). El análisis de secuencias se realizó a través de BLAST y su base de datos (NCIB). Se incluyen en el análisis estadístico global todas las muestras procesadas, pero se excluyen muestras repetidas de un mismo paciente para la estadística descriptiva. Para el análisis de sensibilidad analítica se utilizaron 5 cepas ATCC. La cuantificación de material genético se realizó por fluorimetría Qubit. Se prepararon diluciones seriadas 10^{-1} a 10^{-12} , para las cuales se comparó el límite de detección de la técnica realizada con PCR convencional y PCR en tiempo real.

Resultados: En el período descrito se procesaron 1338 muestras, obteniendo un resultado positivo para una especie bacteriana en 188 de ellas (14.1%). Los principales tipos de muestra en los que se reportó un resultado positivo corresponden a 49 de origen cardiovascular (28%), 41 abscesos (24%), 12 osteomusculares (7%), 10 piel y partes blandas (5.8%), 9 líquidos biológicos (5.2%) y 51 tejidos no especificados (30%). Los tipos de bacterias identificadas corresponden a 141 aerobias (82%), 28 anaerobias (16%), 2 micobacterias y 1 *Ureaplasma* sp. Las más frecuentes corresponden a 52 *Streptococcus* spp. (30%), con *S. intermedius* (n=11) y *S. gallolyticus* (n=9) como principales especies; 45 *Staphylococcus* spp. (26%), con *S. aureus* (n=31) y *S. epidermidis* (n=7) como principales especies; y 14 *Enterococcus* spp. Los principales anaerobios reportados fueron 9 *Bacteroides* spp., 6 *Cutibacterium acnes*, 6 *Prevotella* spp. y 4 *Fusobacterium* spp. Las principales bacterias microbiológicamente exigentes identificadas por este método: 9 *Bartonella* spp. (4 *B. henselae*, 2 *B. quintana*, 1 *B. vinsonii* y 2 *Bartonella* sp.), 2 *Mycobacterium tuberculosis* complex y 1 *Ureaplasma parvum*. La evaluación de sensibilidad analítica de la técnica resultó en 40 a 80 copias de genoma por reacción.

Conclusiones: La uPCR permite identificar bacterias difíciles de cultivar o identificar por medio de otras técnicas, además de microorganismos patógenos habituales. Para estos últimos, la sensibilidad analítica no resultó mejor que los cultivos convencionales, por lo que se debiese preferir el uso de esta herramienta en muestras con un mayor inóculo o carga bacteriana. Se requieren estudios adicionales para evaluar el rendimiento específico de la uPCR en comparación directa con las técnicas convencionales, así como su desempeño específico en diferentes matrices.

Keywords: PCR universal, PCR RNA ribosomal 16S, PCR universal bacteriana



Poster

Impacto de la reactivación de un programa de optimización de uso de antimicrobianos sobre el consumo de antibióticos en un hospital de alta complejidad durante la pandemia covid-19María Sepúlveda¹, Patricia Mazzoni¹, Ariel Ramirez¹, Camilo Amador¹⁽¹⁾ Hospital Félix Bulnes Cerda, Unidad de Infectología, Mapocho 7432, Santiago, Chile

Introducción: El uso inapropiado de antimicrobianos (ATMs) no solo incrementa la resistencia bacteriana que constituye una amenaza mundial para la salud pública, sino que además tiene consecuencias en el ámbito clínico, social y económico. En el Hospital Félix Bulnes Cerda (HFBC), desde el año 2010 hasta el 2019, se implementó un Programa de Optimización de Uso de Antimicrobianos (PROA), lo cual permitió durante ese período racionalizar el uso de los ATMs. Sin embargo, este avance se vio afectado con la llegada de la pandemia COVID-19 en el año 2020 y el consecuente traslado anticipado a las nuevas dependencias concesionadas del Hospital en la comuna de Cerro Navia. A esto, se agrega que en el año 2021 el Hospital atravesó por problemas de dotación de infectólogos de adultos por lo que no fue posible realizar las actividades habituales de control. Es a partir de enero del 2022 cuando el equipo comienza a rearticularse incorporando infectólogos de adultos y químicos farmacéuticos para reactivar el PROA en el HFBC.

Objetivos: Evaluar el consumo de un grupo selecto de antibióticos (ATBs) en el HFBC, mediante el método de las dosis diarias definidas (DDD/100 días cama ocupado) en los periodos 2018 al 2022, con el fin de evidenciar el impacto de la reactivación del PROA en el contexto de la pandemia COVID-19. Evaluar el gasto de los ATBs seleccionados en el periodo estudiado.

Materiales y métodos: Diseño de la investigación: estudio retrospectivo y descriptivo del consumo global de una selección de ATBs. Periodo de análisis: 2018 hasta el 2022. Recolección de datos: los números de frascos consumidos fueron extraídos del sistema Felixmed® de la Unidad de Farmacia, las DDD de cada ATB fueron asignadas de acuerdo a la clasificación de la OMS y los días cama ocupados fueron entregados por el Departamento de Estadística. Los precios netos fueron ajustados al último precio del 2022, información proporcionada por el Departamento de Abastecimiento. Análisis de datos: los datos fueron tabulados en un Excel® y analizados con fórmulas simples.

Resultados: Los consumos globales de los ATBs en estudio en los años 2018 y 2019 (período pre-pandemia) fueron de 40.5 y 39.6 DDD/100 días cama ocupado respectivamente. En el año 2020 y 2021 (periodos peak de la pandemia y desarticulación del PROA), se registraron consumos de 71.0 y 72.5 DDD/días cama ocupado respectivamente. En el año 2022 (periodo de pandemia y reactivación del PROA) se consumieron 63.6 DDD/100 días cama, demostrando una disminución del 12% respecto al año 2021. Los cinco ATBs más consumidos en DDD/100 días cama ocupado durante el 2021 fueron la ceftriaxona (21.4), metronidazol (10.2), vancomicina (7.4), imipenem-cilastatina (5.8) y ciprofloxacino (5.4). Durante el 2022, el consumo de vancomicina, imipenem-cilastatina y ciprofloxacino, se redujo un 39, 45 y 24% respectivamente, con respecto al año 2021, gracias a las intervenciones que retomó el equipo de PROA. Sin embargo en el caso de la ceftriaxona se obtuvo una reducción solo del 6% y el metronidazol un aumento del 4% en el consumo del 2022 respecto al 2021. Con respecto al resto de los antimicrobianos, las varianzas en consumo fueron mucho más discretas en comparación a los mencionados. La reactivación del equipo de PROA en el año 2022 se tradujo en una reducción del gasto de un 29% con respecto al 2021.

Conclusiones: Durante la pandemia COVID-19 muchos hospitales vieron aumentados los consumos de ATMs. Sin duda esta emergencia provocó una presión sanitaria enorme en los establecimientos de salud que impidió desarrollar las actividades habituales del PROA de forma normal. El HFBC enfrentó además, factores intrínsecos de alto impacto que resultaron en la desarticulación del PROA durante los años 2020 y 2021. La reactivación de este programa en el 2022 dejó en evidencia la importancia de las intervenciones que realiza este equipo multidisciplinario, quedando un arduo camino que recorrer. Los focos de control se centran en la ceftriaxona y metronidazol que registraron los consumos más elevados y que actualmente se encuentran prescritos libremente en el Hospital, en los que se debe analizar en forma más profunda su uso y ejercer estrategias del tipo educativas y restrictivas.

Keywords: Antimicrobiano, PROA, Consumo de antimicrobianos, DDD/100 días cama ocupado, Gasto de antimicrobianos

"Infecciones por enterobacterias resistentes a carbapenémicos: análisis clínico-epidemiológico y mortalidad en un hospital terciario de la región Metropolitana"

Paulina Vergara Pinto¹, Francisca Morales¹, Valentina Pizarro¹, Claudia Monterrosa², Carolina Quilaqueo¹, Francisco Zamora¹, Claudio González³

¹ Hospital Barros Luco Trudeau, Departamento de Infectología, Facultad de Ciencias médicas, Universidad Santiago de Chile, Santiago, Chile.

² Hospital Barros Luco Trudeau, Farmacia Clínica, Santiago, Chile.

³ Hospital Barros Luco Trudeau, Farmacia clínica, Santiago, Chile.

Introducción:

La incidencia de bacilos gramnegativos resistentes a carbapenémicos ha crecido alarmantemente en la última década, agravado por la pandemia COVID-19. Las *Enterobacteriaceae* resistentes a carbapenémicos (ERC) se posicionan como una grave amenaza en salud pública, dada su relación con mortalidad elevada. Pacientes con infecciones por ERC tienen 3 veces más probabilidades de recibir terapia ineficaz, aumentando mortalidad y estadía hospitalaria.

Objetivo:

Describir las características clínico-epidemiológicas, perfiles de resistencia y mortalidad a 30 y 90 días, de pacientes afectados por ERC en un hospital terciario de la región metropolitana, entre mayo 2022 y mayo 2023.

Materiales y Métodos:

Estudio de una cohorte retrospectiva, que incluyó pacientes mayores de 15 años con diagnóstico de infección por ERC, que recibieron al menos 48 horas de tratamiento antibiótico efectivo. Tras el aislamiento en cultivo, se identificaron por técnica Maldi-TOF, con estudio fenotípico mediante prueba de Carba-NP. Se realizó cruce de información de registro de farmacia y base de datos anonimizada de uso clínico equipo infectología. Se realizó análisis descriptivo de los datos.

Resultados:

Se incluyeron 28 pacientes, 57% de sexo masculino y edad promedio 59 años. La mayoría con alta carga comórbida, con Índice de Charlson promedio 3,2. Dentro de los factores de riesgo asociados: 78,5% tenía exposición previa a antibióticos de amplio espectro (carbapenémicos y quinolonas). El 67,8% antecedentes de cirugías recientes; 28,5% con antecedentes de colonización por ERC y 21,4% hospitalización en los últimos 6 meses. El foco de infección en orden decreciente fueron piel y partes blandas 32,1%, abdominal 21,4%, respiratorio y urinario cada uno con 17,8% y tracto sanguíneo 10,7%. En general de carácter polimicrobiano (60,7%). Mayoría correspondía a *Klebsiella pneumoniae* (71,4%), seguida de *Enterobacter cloacae complex* (32,1%). Mecanismo de resistencia enzimático en un 75% fue debido a carbapenemasa, 52,3% causado por KPC, VIM y NDM 28,5% cada una. Un caso de co-expresión (KPC y NDM) en *Citrobacter freundii*. El 92,8% ingresados en unidad de paciente crítico, con ajuste de tratamiento en promedio a los 4 días. El 75% recibe ceftazidima/avibactam, combinado o en monoterapia. Otros esquemas menos utilizados fueron combinación colistín, amikacina y tigeciclina. Mortalidad fue de un 37,9%, con estancia hospitalaria en promedio de 81 días.

Conclusiones:

Las infecciones por ERC en nuestro centro presentan patrones consistentes con tendencias globales y nacionales, con *Klebsiella pneumoniae* destacando como agente dominante, seguida de *Enterobacter spp*. Las infecciones más prevalentes fueron cutáneas. La elevada mortalidad y la prolongada estadía hospitalaria reflejan la gravedad de las infecciones por ERC.

Keywords: (1) Enterobacteriaceae, (2) Multiresistencia, (3) Carbapenemasas

Financing: Sin financiamiento externo

Acknowledgments: Hospital Barros Luco Trudeau, equipo infectología y farmacia clínica.

Evaluación de la sinergia Ceftazidima/avibactam-Aztreonam en Enterobacterales productores de metalo-β-lactamasas aislados en el Hospital Guillermo Grant Benavente de Concepción

Néstor Andrés Herrera Chávez¹, Javiera Torres Valderrama¹, Iván Rodríguez López¹, Alejandro Aguayo Reyes^{2,3}, Roberto Vega¹, Maximiliano Matus Köhler⁴, Andrés Opazo Capurro⁴, Gerardo González Rocha⁴

⁽¹⁾ Hospital Dr. Guillermo Grant Benavente, Concepción, Chile

⁽²⁾ Hospital Dr. Guillermo Grant Benavente, Infectólogo, Concepción, Chile

⁽³⁾ Universidad de Concepción, Departamento de Medicina Interna, Facultad de Medicina, Concepción, Chile

⁽⁴⁾ Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos, Facultad de Ciencias Biológicas, Concepción, Chile

Introducción: La resistencia a los antimicrobianos (RAM) es un grave problema de salud pública; es así que, de no tomar acciones oportunas para frenar el vertiginoso avance de la misma, se estima que para el 2050 habrán más de 10 millones de muertes al año producto de enfermedades infecciosas asociadas a la RAM en el mundo. Los Enterobacterales productores de metalo-β-lactamasas clase B (MBL) son un importante desafío terapéutico, ya que presentan resistencia a prácticamente todos los β-lactámicos, incluidos antibióticos de última línea, como los carbapenémicos. Más aún, los genes que codifican a las MBL pueden encontrarse insertos en elementos extracromosomales móviles, lo cual aumenta el potencial de diseminación de estos determinantes de resistencia en entornos hospitalarios. La terapia combinada entre ceftazidima/avibactam y aztreonam (CAZ/AVI-ATM) ha mostrado efectos sinérgicos tanto en aislados productores de MBL *in vitro*, como también en la vida real, reportándose disminución de la mortalidad en pacientes con infecciones complicadas del torrente sanguíneo. Actualmente no existen plataformas automatizadas para testear la sinergia CAZ/AVI-ATM en laboratorios clínicos, lo cual es un problema para predecir oportunamente el éxito terapéutico de esta combinación.

Objetivo: Evaluar mediante el test fenotípico epsilometría/sensidisco la presencia de sinergia entre CAZ/AVI-ATM en Enterobacterales productores de MBL aislados desde muestras clínicas en el Hospital Guillermo Grant Benavente de Concepción.

Materiales y Métodos: Durante los meses de mayo-agosto del 2023 se recolectaron cepas de Enterobacterales productores de MBL desde muestras clínicas. Se identificó y determinó la susceptibilidad a carbapenémicos de las colonias bacterianas por Vitek®2XL (Biomérieux). Los aislados que presentaron resistencia a meropenem y/o imipenem fueron estudiados mediante el test inmunocromatográfico Resist-5 (CORIS) para la detección de carbapenemasas. Finalmente, para evaluar la sinergia entre CAZ/AVI-ATM se realizó el método de epsilometría de CAZ/AVI (Biomérieux) y sensidisco de aztreonam (Liofilchem).

Resultados: Se aislaron un total de 23 Enterobacterales productores de MBL. Según identificación bacteriana y tipo de carbapenemasa, los aislados se distribuyeron de la siguiente manera: 17 *Klebsiella pneumoniae* NDM (+) (74%), 3 *Enterobacter cloacae complex* NDM (+) (13%) y 2 *Escherichia coli* NDM (+) (9%). Se detectó una cepa *Klebsiella pneumoniae* co-productora de NDM y KPC (4%). La presencia de "D invertida" en la placa de cultivo se asoció a sinergia entre CAZ/AVI-ATM, evidenciado dicho efecto en 22 cepas (96%), mientras que 1 cepa (*Escherichia coli* NDM) (4%) no mostró sinergia de la terapia combinada. Además, 1 cepa resultó susceptible a aztreonam (4%); en este caso no fue posible evaluar sinergia.

Conclusión: El método epsilometría/sensidisco es una prueba sencilla y práctica de implementar en el laboratorio clínico local para detectar sinergia entre CAZ/AVI-ATM. Del total de cepas estudiadas en este trabajo, en más del 95% fue posible evidenciar un efecto sinérgico entre las drogas testeadas. En relación a los aislados que no presentan sinergia, es necesario estudiar los mecanismos que confieren resistencia a la terapia combinada.

Keywords: Resistencia antimicrobiana, Carbapenemasas, Enterobacterales, Sinergia, CAZ/AVI + ATM

Financing: Inscripción congreso gentileza Biomerieux

Acknowledgments: Agradecimientos a Biomerieux por gestión asistencia a congreso, colaboración con insumos para realización test sinergia CAZ/AVI + ATM.

Resistencia antibacteriana de enterobacteriales aislados desde muestras alimentarias. explorando una vigilancia antimicrobiana con enfoque "Una Salud"

Daniel Herrera Vergara¹, Darka Espinoza Rivera¹, Natalia Rivera Castro¹, Valery Pizarro Díaz¹, Constanza Marambio Cisternas¹

⁽¹⁾ Universidad Santo Tomás, Facultad de Salud, Ruta 5 Norte #1068, La Serena, Chile

Introducción: La resistencia a los antimicrobianos (RAM) representa una importante amenaza mundial en los sectores humano, animal, vegetal, alimentario y ambiental. Dado que la RAM tiene múltiples impulsores, adoptar una orientación de "Una Salud" es esencial para garantizar que todas las partes interesadas se comuniquen y trabajen juntos de manera eficaz. "Una Salud" es un enfoque integrado y unificador que tiene como objetivo lograr resultados de salud óptimos y sostenibles para las personas, los animales y los ecosistemas. Los alimentos sirven como vehículos de exposición a las bacterias, especialmente a las que presentan resistencia a los antimicrobianos, esto nos demuestra que las bacterias no presentan límites y barreras, llegando a colonizar alimentos como frutas, carnes y pescado. Los antimicrobianos se han vuelto indispensable para la ganadería, agricultura y acuicultura, para mantener el bienestar y seguridad alimentaria. Ante esto cobra importancia determinar la RAM en la microbiota comensal de animales y vegetales que puedan generar transferencia de estos genes de resistencia.

Objetivo: Determinar perfiles de resistencia antibacteriana en Enterobacteriales aislados desde muestras de origen alimentario.

Material y método: La presente investigación posee carácter exploratorio. Los alimentos incluidos correspondieron a materias primas de vegetal y alimentos listos para consumo, excluyendo bebidas y golosinas. 43 muestras fueron recolectadas durante el periodo marzo a mayo del año 2023. El transporte de las muestras se realizó por el medio de doble embalaje, dentro de una bolsa hermética estéril y mantenida 4° C. Las muestras trituradas (3,3 gr) se suspendieron en 30 mL de caldo peptonado, posteriormente fueron sembradas e incubadas a 37°C durante 18- 24 horas en agar Mac Conkey. La identificación se realizó mediante pruebas bioquímicas manual y el estudio de susceptibilidad mediante el método de Kirby-Bauer interpretado según CLSI 2023.

Resultados: Se aislaron un total de 60 Enterobacteriales, dentro de los géneros más frecuentes se identificaron *Escherichia*, *Klebsiella*, *Enterobacter* y *Citrobacter*. Las cepas de *Escherichia coli* resultaron sensible en un 7% a ampicilina, 7% a cefazolina, 100% a ciprofloxacino, 60% a nitrofurantoina y 100% a sulfametoxazol / trimetropin. Las cepas de *Klebsiella spp.* resultaron sensible en un 90% a ciprofloxacino, 60% nitrofurantoina y 100% a sulfametoxazol / trimetropin. Las cepas de *Enterobacter cloacae* resultaron sensible en un 100% a ciprofloxacino, 17% nitrofurantoina y 83% a sulfametoxazol / trimetropin. Las cepas de *Citrobacter freundii* resultaron sensible en un 88% a ciprofloxacino, 100% nitrofurantoina y 100% a sulfametoxazol / trimetropin.

Conclusiones: Este trabajo que entrega los primeros datos nacionales de resistencia en Enterobacteriales de aislados desde muestras alimentarias. Los análisis demuestran que las cepas poseen diversos mecanismos de resistencias. Las materias primas como frutas y verduras pueden ser contaminadas a partir de: aguas de riego, estiércol de animal o suelo de cultivo. En cambio, a los alimentos listo para consumo se atribuye principalmente a una contaminación en la cadena de producción. Considerando el rol colonizador de los Enterobacteriales en la microbiota intestinal, se hace fundamental realizar vigilancia de los perfiles de resistencia presente en los aislados alimentarios que estén siendo consumidos, de esta manera, generar información para dirigir terapias empíricas según epidemiología local. Nuestro trabajo evidenció mayor índice de resistencia a la ampicilina, cefalosporina y nitrofurantoina.

Keywords: Resistencia antibacteriana, Enterobacteriales, Una salud, Muestras alimentarias

Financing: Financiamiento por fondos de seminario de investigación 2023.

“Actividad in-vitro de ceftazidima/avibactam en aislados clínicos de *Klebsiella pneumoniae* resistentes a carbapenémicos”

Valeria Quiroz Palma^{1,2}, Lina María Rivas^{1,2}, José Rodrigo Martínez^{1,2}, María Paz Riquelme^{1,2}, Oscar Ortega^{1,2}, Juan Ugalde^{2,4}, Yohanna Antolinez^{1,2}, Valentina Sanfurgo^{1,2}, Katherine Soto^{1,2}, Anne Peters^{1,2}, María de los Ángeles Spencer^{1,2}, Ana María Quesille^{1,2}, Aura Villamil^{1,2}, Sandra Lorena Díaz^{1,2}, Rafael Araos^{1,2}, Patricia García^{2,3}, Jose Munita^{1,2}

(¹) Universidad del Desarrollo, Genomics and Resistant Microbes (GeRM) lab, Facultad de Medicina Clínica Alemana, Santiago, Chile

(²) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance (MICROB-R), Santiago, Chile

(³) Universidad Católica de Chile, Departamento de Laboratorios Clínicos, Escuela de Medicina, Santiago, Chile

(⁴) Universidad Andrés Bello, Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Facultad de Ciencias de la Vida, Santiago, Chile

Introducción:

Klebsiella pneumoniae resistente a carbapenémicos (Kpn-RC) es responsable de una alta morbi-mortalidad, afectando principalmente a pacientes hospitalizados y con condiciones de salud críticas. Si bien existen diversos mecanismos de resistencia asociados a la alteración de permeabilidad como bombas de expulsión o cambios en porinas, el mecanismo más común es la producción de carbapenemasas. En Chile, la prevalencia de Kpn-RC ha aumentado en los últimos años (26-46%), así como también la producción de carbapenemasas luego de la pandemia de COVID-19. Este escenario es preocupante debido a las reducidas opciones terapéuticas disponibles para el tratamiento de infecciones por Kpn-RC. Ceftazidima/avibactam (CZA) combina una cefalosporina de tercera generación (ceftazidima) con un inhibidor de b-lactamasas (avibactam) y está indicada para el manejo de infecciones causadas por Kpn-RC. La actividad de CZA frente a aislados de Kpn-RC en infecciones invasivas no ha sido suficientemente evaluada en nuestro país.

Objetivo:

Evaluar la actividad *in-vitro* de CZA en aislados de Kpn-RC causantes de infecciones en pacientes adultos en Chile.

Materiales y método:

Se incluyeron un total de 191 Kpn-RC; resistentes a >1 carbapenémico (ertapenem, imipenem y/o meropenem), recolectados desde 11 hospitales chilenos. Se incluyó 1 aislado por paciente. La identificación de especies se confirmó por MALDI-TOF y el perfil de susceptibilidad por Kirby Bauer según CLSI 2023. Según la fecha de cultivo, los aislados se clasificaron en dos periodos: pre-COVID (enero 2018 a febrero/2020, n=84) y post-COVID (marzo/2020 a enero/2023 n=107). La presencia de carbapenemasas se determinó por la técnica de PCR para los genes *bla*_{KPC}, *bla*_{VIM} y *bla*_{NDM}. Además, la presencia de carbapenemasas fue corroborada mediante secuenciación del genoma completo en plataforma Illumina. Todos los aislados que resultaron positivos para una metalo-enzima (i.e. *bla*_{VIM} y *bla*_{NDM}) fueron excluidos del estudio. La concentración inhibitoria mínima (CIM) a CZA se determinó en triplicado por microdilución en caldo siguiendo lo establecido por el CLSI 2023, incluyendo *K. pneumoniae* ATCC BAA-1705 (productora de carbapenemasa KPC), *K. pneumoniae* ATCC 700603 (no productora de carbapenemasas) y *E. coli* ATCC 25922 como cepas control.

Resultados:

De 191 Kpn-RC; 113 (59%) fueron Kpn-RC no productoras de carbapenemasas y 78 (41%) fueron positivas para *bla*_{KPC-2}. De acuerdo a MLST a partir de los genomas obtenidos, los secuenciotipos (ST) más frecuentes fueron ST25 (33%), ST11 (16%) y ST1161 (8%). El 60% de las Kpn-RC *bla*_{KPC-2} pertenecieron al ST1161, mientras que el 55% de las no productoras de carbapenemasas fueron ST25. Interesantemente, el linaje ST11 se encontró en similares proporciones (15% y 26%, respectivamente) en cepas productoras y no productoras. Todos los aislados de Kpn-RC fueron susceptibles a CZA (rango 0,25 - 8 mg/mL), con una CIM₅₀ y CIM₉₀ de 2 y 4 mg/mL, respectivamente. De los 13 (6%) aislados de Kpn-RC que presentaron una CIM=8 mg/mL; nueve correspondieron a cepas no productoras de carbapenemasas y el resto eran *bla*_{KPC-2} positivas. No se observaron diferencias en la CIM_{50/90} a CZA entre Kpn-RC productoras y no productoras de *bla*_{KPC-2} (2 y 4 mg/mL, respectivamente). Similarmente, la CIM_{50/90} a CZA en cepas recolectadas en el periodo pre- y post-COVID fue de 2/4 mg/mL en ambos periodos.

Conclusiones:

Nuestros resultados sugieren que CZA presenta una alta actividad *in vitro* (100%) en aislados clínicos de Kpn-RC. No observamos diferencias significativas en la actividad *in vitro* de CZA entre cepas productoras y no productoras de *bla*_{KPC-2} y tampoco entre aislados recuperados antes y después del inicio de la pandemia de COVID-2019. Sin embargo, se identificó un grupo de aislados con una CIM a CZA de 8 mg/mL, cercano al punto de corte de resistencia (16 ug/mL). La vigilancia de la actividad *in vitro* a CZA es fundamental para evaluar la emergencia de aislados resistentes a este antimicrobiano de última línea.

Keywords: ceftazidima/avibactam, *klebsiella pneumoniae*, microdilucion

Financing: ANID Fondecyt 1211933

Acknowledgments: Para la Red de Laboratorios MICROB-R

Estudio de adherencia, supervivencia a tránsito gástrico *in vivo*, actividad antimicrobiana y genes de bacteriocinas en *Lactobacillus Plantarum* aislados desde quesos de cabra**Gabriela Rossi¹**, Claudio Coddou¹, Dagianna Gonzalez^{1,2}, Nicole Urriola¹⁽¹⁾ Universidad Católica del Norte, Departamento de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Larrondo 1281, Coquimbo, Chile⁽²⁾ Universidad Santo Tomás, Escuela de Tecnología Médica, Facultad De Ciencias, ruta 5 Norte 1068, La Serena, Chile

Los *Lactobacillus* son bacterias Gram positivas con capacidad probiótica, poseen propiedades beneficiosas para su hospedero. Poseen capacidad antimicrobiana, produciendo compuestos inhibidores como ácidos y bacteriocinas. Este estudio tiene como objetivo investigar la capacidad antimicrobiana, adherencia a células intestinales, supervivencia a tránsito gástrico y la presencia de genes de bacteriocinas en 9 cepas de *Lactobacillus plantarum* aisladas desde quesos de cabra en la región de Coquimbo. Para evaluar la actividad antimicrobiana se realizaron pruebas de competencia a la adhesión a células Caco-2 (células de colon humano) de las 9 cepas de *Lactobacillus plantarum* (A1, A2, A3, V1, V2, V4, M8, M11, M12), sobre el enteropatógeno *Escherichia coli* ATCC 35218 y *Salmonella enteritidis*. Se sembraron células Caco-2 hasta obtener un 80-90% de confluencia, luego se lavaron con PBS 1X y se agregaron las suspensiones bacterianas (cepas de *L. plantarum* y *E. coli* ATCC 35218 o *S. enteritidis*), las cuales fueron preparadas a una concentración de 0,5 McFarland ($1,5 \times 10^8$ UFC/ml). Cada test se realizó por triplicado: *Lactobacillus* control, patógeno control y test (*Lactobacillus* + patógeno) a una concentración de 1 /10 de *Lactobacillus* o patógeno según ensayo. Las placas fueron incubadas a 37°C en presencia de CO₂ durante 90 minutos. Luego se lavaron con PBS 1X y se agregaron 500 µL de Tritón X100 0,5%, se tomaron 100 µL de cada pocillo, se realizaron 6 diluciones seriadas 1/10 y se sembraron 100 µL de cada una de ellas en agar MRS y McConkey para el recuento de colonias. La actividad de competencia de las cepas de *Lactobacillus* con *E. coli* y/o *S. enteritidis* se determinó con el porcentaje de reducción de patógenos viables. La adherencia se midió utilizando los pocillos controles de *L. plantarum*. La supervivencia a tránsito gástrico se realizó *in vivo* utilizando 4 ratas Sprague Dawley de 3 meses con hipersensibilidad visceral, a las cuales se les administraron las 9 cepas en forma de conglomerado a una concentración de 10⁹ UFC/ml por 2 semanas mediante sonda oro-gástrica, posterior al tratamiento las ratas fueron sacrificadas y se obtuvieron muestras de heces directamente del ciego de los animales, las heces (0,2 g) fueron homogenizadas en caldo MRS y plaqueadas en agar MRS e incubadas por 48 horas, finalmente se realizó tinción de Gram a las colonias. Por último, se analizó la presencia de los genes de plantaricinas EF, G, C, B, D, A, S, W, Gasericina T, NC8 y Lactasa F por PCR.

Los resultados de los ensayos *in vitro* mostraron que la adherencia a células humanas Caco-2 de las cepas probióticas fue de 10⁵ UFC/ml para las cepas A3, V1, V2, M8, M11 y M12 y 10⁴ UFC/ml para las cepas A1, A2 y V4. Y en el ensayo *in vivo* se demostró de forma cualitativa la presencia de cepas ácido lácticas, que corresponden a bacilos Gram positivos con características de colonias de *Lactobacillus plantarum* en las heces de las ratas, las cuales podrían ser los *Lactobacillus* administrados.

Los resultados de competencia de las cepas probióticas y *E. coli* ATCC 35218 en la monocapa de células Caco-2, mostraron que las cepas *L. plantarum* V1, A3 y A1 presentaron las actividades más fuertes de desplazamiento de *E. coli* ATCC 35218 con un 95,3%, 44,6% y 23,6% respectivamente. Mientras que las cepas V4, M8 y M11 mostraron un desplazamiento sobre *Salmonella enteritidis* corresponde a un 8,24 %; 61,76 %; 19,71 % respectivamente. La presencia de las plantaricinas EF, G y D se observó en el 100% de las cepas analizadas, mientras que el gen NC8 y de la plantaricina S se encontró en el 89% (8/9) de las cepas, las plantaricinas C y B está presente en un 78% de los lactobacilos, el gen de la Lactasa F se encontró en el 67% (6/9), el gen de plantaricina A en el 56% (5/9) de las cepas y la Gasericina T y la plantaricina W, no se encuentran presentes en ninguna de ellas.

Concluimos que las 9 cepas de *Lactobacillus plantarum* aisladas desde quesos de cabra frescos producidos en la región de Coquimbo son capaces de adherirse a células humanas y sobreviven al tránsito gastrointestinal de rata, por lo tanto es posible que puedan colonizar las células intestinales humanas. Además, poseen buenas propiedades probióticas, al presentar genes de bacteriocinas y desplazar enteropatógenos como *E. coli* ATCC 35218 y *Salmonella enteritidis*. De esta forma, en un futuro podrían ser utilizados en el tratamiento contra patógenos.

Keywords: Bacteriocinas, actividad antimicrobiana, *Lactobacillus plantarum*

Financing: Núcleo para el estudio del cáncer a nivel básico, aplicado y clínico VRIDT UCN 20210401007

Acknowledgments: Beca Doctorado nacional, ANID

**Hipersensibilidad a betalactámicos reportado por pacientes hospitalizados y perfil de prescripción en el hospital clínico Magallanes, periodo 2019-2022.**

Renato Carrasco¹, María Jose Zamorano¹, Gabriela Delgado¹, Mónica Pinto¹, Rodrigo Muñoz¹, Ariel Figueroa¹

⁽¹⁾ Hospital Clínico de Magallanes, Programa de optimización de uso de antimicrobianos.

ANTECEDENTES: Las reacciones de hipersensibilidad a antimicrobianos dan cuenta de una parte importante de las alergias referidas a fármacos. La prevalencia reportada de hipersensibilidad a betalactámicos (BL) dentro de la población general es de aproximadamente 10%, sin embargo, estudios demuestran que alrededor del 1% corresponde a reacciones mediadas a través de IgE, donde transcurridos 10 años se estima que un 80% pierde esta condición. El antecedente de alergia deriva en la utilización de antimicrobianos de otras familias de mayor espectro, con un potencial aumento de costos, prolongación de días de hospitalización, readmisión, desarrollo de resistencia antimicrobiana y resultados terapéuticos subóptimos. Por lo anterior, es importante conocer la relación entre las alergias reportadas y el perfil de prescripción en nuestra institución con relación a este antecedente.

OBJETIVOS: Describir el perfil de prescripción de antimicrobianos frente al reporte de hipersensibilidad a betalactámicos en el Hospital Clínico Magallanes durante el período 2019-2022.

MATERIAL Y METODOS: Se desarrolló un estudio descriptivo, retrospectivo, cuantitativo, con datos del período 2019 a 2022 en pacientes hospitalizados en el Hospital Clínico Magallanes obtenidos desde la plataforma informática interna. Se consideraron pacientes adultos y pediátricos, recopilando antecedentes de hipersensibilidad reportados en la receta médica y el historial de antimicrobianos prescritos durante el período descrito. Para el análisis de los datos se utilizó Microsoft Excel.

RESULTADOS: Se obtuvo el antecedente de hipersensibilidad a algún medicamento en 1955 pacientes, de éstos 854 (43,6%) correspondieron a antimicrobianos, siendo 748 (38,2%) a alguna familia de betalactámicos. Dentro de los BL: 694 (92,7%) corresponde a derivados de penicilinas, 53 a cefalosporinas (7%) y 1 a carbapenémicos (0,13%). De quienes informaron reacción a derivados de penicilinas 208 (29,9%) recibieron tratamiento antimicrobiano con un betalactámico en uno o más eventos: a 47 pacientes se les prescribió penicilina, a 190 cefalosporinas y a 13 carbapenémicos. Dentro del grupo que reportó hipersensibilidad a derivados de penicilinas, a 25 (12%) se les prescribió piperacilina/tazobactam, a 14 (6,7%) cloxacilina, a 14 (6,7%) aminopenicilinas, a 79 (37,9%) cefalosporinas de primera generación, a 142 (68,2%) cefalosporinas de tercera o cuarta generación y a 13 (6,8%) carbapenémicos. Por su parte 15 pacientes reportaron alergia a cefalosporinas, de éstos a 10 se les prescribió algún derivado cefalosporínico de primera a cuarta generación, a 10 derivados de penicilinas y a 5 pacientes carbapenémicos en uno o más eventos. Solo 1 paciente reportó hipersensibilidad a atrápenme y en su estadía se le prescribió derivados de penicilinas, cefalosporinas y meropenem. En ninguno de los tres grupos se registraron en ficha clínica reacciones alérgicas que ameritaran suspensión o cambio de tratamiento.

CONCLUSIONES: Los antimicrobianos representan un grupo importante de fármacos que dan cuenta de reacciones de hipersensibilidad. La evaluación de la historia clínica del paciente con relación a las características de esta reacción, permiten orientar al equipo clínico a su estudio y eventual descarte o confirmación de la entidad. En esta revisión, el 29,9 % de los pacientes que señalaron antecedentes de hipersensibilidad recibieron un fármaco estructuralmente relacionado con la familia reportada como alérgeno, sin evidencia de reacciones adversas asociados a su reexposición. Extrapolamos que nuestros datos concuerdan con lo reportado con la literatura donde la mayoría de las reacciones de hipersensibilidad reportadas no son verdaderas, siendo fundamental una adecuada anamnesis para la evaluación de estos antecedentes y un rol activo de los equipos interdisciplinarios de control de antimicrobianos para optimizar cada tratamiento. Como limitación, no contamos con información suficiente para definir si los pacientes con hipersensibilidad que recibieron betalactámicos son un reflejo de desconocimiento de la clasificación de los distintos derivados de esta familia antimicrobiana u otra razón.

Keywords: Alergia, hipersensibilidad, betalactámicos

Financing: No

Acknowledgments: No

Tratamiento exitoso de bacteriemias por *Stenotrophomonas maltophilia* con ceftazidima/avibactam y aztreonam**Patricio Ross Pérez¹**, Francisca Caro², Patricia García^{2,3}, Jaime Labarca¹⁽¹⁾ Departamento de Enfermedades Infecciosas del Adulto, Escuela de Medicina, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago de Chile⁽²⁾ Laboratorio de Microbiología, Red de Salud UC-CHRISTUS⁽³⁾ Departamento de Laboratorio Clínico, Escuela de Medicina, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago de Chile

Antecedentes: *Stenotrophomonas maltophilia* es un bacilo gram negativo no fermentador oportunista que produce infecciones graves en pacientes críticos e inmunosuprimidos con una alta tasa de mortalidad. El tratamiento recomendado incluye cotrimoxazol o levofloxacino. En los casos en que no puedan utilizarse por resistencia o intolerancia, se sugiere el uso de ceftazidima/avibactam con aztreonam. Sin embargo, la evidencia clínica que apoya esta recomendación corresponde a casos clínicos aislados.

Objetivo: Describir una serie de casos de pacientes con bacteriemia por *Stenotrophomonas maltophilia* tratados con ceftazidima/avibactam con aztreonam.

Métodos: Estudio descriptivo de pacientes hospitalizados en un hospital universitario con bacteriemia por *S. maltophilia* entre enero 2020 y agosto 2023. Se describen características demográficas, clínicas y microbiológicas de los pacientes, el tratamiento utilizado y los desenlaces clínicos. Las variables categóricas se describen en número absoluto o frecuencia, y las variables continuas como mediana y rangos.

Resultados: Se encontraron 23 casos de bacteriemia por *S. maltophilia* de las cuales 9 recibieron tratamiento basados en ceftazidima/avibactam con aztreonam. La mediana de edad fue de 39 años (17-79 años). Seis pacientes estaban inmunocomprometidos: 1 cáncer metastásico, 2 trasplantados hepáticos y 3 trasplantados de progenitores hematopoyéticos. Previo a la infección, cuatro pacientes usaban antibióticos profilácticos: cuatro usaban cotrimoxazol y dos usaban levofloxacino. Al momento de la infección todos los pacientes se encontraban en unidades de alta complejidad con una mediana de estadía de 26 días (0-151 días), y 3 de ellos se encontraban en ventilación mecánica invasiva. Ocho pacientes habían usado antibióticos previo a la infección, incluyendo cinco de ellos que recibieron carbapenémicos. La mediana de puntaje de SOFA y APACHE II al momento del diagnóstico fue de 5 (1-17) y 18 (5-30), respectivamente. Respecto a los focos de la bacteriemia, se objetivaron: 3 ITS-CVC, 2 neumonías, 2 sin foco, 1 intraabdominal y 1 infección de partes blandas. Dos pacientes tuvieron bacteriemia polimicrobiana por *E. faecium* (1) y *E. cloacae* (1). Seis aislados fueron resistentes a cotrimoxazol y levofloxacino, dos fueron resistentes sólo levofloxacino y uno fue resistente sólo a cotrimoxazol. Todos los aislados fueron susceptibles a minociclina. El test de sinergia a ceftazidima/avibactam con aztreonam por superposición en E-test logró CIM 50 y CIM 90 de 1 ug/mL y 4 ug/mL, respectivamente. Cuatro pacientes recibieron terapia combinada con minociclina (3) y cotrimoxazol (1), con una mediana de duración de 10 días (5-30). Ocho pacientes lograron cura clínica (88.9%) y un paciente falleció luego de 4 días del diagnóstico. Siete de 8 pacientes con hemocultivos de control tomados lograron erradicación microbiológica (87.5%). La mediana de estadía hospitalaria fue de 32 días (4-58) y 4 pacientes fallecieron en la hospitalización (44.4%). De los 5 pacientes egresados vivos, 1 se rehospitalizó y falleció en dicha estadía.

Conclusión: La combinación de ceftazidima/avibactam con aztreonam es una alternativa promisoriosa de tratamiento para las infecciones del torrente sanguíneo por *Stenotrophomonas maltophilia*.

Keywords: *Stenotrophomonas*, Carbapenemasas, Oportunista, Ceftazidima/avibactam, Aztreonam

Resistencia a carbapenémicos mediada por vesículas extracelulares de membrana externa (OMVs) en enterobacteriales co-productores de carbapenemasas

Ana María González Soto^{1,2}, Valeria Quiroz^{1,2}, Francisca Caro-Vilches^{2,3}, Ignacio Rodríguez⁴, María P Acuña⁴, Anne Peters^{1,2}, María P Riquelme^{1,2}, José RW Martínez^{1,2}, Ana M Quesille-Villalobos^{1,2}, Lorena Díaz^{1,2}, Patricia García^{2,3}, Christina Schuh⁵, José M Munita^{1,2}

(1) Genomics and Resistant Microbes (GeRM), Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina (ICIM), Facultad de Medicina Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo, Santiago, Chile.

(2) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance (MICROB-R), Santiago, Chile

(3) Departamento de Laboratorios Clínicos, Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile.

(4) Hospital La Florida Doctora Eloísa Díaz, Santiago, Chile.

(5) Centro de Medicina Regenerativa, Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina (ICIM), Facultad de Medicina Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo, Santiago, Chile.

Introducción. Las infecciones provocadas por Enterobacteriales resistentes a carbapenémicos (ERC) son un grave problema de salud pública. El principal mecanismo de resistencia a carbapenémicos es la producción de carbapenemasas, las cuales son habitualmente portadas en elementos genéticos móviles que facilitan su diseminación. En los últimos años, se ha reportado la emergencia de ERC co-productores de carbapenemasas (ERC-CPC); lo cual supone un desafío terapéutico aún mayor. Aunque el contexto genético de estas enzimas está parcialmente descrito, el mecanismo de adquisición y diseminación en ERC-CPC no ha sido completamente explorado. Recientemente, se ha caracterizado un nuevo mecanismo de diseminación de la resistencia antimicrobiana, el cual es mediado por vesículas de membrana externa (OMVs). Comprender el rol de las OMVs en ERC-CPC puede contribuir al desarrollo de estrategias de control de la diseminación de carbapenemasas.

Objetivo. Evaluar la transferencia de resistencia a carbapenémicos mediada por OMVs en aislados clínicos de ERC-CPC.

Métodos. Se evaluaron 4 aislados clínicos de ERC-CPC (todos portadores de bla_{KPC} y bla_{NDM}) de diferentes especies: *Citrobacter freundii*, *Escherichia coli*, *Klebsiella oxytoca* y *Klebsiella pneumoniae*. La extracción de OMVs se realizó mediante ultracentrifugación. La presencia de OMVs y su tamaño se determinó mediante análisis de seguimiento de nanopartículas (NTA). Posteriormente, se evaluó el crecimiento de una cepa sensible a carbapenémicos (*E. coli* ATCC 25922) en presencia y ausencia de imipenem (0.5 µg/mL) y expuesta a concentraciones ascendentes de OMVs (rango 0.78 – 50 µg/mL) mediante la medición de DO_{600nm} .

Resultados. Se obtuvo producción de OMVs partir de los 4 aislados de ERC-CPC, las que mostraron tamaños variables: *C. freundii* 184.4 ± 54.5 nm, *E. coli* 243.5 ± 84.16 nm, *K. oxytoca* 178.2 ± 47.9 nm, *K. pneumoniae* 103.4 ± 42.5 nm. No hubo crecimiento de *E. coli* ATCC 25922 en medio suplementado con imipenem (0.5 µg/mL) y se observó crecimiento en todas las concentraciones de OMVs en ausencia de antibiótico, independiente del origen de las OMVs. *E. coli* ATCC25922 fue capaz de crecer en medio suplementado con imipenem en presencia de OMVs obtenidas de *K. pneumoniae*, en todas las concentraciones analizadas. Más aún, observamos un efecto dosis dependiente, obteniendo DO_{600nm} desde 0.36 ± 0.07 hasta 0.77 ± 0.08 (aumento ~2 veces en DO_{600nm} medida en punto final) con concentraciones de OMVs de 0.78 y 50 µg/mL, respectivamente. En contraste, no observamos crecimiento de *E. coli* ATCC25922 expuesta a imipenem en presencia de OMVs extraídas de *C. freundii*, *E. coli* y *K. oxytoca*.

Conclusiones. Todas las cepas de ERC-CPC produjeron OMVs, sin embargo, el efecto protector de estas vesículas varió respecto de la especie bacteriana. Sólo las OMVs obtenidas desde *K. pneumoniae* permitieron el crecimiento de *E. coli* ATCC25922 en presencia de imipenem. Nuestros hallazgos sugieren que OMVs pueden ser un mecanismo alternativo de transferencia de resistencia antimicrobiana en cepas clínicas de ERC-CPC. El estudio del rol de las OMVs en la diseminación de resistencia antimicrobiana puede aportar información invaluable para mejorar nuestra comprensión del problema y direccionar estrategias efectivas para su contención.

Keywords: *Klebsiella pneumoniae*, carbapenémicos, OMVs, carbapenemasa

Financing: ANID FONDECYT N°1211947

Acknowledgments: Para la Red de Laboratorios MICROB-R

Infecciones por bacilos GRAM negativos resistentes a carbapenémicos: características clínico-epidemiológicas y mortalidad en un hospital terciario de RM

Valeria Pizarro C.¹, Vergara Paulina¹, Francisca Morales¹, Claudio González², Claudia Monterrosa², Catalina Cortés¹, Natalia Alarcón¹, Francisco Zamora¹

(1) Hospital Barros Luco Trudeau, Universidad de Santiago de Chile, Departamento de infectología, Facultad de ciencias médicas, Gran Av. José Miguel Carrera 3122, San Miguel, Santiago, Chile

(2) Hospital Barros Luco Trudeau, Farmacia clínica, Gran Av. José Miguel Carrera 3122, San Miguel, Santiago, Chile

ANTECEDENTES: Las infecciones por bacterias multirresistentes, especialmente los bacilos gram negativos (BGN), representan un desafío clínico debido a las limitadas opciones terapéuticas y su asociación con una mayor morbimortalidad. *Acinetobacter baumannii* resistentes a carbapenémicos (CRAB), *Pseudomonas aeruginosa* multidrogoresistentes (PAEMDR o PAE XDR) y *Enterobacteriaceae* resistentes a carbapenémicos (ERC) han sido catalogados por la OMS como de investigación prioritaria debido a que se prevé que serán la principal causa de mortalidad en la población mundial en las próximas décadas.

OBJETIVO: Describir las características clínico-epidemiológicas, perfiles de resistencia y mortalidad a los 30 y 90 días de pacientes afectados por estas bacterias en un hospital terciario de la región metropolitana (RM).

MATERIALES Y MÉTODOS: Estudio de una cohorte retrospectiva que incluyó pacientes mayores de 18 años diagnosticados con infección por BGN multirresistentes (BGN MR) que recibieron al menos 48 horas de tratamiento antibiótico efectivo, entre Mayo 2022 a Mayo 2023. Para la obtención de la información, se utilizó el registro de farmacia y la base de datos anonimizada de uso clínico del equipo de infectología. Se realizó un análisis descriptivo de los datos.

RESULTADOS: De una muestra inicial de 41 pacientes, se excluyó 1 por interpretarse como colonización y 2 por imposibilidad de rescatar datos clínicos, resultando una muestra final de 38 pacientes. La mediana de edad fue de 62 años, mayoritariamente masculina (72%), alta carga de comorbilidades principalmente HTA (53%) y enfermedad renal crónica (32%), con un promedio de índice de Charlson de 3,7 pts. Tasas de colonización por BGN previo a la infección del 29%, de los cuales en el 81% se identificó una carbapenemasa. La exposición a carbapenémicos previo a la infección por BGN MR existió en el 47% de la muestra y a quinolonas en el 16%. La infección por BGN MR se produjo tras una mediana de 19 días desde el ingreso hospitalario (rango de 0-86 días). Un 89% de los pacientes tuvo una estadía previa en UPC, con una mediana de 15 días. Los principales focos de infección fueron piel y partes blandas (29%), respiratorio (26%) y abdominal (24%). Los microorganismos aislados fueron ERC 78%, PAEMDR o PAE XDR 12% y no hubo casos de CRAB. Respecto a los mecanismos enzimáticos de resistencia, se identifican BLEEs en el 58% y carbapenemasas en el 66% y de estas la más frecuentemente aislada fue KPC (13 casos), seguido por VIM (8 casos) y NDM (2 casos). La gravedad de los pacientes al momento del diagnóstico de la infección por el BGN MR se caracterizó por un SOFA de 5 puntos, APACHE de 17 puntos e INCREMENT de 6 puntos. El 61% tenía una lesión renal aguda concomitante y el 50% requirió ventilación mecánica. El tiempo al inicio del tratamiento dirigido tuvo una mediana de 3 días y los esquemas más utilizados fueron ceftazidima-avibactam como monoterapia (39%), ceftazidima-avibactam/aztreonam (21%) y colisitín/meropenem (11%). Como desenlace la estadía hospitalaria fue prolongada en la mayoría de los pacientes con una media de 44 días (14 a 329 días) y la mortalidad global fue del 31% y 36% a los 30 y 90 días respectivamente, ocurriendo en promedio a los 21 días.

CONCLUSIONES: La infección por BGN MR se asoció a alta mortalidad, destacando un alto porcentaje de pacientes con mayor carga de comorbilidades y prolongada estadía hospitalaria. Nuestros datos aportan al desarrollo de evidencia local y revelan la importancia de buscar estrategias para reducir el tiempo de inicio de antibioterapia efectiva. En este sentido consideramos el antecedente de colonización previa por estos microorganismos debería tomar especial relevancia para iniciar tratamientos empíricos adecuados y mejorar la eficacia de estos.

Keywords: (1) Bacilos gram negativos (2) multirresistencia (3) Mortalidad (4) carbapenemasas

Financing: Sin financiamiento externo

Acknowledgments: Equipo de infectología y Química clínica del Hospital Barros Luco Trudeau

Detección de carbapenemasas en pacientes colonizados mediante pcr por gene-xpert; uso de antimicrobianos en infectados y sobrevida a un añoFelipe Quilodran Ruiz¹, Ruben Muñoz-Rocha¹, Paulina Olivares Alarcón¹, Estefania Gamboa¹

(1) Hospital Dr. Eduardo Pereira, Infectología, Ibsen S/N, Valparaíso, Chile

Introducción

Desde el inicio de la pandemia el sobreuso de antimicrobianos contribuyó a un incremento de los microorganismos multirresistentes; Una gran preocupación han generado los bacilos gram negativos multirresistentes (BGNMR), sobre todo, aquellos con presencia de carbapenemasas. El rol de la colonización intestinal por carbapenemasas se estima como un elemento predictor de infecciones. Es necesario realizar estudios de vigilancia de la portación de BGNMR y su posible rol predictor de infecciones emergentes.

Objetivos

- Reportar la portación de carbapenemasas desde Enero a Diciembre de 2021 en Hospital Eduardo Pereira (HEP); cantidad de pacientes portadores que evolucionan con infección, evaluando el tiempo transcurrido entre colonización e infección y evaluar la sobrevida de los pacientes infectados post tratamiento a los 6 meses y 12 meses post alta hasta Diciembre 2022.
- Describir los agentes antimicrobianos usados en aquellos pacientes con infección por carbapenemasas según agente infeccioso, duración del tratamiento, tipo de infección pesquisada y mortalidad.

Material y método

La detección de carbapenemasas fue realizada por test Carba Blue, considerando cepas sospechosas cuando, el sistema automatizado (BD Phoenix) documentó una concentración inhibitoria mínima (CIM) de 2-4 µg/ml para Imipenem y Meropenem. Se realizó confirmación mediante biología molecular a través de PCR en tiempo real (por tecnología GeneXpert) identificando el gen *bla IMP*, *bla KPC*, *bla VIM*, *bla NDM*, *bla OXA 48* (Cepheid, Sunnyvale, USA).

Resultados:

Durante enero a diciembre 2021 se pesquisó presencia de carbapenemasas en 66 Pacientes.

El porcentaje de infección de los colonizados es de un 59% (39/66). Los cuadros clínicos involucrados son: neumonía, sepsis abdominal, infección urinaria, ITS CVC.

En total, 31 de 39 pacientes infectados post tratamiento antimicrobiano fueron dados de alta desde HEP.

Eran en su mayoría varones con promedio de edad 55 años, 74% de ellos tuvieron como cepa aislada *Klebsiella pneumoniae* (49/66), *Pseudomonas aeruginosa* 18% (12/66), *E. coli* 4.5% (3/66), *Citrobacter spp.* 3% (2/66).

La detección de carbapenemasas fue a través de hisopado rectal en 27/66 pacientes (41%).

13 de 27 pacientes (48%) con hisopados rectal (+) requieren antimicrobianos.

El promedio de días transcurridos entre colonización e infección detectada por biología molecular fue de 8 días

Entre las carbapenemasas el 82 % corresponden a KPC (54/66), VIM 23% (15/66) y finalmente NDM con 1,5% (1/66). Existió coinfección de carbapenemasas (KPC + VIM) en 6 % de los casos (4/66).

El porcentaje de mortalidad intrahospitalaria asociada a infección fue de un 36 %.

La sobrevida a los 6 meses de los infectados es de un 93,5% (29/31), sobrevida a los 12 meses de 87% (27/31). Destacan entre las causas de muerte infecciones (2 casos), neoplasias (1 caso) e insuficiencia hepática (1 caso). Los coinfectados con KPC + VIM tuvieron tasa de sobrevida a los 6 meses y 12 meses de 100%.

En los 39 pacientes infectados el antimicrobiano más utilizado fue ceftazidima/avibactam como piedra angular de esquemas antimicrobianos en 87 % de los casos (34/39). Se indicó ceftazidima/avibactam en monoterapia en 21/39 casos (54%) y asociado a combinaciones antibióticas (amikacina, aztreonam, tigeciclina o colistin) en 13/39 pacientes (33%); solo 5/39 pacientes no recibieron ceftazidima/avibactam (13%). La dosis diaria definida de ceftazidima/avibactam para el 2021 en HEP fue de 5,4 por 100 días cama

Conclusiones

La vigilancia de colonización por biología molecular con gene xpert emerge como herramienta útil en el estudio de bacilos gram negativos MDR en el ambiente hospitalario y permitió conocer los días promedio en que el colonizado podría requerir antimicrobianos. La confirmación precoz de la portación de carbapenemasas en bacilos gram negativos MDR con el apoyo de biología molecular permitió un diagnóstico temprano de KPC, VIM y NDM, ayudó a la instalación de un tratamiento antimicrobiano eficaz, oportuno y dirigido; logrando una baja mortalidad intrahospitalaria y una elevada sobrevida al año de seguimiento.

Keywords: Carbapenemasas, sobrevida, biología molecular, ceftazidima/avibactam, bacilos gram negativos MDR

Financing: Sin financiamiento

Acknowledgments: Equipo Infectología Hospital Dr. Eduardo Pereira

Duración abreviada de antimicrobianos en pediatría: aún falta más tiempo**Daniel Cortés Guerra**¹, Daniela Vargas², Arantzasú Arros², Valentina Sandoval², Carla San Martín²

(1) Hospital San Camilo, Servicio de Pediatría, San Felipe, Chile

(2) Universidad de Valparaíso, Escuela de Medicina, San Felipe, Chile

Introducción:

La terapia antimicrobiana constituye una importante herramienta terapéutica para el tratamiento de infecciones bacterianas, tanto en ámbito ambulatorio como hospitalario. El uso inapropiado tiene impacto negativo en costos, resistencia antibiótica y modificación de microbioma.

Se han desarrollado programas de optimización de antimicrobianos (PROA), que buscan adecuar su empleo tanto en tipo de prescripción, así como en dosis y duración de terapia. Con esta finalidad, se ha desarrollado la estrategia "Abreviado es mejor", que busca reducir días de exposición a antimicrobianos sin impactar en los resultados clínicos, con creciente evidencia predominantemente de población adulta en los últimos años. Para lo anterior, publicaciones recientes han establecido resultado similares en pediatría en infección urinaria baja y neumonía.

Objetivo:

Determinar tipo y duración de terapia antimicrobiana para infecciones frecuentes en pediatría por personal médico a cargo de atención de niños, niñas y adolescentes (NNA) perteneciente a la red de Servicio Salud Aconcagua (SSA), Chile.

Diseño y métodos:

Estudio descriptivo, transversal de tipo indagatorio, mediante aplicación de encuesta diseñada por los autores para los objetivos de la investigación. La encuesta consiste en un cuestionario online, autoadministrado, anónimo y no incentivado, creado a través de un formulario en la plataforma Google Forms, distribuida a médicos y médicas a cargo de atención de NNA en el SSA durante el año 2023.

Se indaga respecto al manejo de 6 infecciones ambulatorias frecuentes y con uso de antimicrobianos: infección urinaria (ITU) baja, infección urinaria alta, otitis media, sinusitis aguda, amigdalitis aguda y neumonía adquirida en la comunidad (NAC). Se registraron variables demográficas de interés para establecer el perfil de los prescriptores para su análisis.

Resultados:

Un total de 33 respuestas se registraron. 16 (48,5%) cuentan con especialidad en pediatría, 20 (60,6%) tienen formación de pregrado en Chile, siendo los restantes provenientes de otros países latinoamericanos. La mitad de los encuestados (48,5%) trabaja en atención primaria. Dos tercios completaron su último grado académico en los últimos 10 años. Predomina el empleo de cefadroxilo para ITU, siendo amoxicilina el antimicrobiano de primera elección para infecciones tracto respiratorio. 13 (39,4%) de los prescriptores indican terapia abreviada para cistitis y sólo 1 (3%) considera en su terapia duración de 3 a 5 días para tratamiento de la neumonía, predominando la prescripción de 6 a 8 días para esta patología (78,8%). No se objetivaron diferencias estadísticamente significativas independientemente del perfil del prescriptor en las variables analizadas - año de egreso del último proceso formativo, nivel académico (especialidad) o país de formación de pregrado.

Conclusiones: Existe baja adherencia a recomendaciones de terapia abreviada para ITU baja y NAC, independiente del perfil del prescriptor. Se objetiva tendencia a homogeneización en terapias de primera elección entre los encuestados. Esta información incipiente sugiere la existencia de exposición incrementada de antimicrobianos en NNA de la red perteneciente a SSA susceptible a mejoras con educación continua.

Keywords: abreviado, antimicrobiano, pediatría

Financing: Sin financiamiento externo

Acknowledgments: A médicos y médicas encuestados pertenecientes a red Servicio Salud Aconcagua

**Patrón de prescripciones de antimicrobianos en centros de atención primaria del servicio de salud metropolitano central durante el año 2021**

Mauricio Cofre¹, Javier Medel², Manuel Diaz², Sebastian Sepulveda²

(1) Hospital Barros Luco Trudeau, Infectología, USACH, Santiago, Chile

(2) Servicio de Salud Metropolitano Central, Subdirección de Gestión Asistencial, Santiago, Chile

Antecedentes: El desarrollo de agentes multirresistentes (AMR) es una amenaza favorecida por el uso inapropiado de los antimicrobianos. Se estima que entre un 30 a 50 % de las prescripciones de antimicrobianos son factibles de mejorar y/o optimizar. Considerando que entre el 80% y 60% de los tratamientos antimicrobianos en el mundo ocurren en atenciones ambulatorias se hace necesario conocer la manera en que se prescriben los antimicrobianos en la APS.

Objetivos: 1) Describir los antimicrobianos prescritos durante el año 2021 en los CESFAM de la red del SSMC. 2) Analizar días de prescripción de antimicrobianos por prescripción. 3) Mostrar distribución territorial de la prescripción de antimicrobianos en SSMC.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio retrospectivo de las prescripciones de antimicrobianos de los CESFAM del periodo comprendido entre el 04 de enero y el 31 de diciembre del año 2021. Se analizaron sólo prescripciones ambulatorias no realizadas en modalidad de urgencia. Basados en el arsenal farmacológico vigente el 2021 los antimicrobianos a analizar fueron: Amoxicilina, amoxicilina/ ac clavulánico, cefadroxilo, ciprofloxacino, claritromicina, azitromicina, nitrofurantoína, oxacilinas (se agruparon prescripciones de cloxacilina y flucloxacilina).

Resultados: De un total de 38.936 prescripciones generadas en todos los CESFAMs, los antimicrobianos más prescritos fueron amoxicilina, amoxicilina + ac clavulánico, ciprofloxacino y cefadroxilo con el 25%, 17%, 14% y 12% respectivamente. De 19 CESFAMs 3 acumulan tanto el mayor número de días de terapia (DOT) absoluto como también las mayores tasas de DOT por población validada. Además, sólo un 17% (N=6.478) corresponden a prescripciones por 5 días de tratamiento, 58% (N=22.683) por 7 días y un 25% (N=9.775) son prescripciones mayores a 7 días de tratamiento. Luego de conocer la distribución de las prescripciones, se utilizó la función de análisis de Kernel para la creación de mapas de calor que permiten visualizar una densidad en el uso antimicrobiano identificando "Hot Spots" en la red. Se identificaron tres "Hot Spots". Dos son pertenecientes a la comuna de Maipú: Distrito Censal N° 7 **Maipú Poniente** y Distrito Censal N° 11 **Las Heras**. El otro pertenece a la comuna de Estación Central Distrito Censal N° 4 **Los Nogales**. Estos sectores, además, pertenecen a las áreas de influencia de los CESFAMs con mayor tasa de prescripción por 1000 habitantes

Conclusiones: El uso de los antimicrobianos en la APS requiere intervención clínica, vigilancia, educación continua y estudio. El desconocimiento de los tratamientos acortados es generalizado, por lo que, en este momento, los usuarios en APS están siendo expuestos a una mayor cantidad de antimicrobianos que lo que recomienda la evidencia y guías internacionales. Además de esto, existen claros territorios "hotspots" que son necesarios de priorizar respecto a estrategias que permitan optimizar la adecuada prescripción de antimicrobianos en la red de APS del SSMC.

Keywords: Antimicrobianos, Prescripciones

Acknowledgments: A toda la Subdirección Médica del Servicio de Salud Metropolitano Central

Detección de aislados de *Staphylococcus* spp resistentes a cotrimoxazol con genes alternativos *drf* en Chile

Paula Rodas¹, Aura Villamil², Ingrid Araya², Rocío Agüero², Rodrigo Iglesias², Daniel Ibáñez², Pamela Araya², Juan Carlos Hormazábal²

(1) Instituto de Salud Pública, Sección Bacteriología, Subdepartamento de Enfermedades Infecciosas, Avenida Marathon 1000, Nunoa, Santiago, Chile

(2) Instituto de Salud Pública, Sección Bacteriología, Subdepartamento de Enfermedades Infecciosas, Avenida Marathon 1000, Santiago, Chile.

Antecedentes

Cotrimoxazol (TSX) es un antibiótico combinado de trimetropin (TMP) y sulfametoxazol (SMZ) (1:5), que se ha utilizado para el tratamiento de un amplio rango de infecciones bacterianas, las que incluyen aquellas por *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (SARM). TSX actúa mediante la inhibición sinérgica y competitiva de dos pasos consecutivos en la síntesis de ácido fólico en bacterias. La resistencia a TSX (TSX^R) ha sido extensamente reportada y se basa en mutaciones en el gen cromosomal *drfB* (dihidrofolato reductasa), o bien en la adquisición de genes alternativos *drf* (*drfA*, *drfG* y *drfK*), que codifican isoformas de esta enzima presentes en elementos genéticos móviles. Mediante la Vigilancia Nacional de *Staphylococcus* spp. realizada por el Instituto de Salud Pública de Chile, el año 2021 se detectó la presencia de cepas TSX^R enviadas desde distintos centros asistenciales del país.

Objetivo

Detectar la presencia de genes *drf* mediante PCR en cepas seleccionadas de *Staphylococcus* spp. y la correlación con su perfil de susceptibilidad a TSX.

Materiales y Métodos

Se seleccionaron 18 cepas de *S. aureus*, *S. epidermidis* y *S. haemolyticus* ingresadas a Vigilancia Nacional con CIM TSX >2/38 µg/mL, y fueron analizadas mediante difusión en disco para los antibióticos por separado (TMP y SMZ) y combinados (TSX), junto con epsilometría para TSX, siguiendo las recomendaciones de *Clinical and Laboratory Standards Institute* (CLSI). La presencia de los genes *drfA*, *drfB*, *drfG* y *drfK* se analizó por PCR con partidores específicos previamente reportados.

Resultados

Tres cepas fueron sensibles a los antibióticos en estudio y amplificaron *drfB* y *drfK*, mientras que diez cepas mostraron sólo perfil TMP^R, con presencia del gen cromosomal *drfB* y combinatoria de uno o más genes alternativos. Dos cepas mostraron perfil TSX^R y TMP^R y sólo amplificaron para *drfG*; mientras que tres cepas mostraron resistencia a los tres antibióticos y amplificaron uno o más genes alternativos pero no el gen cromosomal *drfB*.

Conclusiones

La ausencia de *drfB* y la presencia de al menos un gen de resistencia alternativo *drf* está relacionado con TSX^R en las cepas de *Staphylococcus* spp seleccionadas en este estudio. Dada la detección reciente de tres cepas TMP^R, SMZ^R y TSX^R, se sugiere evaluar la incorporación de *drfB* en el estudio molecular de cepas de *Staphylococcus* spp ingresadas a la Vigilancia Nacional que realiza el Instituto de Salud Pública como Laboratorio de Referencia.

Keywords: *Staphylococcus* spp., cotrimoxazol, genes *drf*

Acknowledgments: Instituto de Salud Pública

Perfil de sensibilidad a los antimicrobianos de cepas aisladas en adultos, en hospitales de alta y mediana complejidad del S. Salud O'Higgins año 2022, un aporte a proa regional

Sonia Correa Fuentes¹, Paula Nuñez¹, María Cecilia Muñoz², Elizabeth Canales³, Diana Cardona⁴, Carolina Contalba⁵, Alejandra Farias⁶

- (1) Hospitales Y Dirección De Servicio Salud O'higgins
- (2) Hospital Rengo
- (3) Hospital San Fernando
- (4) Hospital San Vicente
- (5) Hospital Santa Cruz
- (6) Direccion Servicio Salud O'higgins

Introducción: La red asistencial del Servicio Salud O'Higgins (SSO) comprende 2 hospitales de alta complejidad (Regional de Rancagua, HRLBO con 536 camas, San Fernando, HSF con 178 camas), 3 de mediana (Rengo, HR con 104 camas, Santa Cruz, HSC con 89 Camas y San Vicente, HSV con 51 camas) y 10 de baja complejidad o comunitarios. Por el sistema de derivación de pacientes, a diario hay traslados de pacientes entre establecimientos, por lo que es necesario conocer los perfiles de sensibilidad a los antimicrobianos de los hospitales del SSO, para optimizar las terapias, elaborar Guías clínicas locales de tratamiento, y ayudar a la contención de la resistencia bacteriana a través del PROA regional.

Objetivo: Conocer la epidemiología de los microorganismos más frecuentes y su perfil de sensibilidad a los antimicrobianos aislados en los hospitales de alta y mediana complejidad del SSO en el año 2022.

Métodos: Se analizaron los resultados de cultivos procesados en los laboratorios de microbiología de los hospitales HRLBO, HSF, HR, HSC y HSV, de pacientes adultos y pediátricos, hospitalizados y ambulatorios, de hemocultivos, urocultivos y otras muestras, durante el año 2022. Las muestras se cultivan con técnicas tradicionales estándar según muestra. La identificación de las cepas y antibiograma se realizan por diferentes métodos automatizados o por Kirby Bauer en cada hospital, según reglas del CLSI. Se exponen los perfiles de sensibilidad de *A. baumannii*, *E.coli*, *K. pneumoniae*, *P. aeruginosa*, *E. cloacae*, *S. aureus*, *E. faecalis* y *E. faecium*.

Resultados: Se identifican 10175 cepas: 9349 (91.9%) de adultos, y 826 (8.1%) de pacientes pediátricos. En adultos, 6325 (67.7%) corresponden a *E. coli*, 895 (9.6%) a *K.pneumoniae*, 697 (7.5%) a *S.aureus*, 539 (5.8%) a *E.faecalis*, 503 (5.4%) a *P.aeruginosa*, 206 (2.2%) a *E.cloacae* complex, 156 (1.7%) a *E.faecium* y 28 (0.3%) a *A.baumannii*. En relación a la sensibilidad a los antimicrobianos en adultos, en *E.coli* la sensibilidad global a Gentamicina es de 93%, a Amikacina de 98%, a Nitrofurantoina de 95%, a Cefazolina de 63%, a Cefotaxima de 90%, a Ciprofloxacino de 64% y 99% a Ertapenem. La diferencia entre los hospitales en cada antimicrobiano es cercana al 5%, excepto en Ciprofloxacino en HSV (55%) y en Ertapenem en HR (45%). En *K.pneumoniae*, la diferencia en la sensibilidad es mayor: la sensibilidad global a Gentamicina es de 60%, (variación entre 50% en HR y 71% en HSC), a Amikacina de 88% (variación entre 85% en HR y 93% en HRLBO), a Cefotaxima de 50% (variación entre 41% en HR y 55% en HRLBO), a Ciprofloxacino de 48% (variación entre 36% en HSV y 61% en HRLBO), 65% a Ertapenem (variación entre 38% en HR y 77% en HRLBO), 71% a Meropenem (variación entre 41% en HSC y 93% en HSF) y 92% a Imipenem (variación entre 72% en HSC y 98% en HSF). En *P.aeruginosa*, también se observan diferencias en la sensibilidad entre hospitales: la sensibilidad global a Gentamicina es de 80%, (variación entre 48% en HSV y 97% en HSF), a Amikacina de 94% (variación entre 82% en HR y 99% en HRLBO), a Ceftazidima de 75% (variación entre 65% en HR y 79% en HSF), a Ciprofloxacino de 74% (variación entre 42% en HSV y 82% en HRLBO) y 77% a Meropenem (variación entre 73% en HSF y 82% en HRLBO). En relación a los gram positivos, destaca *S.aureus*, con sensibilidad global de 79% a Cloxacilina, (variación entre 68% en HSV y 89% en HRLBO), 68% a Clindamicina (variación entre 43% en HSV y 76% en HSC), y 94% a Cotrimoxazol (variación entre 86% en HRLBO y 100% en HSC).

Conclusiones: La realización del perfil de sensibilidad a los antimicrobianos de la red asistencial del SSO permite realizar un trabajo conjunto para estandarizar las técnicas de laboratorio e informes de antibiogramas, observar diferencias significativas en la sensibilidad de los microorganismos especialmente *K.pneumoniae* y *P.aeruginosa*, y difundir los resultados para mejorar las prácticas clínicas de la red en el entorno del PROA regional.

Keywords: PERFIL SENSIBILIDAD BACTERIANA REGION O'HIGGINS

Financing: SIN FINANCIAMIENTO EXTERNO

Acknowledgments: Laboratorios de Microbiología red asistencial Servicio Salud O'higgins

Impacto del proa y utilización de sistema informático en el programa de uso racional de antimicrobianos en el hospital regional I. Bernardo O'higgins (hrlbo)

Sonia Correa¹, Bartolozzi Francisco¹, Mildred Lima¹, Sergio Ovando¹, Andres Cornejo¹

(1) Hospital Regional Libertador Bernardo O'higgins Rancagua, Departamento Infectología

1. Introducción: El PROA corresponde a una estrategia nacional en el ámbito hospitalario, para promocionar el uso adecuado de los ATM, asegurar el acceso y disminuir las RAM en los pacientes. En el HRLBO desde el 2015 se desarrolla como estrategia de control de ATM, una Guía Clínica con los tratamientos empíricos por patologías en adultos, además de la solicitud escrita de un grupo de ATM, inductores de resistencia bacteriana para evaluación por Infectología. Desde 2016, se incorpora al sistema informático de Ficha clínica y Farmacia EXPERTO, un permiso de usuario reservado a Infectología, con claves para la autorización, modificación o rechazo de los ATM solicitados en forma obligatoria por la plataforma.

2. Objetivos: 1) Evaluar el impacto de la implementación del PROA en el HRLBO a través de indicadores de Sensibilidad ATM y Densidad de consumo de ATM en UPC y no UPC adultos en el tiempo. 2) Exponer las ventajas de la informatización del sistema de solicitud de ATM.

3. Material y métodos: El equipo PROA (Infectólogos, QF, Microbióloga y encargada IAAS) desarrolla una Guía de tratamiento empírico antimicrobiano para pacientes adultos, que se renueva cada 2 a 3 años. Se asocia a la estrategia el control de antimicrobianos, separándolos en 2 grupos: los de libre acceso, ATM de primera línea o grupo de "ACCESO", y los ATM "RESTRINGIDOS", que agrupa a los ATM de Vigilancia y de Reserva, según GUIA PROA MINSAL, que deben solicitarse mediante formulario. Estos son dispensados por Farmacia, sólo al tener el formulario, hasta el día hábil siguiente, y el equipo de Infectología evalúa el caso, autoriza, modifica o rechaza la indicación. Desde 2016, la ficha clínica, la solicitud del ATM y la receta se digitaliza, y se procede a la dispensación en Farmacia según la indicación de Infectología. Diariamente, además, el Laboratorio de Microbiología envía el listado con los hemocultivos y cultivos de líquidos estériles positivos, para realizar la visita del equipo. Paralelamente, se obtienen los datos de Sensibilidad ATM de los principales microorganismos, y se calcula la Densidad de consumo de ATM por camas UPC y no UPC adultos, como indicadores para observar las tendencias en el tiempo.

4. Resultados: Con el sistema informático, se controla el 100% de las indicaciones de los ATM Restringidos, el formato permite evaluar la ficha, los exámenes de laboratorio y las imágenes, en los casos clínicos que concuerden con las Guías de Terapia Empírica vigentes, y se realiza la visita diaria en los servicios de adultos, para evaluación presencial de los cultivos positivos y casos más complejos, que permite además reforzar las prácticas en el uso de ATM para la contención de la resistencia bacteriana, con registro inmediato en el sistema con una Tablet; además, permite reforzar las medidas de prevención de IAAS de los casos. En la evaluación de los indicadores del PROA en pacientes adultos en el tiempo, se observa una disminución la Densidad de Consumo de los ATM RESTINGIDOS versus los de ACCESO, y especialmente en Ceftriaxona (de 17.4 en 2015 a 1.7 en 2022), Imipenem (de 3.0 en 2015 a 0.3 en 2022), y Vancomicina (de 4.4 en 2015 a 0.5 en 2022), y un aumento en la densidad de consumo de Ampicilina/sulbactam (de 0.4 en 2015 a 4.6 en 2022) y Cloxacilina (de 2.0 en 2015 a 7.8 en 2022). En la sensibilidad a los antimicrobianos, se observa una mayor sensibilidad a Cloxacilina en *S.aureus* (de 40% en UPC en 2016 a 85% en 2022), una disminución de BLEE en Enterobacterales (de 63% en 2016 a 52% en 2022 en *K.pneumoniae* en UPC), y mayor sensibilidad en los antimicrobianos en *Paeruginosa* (de 60% en 2016 a 74% en 2022 en Imipenem en UPC). 5. Conclusiones: La implementación de un PROA en el HRLBO con la ficha y el sistema de solicitud digital de los ATM de uso restringido junto con la visita diaria que refuerza las conductas, ha demostrado el impacto en la optimización del uso de ATM, al disminuir la Densidad de consumo de los ATM asociados a mayor inducción de resistencia bacteriana. La disminución del uso de antimicrobianos inductores de resistencia bacteriana se asocia además a mayor sensibilidad en los principales microorganismos nosocomiales.

Keywords: PROA HOSPITAL REGIONAL RANCAGUA

Financing: SIN FINANCIAMIENTO EXTERNO

Acknowledgments: Laboratorio Microbiología y Depto Infectología HRLBO

**Estudio preliminar del perfil de resistencia a antibióticos de enterobacteriales aislados desde deposiciones de aves sinantrópicas costeras de la región de Coquimbo**

Camila Guerrero Astudillo¹, Darka Espinoza¹, Alvaro Avilés¹, Javiera Díaz¹, Kennya Alcayaga¹, Javiera Castillo¹, Francisca Cerda¹, Daniel Herrera², Dagianna González²

(1) Estudiantes Escuela de Tecnología Médica, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Santo Tomás, sede La Serena

(2) Docentes Escuela de Tecnología Médica, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Santo Tomás, sede La Serena

Introducción: Las infecciones causadas por enterobacteriales multirresistentes se encuentran entre las infecciones más frecuentes en la población humana, específicamente, *Escherichia coli* de la microbiota intestinal del ser humano ya es resistente a antibióticos lactámicos, aspecto que ha aumentado rápidamente en los últimos 30 años, principalmente debido a elementos genéticos móviles que facilitan la transferencia horizontal de genes. A menudo, el ADN adquirido por estos mecanismos porta genes de resistencia a antimicrobianos, genes de resistencia a metales, genes de factores de virulencia, etc. En este sentido, la población humana al interactuar con animales de vida silvestre, pueden introducir estos genes de resistencia en la microbiota normal así como en potenciales patógenos emergentes del intestino humano, es por esto que las aves sinantrópicas costeras, al ser aves silvestres migratorias, estarían implicadas como vectores de genes de resistencia a los antibióticos a nivel internacional, ya que podrían estar colonizadas por *Escherichia coli* y otros enterobacteriales con resistencia a diferentes antimicrobianos. El objetivo de este trabajo es analizar el perfil de resistencia a antibióticos en enterobacteriales aislados desde deposiciones de aves sinantrópicas costeras de la región de Coquimbo.

Material y Métodos: Se recolectaron 41 muestras entre el mes de marzo 2023 a la fecha, de deposiciones frescas de diferentes aves costeras, tales como, *Larus dominicanus*, *Leucophaeus modestus*, *Pelecanus thagus*, *Phalacrocorax brasilianus*, entre otras, los sectores muestreados corresponden a Caleta Hornos, playa Peñuelas, Terminal Pesquero de Coquimbo, Guanaqueros y Tongoy. Estas fueron enviadas en medio de transporte Cary Blair, se sembraron en medio agar sangre y agar mac conkey. Se realizaron los análisis microbiológicos: Tinción de Gram, caracterización de colonia, batería bioquímica para enterobacteriales para la identificación de las cepas y pruebas de susceptibilidad por la técnica de difusión en agar. Los antibióticos testeados fueron: ampicilina, cefazolina, ceftazidima, gentamicina, ciprofloxacino, cotrimoxazol, nitrofurantoína.

Resultados: Del total de cepas analizadas, se aisló *Escherichia coli* en un 52%, *Klebsiella pneumoniae* correspondió a un 5%, *Proteus mirabilis* en un 12% y un 31% de otros enterobacteriales. De acuerdo a los perfiles de resistencia 17 cepas (40,4%) presentaron resistencia a ampicilina, 8 cepas (19%) fueron resistencia a cefazolina, 4 cepas (9,5%) mostraron resistencia a ciprofloxacino, 2 aislados (4,8%) presentaron resistencia a cotrimoxazol, y 9 cepas (21,4%) mostraron resistencia a nitrofurantoína. Las cepas fueron 100% susceptibles para los antibióticos ceftazidima y gentamicina. Los patrones de resistencia identificados en *Escherichia coli* fueron ampicilina – ciprofloxacino y ampicilina- nitrofurantoína en un 9,1% para ambos patrones, se encontró multirresistencia en una sola cepa cuyos antibióticos implicados son ampicilina-cefazolina-ciprofloxacino-nitrofurantoína. Dentro de las cepas correspondientes a *Proteus mirabilis* se encontró el patrón ampicilina-cefazolina en un 80%, y en una cepa de *Klebsiella pneumoniae* se evidenció el patrón ampicilina-cefazolina-nitrofurantoína.

Conclusión: Las muestras analizadas nos evidencian que las aves sinantrópicas costeras de la región de Coquimbo son reservorio de enterobacteriales con resistencia a los antibióticos cuyos genes pueden ser transferibles y que pueden actuar como un potencial diseminador de estos agentes que afectan la salud de la población humana. Si bien es necesario ampliar el estudio, este escenario no descrito para la zona nos llama a estar alertas y por lo tanto es importante hacer un seguimiento epidemiológico del ecosistema costero y periurbano de la región.

Keywords: Resistencia a antibióticos, Enterobacteriales, Aves sinantrópicas

Financing: Proyecto de tesis

Protocolo evaluación sistemática de programas de optimización de uso de antimicrobianos (PROA) en Chile**María de los Angeles Spencer Sandino**^{1,2,5}, Emilia Infante³, Kasim Allel^{2,3,4}, Jose Manuel Munita^{1,2}, Eduardo Undurraga^{2,3}

(1) Genomics & Resistant Microbes (GeRM Lab), ICIM, Facultad de Medicina Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo.

(2) Millennium Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance (MICROB-R), Iniciativa Científica Milenio.

(3) Escuela de Gobierno, Pontificia Universidad Católica de Chile

(4) Department of Disease Control, London School of Hygiene and Tropical Medicine, UK.

(5) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Salud pública, Escuela de Medicina, Diag. Paraguay 362, Piso 2, Santiago, Chile

Introducción: La resistencia antimicrobiana (RAM) es una de las amenazas más críticas para la salud pública mundial del siglo XXI, y su incidencia sigue aumentando a pesar de continuados esfuerzos preventivos. Comparadas con infecciones por bacterias susceptibles, las infecciones por bacterias resistentes incrementan la morbilidad y mortalidad, y requieren tratamientos más complejos y estancias hospitalarias más largas, y resultan en mayores costos para el sistema de salud. Los Programas de Optimización de Antimicrobianos (PROA) buscan establecer intervenciones coordinadas que fomenten el uso adecuado de antibióticos en hospitales. En 2020, como parte del Plan Nacional contra la RAM, el Ministerio de Salud de Chile implementó guías para la utilización de PROAs en centros de salud de mediana y alta complejidad. Sin embargo, hay información limitada sobre el estado, barreras y facilitadores de la implementación de PROAs, particularmente en hospitales más pequeños, y respecto de los factores económicos y desigualdades en el sistema.

Objetivo: Identificar las principales necesidades, fortalezas, y barreras percibidas en la implementación hospitalaria de los PROA en Chile para informar la toma de decisiones en salud pública.

Métodos: Nuestro estudio usa métodos mixtos, incluyendo la implementación de un instrumento cuantitativo, entrevistas cualitativas en profundidad, y análisis de datos administrativos. El universo incluye 380 hospitales, y la unidad de observación es la persona a cargo del manejo de antibióticos en el recinto. Esperamos lograr una muestra representativa de aproximadamente 200 hospitales estratificada según región, complejidad, y administración (pública o privada). El instrumento de medición está estructurado en 10 módulos: identificación de la institución, conocimiento del programa, equipo PROA, liderazgo, educación, supervisión de antimicrobianos, clasificación de antimicrobianos, limitaciones y barreras, fortalezas del PROA y percepción del riesgo del uso de antimicrobianos. Los resultados incluirán un análisis descriptivo de los programas PROA su estado, barreras y facilitadores de la implementación, según las características de cada hospital y también de las características socioeconómicas de sus pacientes. Aplicaremos regresiones multivariadas para identificar factores asociados con características de la implementación de los PROA. Finalmente, usaremos los datos cualitativos para comprender mejor algunos de los mecanismos principales que explican las variaciones cuantitativas observadas.

Resultados: Hemos construido una base de datos de 380 hospitales de media y alta complejidad de todo el país. Estamos actualmente contactando vía telefónica a los representantes de los PROA de cada centro hospitalario. De no haber, contactaremos a la persona a cargo de la supervisión de antibióticos del centro. El instrumento fue piloteado y ajustado, integrando instrucciones para encuestadores, revisión de fraseos y alternativas. Dentro de los resultados esperados, las barreras y limitaciones que creemos serán las más representativas son la falta profesionales para conformar el equipo, la supervisión de las prescripciones de antimicrobianos restringidos y la educación de las guías constituidas por el PROA. Proponemos presentar los resultados en el Congreso SOCHINF.

Conclusión: Este protocolo aspira a convertirse en una herramienta eficaz para entender y abordar las barreras y necesidades en la implementación de los PROA en Chile, con el objetivo de comprender cuáles son las limitaciones que inciden en la ejecución de los PROA a nivel nacional, considerando el contexto a nivel de hospital, población atendida, y región. Esperamos generar información utilizable para el Programa Nacional contra la RAM.

Keywords: Programa de optimización de uso de antimicrobianos (PROA), Implementabilidad, Salud pública

Financing: Merck & Co, Proposals to Advance Antimicrobial Stewardship

**Implementación y evaluación de un protocolo de terapia secuencial de antimicrobianos en pacientes hospitalizados en el hospital Dr. Lucio Córdova.**

Claudia Vera Velásquez¹, Almendra Aqueveque², Francisco Concha¹

(1) Hospital de Enfermedades Infecciosas Dr. Lucio Córdova, Santiago, Chile.

(2) Facultad de Química y Biología, Universidad de Santiago de Chile, Santiago, Chile.

INTRODUCCIÓN: La estancia hospitalaria prolongada se ha convertido en una preocupación a nivel mundial debido a que genera efectos negativos en el sistema de salud y es un factor que se asocia con mayor morbimortalidad. En la selección y administración de antibióticos, la vía IV es la forma de dosificación preferida de uso. Esto se ve reflejado en un estudio que incluyó cuatro países de Latinoamérica (Argentina, Brasil, Chile y México) donde el 47,5% de los pacientes usaron antibióticos, y el 90% de ellos fueron de uso sistémico. Se ha visto que el 40% de los pacientes con tratamiento antibiótico IV pueden ser candidatos a una terapia VO. Ante el panorama actual en el que el uso prolongado de antimicrobianos y de la vía IV están asociados con una mayor frecuencia de eventos adversos, estancia hospitalaria prolongada y aumento de costos, y frente a la emergencia de microorganismos cada vez más resistentes a antimicrobianos disponibles, es que se ha desarrollado una nueva estrategia para contrarrestar esta problemática, surgiendo con esto el cambio temprano de antibioticoterapia de vía IV a oral o Terapia Secuencial Antibiótica (TSA), que se define como, la sustitución o cambio precoz de un determinado antibiótico IV de una clase por el mismo VO, o bien, por otro que sea equivalente en términos terapéuticos, entendiéndose que este cambio debe producirse tan pronto como se observe una mejoría clínica inicial del paciente, relacionado a los signos y síntomas de la infección. Si el paciente puede ser tratado eficazmente con un curso corto de antibioticoterapia IV y continuar con tratamiento VO sin comprometer el resultado clínico final, se conseguiría reducir la estancia hospitalaria y los costes asociados. En varios trabajos publicados la Neumonía Adquirida en la Comunidad (NAC) es una de las infecciones pioneras en la utilización de la TSA, demostrando que este cambio de terapia en pacientes hospitalizados por NAC reduce la duración de la estancia hospitalaria manteniendo la eficacia clínica, siendo la patología en donde mejor se ha validado esta estrategia. En las infecciones del tracto urinario o ITU se ha probado esta estrategia de terapia secuencial obteniendo resultados favorables ya que la buena biodisponibilidad de mucho de los antibióticos por VO en orina ha condicionado que la TSA se haya utilizado de forma generalizada en el tratamiento de las ITU.

OBJETIVO GENERAL: Evaluar la implementación de un protocolo de terapia secuencial en pacientes hospitalizados con terapias antibióticas con diagnóstico de neumonía y/o ITU en los servicios clínicos de Medicina y Unidad de Tratamiento Intermedio que dispone el Hospital Dr. Lucio Córdova.

MATERIALES Y MÉTODOS: Se elaboró un protocolo de TSA con el fin de definir cómo se llevará a cabo el cambio de terapia en aquellos pacientes hospitalizados con diagnóstico de neumonía e ITU. Este protocolo fue revisado por el equipo PROA e IAAS y aprobado por la Dirección del HDLC, con un alcance hacia profesionales médicos que prescriben antimicrobianos en las unidades de medicina y UTI, enfermeras y químicos farmacéuticos clínicos. Luego de su elaboración e implementación, se realizó una evaluación de la adherencia y seguimiento de éste.

RESULTADOS: Los datos recopilados corresponden a un total de 77 pacientes, hubo un total de 52 pacientes con diagnóstico de neumonía y 25 pacientes con ITU. En cuanto al seguimiento y evaluación de la adhesión clínica intrahospitalaria, se obtuvo un 81% de adherencia al protocolo. Por otro lado, 52 pacientes de los 64 que cumplieron con el protocolo pasaron a tratamiento vía oral. Además, se determinó la familia de antibióticos con mayor switch oral, siendo las amino penicilinas las más utilizadas para el cambio de terapia IV-VO, demostrando así, que la mayor tasa de recambio en terapia secuencial fue en neumonía.

CONCLUSIONES: Se elaboró e implementó un protocolo de terapia secuencial antimicrobiana en pacientes hospitalizados con diagnóstico de neumonía y/o ITU obteniendo una alta adherencia al protocolo implementado.

Keywords: Terapia secuencial antimicrobiana (TSA), Switch a vía oral

Vigilancia de carbapenemasa como medida de prevención primaria frente a infecciones multidrogoresistentes en Hospital público en Santiago de Chile

Daniela Henríquez Toledo¹, Gustavo Saint Pierre^{1,2}, Natalia Zenteno Vega¹, Lina Gaete Fica¹, Fernanda Chávez Pérez¹, Heraldo Curiqueo Hernández¹

(1) Hospital Barros Luco Trudeau, Microbiología, Santiago, Chile

(2) Universidad De Chile, Icbm, Facultad De Medicina, Santiago, Chile

Introducción: Los cultivos clínicos detectan sólo un tercio de los pacientes colonizados con enterobacterias resistentes a carbapenémicos, su identificación en forma precoz permite implementar precauciones de contacto, bloqueo de camas, control del personal en atención clínica, de esta forma se puede interrumpir la transmisión de estas bacterias. La aparición de Enterobacterias resistentes a carbapenémicos en Chile es un problema que va en aumento. La resistencia a los antimicrobianos por parte de microorganismos ha sido declarada una amenaza de acuerdo a la Organización Mundial de la Salud, considerándolo un problema de la salud pública mundial y es responsable de muchas infecciones graves en los hospitales latinoamericanos.

Objetivo: Describir una muestra de casos positivos para vigilancia de carbapenemasas que en forma posterior o concomitantemente desarrollaron un cultivo positivo asociado con infección clínicamente significativa para bacilos gramnegativos no fermentadores y Enterobacterales en un hospital de alta complejidad de Santiago de Chile, entre 1 de enero y 31 de diciembre de 2022.

Material y Método: Se utilizó la base de datos extraída del software del laboratorio de microbiología BD Epicenter™, Becton Dickinson™, recopilando la información de todos los resultados positivos para cultivos de pacientes hospitalizados entre 1 de enero y 31 de diciembre de 2022. A esto se sumó lo recopilado de equipo de biología molecular para panel neumonía (PN) Filmarray™, dado que también pesquisa los mecanismos de resistencia a carbapenemasas más frecuentes en Chile. Se seleccionaron las cepas de algunos sitios como sangre, orina o todos juntos. Se incluyeron muestras clínicas y de vigilancia. Se utilizó diagnóstico inmunocromatográfico.

Resultados: Durante la fecha del estudio, hubo 86 muestras positivas en el estudio de vigilancia. En la institución la vigilancia se realiza en forma activa en los pacientes en unidades de paciente crítico (UPC), no obstante, en los traslados desde otras instituciones o en la descarga a salas de cuidados básicos en ocasiones también se realiza vigilancia en búsqueda de carbapenemasas. Debido a esto era de esperar que la mayoría de las muestras positivas se asociaran a muestras en pacientes de UPC (75,58%). Hubo identificación de 87 microorganismos, en una vigilancia se observó 2 microorganismos en el mismo paciente. El microorganismo con mayor frecuencia de diagnóstico de estas enzimas fue *Klebsiella pneumoniae* en 39 ocasiones (44,82%). Se diagnosticaron 89 carbapenemasas durante la vigilancia, la enzima más frecuentemente diagnosticada fue NDM 34 muestras (38,2%), seguido de KPC con 33 muestras (37%). 4 pacientes presentaron cepas con doble carbapenemasa (KPC + NDM en 2 *Citrobacter freundii* y en una *Klebsiella oxytoca*; 1 *Enterobacter cloacae* complex con VIM + NDM). Se observó en 21 pacientes que hubo resultado positivo en vigilancia previamente (24,13%). 4 tuvieron infección previamente a la vigilancia en hisopado rectal/perianal; 17 pacientes presentaron la infección desde el mismo día (día cero) hasta 160 días después, con una mediana de 8 días, IQR [4,24]. La infección más frecuentemente observada fue de vías urinarias (6 casos). En el caso de Filmarray PN durante el periodo se realizaron 74 exámenes, hubo 5 resultados positivos para carbapenemasas, un caso fue positivo previo al resultado del cultivo de LBA (72 h).

Conclusión: De acuerdo a nuestros datos, los resultados obtenidos durante la vigilancia de 2022 son valiosos para determinar el impacto de vigilar a los pacientes sobre carbapenemasas. Un 24.13% de los pacientes vigilados tuvo infección con posterioridad. También hubo pacientes que previo a la vigilancia ya tenían informada una carbapenemasa en una infección. Por lo mismo es fundamental que el laboratorio tenga contacto directo con el equipo de IAAS y PROA, con la finalidad de tener un seguimiento exhaustivo de los pacientes para evitar la diseminación de microorganismos con multidrogoresistencia, difíciles de tratar. Nuestro trabajo presenta ciertas limitaciones como que el estudio fue realizado a través de inmunocromatografía y no biología molecular para carbapenemasas, donde eventualmente se podrían haber encontrado más muestras durante nuestra vigilancia, no obstante, estos números son necesarios para definir conductas en el manejo de aislamientos y en el procesamiento de las muestras de los pacientes en un hospital de alta complejidad.

Keywords: CARBAPENEMASAS, NDM, KPC, VIGILANCIA

Financing: Sin financiamiento.

Importancia de confirmar hipersensibilidad inmediata a antibióticos betalactámicos: experiencia de un Hospital Universitario en Chile

Francisco Roa Salas¹, Alicia Sciaraffia¹, Daniela Budinich¹, Lourdes González¹, Sebastián Sanhueza¹, Rocío Tordecilla¹, Valeria Palma¹, Carla Bastías¹, María Antonieta Guzmán¹

(1) Hospital Clínico Universidad de Chile, Sección Inmunología, VIH y Alergias, Medicina, Dr. Carlos Lorca Tobar 999, Independencia, Santiago, Chile

Introducción

Los betalactámicos (BL) son antibióticos de primera elección para tratar múltiples infecciones bacterianas, encontrándose dentro de los medicamentos más recetados en todo el mundo y, como consecuencia, son frecuentemente asociados a reacciones de hipersensibilidad, que pueden comprometer a uno o más miembros de la familia si se origina por estructuras químicas compartidas entre ellos. 1% a 10% de los etiquetados como alérgicos a la penicilina tienen una alergia verdadera y las posibles consecuencias de la etiqueta incluyen: riesgo de fracaso al tratamiento, resistencia antimicrobiana, reacciones adversas a antibiótico alternativo y mayores costos de atención en salud.

El diagnóstico de hipersensibilidad inmediata a BL se basa en una historia compatible asociado a confirmación a través de pruebas cutáneas, pruebas in vitro y pruebas de provocación farmacológica. Las pruebas cutáneas con penicilina (prick test e intradermorreacción con los fármacos y/o sus determinantes antigénicos principales) pueden descartarla de manera confiable y segura, con sensibilidad de 70% y especificidad de 98% si se realizan dentro del año desde la reacción. La provocación farmacológica es el estándar de oro para el diagnóstico de hipersensibilidad inmediata a BL y está indicada en pacientes con clínica sugerente que presentan pruebas cutáneas e in vitro negativas.

Objetivos

Determinar la prevalencia de hipersensibilidad inmediata en sujetos con antecedentes clínicos de alergia a BL. Caracterizar epidemiológica y clínicamente a los pacientes.

Material y método

Estudio transversal descriptivo de resultados de estudio alergológico en pacientes con sospecha de hipersensibilidad inmediata a BL entre octubre 2021 y agosto 2023 del centro de alergias del Hospital Clínico Universidad de Chile.

Resultados

Se analizó los protocolos correspondientes a 87 pacientes: 58,6% tenía un sólo fármaco sospechoso (exclusivamente BL) y el 41,4% incluía un BL entre otros fármacos sospechosos de la reacción. La media de edad fue de 39,3 años (rango 1 - 80 años) y 67,8% fueron mujeres. El 35,6% se presentó como anafilaxia, el 33,3% urticaria, el 13% angioedema y el 18.1% como rash/exantema.

El 64% de los pacientes se realizó el estudio en menos de 12 meses desde la reacción. Se hizo prick test (PT) a 75 pacientes, resultando 4 (4,6%) positivos: 2 exclusivos a cefazolina, uno a cefazolina más determinantes de BL y uno a amoxicilina. Los dos pacientes con PT positivos a cefazolina fueron catalogados como alérgicos a BL por historia compatible. Se realizó intradermorreacción en 72 pacientes, resultando 19 positivos a BL (21,8%): 9 pacientes se catalogaron con alérgicos, en 2 se realizó provocación con fármaco culpable resultando positivas y en 6 casos se provocó con BL con baja reactividad cruzada, resultando todas negativas.

En 12 pacientes no se realizó pruebas cutáneas, por historia clínica de bajo riesgo. De ellos, 11 fueron provocados con el fármaco culpable, resultando 1 positivo, catalogado como alérgico a BL.

Respecto al estándar de oro: se realizó prueba de provocación con fármaco sospechoso en 58% de los pacientes, resultando 6.9% positivas, es decir tres a amoxicilina, una a ácido clavulánico, una a ceftriaxona y una a cefadroxilo. Un total de 17 pacientes fueron provocados con BL de baja reactividad cruzada y, aunque 9 tenían pruebas cutáneas positivas a un BL sospechoso, todas fueron negativas. 10 pacientes no fueron provocados por historia clínica altamente sugerente y pruebas cutáneas positivas y 7 pacientes no fueron provocados por historia poco sugerente de hipersensibilidad inmediata y resultado de pruebas cutáneas negativas.

Conclusiones

Los resultados obtenidos muestran 11,4% pacientes con pruebas cutáneas positivas a betalactámicos sin necesidad de provocación y 6,9% con alergia confirmada mediante el estándar de oro: provocación. Estas cifras confirman la necesidad de establecer estrategias sanitarias con la finalidad de "desetiquetar" a los pacientes, para ofrecer los tratamientos óptimos y disminuir las consecuencias negativas del uso de alternativas a esta familia de antibióticos.

Keywords: Betalactámicos, hipersensibilidad, alergia, pruebas cutáneas, provocación con fármaco

Financing: No requiere financiamiento

Acknowledgments: Agradecimientos a la facultad de medicina de la Universidad de Chile y personal clínico y administrativo de centro de alergias de Hospital Clínico Universidad de Chile

Emergencia de aislados invasores de *Enterococcus faecalis* resistentes a vancomicina con susceptibilidad reducida a b-lactámicos

Lorena Díaz^{1,2}, Valeria Quiroz Palma^{1,2}, Truc T Tran^{3,4}, Anne Peters^{1,2}, Rodrigo de Paula Baptista^{3,4}, Jose Rodrigo W Martinez^{1,2}, Kavindra V Singh^{3,4}, Diana Panesso^{3,4}, Katherine Soto^{1,2}, Lina M Rivas^{1,2}, Maria Paz Riquelme^{1,2}, William R Miller^{3,4}, Ana M Quesille-Villalobos^{1,2}, Rafael I Araos^{1,2}, Cesar A Arias^{3,4}, Ignacio Rodriguez⁵, Maria Paz Acuña⁵, Patricia Garcia⁶, Jose M Munita^{1,2}, Red de Laboratorios MICROB-R²

(1) Universidad del Desarrollo, Genomics & Resistant Microbes (GeRM), Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina, Facultad de Medicina Clínica Alemana, Chile

(2) Millennium Initiative for Collaborative Research On Bacterial Resistance (MICROB-R), Chile

(3) Houston Methodist Research Institute, Center for Infectious Diseases Research, Houston, USA

(4) Houston Methodist Hospital, Division of Infectious Diseases, Houston, USA

(5) Hospital La Florida, Chile

(6) Universidad Católica de Chile, Dpto. de Laboratorios Clínicos, Escuela de Medicina, Chile

Introducción: La resistencia de *Enterococcus faecalis* a b-lactámicos como la penicilina (PEN) y la ampicilina (AMP) es extremadamente rara. Así mismo, la prevalencia mundial de *E. faecalis* resistente a la vancomicina (VAN) también es baja. A pesar de esto, las infecciones por *E. faecalis* son ampliamente reconocidas como un desafío clínico debido a su tolerancia a la PEN y AMP, y a su resistencia intrínseca a otros fármacos (e.g. ceftriaxona [CRO]). Así, las infecciones invasoras por *E. faecalis* usualmente se manejan con combinaciones de antimicrobianos en busca de sinergia. Uno de los esquemas más usados es la combinación de AMP + CRO, la que alcanza actividad bactericida *in vitro* debido a la inhibición aditiva de PBP4 (AMP) y PBP2-3 (CRO). En este estudio, describimos la emergencia de aislados clínicos invasores de *E. faecalis* con altos niveles de resistencia a la vancomicina (ERVfs) y con susceptibilidad reducida a la PEN y AMP, lo que resulta en la abolición de la sinergia de AMP+CRO.

Objetivo: Caracterizar la actividad de b-lactámicos en aislados clínicos de ERVfs causantes de infecciones invasoras.

Métodos: Se estudiaron 9 aislados de ERVfs recuperados de pacientes adultos en un hospital en Santiago entre 2020-2022. La susceptibilidad a PEN, AMP, piperacilina (PIP), CRO, imipenem (IMI), meropenem (MEM), doripenem (DOR), VAN, teicoplanina (TEI) y linezolid (LZD) fue evaluada por microdilución en caldo (concentración inhibitoria mínima [CIM]) y difusión de disco, ambos según el CLSI 2023. La sinergia de AMP + CRO se evaluó mediante la técnica de "checkerboard" empleando distintas concentraciones de AMP (0.5 a 64 mg/mL) y CRO (8 a 8192 mg/mL). La secuenciación de genoma completo de todas las cepas se realizó en plataforma Illumina.

Resultados: Todas las cepas presentaron resistencia a PEN (16-32 mg/L), VAN (>256 mg/L) y TEI (>64 mg/L), altos niveles de resistencia a aminoglucósidos (gentamicina y estreptomycin) y susceptibilidad a LNZ. A pesar de que por la técnica de difusión de disco los ERVfs fueron resistentes a AMP, por microdilución en caldo la CIM estuvo entre 4 y 8 mg/L (susceptible). Todos los ERVfs presentaron altas CIMs a CRO (>16,384 mg/L), PIP (64-128 mg/L), MEM (32-64 mg/L) y DOR (32 mg/L). La CIM frente a IMI fue 8 mg/L. Los ensayos de sinergia por checkerboard mostraron ausencia de sinergia de CRO + AMP. Todos los aislados pertenecieron al nuevo ST1518, una variante de único locus del ST6. Se detectaron genes de resistencia a glicopeptidos (*vanA*) aminoglucósidos (*ant(6)-Ia*; *aac(6')-aph(2'')*; *aph(3')-III*), al grupo MLSb (*ermB*), cloranfenicol (*cat*), tetraciclinas (*tetM*) y mutaciones asociadas a la resistencia a las fluoroquinolonas (GyrA:p.S83I; ParC:p.S80I). Al explorar marcadores genómicos previamente relacionados con una reducción de susceptibilidad a PNC y AMP, no detectamos genes codificantes de b-lactamasas, alteraciones en el promotor de *pbp4*, ni sustituciones de aminoácidos en PBP4. Sin embargo, detectamos una delección en *pbp4* que resulta en una alteración del marco lectura en la región codificante de PBP4, la cual no ha sido previamente reportada.

Conclusiones: Describimos la emergencia de cepas de ERVfs con susceptibilidad disminuida a b-lactámicos por mecanismos no antes descritos y que se encuentran en estudio. La emergencia de cepas de *E. faecalis* con resistencia a VAN y b-lactámicos es preocupante pues limita profundamente las opciones terapéuticas disponibles. Se requiere la caracterización adicional de estas cepas e incrementar los esfuerzos de vigilancia para limitar la diseminación de cepas de *E. faecalis* altamente problemáticas.

Keywords: *Enterococcus faecalis*, vancomicina, beta lactamicos, infecciones invasoras multirresistentes

Acknowledgments: Red de Laboratorios MICROB-R

Análisis cuantitativo del estado de implementación de programas de uso racional de antimicrobianos en instituciones públicas de Chile.

Victoria Moreno Lopez¹, Roberto Amador², Javiera Vargas³, Gabriela Bugarin⁴, Rodrigo Flores⁴

(1) Instituto Nacional del Tórax, José Manuel Infante 717, Santiago, Chile

(2) Hospital del Salvador, Avenida Salvador 364, Santiago, Chile

(3) Clínica Alemana, Avenida Vitacura 5951, Santiago, Chile

(4) MERCK SHARP & DOHME, Mariano Sanchez Fontecilla 310, Santiago, Chile

Introducción:

Existe información científica limitada relacionada al estado y progreso de la implementación de Programas de optimización de antimicrobianos (PROA) en las instituciones de salud de nuestro país. Esta información podría proporcionar una visión general del estado de los PROA, pudiendo servir de ayuda para el desarrollo de nuevas políticas de salud antimicrobiana en Chile.

Objetivo:

Evaluar estado de implementación de PROA en hospitales de alta complejidad en Chile, a través de una encuesta validada que relacione categorías de recursos y estrategias, con el consumo de antimicrobianos.

Metodología:

Se realizó una encuesta de PROA a farmacéuticos clínicos de 29 hospitales públicos de alta complejidad de más de 300 camas. El puntaje se basó en una escala validada de 100 puntos ponderada en dos categorías: recursos (60 puntos) y estrategias (40 puntos). Los valores indicados representan una medida indirecta de la efectividad del PROA, menores valores sugieren que existen aspectos para mejorar. La categoría de recursos comprende dos subcategorías: personal y presencia de software de vigilancia automatizado. La categoría de estrategias incluye tres subcategorías: pre-autorización, auditoría con intervención, retroalimentación y otras. Se realizaron análisis de regresión univariado para: 1) evaluar la asociación del puntaje total de la encuesta con el uso de antibióticos totales y uso de antibióticos restringidos medido en dosis diaria definida por 100 días cama (DDD/100 días cama) y 2) analizar la asociación de las categorías y subcategorías por separado. A través de modelos de regresión multivariados se evaluó la asociación conjunta de los ítems pertinentes. Los análisis se realizaron con el programa STATA 14.0.

Resultados:

Veinticuatro hospitales cuentan con un equipo PROA. Un total de 22 (91,7%) tienen médicos. Un total de 20 (83,3%) tienen farmacéuticos. En 23/24 hospitales el equipo está formalizado con una resolución emitida por la dirección de cada hospital.

En el proceso de pre-autorización, un total de 7 (29,2%) establece que los antimicrobianos prescritos deben ser revisados por el equipo PROA antes de la primera dosis, 17 (70,8%) realiza procesos de pre-autorización después de la primera dosis o mucho después y un total de 10 (41,7%) tienen órdenes de detención automatizada o prescripciones electrónicas. En relación con la post-prescripción, un total de 22 (91,7%) realizan auditoría, a cargo de médicos y/o farmacéuticos, y 18 (75%) realizan esta retroalimentación cara a cara o vía telefónica.

Dentro de otras estrategias realizadas a nivel institucional, 20 (83,3%) realizan educación, 13 (54,2%) poseen guías y flujos clínicos, 20 (83,3%) formularios de solicitud de antimicrobianos, 14 (58,3%) terapias de conversión de parenteral a oral, 24 (100%) optimización de dosis y 21 (87,5%) realizan desescalamientos.

El 75% de los hospitales obtuvo un puntaje de 51,6 o inferior. Para la categoría recursos la mediana fue de 15 y para estrategias fue de 31,5 de un total de 40 puntos.

En relación con la DDD/100 días cama 12 hospitales enviaron sus datos con una mediana del puntaje total de 44,9.

Con respecto a los análisis univariados de los componentes individuales del puntaje con el uso total y por clases/agentes antimicrobianos, no hubo asociación significativa entre el puntaje total, así como tampoco del ítem recursos y estrategias evaluadas por separado y en conjunto, ni de las subcategorías con el consumo medido en DDD/100 días cama en servicios de Unidad de Paciente Crítico y medicina de los 12 hospitales evaluados.

Conclusión:

Los hallazgos indican que a la mayoría de los hospitales de alta complejidad de Chile, les faltan recursos humanos y de gestión para la correcta implementación de los PROA. No se encontró una asociación entre las categorías recursos y estrategias con un menor consumo de antimicrobianos, antivirales y antifúngicos, aunque faltaron respuestas que permitan entregar una relación más robusta. No se pudieron realizar evaluaciones más específicas con cada componente de las categorías debido al tamaño limitado de la muestra.

Keywords: PROA, Antimicrobianos

Financing: MERCK SHARP & DOHME

“Caracterización de pacientes con infecciones por *Pseudomonas aeruginosa* resistentes a carbapenémicos en hospital terciario metropolitano, seguimiento a 1 año”

Francisca Morales Jara¹, Valeria Pizarro C.¹, Paulina Vergara¹, Claudio Gonzalez², Claudia Monterrosa²

(1) Hospital Barros Luco Trudeau. Universidad de Santiago, Infectología, Ciencias Médicas, Santiago, Chile

(2) Hospital Barros Luco Trudeau, Química y Farmacia, Santiago, Chile

Introducción:

Pseudomonas aeruginosa (PAE) es un bacilo gram negativo aerobio que tiene un importante rol en las infecciones intrahospitalarias asociadas a multirresistencia, identificándose en todo tipo de infecciones y asociado a múltiples mecanismos de resistencia. La OMS consideró a *Pseudomonas aeruginosa* productora de carbapenemasas como uno de los patógenos de primera prioridad dada la alta morbimortalidad asociada a la infección por esta bacteria, con reportes de mortalidad de hasta 15%.

Objetivo:

Describir y caracterizar las infecciones por *Pseudomonas aeruginosa* resistente a carbapenémicos de un hospital terciario metropolitano, entre mayo del 2022 y mayo del 2023.

Materiales y Métodos:

Se realizó la recolección de información en base de datos de uso clínico como uso de antibióticos específicos, cultivos y revisión de fichas clínicas. Se evaluaron 12 pacientes que presentaban infección por PAE resistente a carbapenémicos en sus cultivos, identificados por técnica de Maldi-TOF y estudio fenotípico mediante prueba Carba-NP y que fueron tratados por más de 48 horas con antibioterapia específica. Se realizó análisis descriptivo de los pacientes.

Resultados:

Dentro de las características poblacionales, destaca un predominio de pacientes de sexo masculino (91,6%), con edad promedio de 58 años. Presentaban alta carga de morbilidad, con un índice de Charlson promedio de 5, lo que les confiere una sobrevida aproximada a 10 años de 21%. La mayoría era hipertenso (66,5%), diabético (58,3%) y se encontraba cursando con falla renal aguda al momento de la infección (58,3%).

Las infecciones asociadas a PAE se caracterizan por ser de origen intrahospitalario. En este estudio se evidencia que el periodo entre el ingreso hospitalario y la infección asociada a PAE resistente a carbapenémicos fue en promedio de 30 días. Un 67% de los pacientes no había tenido hospitalizaciones previas en los últimos 6 meses. Un 33,3% tenía una colonización conocida por microorganismos asociadas a carbapenemasas previo al cuadro infeccioso. Respecto a los focos de infección predominaron: respiratorio (41,6%), abdominal (33,3%), con un 66,6% de los pacientes con antecedentes de cirugías previas, seguido por infecciones de piel y partes blandas (25%). Dentro de las características de la PAE causal de estos cuadros, el 42% de los pacientes tenía presencia de carbapenemasas: principalmente KPC y VIM. El resto presentaba mecanismos de pared y probablemente enzimáticos tipo BLEE o AmpC.

Dentro del manejo, el 91,6% estuvo en Unidades de Paciente Crítico, con un promedio de 51 días de estadía. Presentaron scores promedios de SOFA 7, APACHE 17 e Increment de 6. Respecto al tratamiento, el 50% recibió ceftazidima/avibactam, tanto como monoterapia o asociado a aztreonam, otros esquemas utilizados fueron: ceftolozano/tazobactam (20%) y colistin (30%) asociado a meropenem. Hubo 4,3 días entre ajuste del tratamiento empírico a terapia específica. La mortalidad a 90 días fue de 30%, y se excluyeron a dos pacientes del análisis de mortalidad porque no recibieron tratamiento adecuado previo a su muerte.

Conclusiones:

Pseudomonas aeruginosa resistente a carbapenémicos representa una infección intrahospitalaria multidimensional: presenta mecanismos de resistencia variables, en pacientes que suelen ser frágiles y de larga estancia hospitalaria. En este análisis la mortalidad de la cohorte es prácticamente el doble de lo reportado en la literatura, pese a un relativo corto periodo de ajuste a la antibioterapia, considerando los días de crecimiento del cultivo, identificación y antibiograma. La infección por PAE resistente a carbapenémicos representa un desafío para el equipo médico y es fundamental conocer la microbiología local para definir el mejor tratamiento empírico disponible.

Keywords: *Pseudomonas*, Multirresistencia, mortalidad, carbapenemasas, iaas

Financing: Sin financiamiento externo.

Acknowledgments: Equipo de Infectología y Química Clínica de Hospital Barros Luco Trudeau

**Infecciones por bacilos GRAM negativos multiresistentes: variables clínicas y microbiológicas de sobrevida en pacientes hospitalizados en tratamiento**

Francisca Morales Jara¹, Claudio González², Claudia Monterrosa², Paulina Vergara Pinto¹, Tomás Carrasco¹, Valeria Pizarro¹, Francisco Zamora¹

(1) 1 Hospital Barros Luco Trudeau, Departamento de Infectología, Facultad de Ciencias médicas, Universidad Santiago de Chile, Santiago, Chile.

(2) 2 Hospital Barros Luco Trudeau, Farmacia Clínica, Santiago, Chile.

Introducción: La resistencia bacteriana a los antimicrobianos se ha convertido en una de las principales amenazas para la salud pública del siglo XXI. Estimaciones de la Organización Mundial de la Salud la ubican como la principal causa de mortalidad año 2050. Dentro de estas infecciones encontramos las causadas por bacilos Gram negativo multiresistentes (BGN MR) las cuales tienen una importante morbimortalidad en pacientes hospitalizados.

Objetivo: Estudiar la asociación de distintas variables clínicas y microbiológicas en la mortalidad a 90 días de pacientes con infección por BGN MR.

Metodología: Estudio observacional de una cohorte de pacientes con diagnóstico de infección por BGN MR y que recibieron al menos 48 horas de tratamiento antibiótico efectivo en un hospital terciario desde junio 2022 a mayo 2023. Se excluyó a los pacientes que carecían de datos clínicos para su evaluación. Se recopilaron múltiples variables relacionadas con las características epidemiológicas y clínicas del paciente, sitios de infección, severidad y del tratamiento. Se realizó cruce de base de datos de farmacia y la base de datos anonimizada de uso clínico del equipo de infectología. Las variables continuas se expresaron como promedio (desviación estándar). Se realizó un análisis bivariado de la mortalidad con las distintas variables utilizando pruebas de hipótesis para variables continuas y categóricas. Se realizó un análisis de sobrevida de tipo Kaplan-Meier para evaluar el tiempo transcurrido desde la toma del primer cultivo con BGN MR y hasta la muerte o alta hospitalaria. Las diferencias entre grupos se estimaron mediante una prueba de log rank. Se definió significativamente estadístico un valor p menor a 0,05.

Resultados: De un grupo inicial de 41 pacientes, se excluyeron 4 por imposibilidad de rescatar datos clínicos y 1 por interpretarse como colonización, resultando una muestra final de 36 pacientes. La cohorte tuvo un promedio de edad de 59,6 (17.2) años y un 63,4% fueron hombres. Las principales bacterias aisladas fueron *Klebsiella pneumoniae* (KPN) (n=18), *Pseudomonas aureginosa* (PAE)(n=10) y *Enterobacter cloacae* (ENC)(n=8). 3 pacientes tuvieron cultivos con 2 o más BGN MR. Un 35,1% (13) de los pacientes murieron dentro de los 90 días de seguimiento con una mediana de 18 días desde la toma de cultivos de ingreso. No se observó influencia de la edad ni el sexo sobre la probabilidad de muerte. Dentro de las comorbilidades, la presencia de enfermedad renal crónica (ERC) tuvo una fuerte asociación con mortalidad, aunque no significativa (log rank p= 0.0594). El tiempo desde el inicio de la hospitalización hasta la infección mayor a 21 días tuvo una probabilidad de muerte de 50% a los 90 días versus 22,2% en los tiempos menores o iguales (log rank p=0,085). El tiempo desde el cultivo hasta el tratamiento dirigido no se relacionó con mortalidad, mientras que el Puntaje APACHE II y el Increment Score se asociaron de forma significativa. Si bien se observó mayor probabilidad de muerte en infecciones con carbapenemasa positiva (44% versus 18,2%) no hubo diferencias significativas (log rank p=0.1457).

Conclusión: En nuestra cohorte de pacientes con infecciones por BNG MR el puntaje APACHE II y el Increment Score son predictores de mortalidad a 90 días. Son necesarios futuros estudios para validar estos hallazgos.

Keywords: (1) multiresistencia, (2) bacilos gramnegativos, (3) sobrevida

Financing: Sin financiamiento externo

Acknowledgments: Hospital Barros Luco Trudeau, equipo de infectología y farmacia clínica

Análisis de costos de brote por sepsis a *Klebsiella pneumoniae* productora de carbapenemasas en pacientes hospitalizados en unidad de cuidados intensivos Hospital Eduardo PereiraMaría Monserratt Poblete Roa¹, Rubén Muñoz Rocha¹⁽¹⁾ Hospital Dr. Eduardo Pereira, IAAS, PCI/PROA, Ibsen S/N, Valparaíso, Chile**1. Introducción**

Las infecciones relacionadas con la atención en salud (IAAS) son un problema global que aumenta la morbimortalidad, los costos y afecta la calidad de vida de los pacientes hospitalizados. Los microorganismos responsables de las IAAS son cada vez más resistentes a los antibióticos, agravando la situación actual. Es cierto que se han realizado muchos estudios sobre la gravedad de las infecciones asociadas a la atención en salud y el riesgo que representan para la seguridad del paciente. Sin embargo, medir el impacto económico de las IAAS ha resultado ser un desafío debido a la dificultad para calcular los costos y el impacto financiero asociado a estas. Por lo tanto, es necesario seguir recopilando más información y realizar análisis de costos en diferentes niveles para tener una comprensión más completa de esta problemática.

Durante los meses de enero y febrero del año 2021 un brote asociado a sepsis por *Klebsiella pneumoniae* productora de carbapenemasas KPC afectó a 6 pacientes del Hospital Dr. Eduardo Pereira de Valparaíso. A continuación, se presenta una evaluación económica del costo estimado asociado a esta condición.

2. Objetivos

Realizar un análisis económico respecto al costo asociado a la atención en salud de pacientes afectados por sepsis grave producto un brote de *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos en la unidad de cuidados intensivos del Hospital Dr. Eduardo Pereira (HEP) durante enero a diciembre 2021.

3. Materiales y métodos

Se realizó un estudio comparativo, transversal y retrospectivo donde se analizan los costos asociados a sepsis causada por el bacilo gran negativo *Klebsiella pneumoniae* productora de carbapenemasas en pacientes críticos hospitalizados en la unidad de cuidados intensivos del Hospital Dr. Eduardo Pereira, durante el periodo de enero y febrero 2021. Se incluyeron 6 casos con sus respectivos controles. Los indicadores económicos seleccionados para la comparación fueron los días de hospitalización desde el ingreso, el exceso de consumo de antibióticos medido en DDD (dosis diaria definida) y el exceso de número de cultivos microbiológicos.

4. Resultados:

La estancia hospitalaria, en los pacientes con sepsis asociada a *Klebsiella pneumoniae* productora de carbapenemasas fue de 60,2 días, mientras que para los pacientes control fue de 22,8 días. Lo que resultó significativamente mayor al igual que el análisis de la mediana (57,5 casos v/s 21,5 controles). $p < 0,05$.

El uso de antibióticos expresados en DDD, también fue mayor en el grupo de casos con una diferencia promedio 9,84 con p igual a 0,08186. Lo que no refleja el gasto real de los tratamientos utilizados en los pacientes en estudio. Al realizar el análisis con el costo de los medicamentos se observa, para los casos, un gasto promedio de \$29.741.166 (\$41.157 dólares) mientras que para los pacientes control el gasto promedió un total de \$953.262 (\$1.319 dólares). Estadísticamente significativo $p < 0.00056$.

Con respecto a los números de cultivos en los casos tiene una mayor cantidad con una diferencia de 38 a favor de los casos con carbapenemasas KPC.

5. Conclusiones

Los gastos asociados a la atención en salud de los pacientes afectados por este brote fueron significativamente mayores con respecto a los pacientes control.

Así también tuvieron una estadía hospitalaria más prolongada. Lo que se correlaciona con otros trabajos similares. Si bien el tamaño de muestra del estudio podría significar una limitación en su peso estadístico, este cumple con la finalidad de describir el contexto e impacto económico local producto del brote, proporcionando información valiosa para promover y enfatizar acerca de la importancia de llevar a cabo las medidas para el control de infecciones asociadas a la atención en salud y el uso racional de antimicrobianos.

Keywords: costos, multirresistencia, *klebsiella pneumoniae* productora de carbapenemasas, ddd, infecciones asociadas a la atención en salud

Financing: Sin financiamiento

Acknowledgments: A todos los colaboradores del equipo de Infectología del HEP. En particular a E.U. Paola Echeverría Sagal y Dr Rubén Muñoz Rocha por todo su apoyo y asesoramiento

Medición periódica de bioluminiscencia en manos de funcionarios del Hospital Lucio Córdova como medida de control de eficacia de higiene de manos

Miguel Ángel López Valladares¹, Daniela Andrea Otárola Bascur¹, Daniela Andrea Mella Acevedo¹, Melanie Farath Mahfud Vargas¹

⁽¹⁾ Hospital de Enfermedades Infecciosas Dr. Lucio Córdova, Programa de Control de Infecciones, Gran Avenida 3204 interior, Santiago, Chile

Antecedentes: La salud pública mundial se enfrenta al desafío de las infecciones asociadas a la atención de salud (IAAS). La OMS propuso en 2005 el uso de la higiene de manos como una medida sencilla y económica para evitar las IAAS. Es relevante objetivar una adecuada higiene de manos a través del análisis de la contaminación biológica previo y posterior a la higiene de manos (preHM y PostHM). La bioluminiscencia es una forma estandarizada de medir la eficacia de higiene de manos mediante la detección de ATP en materia orgánica viva, permitiendo medir los niveles de contaminación biológica.

Objetivos: Medir el nivel de contaminación biológica de las manos del personal clínico del Hospital Lucio Córdova (HLC) en actividad asistencial, preHM y PostHM, mediante bioluminiscencia, entre enero y octubre 2022.

Establecer un diagnóstico basal y evolutivo de contaminación biológica de manos, evaluar la eficacia de la técnica de higiene de manos, establecer factores relacionados con alto nivel de contaminación y/o higiene de manos ineficaz.

Materiales y métodos: Se obtuvieron muestras aleatorias de hisopado de manos del personal clínico con tórula UltraSnap™ por técnica estandarizada, preHM y postHM realizado según las recomendaciones de OMS. Se midió el ATP con fotoluminómetro EnSURE® Touch de Hygiene, con meta de bioluminiscencia ≤ 100 unidades relativas de luz (URL) para definir piel limpia. Se registraron los valores por sexo, profesión y unidad hospitalaria. El análisis estadístico consideró un p significativo < 0.05 .

Resultados: Se obtuvieron 448 mediciones de bioluminiscencia (224 preHM, 224 postHM). Los resultados evidenciaron un descenso significativo del valor promedio basal postHM (853 ± 1265 URL preHM vs 72 ± 71 URL postHM, $p=0.000$) en el mes de inicio del análisis (enero 2022), logrando el URL objetivo. Se evidenció un descenso significativo del valor promedio anual postHM (406 ± 823 URL preHM vs 33 ± 50 URL postHM, $p=0.000$), logrando URL objetivo. Se evidenció una disminución significativa de los valores promedio mensuales preHM de todas las unidades del hospital entre los meses enero 2022 y octubre 2022 (853 ± 1265 URL preHM enero vs 138 ± 128 URL preHM octubre, $p<0.0001$). Se mantuvo el valor promedio postHM en el URL objetivo en todos los meses medidos. Se evidenció una diferencia significativa del valor promedio anual de bioluminiscencia preHM entre UTI y medicina (730 ± 1253 URL vs 480 ± 779 URL, $p = 0.035$), y entre UTI y hematooncología (730 ± 1253 URL vs 226 ± 354 URL, $p=0.0424$), sin diferencia significativa entre los valores promedio postHM entre las distintas unidades. Se evidenció una diferencia significativa entre los valores de bioluminiscencia promedio anual preHM al comparar los profesionales de kinesiología y enfermería (728 ± 1064 URL vs 237 ± 345 URL, $p=0.03$), sin diferencia significativa entre otros profesionales. No hubo diferencia significativa entre los valores de bioluminiscencia promedio anual por sexo.

Conclusiones: La medición de contaminación biológica preHM obtuvo valores sobre el objetivo en los funcionarios, sin embargo, la medición postHM obtuvo resultados satisfactorios, sugerente de un conocimiento suficiente de la técnica de higiene de manos que no se aplica en suficiente frecuencia para mantener un basal adecuado. Hubo un marcado descenso del promedio de contaminación preHM entre el inicio y el final del estudio, posiblemente por efecto de la vigilancia misma sobre los sujetos. Se observó una mayor contaminación basal en los funcionarios UTI respecto a otras unidades, posiblemente debido al nivel de complejidad y cuantía de las intervenciones que se realizan así como medidas más estrictas en la unidad hematooncológica. Se evidenció una mayor contaminación basal en los funcionarios de kinesiología, posiblemente dado que realizan intervenciones con mayor posibilidad de exposición a material biológico respecto a enfermería, quienes además realizan más procedimientos asépticos que los otros funcionarios. La medición de bioluminiscencia fue una herramienta útil para identificar grupos con higiene de manos menos eficaz, lo que posibilita realizar intervenciones dirigidas.

Keywords: bioluminiscencia, IAAS, higiene de manos

Evolución de la tasa de neumonía asociada a ventilación mecánica invasiva en la región de Coquimbo durante los años 2015 a 2022.**Jaime Tapia Cortes^{2,3,4}, Verónica Villalobos Rojas¹, Marianella Lira Spinali², Bernardita Henríquez³**⁽¹⁾ Seremi Salud Región Coquimbo⁽²⁾ Introdúc⁽³⁾ Servicio Salud Coquimbo, Infecciones asociadas a la atención de salud⁽⁴⁾ Clínica Redsalud Elqui, Infecciones asociadas a la atención de salud

1. Seremi Salud Región Coquimbo; 2 Hospital San Pablo Coquimbo; 3 Servicio Salud Coquimbo; 4. Clínica Redsalud Elqui

Introducción: La neumonía asociada a la ventilación mecánica (NAVМ) es una de las principales complicaciones asociadas a los pacientes de cuidados intensivos y una importante causa de morbi-mortalidad en pacientes críticos. La vigilancia de esta patología es de notificación obligatoria por MINSAL, pero en general no se compara a nivel local los datos de los distintos hospitales del servicio de salud.

Objetivos: Conocer y comparar las incidencias de NAVМ en la región en los distintos hospitales que cuentan con unidades de cuidados intensivos, y con esto poder realizar comparación entre ellos conociendo características propias de cada centro y dirigir esfuerzos localizados para la prevención de esta patología.

Material y métodos: Se recogen antecedentes aportados por las instituciones de salud con unidades de pacientes críticos en la región (Hospitales de Ovalle, La Serena, Coquimbo y Clínica Red Salud Elqui), los datos se recogen de lo informado a través de la plataforma SICARS desde el servicio salud, desde el año 2015 al año 2022.

Resultados: Durante el período observado se observa una disminución de las tasas en los hospitales de Coquimbo, La Serena y de Clínica Elqui. Logrando las menores tasas en la región en Hospital Coquimbo y Clínica Elqui llegando a tasas en el año 2022 de 3,4 y 2,96 por 1000 días ventilados respectivamente. El impacto de la Pandemia significó un aumento importante en la incidencia de toda la región, llegando a tasas sobre 9 casos por 1000 días ventilados. Llama la atención especialmente hospital de Ovalle que se mantuvo permanentemente sobre las tasas de referencia MINSAL.

Llegando a tasas de 22.9 casos por 1000 días ventilados.

En el último año en las distintas Unidades de paciente crítico de la región han mantenido tasas bajo la referencia nacional con valores de: Coquimbo 7.84; La Serena 10.16; Ovalle 9.98; Clínica Elqui en 9.43.

En relación a los microorganismos productores de NAVМ por año se distribuyen de la siguiente manera: en el año 2015 el germen más frecuente fue el *Staphylococcus aureus* (24%) seguido por *Acinetobacter baumannii* (22%) y luego *Pseudomonas auriginosa* (19%); durante los años 2016-2017 fue la *Pseudomonas auriginosa* (25%), luego el *Staphylococcus aureus* (21%) y aparece *Klebsiella pneumoniae* (20%); En el año 2018 sigue *Pseudomonas auriginosa* como el primer germen aislado (27%) pero la *Klebsiella pneumoniae* (21%) alcanza el segundo lugar y el *Staphylococcus aureus* (21%) como tercero. Se mantiene en el resto de período observado hasta el año 2021 en donde más se reportaron NAVМ y el primer germen fue el *Staphylococcus aureus* (28%). Seguido por *Pseudomonas auriginosa* (23%) y *Klebsiella pneumoniae* (22%).

Por último, en el año 2022 la *Pseudomonas auriginosa* alcanza el primer lugar nuevamente (24%).

Conclusión: La importancia de conocer las tasas de la incidencia de NAVМ es primordial para el manejo de los pacientes, cada uno de los hospitales conoce la realidad de su unidad, pero un diagnóstico del servicio de salud permite un manejo enfocado en un manejo como equipo para la prevención de esta complicación en la región.

La incidencia de la NAVМ presentaba una disminución progresiva en todos los hospitales de la región hasta el segundo semestre del año 2020 logrando un peak en el año 2021, sobrepasando en todos los hospitales la tasa de referencia establecida por el MINSAL, pudiéndose relacionar la pandemia.

El germen más frecuentemente aislado en nuestra realidad es la *Pseudomonas auriginosa*, el segundo en general varía entre el *Staphylococcus aureus* y *Klebsiella pneumoniae*.

Keywords: Neumonía asociada a ventilación mecánica

Financing: No Corresponde

**Brote de gastroenteritis por sapovirus en un Hospital Universitario**

Inés Cerón^{1,2}, Myriam Medel¹, Karen Aguayo¹, Gabriela De la Cerda¹, Catherine Fierro¹, Daniela Ide¹, Carolina Palma¹, María Inés Riquelme¹, Francisco Vera^{3,4}, Ana María Guzmán^{3,4}

⁽¹⁾ Red de Salud UC-CHRISTUS, Hospital Clínico UC, Comité de Prevención y Control de Infecciones asociadas a la Atención de Salud, Santiago, Chile

⁽²⁾ Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Enfermedades Infecciosas del Adulto, Facultad de Medicina, Santiago, Chile

⁽³⁾ Red de Salud UC-CHRISTUS, Servicio de Laboratorios Clínicos, Laboratorio Hospital Clínico UC, Santiago, Chile

⁽⁴⁾ Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Laboratorios Clínicos, Facultad de Medicina, Santiago, Chile

Introducción: Sapovirus pertenece, al igual que norovirus, a la familia de los *Caliciviridae*. Recibió su nombre cuando fue identificado como agente causal de un brote de diarrea en niños en Sapporo, Japón. La identificación diagnóstica se realiza mediante métodos moleculares, lo que limita su identificación pues en muchos lugares no se cuenta con esta técnica diagnóstica. Debido a esta limitación, se estima que los brotes causados por sapovirus están subestimados y los reportes provienen principalmente de países de altos ingresos.

Objetivo: Describir un brote de gastroenteritis aguda por sapovirus en un hospital universitario

Materiales y Métodos: El 5 de julio/2023, el equipo de infectología alerta al comité de IAAS (CPC-IAAS) de 2 casos de gastroenteritis aguda por sapovirus en pacientes adultos hospitalizados en el Hospital Clínico UC, lo que activa la alerta de sospecha de brote. El CPC-IAAS solicita al Laboratorio Clínico la información de todos los casos positivos de sapovirus identificados mediante Panel gastrointestinal Biofire® FilmArray® desde mayo/2023 en adelante. Se define así el caso índice, caso primario y casos secundarios y se procede a la revisión de cada caso, registrando en base de datos pre hecha: datos demográficos, servicio clínico, antecedentes mórbidos, clínica, fecha de inicio de síntomas. Además, se revisan: alimentos ingeridos y catastro de personal [clínico y de apoyo (alimentación, aseo)] en contacto con pacientes contagiados y antecedente de cuadros diarreicos recientes.

Resultados: Se identificaron 7 pacientes con gastroenteritis por sapovirus entre el 24/06/23 al 06/07/23. El caso índice (05/07/23) se trata de una mujer (33 años), embarazada de 24 semanas, en día 26 de hospitalización al momento del inicio de la diarrea y dolor abdominal. El caso primario (24/06/23) corresponde a una mujer (79 años) que ingresa por diarrea aguda y deshidratación, por lo que la infección por sapovirus se considera como el motivo de ingreso hospitalario. Los casos secundarios (5) corresponden a 3 pacientes adultos (2 hombres, 1 mujer) y 2 pacientes pediátricos (1 hombre, 1 mujer). Los 3 pacientes adultos eran receptores de trasplante. Todos los pacientes se encontraban en servicios clínicos distintos. Todos presentaron diarrea aguda y dolor abdominal de pocos días de duración y evolución clínica favorable, sin complicaciones. Buscando una fuente común, se realizó catastro de todo el personal que atendió a los pacientes (médicos, enfermeras, técnico paramédico, kinesiólogos, tecnólogos médicos rayos, personal de aseo y de alimentación). Solo 2 técnicos paramédicos reportaron diarrea autolimitada en este período, sin estudio etiológico ni reposo laboral. A nivel del servicio de alimentación, hubo adecuado cumplimiento de todos los protocolos de manipulación de alimentos. Los pacientes afectados fueron manejados en habitación individual, con baño individual y precaución de contacto mientras estuvieron sintomáticos. El aseo ambiental de las habitaciones de pacientes infectados se realizó con cloro. Desde el 06/07/23 no se han vuelto a reportar infecciones por sapovirus.

Conclusión: Frente a un brote de gastroenteritis aguda, si no hay identificación de otros agentes causales más frecuentes como *Clostridioides difficile*, rotavirus o norovirus, se debe tener presente como agente causal de éste a sapovirus. Dado las dificultades diagnósticas, se debe considerar disponer de estudios moleculares múltiples en deposiciones para poder hacer diagnóstico de agentes infecciosos menos frecuentes.

Keywords: brote, sapovirus, gastroenteritis

Principales dudas en torno a la vacunación de población chilena según nivel educacional**Bernardita Hetreau Letelier¹**⁽¹⁾ Universidad Católica de Chile

Introducción: En los últimos años ha crecido exponencialmente la cantidad de personas en el mundo y en Chile que se identifican como antivacunas o reticentes a la vacunación, lo que constituye un peligro para la salud pública. Para hacer frente a este problema y evitar la proliferación de grupos antivacunas en Chile es necesario comprender a cabalidad cuáles son los principales argumentos de personas antivacunas o reticentes a la vacunación para no desear vacunarse, así como cómo se distribuye este pensamiento en distintos segmentos de la población, considerando que esta no es una población homogénea.

Objetivos: Identificar las principales dudas en torno a la vacunación de población reticente a la vacunación chilena según nivel educacional.

Material y métodos: Estudio cualitativo en el cual se realizaron 3 grupos de discusión con población residente en Chile que se identifique como antivacuna o reticente a la vacunación de acuerdo con su nivel educacional. Los segmentos en los que se dividen los grupos de discusión son: Educación escolar incompleta; Educación media completa, técnica incompleta o completa o educación universitaria incompleta; y Educación universitaria completa y/o con estudios de postgrado.

Resultados: Existen numerosos argumentos transversales a todos los diferentes niveles educacionales, pero con un grado diferente de intensidad e interés. Los argumentos para rechazar la vacunación más esgrimidos en los grupos con más años de escolaridad son los referidos a que sea una vacuna nueva y experimental, la efectividad de la vacuna y la relevancia del sistema inmune. En el grupo con menos años de escolaridad tuvieron más relevancia los argumentos de referencia a autoridades, desorden en la implementación de la vacuna, vacuna creada artificialmente y las malas experiencias en salud. También se encontró que existe en esta población un grado diverso de aceptación a vacunas que no son para el Covid-19, que hay distintos procesos de búsqueda de información según los años de escolaridad y que en algunos hay un fuerte grado de identificación identitaria con el movimiento de rechazo a la vacunación.

Discusión y Conclusiones: El nivel educacional incide en los argumentos para rechazar la vacunación en Chile, por lo que es necesario elaborar estrategias comunicativas dirigidas específicamente a cada grupo para que sean más efectivas. Es importante responder las dudas sobre la vacunación de algunas personas antes de que su pensamiento evolucione hacia uno más extremo. Además, hay que considerar la influencia de factores no relacionados a la lógica como lo pueden ser los elementos identitarios que pueden operar al momento de adscribir a un movimiento que rechaza la vacunación. Asimismo, es necesario capacitar a los profesionales de la salud para mejorar la comunicación sobre las vacunas con los pacientes.

Keywords: Reticencia a la vacunación, Nivel educacional, Vacuna, Identidad

Financing: Autofinanciado

Acknowledgments: Se agradece la cooperación en la revisión y orientación del trabajo al Dr. Jaime Cerda y al Dr. Eduardo Undurraga

Aplicación de un nuevo método rápido de tipificación mediante espectroscopia infrarroja para el estudio de clonalidad en bacilos Gram negativos productores de carbapenemasas

Patricia García^{1,3}, Javier Hernández², Samuel Contreras², Tamara González², Juan Carlos Román², Inés Cerón⁴, Aniela Wozniak^{1,3}

⁽¹⁾ Departamento de Laboratorios Clínicos. Escuela de Medicina. Pontificia Universidad Católica de Chile.

⁽²⁾ Laboratorio de Microbiología. Servicio de Laboratorios Clínicos. Red de Salud UC-CHRISTUS

⁽³⁾ Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance (MICROB-R) Santiago, Chile

⁽⁴⁾ Departamento de Enfermedades Infecciosas del Adulto. Escuela de Medicina. Pontificia Universidad Católica de Chile

Introducción: La emergencia de bacilos Gram negativos multirresistentes productores de carbapenemasas (BGNPC) es un problema de salud pública mundial, especialmente cuando existe diseminación clonal asociada a la atención de salud. Las metodologías en uso para evaluar clonalidad, como la electroforesis de campo pulsado (PFGE) o la secuenciación total del genoma (NGS) son de alto costo y laboriosas. Disponer de métodos de tipificación rápida que permitan confirmar diseminación clonal es clave para tomar decisiones oportunas a nivel hospitalario. La espectroscopia infrarroja asociada a la transformada de Fourier en el sistema IR Biotyper® permite, a través del análisis de espectros generados por la vibración de las moléculas de la pared bacteriana, identificar clones dentro de diferentes especies en 3 horas.

Objetivo: Evaluar el rendimiento de la tipificación por espectroscopia infrarroja comparada con el método de referencia en aislados de BGNPC durante el primer semestre de 2023 en un hospital universitario.

Materiales y métodos: Entre enero y mayo de 2023 se estudiaron 76 BGNPC, provenientes del Hospital Clínico UC, de los cuales 34 provenían de muestras clínicas y 42 desde vigilancias. Estas correspondían a un 60% y 42% del total de aislamientos de muestras clínicas y vigilancias, del periodo estudiado, respectivamente. Los aislamientos fueron uno por paciente, considerándose sólo el primero de ellos. De los 76 aislados 38 fueron *K. pneumoniae* (25 productores de KPC y 13 de NDM), 10 fueron *P. aeruginosa* productores de VIM, 8 *E. cloacae* productores de NDM y 20 *E. coli* (11 productores de KPC y 9 de NDM). Se realizó a todos los aislados PFGE por el método convencional y la espectroscopia infrarroja en el sistema IR Biotyper® (Bruker Daltonics). Brevemente, se mezcló enérgicamente 1 uL de colonia bacteriana con 50uL de etanol en un tubo con barras metálicas y luego se agregó 15 uL de la suspensión en cada pocillo de la tarjeta del equipo, en triplicado. Al cabo de 3 horas se obtuvieron los espectros de cada pocillo. El análisis bioinformático de la totalidad de los aislados dio como resultado el ordenamiento jerárquico de los cluster o dendrograma, generándose automáticamente un cut-off que define los clusters y que varía para cada especie.

Resultados: Mediante PFGE se obtuvo para *K. pneumoniae* (n=38), 17 cepas asociadas a 5 clones idénticos, 11 cepas asociadas a clones estrecha y posiblemente relacionados y 10 cepas no relacionadas entre sí ni a ninguno de los clones encontrados. Para *E. coli* (n=20) se obtuvo 4 cepas asociadas a 2 clones idénticos, 3 cepas estrechamente relacionadas entre si y 13 cepas no relacionadas entre si ni a ninguno de los clones. Para *E. cloacae* (n=8) no se encontró ninguna cepa relacionada y para *P. aeruginosa* (n=10) se encontraron 2 cepas posiblemente relacionadas. El análisis mediante IR Biotyper® mostró una concordancia con PFGE de 86% para *K. pneumoniae* (31/36), 90% para *E. coli* (18/20), 88% para *E. cloacae* (7/8) y 90% para *P. aeruginosa* (9/10). Las discordancias fueron porque IR Biotyper® asoció erróneamente cepas no clonales a un cluster (5/9) o a un clon diferente (4/9).

Conclusiones: La circulación de BGNPC se asoció a clones mayoritariamente en *K. pneumoniae*. En *E. coli*, *E. cloacae* y *P. aeruginosa* se encontró policlonalidad. La espectroscopia infrarroja en el sistema IR Biotyper® es rápida, de bajo costo y es posible mejorar su rendimiento en el estudio de la epidemiología hospitalaria pues el sistema tiene la potencialidad de ser entrenado mediante algoritmos de *machine learning* en la medida que se incorporan mas y variados resultados en la base de datos y se definen con mayor precisión los cut-off. Esta herramienta es una muy buena alternativa en el abordaje oportuno del manejo intrahospitalario de las infecciones por BGNPC.

Keywords: IR Biotyper, bacilos negativos resistentes, carbapenemasas, estudio de clonalidad

Financing: Fondos de Desarrollo Académico del Departamento de Laboratorios Clínicos

Estudio comparativo de dos métodos basados en IGRA, en laboratorio clínico bionet

Cristian Melián Ferrada¹, Paula Peña Pacheco¹, Marcela Tapia Venegas¹, María Elena Arredondo Riveros¹, Mariluz Hernández Escobar², Cecilia Tapia Paredes¹

(1) Laboratorio Clínico Bionet, Laboratorio Central, Av. Vicuña Mackenna 200 piso 2, Santiago, Chile

(2) Dirección Servicio de Salud Metropolitano Oriente, Departamento de Atención Primaria de Salud Ciclo Vital, 7500785 Providencia, Región Metropolitana, Santiago, Chile

Introducción:

El diagnóstico y tratamiento de pacientes con infección tuberculosa latente (ITBL) es fundamental en la estrategia global para erradicar la tuberculosis. La ILTB, es una afección asintomática y no transmisible que persiste durante muchos años en los individuos y puede progresar a una enfermedad tuberculosa activa, particularmente en pacientes inmunodeprimidos. Existen ensayos de liberación de interferón gamma (IGRA), para detectar ILTB disponibles en el mercado, algunos de ellos con mayor literatura de respaldo, como QuantiFERON-TB Gold Plus/ELISA™ y también métodos emergentes como QuantiFERON-TB Gold Plus/quimioluminiscencia™ y TB-Feron FIA™.

Objetivo:

El objetivo de este trabajo fue comparar la concordancia del test IGRA QuantiFERON-TB Gold Plus/quimioluminiscencia™ (QFT-Plus/Diasorin) método automatizado por quimioluminiscencia disponible en Laboratorio BioNet con el test TB-Feron FIA™ (IFN-gamma/SD Biosensor) método considerado "point of care" por inmunofluorescencia con el fin de evaluar una alternativa al método utilizado.

Resultados:

La concordancia observada entre ambas pruebas es de 89,4% (coeficiente kappa de 0,389, aceptable). La sensibilidad (S), especificidad (E), valor predictivo positivo (VPP) y valor predictivo negativo (VPN) de la técnica TB-Feron FIA comparada con QuantiFERON-TB Gold Plus /quimioluminiscencia™ fueron de 57,1%, 92,0%, 36,4% y 96,4%, respectivamente. Cabe señalar, que la técnica TB-Feron FIA™, no requirió de equipamiento automatizado de última generación.

Conclusiones:

La concordancia observada entre ambas pruebas fue alta, con un índice kappa nivel aceptable y TB-Feron FIA™ presentó un elevado VPN. TB-Feron™ resultó ser una alternativa fácil de usar e implementar en laboratorios de baja complejidad. Además es un método apropiado en el análisis de bajas cantidades de muestras dado el proceso manual de estas. La prolijidad y minuciosidad con la que se debe ejecutar la carga en el equipo determina que la obtención de resultados de utilidad clínica es altamente operador técnico dependiente, sin embargo, bien ejecutada, podría ayudar a mejorar la eficacia de recursos, ya que alcanzaría un buen costo-beneficio.

Keywords: IGRA, Tuberculosis, Tuberculosis latente, Diagnóstico

Financing: Apoyo de la empresa DIAGNOCHILE

Acknowledgments: A la empresa DIAGNOCHILE

**Evaluación del rendimiento del urocultivo en lactantes según el método de toma de la muestra: bolsa recolectora vs. sondeo uretral**

Gonzalo Valenzuela¹, Andrea Salinas², Rodolfo Amstein², Osvaldo Villarreal³, Patricia García³

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Enfermedades Infecciosas e Inmunología Pediátrica, Pontificia Universidad Católica de Chile, Medicina, Diag. Paraguay 362, Santiago, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, División de Pediatría, Medicina, Diag. Paraguay 362, Santiago, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Laboratorio de Microbiología, Medicina, Av. Vicuña Mackenna 4686, Santiago, Chile

Introducción: Una preocupación desafiante con respecto al diagnóstico de la infección del tracto urinario (ITU) en lactantes sigue siendo la confiabilidad del resultado del Urocultivo (UC) dependiendo de la elección del método de recolección de orina. Siendo la *Escherichia coli* el agente etiológico principal (80-90%). En niños no continentales, la recolección de orina por cateterismo vesical (CV) y recolección por bolsa recolectora (BR) suelen ser métodos que siguen utilizándose en la práctica clínica. El CV es el método más confiable y de elección. Sin embargo, suele ser desplazado por la BR, por la incomodidad, dolor inducido, sangrado vesical y/o lesiones uretrales que puede generar el CV. Por otro lado, si bien la BR es una técnica no invasiva, la contaminación (30-60%) de la muestra limitaría su rendimiento. Escasos reportes comparan la positividad y la identificación de infecciones bacterianas entre ambos métodos.

Objetivos: En este estudio se busca objetivar el rendimiento del urocultivo (UC) en lactantes por medio de la toma de muestra por recolector y sondeo urinario, en cuanto a positividad, detección de infecciones por *E.coli* y aquellas que no son por *E. coli*.

Material y métodos: Estudio observacional retrospectivo consistente en el análisis de UC de lactantes atendidos en la Red de Salud UC-CHRISTUS entre enero y diciembre del año 2021. Se incluyeron en el análisis 2463 UC. Se excluyeron previamente aquellos tomados por punción suprapúbica. Se analizaron datos demográficos (edad y sexo) de los pacientes a los que se le tomó UC. También se tuvieron como variables el método de toma del UC (CV y BR) y lugar de toma de la muestra: hospitalizados (HPT), ambulatorio (AMB) y servicio de urgencias (SU). Se analizó la positividad general de las muestras y del patógeno *E. coli* de acuerdo a las guías nacionales (Gutierrez *et al.* 2021). Cuenta con la aprobación del comité ético científico (ID 221117008).

Resultados: De un total de 2463 pacientes a los que se le tomó UC, el 43,5% (n=1072) fue tomado por BR y el 56,5% (n=1391) por CV. No hubo diferencias estadísticas por edad (mediana de 1,24, RIQ 0,75-1,91 años para BR versus una mediana de 1,20, 0,78-1,86 años para CV, p=0,245). En cuanto al sexo, se encontró un 53,1% de mujeres en BR y 58,4% por CV (p=0,009). De acuerdo a la toma de muestra, un 7,4% fue en pacientes HPT, 57,9% en AMB y 34,7% en SU (p<0,001). El CV fue utilizado en 74,2% (n=135) de los UC tomados en HPT, en 31,5% de los tomados en AMB (449) y 94,4% de los tomados en SU (807). Del total de UC, se observó una positividad del 13,5% por BR y 30,8% por CV (P<0,01), con detección de *E. coli* en 7,5% de muestras en BR y 13% en CV (p<0,01). En el análisis ajustado por edad, sexo y procedencia de la toma de muestra (HPT, AMB o SU), se obtuvo un Odds Ratio 0,5 (IC 95% 0,36-0,7) para positividad de *E. coli* al utilizar BR versus CV.

Conclusión: Hubo una mayor toma del UC por BR en pacientes sexo masculino y en centros ambulatorio, posiblemente por ser un test diagnóstico menos invasivo. Se obtuvo una menor positividad general e identificación de *E.coli* en las muestras obtenidas por BR. Esto implicaría que una toma por BR, no es fiable ante una probabilidad pretest elevada para infección urinaria, en que la mayoría de las veces *E. coli* es la principal etiología.

Keywords: Urocultivo, bolsa recolectora, cateterismo vesical, *E. coli*

Financing: No Aplica

Acknowledgments: No Aplica

Evaluación del sistema adagio para la lectura e interpretación automatizada de prueba de susceptibilidad antimicrobiana de difusión con disco

Pamela Rojas¹, María José Castro¹, Beatriz Lizama¹, Tania Zuñiga¹, Mauricio Aleuanlli¹, Catalina Ruminado¹, Camila Delgado¹, Sofía Neculhueque¹

(1) Hospital Padre Hurtado, SSMSO.

Introducción: El estudio de susceptibilidad a los antimicrobianos es una de las tareas del laboratorio de microbiología que tiene mayor impacto en el manejo de los pacientes. El desarrollo de técnicas in vitro que permitan estandarizar y automatizar etapas del proceso son fundamentales para entregar información completa y confiable. Así es como se han desarrollado sistemas digitales de lectura automatizada, mediante programas informáticos las imágenes se traducen en valores de diámetros de halos de inhibición que son interpretadas según la configuración del usuario.

Objetivos: Evaluar el sistema digital ADAGIO de lectura e interpretación de antibiograma por difusión con disco en comparación al método tradicional de lectura visual con medición manual.

Material y Métodos: se realizó el estudio durante los meses de septiembre y octubre del año 2022, se incluyeron cepas obtenidas de muestras clínicas recibidas en el laboratorio clínico HPH y cepas ATCC. Se realizó estudio de susceptibilidad con técnica de difusión con disco según procedimiento estándar CLSI, se utilizó agar Mueller Hinton marca Valtek y sensidiscos marca Oxoid y Bio-Rad. Para la interpretación de categorías se utilizaron los puntos de corte CLSI M100 2022. Las combinaciones de agente/antimicrobiano fueron evaluadas prospectivamente con registro de lectura visual y lectura automatizada por sistema ADAGIO según instrucciones del fabricante.

Resultados: se analizaron un total de 152 cepas, 147 provenientes de muestras clínicas y 5 cepas ATCC. Las cepas incluyeron *E.coli* y otros Enterobacterales, *P.aeruginosa*, *Enterococcus* spp, *Staphylococcus* spp y *Streptococcus* spp. El total de combinaciones bacteria/antibiótico testeados fue de 1206 que fueron evaluados prospectivamente. La concordancia categórica total fue de 97,3%. Se detectaron 17 errores menores (EMe) y 7 errores mayores (EMA) con un 1,4% y 0,7% respectivamente. Hubo 9 errores muy mayores (EMM), lo que corresponde a un 3,9%, pero si se descartan los que correspondían al antibiótico nitrofurantoína (que presenta una mayor falla de lectura asociada al color del disco), los EMM eran 5 (2,2%). La suma de EMA y EMe fue de 2,1 %

Conclusiones: el sistema ADAGIO demostró un rendimiento aceptable, con un desempeño comparable al de la lectura manual. Dentro de las ventajas que tiene esta plataforma es que es un equipo amigable, de fácil uso, permite el almacenamiento de las imágenes de las placas con sus lecturas e interpretaciones lo que asegura una trazabilidad y disminuye los errores de transcripción. El sistema permite que el usuario pueda hacer los ajustes necesarios para mejorar la lectura y configura reglas de experto para la interpretación según sus necesidades. En el presente estudio faltó probar un mayor número de cepas en que se usara medio Mueller Hinton sangre para el antibiograma por difusión para conocer si el buen desempeño se mantiene en esas condiciones.

Keywords: difusión con disco, sistema lectura automatizado

**Comparación de frascos de hemocultivos aerobios bact/alert® FA Plus y PF Plus para uso en población pediátrica.**

María Elvira Simian¹, Ana María Pino¹, Constanza Bahamondes², Ignacio Osorio¹, Francisca Valdivieso¹

(1) Hospital Luis Calvo Mackenna, Antonio Varas 360, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Facultad de Medicina

Antecedentes: El hemocultivo tiene por objetivo la detección de microorganismos causantes de una infección del torrente sanguíneo. Actualmente se realiza mediante la inoculación de sangre del paciente en frascos comerciales que contienen un medio de cultivo en caldo. En el Hospital Luis Calvo Mackenna se utilizaban frascos de hemocultivos aerobios BioMerieux Bact/Alert® PF Plus (PF) para volúmenes de menos de 4 ml de sangre y FA Plus (FA) para volúmenes de 4 a 10 ml. Sin embargo, considerando que el frasco FA está indicado por el fabricante para volúmenes menores a 10 ml y que la composición y volumen de ambos frascos es idéntica, se decidió realizar una comparación del frasco FA y PF.

Objetivos: Determinar si existen diferencias en el rendimiento del frasco FA y PF para volúmenes menores a 4 ml.

Material y método: Se utilizó 18 cepas de muestras clínicas y 2 cepas ATCC (incluyendo Enterobacterales, bacilos Gram negativo no fermentadores, cocáceas Gram positivo y *Candida* spp.). Se inoculó 125 UFC en 0,5 ml de suero fisiológico estéril en 120 frascos (60 frascos FA y 60 PF), en triplicado. Como control negativo se inoculó 30 frascos FA y 30 PF con suero fisiológico estéril. Los frascos fueron incubados en el equipo Bact/Alert 3D por 5 días o hasta su positividad. De los frascos positivos se traspasó 0,5 ml a diferentes placas de cultivo para su identificación por medio del equipo Vitek® MS.

Resultados: De los 120 frascos inoculados, 57 frascos FA y 57 frascos PF se positivizaron. No se positivizó ningún control negativo. Ninguno de los frascos sembrados con *Listeria monocytogenes* fue positivo.

Los tiempos de positividad, expresados en medianas, fueron los siguientes: bacilos Gram negativo 10,6 horas (h) (rango intercuartil (RIC) 10,2-12,9) para FA y 10,8 h (RIC 10,3-13,0) para PF; cocáceas Gram positivo 14,0 h (RIC 12,4-14,6) para FA y 14,3 h (RIC 13,3-15,7) para PF; microorganismos fastidiosos 13,4 h (RIC 13,0-13,6) para FA y 14,1 h (RIC 13,9-14,2) para PF y levaduras 18,0 h (RIC 16,3-28,6) para FA y 18,8 h (RIC 17,9-21,8).

Conclusiones: El rendimiento del frasco FA es comparable con el del frasco PF para volumen menor a 4 ml por lo que es aceptable el uso de frascos FA para todos los hemocultivos aerobios en población pediátrica, lo que simplifica la preanalítica de este examen y poder utilizar un solo tipo de frasco para hemocultivos en el Hospital Luis Calvo Mackenna.

Keywords: Frasco de hemocultivo, Pediatría

Acknowledgments: BioMerieux Chile facilitó los frascos de hemocultivos.

Identificación y susceptibilidad antimicrobiana directa de orina utilizando UF-5000, MALDITOF-MS y difusión en agar: experiencia en el laboratorio clínico del hospital Dipreca

Margareta Mühlhauser Peñaloza¹, **Sebastian Martinez Montero**¹, Carolina Prieto Castillo¹, Diego Cabrera Vila¹, Susan Arias Donoso¹, Carolina Muñoz Freire¹

(1) Hospital Dipreca, Avenida Vital Apoquindo 1200, Santiago, Chile

Introducción: Las infecciones de tracto urinario (ITU) son altamente prevalentes afectando a pacientes de todas las edades. Actualmente los médicos utilizan la orina completa y el urocultivo como apoyo diagnóstico para iniciar un tratamiento específico. Sin embargo, la entrega del resultado del urocultivo varía entre 48 a 72 horas, lo que puede retardar el inicio de una terapia efectiva, afectando el pronóstico del paciente. Por lo tanto, existe la necesidad de implementar en el laboratorio herramientas de diagnóstico rápido y oportuno que puedan mejorar el manejo de la infección. En el Hospital Dipreca implementamos un protocolo rápido de identificación bacteriana y de antibiograma directo de muestras de orina y evaluamos el desempeño obtenido considerando la reducción de tiempos en la entrega de resultados. **Objetivos:** Describir la experiencia local y los resultados obtenidos durante los primeros 9 meses desde la implementación del protocolo de identificación bacteriana y susceptibilidad directa de orina.

Material y método: Para la identificación bacteriana por MALDITOF-MS, se analizaron entre el 22 de agosto de 2022 al 31 de mayo de 2023, un total de 146 muestras de orinas, que cumplieran con los criterios de tener una solicitud de orina completa más urocultivo y que por citometría de flujo (UF-5000, Sysmex ®) tenían un punto de corte ≥ 5.000 bacterias/uL.

Para evaluar el desempeño del estudio de susceptibilidad por difusión en agar se utilizaron las recomendaciones del manual de verificación CLSI M52. Se procesaron un total de 30 cepas de *Escherichia coli* obtenidas desde pellet y aisladas desde urocultivos. Para la resolución de discrepancias se utilizó la tarjeta AST N-250 (Vitek 2C®).

Adicionalmente se detectó la producción de carbapenemasas en cepas de *Klebsiella pneumoniae* y *Pseudomonas aeruginosas* identificadas desde el pellet y en urocultivos de pacientes hospitalizados, mediante Blue Carba e inmunocromatografía (CORIS ®).

Resultados: Se obtuvo la identificación microbiana a través del pellet de orina en el 78% (114/146) de las muestras procesadas, siendo concordante en un 99.1 % (113/114) con la identificación obtenida en el urocultivo. Esta implementación logró reducir el tiempo en la entrega del resultado de 24 horas a 7 horas 49 minutos.

De las 32 muestras de pellet no identificadas por MALDITOF-MS (22%), en 26 muestras se objetivaron urocultivos positivos, de los cuales 4 fueron cultivos mixtos, en 1 se aisló *Candida albicans* y en 21 se aislaron agentes uropatógenos.

El desempeño del estudio de susceptibilidad se evaluó mediante el cálculo de la concordancia categórica (CC), discrepancia menor (Dm), discrepancia mayor (DM) y discrepancia muy mayor (DMM), obteniéndose una CC de 95.3%, Dm 4.7 %, DM y 0.3 % y DMM de 2.6 % respectivamente. La implementación del antibiograma directo logró reducir el tiempo en la entrega del resultado de 72 horas a 24 horas.

La concordancia en la detección de producción de carbapenemasas desde el pellet de orina y en cepas aisladas desde el urocultivo fue del 100%.

Conclusiones: El diagnóstico microbiológico rápido y oportuno de las ITU es crucial para el inicio de la terapia antimicrobiana dirigida, mejorando el pronóstico del paciente y disminuyendo la presión selectiva de los antimicrobianos, lo que impacta directamente en la resistencia antimicrobiana.

La implementación de esta metodología en el Hospital Dipreca, permitió la identificación de uropatógenos rápida y confiable, logrando reducir los tiempos en la entrega de resultados en más de la mitad de las solicitudes de orina completa más urocultivo. Además, la detección de agentes productores de carbapenemasas y el reporte del antibiograma de primera línea en cepas *E. coli*, ha sido un aporte para que el equipo del Programa de uso Racional de Antimicrobianos (PROA) pueda iniciar, ajustar o suspender la terapia antimicrobiana de manera oportuna.

Keywords: IDENTIFICACION, ORINA, MALDI-TOF, SUSCEPTIBILIDAD, DIRECTA

Financing: No

Acknowledgments: A Biomerieux por facilitar tarjetas AST N-250 (Vitek 2C®) para realizar verificación.



Desempeño de los hemocultivos realizados en un hospital de alta complejidad durante los últimos 7 años. importancia de un sistema de monitorización periódica

Carlos Espinoza Vásquez¹, Francisco Silva Ojeda¹

(1) Hospital Clínico de la Universidad de Chile, Departamento de Microbiología, Dr. Carlos Lorca Tobar 999, Independencia, Santiago, Chile

Introducción

El hemocultivo constituye el *gold-standard* en el diagnóstico microbiológico de sepsis, permitiendo ajustar y dirigir el tratamiento antimicrobiano¹. En este contexto, el rendimiento del hemocultivo depende fundamentalmente de la calidad de sus variables preanalíticas. Mediante la implementación de un sistema de monitorización periódico del desempeño de los hemocultivos es posible evaluar el grado de adherencia a las recomendaciones y estándares internacionales propuestos y así establecer medidas encaminadas a su optimización.

Objetivo

Evaluar el desempeño de los hemocultivos realizados en el Hospital Clínico de la Universidad de Chile durante los últimos 7 años, mediante la medición de variables preanalíticas y su comparación con los estándares internacionales.

Métodos

Estudio de tipo observacional, descriptivo y retrospectivo. De la base de datos del laboratorio se extrajo información sobre variables preanalíticas, porcentaje de contaminación² y microorganismos aislados desde hemocultivos realizados entre los años 2016 y 2022. Se incluyó a población adulta y pediátrica, hospitalizada, atendida en el Servicio de Urgencias y toma de muestras. Los hemocultivos fueron incubados en el equipo BACT/ALERT[®]3D y la identificación de microorganismos fue realizada mediante espectrometría de masas MALDI – TOF, sistema VITEK MS[®] (bioMérieux).

Resultados

Un total de 48.343 frascos de hemocultivos fueron recolectados, de los que 6.284 (12,9%), 5.158 (10,67%) y 522 (1,07%) correspondieron a hemocultivos positivos totales, positivos verdaderos y simples, respectivamente. Se aisló más de 1 microorganismo en 212 (4,1%) botellas. Un total de 1.125 (2,32%) hemocultivos cumplió con criterios de contaminación. El año 2022 presentó el mayor número de pacientes con hemocultivos positivos verdaderos, con 413 casos (episodio bacteriemia-paciente de 18,68%). El microorganismo aislado con mayor frecuencia fue *Escherichia coli* (37,35% de los aislados, 2018), seguido por *Klebsiella pneumoniae* (16,04%, 2021), *Staphylococcus aureus* (12,35%, 2018) y *Pseudomonas aeruginosa* (7,65%, 2018).

Conclusión

Durante el periodo de estudio, las cifras de hemocultivos positivos verdaderos mostraron un comportamiento estable. El porcentaje de hemocultivos contaminados permaneció en niveles aceptables (<3%), sin embargo, con una tendencia al aumento. Se evidenció un marcado descenso en el porcentaje de hemocultivos simples o únicos (con un valor recomendado de <5%)¹. Los bacilos Gram negativo predominaron como agentes etiológicos de bacteriemia. La existencia de un sistema de monitorización periódico y efectivo del desempeño de los hemocultivos permite establecer tendencias en su evolución temporal y detectar variables susceptibles de optimización.

¹Fabre V, Carroll KC, Cosgrove SE. Blood Culture Utilization in the Hospital Setting: a Call for Diagnostic Stewardship. *J Clin Microbiol.* 2022 Mar 16;60(3):e0100521.

²CLSI. Principles and Procedures for Blood Cultures. 2nd ed. CLSI guideline M47. Clinical and Laboratory Standards Institute; 2022.

Keywords: hemocultivo, bacteriemia, variable preanalítica.

Rendimiento del kit maldi sepsityper como herramienta del programa de optimización del uso de antimicrobianos (PROA) en el hospital regional de rancagua desde 2019 al 2022.**Sergio Ovando¹**

(1) Hospital Libertador Bernardo O'Higgins de Rancagua, Infectología, Av Salvador allende 3065, Rancagua, Chile

Introducción: Las infecciones bacterianas y fúngicas son causa de alta morbi-mortalidad hospitalaria. En la actualidad con el aumento de microorganismos multirresistentes debido al uso inadecuado de antimicrobianos, nos obliga a buscar formas de anticiparnos a los resultados para indicar una terapia correcta y mejorar la respuesta terapéutica. El laboratorio de microbiología nos entrega diferentes herramientas que nos pueden aportar en la práctica clínica, pero requiere una comunicación fluida entre los diferentes equipos. El uso del MALDI-TOF cambió el paradigma de la identificación bacteriana, haciéndola más simple, rápida y de alto rendimiento. El kit MALDI Sepsityper, nos permite obtener la identificación microbiológica sin necesidad de esperar el desarrollo de la colonia bacteriana. **Objetivo:** Describir el rendimiento de la identificación rápida a través del kit MALDI Sepsityper en frascos de hemocultivos positivos, solicitados por el equipo PROA del HRLBO durante el periodo entre octubre del 2019 a diciembre del 2022 para optimizar tratamientos antimicrobianos en la práctica clínica diaria.

Material y Métodos: se realiza un estudio retrospectivo descriptivo de identificación a través del Kit MALDI Sepsityper correlacionado con la identificación obtenida directamente de la colonia. Se obtuvieron datos microbiológicos desde la base de registros Epicenter, libros de registro y MBT explorer modul del laboratorio del HRLBO.

Resultados: Se obtuvieron 365 muestras de frascos de hemocultivos positivos de pacientes adultos y pediátricos, incubados en BD BACTEC FX durante el periodo señalado, que al ser informadas como positivas se solicitaba la realización de la técnica de identificación con el kit MALDI Sepsityper protocolizado internamente en el laboratorio, además se solicitaba por comunicación directa con el equipo de Infectología durante la visita a los servicios clínicos. De las 365 muestras, 351 (96.1%) corresponden a muestras de sangre y 14 (3,8%) corresponden a otros líquidos estériles. 291 (79,7%) lograron una identificación, 277 muestras de sangre y 14 de otros líquidos estériles. 74 (20.2%) sin identificación. 291 muestras identificadas, hubo un 99,3% (289) de correlación con la identificación desde la colonia, con la salvedad de los complejos *Enterobacter cloacae* y *Burkholderia cepacia*, donde variaba la especie, lo cual es habitual. En 2 (0,6%) de las cepas identificadas son bacterias de géneros distintos. No hubo relación con el score pero si una correlación del 100% con el gram observado. 158 (54,2%) de las cepas identificadas corresponden a bacilos gram negativos: 41 (25,9%) de las cepas identificadas corresponden a *Escherichia coli*; 36 (22.7%); *Klebsiella pneumoniae*; 17 (10,7%) a *Pseudomonas aeruginosa*; 15 (9,4%) del complejo *Burkholderia cepacia* y 8 (5%) al complejo *Enterobacter cloacae*. 131 (45%) de las cepas identificadas son cocáceas gram positivas: 49 (37,4%) *Staphylococcus coagulasa negativo*; 28 (21.3 %) *Staphylococcus aureus*; 17 (12,9%) corresponden a *Enterococcus spp* y 8 (6,1%) a *Streptococcus spp*. En el caso de las de *S. coagulasa negativos*, *Enterococcus* y *Streptococcus*, la identificación de género y especie fue concordante. De 74 cepas no identificadas, 34 (45,9%) son bacilos gram negativos y 35(47,2%) a cocáceas gram positivas.

Conclusión: Acortar los tiempos de diagnóstico microbiológico es uno de los objetivos del PROA para un adecuado ajuste en la terapia y un plan terapéutico correcto mejorará tanto la evolución del paciente y evitará uso inadecuado de terapias antimicrobianas. A través del MALDI Sepsityper podemos adelantarnos en promedio 24 horas en la identificación, teniendo un 99,3% de certeza cuando se logró identificar la cepa y además al conocer nuestra microbiología local, ajustar a una terapia óptima. Por otro lado, este método depende de varios factores; uno de ellos es tener personal entrenado para su correcta realización como se puede observar en los resultados donde un 20,2% no se pudo obtener una identificación. Si bien es una técnica que requiere experticia se transforma en una herramienta altamente precisa, que además no implica mayores costos.

Keywords: Sepsityper, PROA, HRLBO, MALDI TOF

Genotipificación del virus papiloma humano por PCR en tiempo real en una muestra de pacientes de la región de Coquimbo

Cristian Enrique Farías Gómez¹, Claudia Vilo Muñoz¹, María José Peñaloza Hernández¹, Camila Flores Vega², Giuliano Bernal Dossetto¹

(1) Universidad Católica del Norte, Ciencias Biomédicas, Medicina, Larrondo 1281, Coquimbo, Chile

(2) Clínica Hera, Amunátegui 711, La Serena, Chile

Introducción

El cáncer cérvico uterino (CaCU) es la segunda neoplasia maligna más frecuente de la mujer a nivel mundial y representa aproximadamente el 10% de todos los tipos de cáncer. En Chile, el CaCU ocupa el primer lugar entre los cánceres en mujeres entre 30 y 54 años de edad, y en la región de Coquimbo está entre los tres tipos de cáncer con mayor incidencia. El agente etiológico asociado al cáncer cervical es el virus papiloma humano (VPH). Se han descrito aproximadamente 120 genotipos de VPH, de los cuales 15 se asocian con el desarrollo del CaCU. Estos genotipos se denominan VPH de alto riesgo, destacando entre éstos los VPH-16 y VPH-18. Ambos son considerados particularmente los genotipos de más alto riesgo oncológico porque en conjunto dan cuenta de aproximadamente el 70% de los cánceres invasivos cervicales a nivel mundial. Este 2023, el Laboratorio Clínico CáncerLab, ha puesto a disposición de la población de la región de Coquimbo el diagnóstico de VPH por PCR en tiempo real para caracterizar 14 genotipos de alto riesgo oncológico en pacientes mujeres procedentes de la Clínica Hera, en las ciudades de La Serena y Coquimbo, de modo de aumentar la cobertura por exámenes moleculares en esta región.

Objetivo

Determinar la prevalencia de los genotipos de VPH analizados en la región de Coquimbo.

Método

Se reclutaron 307 pacientes mujeres procedentes de la Clínica Hera durante un período de 5 meses (Abril-Agosto). Médicos ginecólogos de Clínica Hera realizaron la toma de muestra a partir de células del cuello del útero utilizando cepillo Rovers Cervex Combi Brush. Las muestras fueron transportadas en tubos estériles con medio de transporte PBS/Calcio-Magnesio y mantenidas a 4 °C hasta su procesamiento. El ADN viral fue extraído con el kit Quick DNA/RNA Viral Zymo Research, para aislar ADN viral, mientras que la amplificación se realizó mediante Real Time PCR, utilizando el Kit Anyplex II HPV HR. Este kit permite detectar 14 genotipos de alto riesgo de VPH (16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66, 68) en una misma reacción, gracias a la diferenciación por canales y temperaturas de alineamiento específicas de cada genotipo. Para la reacción de PCR en tiempo real se utilizó el equipo CFX Opus 96 Bio-Rad. La lectura e interpretación de los resultados de PCR en tiempo real se realizó con el software Bio-Rad CFX Maestro 2.2 y luego con el software Seegene Viewer V3 que permite la diferenciación de cada genotipo y la validación de los controles negativos y positivos además de los controles de amplificación.

Resultados

Entre las 307 pacientes se encontraron 74 VPH(+), con una prevalencia del 24,10%, siendo más elevada que el promedio nacional que alcanza un 16%. Dentro de los genotipos identificados, el genotipo 16 es el que tiene mayor frecuencia (37,84%; 28/74), luego sigue el genotipo 39 (14,86%; 11/74) y genotipo 59 (12,16%; 9/74). De forma interesante, 12 pacientes presentaron una infección con 2 genotipos simultáneamente, y más aún, 6 pacientes presentaron 3 genotipos, mientras que otras 2 pacientes presentaron 4 genotipos simultáneos, lo que se ha descrito principalmente en mujeres jóvenes en plenitud de su vida sexual. No se observó predominancia de algún genotipo específico en estas infecciones múltiples. Las pacientes con infección cuádruple presentaron los siguientes genotipos: 16,18, 58, 59, y 45, 51, 52, 59, respectivamente. La presencia de infecciones por múltiples genotipos ha sido documentada y se asocia a lesiones cervicales del útero que podrían conducir a diferentes enfermedades cancerígenas. Por lo tanto es de vital importancia ampliar la identificación de genotipos de VPH para contribuir a los planes de prevención en salud pública y prevenir el desarrollo del cáncer cervicouterino.

Conclusión

Se ha determinado la prevalencia y genotipificación de la infección por VPH en una muestra de pacientes de la región de Coquimbo, mediante metodología de PCR en tiempo real. Se encontró una prevalencia del 24,10% entre ellas, más alta que el promedio nacional, y se determinó que el genotipo 16 fue el más frecuente entre los genotipos de alto riesgo identificados. De forma interesante, se detectaron infecciones múltiples de VPH en algunas pacientes, lo cual se asocia a lesiones cervicales o neoplasia. Finalmente, es necesario aumentar la cobertura por ensayos moleculares para detectar tempranamente VPH y prevenir el desarrollo del CaCU, entre otros.

Keywords: Virus papiloma humano, Cáncer cervical, Tejido cérvico uterino, PCR tiempo real

Financing: Proyecto FIC-R 40041031

P40 Especificidad de Sofia Legionella Fia para la detección de antígeno urinario**Lorena Porte¹**, Javiera Vera¹, Yohana Toro¹, Jorge Reyes¹, Paulette Legarraga¹, Thomas Weitzel^{1,2}

(1) Universidad del Desarrollo, Laboratorio Clínico, Clínica Alemana de Santiago, Facultad de Medicina Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo, Vitacura 5951, Santiago, Chile

(2) Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina (ICIM), Facultad de Medicina Universidad del Desarrollo, Av. Plaza 680, Las Condes, Santiago, Chile

Porte Lorena¹, Vera Javiera¹, Toro Yohana¹, Reyes Jorge¹, Legarraga Paulette¹, Weitzel Thomas^{1,2}

¹Laboratorio Clínico, Clínica Alemana, Facultad de Medicina Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo, Santiago, Chile.

²Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina (ICIM), Facultad de Medicina Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo, Santiago, Chile.

Introducción. *Legionella pneumophila* serogrupo 1 es una bacteria gramnegativa, responsable de >90% de los casos de legionelosis. Su reservorio es ambiental, generalmente relacionado con agua dulce o estancada. La infección ocurre por inhalación de aerosoles y la mayoría de las infecciones son asintomáticas. Sin embargo, pueden producirse casos severos con letalidad >10% (personas mayores, fumadoras, con enfermedad de base o inmunocompromiso celular) y brotes de neumonía adquirida en la comunidad. En Chile, *L. pneumophila* es agente de vigilancia de laboratorio desde 2019 (Decreto 7). En 2023, el Ministerio de Salud publicó el Ord. B51 N° 21 sobre vigilancia, diagnóstico y control de este agente. Allí se define como "caso confirmado" al paciente hospitalizado por infección respiratoria aguda grave, con antecedentes de exposición a aguas de uso recreacional y que cuenta con un examen positivo para *Legionella* spp, incluyendo la detección de antígeno urinario mediante inmunocromatografía. Nuestro laboratorio realiza esta determinación con la prueba Sofia *Legionella* FIA®, que utiliza inmunofluorescencia y cuya lectura es automatizada. Existen reportes sobre especificidad disminuida de este kit al compararlo con otros tests rápidos y con PCR de muestras respiratorias.

Objetivo. Evaluar la especificidad del kit Sofia *Legionella* FIA® para detección de antígeno urinario de *Legionella pneumophila* serogrupo 1.

Material y método. El análisis incluyó las muestras de orina con solicitud de detección de *Legionella pneumophila* serogrupo 1, procesadas entre 1 abril y 31 julio 2023 en el Laboratorio Clínico, Clínica Alemana de Santiago. Las muestras fueron procesadas utilizando el kit Sofia *Legionella* FIA® en el equipo Sofia 2 (Quidel, San Diego, EE.UU.). Esta prueba emplea inmunofluorescencia para la detección de antígeno urinario y entrega un resultado cualitativo (positivo/negativo). En caso de "duda" (ej. paciente con factor reumatode), el fabricante provee un protocolo de calentamiento de la muestra y reprocesamiento previo a la emisión del informe. El análisis incluyó los resultados de muestras respiratorias de pacientes con resultado de antígeno urinario positivo, las que se enviaron al Laboratorio de Referencia Nacional (Instituto de Salud Pública; ISP) para confirmación por RPC de *Legionella* spp.

Resultados. Durante el período de estudio se procesó un total de 424 muestras de orina, de las cuales 10 (2,5%) fueron FIA positivas. En 9 de ellas se realizó repetición del test post-calentamiento de la muestra (un caso sin muestra suficiente), confirmándose 7/9 (77,8%) e identificando 2/9 (22,2%) como falsos positivos. Los resultados moleculares de las muestras respiratorias detectaron *Legionella* en 5/7 (71,4%) de los casos FIA confirmados y en ninguno de los no-confirmados.

Conclusiones: El kit Sofia *Legionella* FIA® puede presentar problemas de especificidad. Por esto, se recomienda confirmar los resultados positivos con del protocolo de calentamiento y reprocesamiento de la muestra. La interpretación de los resultados debe incluir la presentación clínica y los antecedentes epidemiológicos.

Keywords: Legionella pneumophila, Antígeno urinario, Test rápido

Financing: Sin financiamiento.

Acknowledgments: No aplica.

**“Comparación de técnicas de susceptibilidad a ceftazidima/avibactam en aislados clínicos de *Klebsiella pneumoniae* resistentes a carbapenémicos”**

Valeria Quiroz Palma^{1,2}, Lina María Rivas^{1,2}, José Rodrigo Martínez^{1,2}, María Paz Riquelme^{1,2}, Oscar Ortega^{1,2}, Juan Ugalde^{2,4}, Yohanna Antolinez^{1,2}, Valentina Sanfuro^{1,2}, Katherine Soto^{1,2}, Anne Peters^{1,2}, María de los Ángeles Spencer^{1,2}, Ana María Quesille^{1,2}, Aura Villamil^{1,2}, Sandra Lorena Díaz^{1,2}, Rafael Araos^{1,2}, Jose Munita^{1,2}, Patricia García Canete^{2,3}

(1) Universidad del Desarrollo, Genomics and Resistant Microbes (GeRM) lab, Facultad de Medicina Clínica Alemana, Santiago, Chile

(2) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance (MICROB-R), Santiago, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Laboratorios Clínicos, Escuela de Medicina, Santiago, Chile

(4) Universidad Andrés Bello, Center for Bioinformatics and Integrative Biology, Facultad de Ciencias de la Vida, Santiago, Chile

Introducción:

Klebsiella pneumoniae resistente a carbapenémicos (Kpn-CR) constituye uno de los principales patógenos de infecciones intrahospitalarias, además de un reto terapéutico debido a las limitadas opciones de tratamiento. El mecanismo más común de resistencia a carbapenémicos es la producción de enzimas del tipo carbapenemasas, siendo una de las más frecuentes KPC. Una de las pocas alternativas para el manejo de infecciones por Kpn-CR es ceftazidima-avibactam (CZA), una cefalosporina de tercera generación, asociada a un inhibidor de b-lactamasas con actividad contra serino-carbapenemasas como KPC. El método de referencia para evaluar susceptibilidad a antimicrobianos es la microdilución en caldo (MDC), sin embargo, esta técnica es costosa y dispendiosa. Técnicas alternativas como la epsilometría (E-test) y la difusión en agar (Kirby-Bauer), son más rápidas y fáciles de interpretar, representando una alternativa efectiva en la evaluación de susceptibilidad a CZA.

Objetivos:

Comparar el rendimiento de la epsilometría y la difusión en agar respecto a la MDC para evaluar la susceptibilidad *in vitro* a CZA en aislados de Kpn-RC.

Materiales y método:

Se incluyeron 129 aislados clínicos de Kpn-RC causantes de infecciones, resistentes a >1 carbapenémico (ertapenem, imipenem y/o meropenem): 109 aislados no productores de carbapenemasas y 20 portadores del gen *bla*_{KPC-2}. Las muestras fueron recolectadas a partir de 11 hospitales en Chile desde junio de 2018 a diciembre de 2022. Se determinó la susceptibilidad a CZA de acuerdo a lo establecido por el M100 de CLSI 2023. La susceptibilidad por MDC, E-test (E-test CZA, Biomeriux) y disco difusión (50 mg/mL, OXOID) se realizó con el mismo inóculo y por duplicado. En caso de discrepancia, se realizó una tercera réplica, dejando como concentración inhibitoria mínima (CIM) el valor modal. Los controles de calidad utilizados fueron *K. pneumoniae* ATCC BAA-1705, *K. pneumoniae* ATCC 700603 y *E. coli* ATCC 25922.

Resultados:

El total de aislados clínicos de Kpn-RC presentaron una CIM₅₀ y CIM₉₀ de 2 y 4 mg/mL, respectivamente, por la técnica de MDC y por la técnica de E-test. El rango de CIM para MDC fue de 0,25 y 8 mg/mL, mientras que por la técnica de E-test, el rango de CIM estuvo entre 0,125 y 8 mg/mL. La concordancia esencial entre MDC y E-test fue de 94,5%. Se observaron 12 aislados que presentaron una CIM de 8 mg/mL por MDC, de los cuales 11 tuvieron una CIM de 4 mg/mL por E-test, y una tuvo una CIM de 2 mg/mL. Finalmente, la concordancia categórica entre E-test y disco difusión con la MDC fue de un 100% en ambos casos. Todos los aislados estudiados resultaron susceptibles a CZA por las 3 técnicas evaluadas.

Conclusiones:

Ambos métodos evaluados presentaron un buen rendimiento a nivel de concordancia esencial y categórica, respecto de la MDC en aislados sensibles a CZA. Es importante considerar las discrepancias en CIM cercanas al punto de corte (16 mg/mL), ya que esto podría subestimar el resultado dado por el E-test. Considerando que ambos métodos propuestos se desarrollan en un menor tiempo y son de fácil implementación, se plantean como una buena alternativa en centros médicos en donde la MDC no se realice de forma rutinaria.

Keywords: ceftazidima/avibactam, klebsiella pneumoniae, microdilucion

Financing: ANID Fondecyt 1211933

Acknowledgments: Para la Red de Laboratorios MICROB-R

Impacto del cultivo de orina acelerado, mediante el instrumento hb&l uroquattro en el diagnóstico y descarte de infección urinaria

Yerko Voykovic¹, Mauricio Segovia¹, Cristian Melián Ferrada¹, Marcela Tapia Venegas¹, Jenny Sierpe Bustamante², Carlos Rodo Ramírez², Cecilia Tapia¹

(1) Laboratorio Clínico Bionet, Laboratorio Central, Av Vicuña Mackenna 200 2º piso, Santiago, Chile

(2) Amilab, Canadá N° 9450, La Florida, Santiago, Chile

Introducción:

Las infecciones del tracto urinario (ITU) son infecciones comunes, tanto en el paciente ambulatorio, como en el hospitalizado. El diagnóstico rápido de este tipo de infecciones, no solo tiene un impacto positivo en el paciente, al ser tratado precozmente, sino, implica una optimización de tiempo y recursos en el laboratorio. El cultivo acelerado de la orina, contribuye notablemente como estrategia.

Objetivo:

El objetivo de este estudio fue evaluar el instrumento HB&L Uroquattro™ (ALIFAX, Italia) para el diagnóstico rápido y correcto de infecciones urinarias de pacientes ambulatorios y hospitalizados, de la red de Laboratorio clínico Bionet durante un mes de rutina.

Materiales y Métodos:

Se estudiaron un total de 290 muestras de urocultivos en el equipo HB&L Uroquattro™ de Alifax, durante el mes de junio de 2023 y se compararon con el método tradicional de cultivo.

Resultados:

Del total pacientes, 234 fueron Negativos (80.7%), 54 fueron positivos (18.6%), hubo 1 Falso Negativo (0.3%) y 2 Falsos Positivos (0.7%). Con estos datos los parámetros de desempeño del equipo obtenidos fueron; Sensibilidad: 98.2%, Especificidad: 99.2%, Valor Predictivo Positivo: 96.4% y Valor Predictivo Negativo: 99.6%.

Conclusiones:

El urocultivo acelerado, mostró excelentes parámetros de desempeño comparados con el método tradicional de cultivo y además mostró un alto valor predictivo negativo, lo que permite al laboratorio liberar los resultados de las muestras negativas en un promedio de 4 horas. Por otra parte, permitió mejorar el flujo de trabajo en el laboratorio, optimizando tiempo y recursos. A la luz de estos resultados, podemos concluir que el equipo H&L Uroquattro™, es una alternativa confiable principalmente para descartar las ITUs en pacientes ambulatorios y hospitalizados.

Keywords: Urocultivo, automatización, cultivo acelerado

Financing: Aporte de la empresa Amilab

Acknowledgments: A la empresa Amilab por su apoyo logístico y técnico

**Determinación del intervalo de referencia para subpoblaciones linfocitarias CD3+, CD4+ Y CD8+ y el índice CD4+/CD8+ en la población chilena adulta.**

hildegard kranen¹, Matias Ortuzar¹, Luisa Montecinos¹, Marcelo Ortega-Riveros², William Acevedo¹

(1) Hospital Dr. Lucio Cordova, Laboratorio, Gran avenida 3204 interior, San Miguel, Chile

(2) Universidad del País Vasco / Euskal Herriko Unibertsitatea, Departamento de Inmunología, Microbiología y Parasitología, España

En varios estudios se ha documentado la influencia de factores étnicos en la distribución de las subpoblaciones linfocitarias, sin embargo, los intervalos de referencia utilizados en Chile fueron obtenidos de un estudio realizado en Países Bajos el año 1997. El objetivo de este trabajo fue determinar el intervalo de referencia para subpoblaciones linfocitarias CD3+, CD4+ y CD8+, además del índice CD4+/CD8+ en la población chilena. Se analizaron un total de 200 muestras de sangre total obtenida de hombres y mujeres adultos sanos, utilizando el método establecido por el CLSI estandarizado en el protocolo EP28-A3c desde la etapa pre analítica en adelante. Los rangos de referencia para CD3+, CD4+ y CD8+ fueron 54,7– 81,6% (789–2732 células/ μ L), 28,1–57,7% (447–1703 células/ μ L) y 15,1–38,8% (226–996 células/ μ L), respectivamente. El índice CD4+/CD8+ fue de 0,84–3,77. Los valores de referencia de las subpoblaciones linfocitarias en la población chilena sana son diferentes de los que se usan actualmente en Chile. Estas observaciones muestran datos locales que pudieran tener implicaciones para el tratamiento de la infección por VIH, y los rangos de referencia encontrados en este estudio pudieran ser usados para entender la situación local de algunos pacientes. Otros estudios deberán ser realizados para confirmar estas observaciones dada la falta de datos previos y debido a que este es el primer estudio en población chilena.

Keywords: CD3+; CD4+; CD8+; subpoblaciones; linfocitos, valor de referencia, población chilena

Financing: Estudio sin financiamiento.

Acknowledgments: Al Centro Metropolitano de Sangre en especial a su directora, la Dra. Loreto Vergara

Evaluación del desempeño diagnóstico de medios de cultivo cromogénicos para el aislamiento de *Campylobacter* spp. en muestras fecales de pacientes con gastroenteritis**Sebastián Cifuentes**^{1,2,3}, Mónica López-Cantillo¹, Luis Collado¹

(1) Universidad Austral de Chile, Instituto de Bioquímica y Microbiología, Ciencias, Independencia 641, Valdivia, Chile

(2) Centro de Referencia Diagnóstico y Médico, Microbiología, Cesar Ercilla 1410, Osorno, Chile

(3) Universidad Austral de Chile, Programa de Magister en Ciencias mención Microbiología, Ciencias, Independencia 641, Valdivia, Chile

Introducción: La campilobacteriosis es una de las infecciones gastrointestinales más frecuentes en el mundo. En países donde el diagnóstico se encuentra establecido de forma rutinaria mediante diversas técnicas microbiológicas, inmunológicas o moleculares; el cultivo bacteriológico sigue siendo considerado el "gold standard" debido a las ventajas que implica el poder hacer una identificación adecuada de los aislamientos, como también poder realizar susceptibilidad a los antibióticos y una contribución a la vigilancia epidemiológica, derivando cepas a laboratorios de referencia nacionales. En Chile, la falta de diagnóstico rutinario de la campilobacteriosis por parte de los laboratorios clínicos ha dificultado conocer la verdadera prevalencia de este patógeno, tanto en infecciones intestinales como extra-intestinales. Sin embargo, estudios nacionales recientes han demostrado que cuando se incorpora el cultivo de *Campylobacter* spp. mediante algún medio cromogénico al protocolo de coprocultivo, éste patógeno es el más prevalente dentro de los enteropatógenos bacterianos.

Objetivo: Nuestro objetivo fue evaluar el desempeño de medios de cultivo cromogénicos disponibles en el mercado nacional (y compáralos con el medio clásico mCCDA), para diagnosticar la campilobacteriosis a partir de muestras de heces de pacientes con gastroenteritis aguda.

Material y método: Se analizaron 198 muestras de pacientes con diagnóstico de diarrea aguda de la Región de Los Lagos entre Marzo 2021 y Septiembre 2022. Las muestras se sembraron en paralelo en los medios mCCDA (Oxoid), agar CASA® (bioMérieux) y CHROMoagar™ *Campylobacter* bajo las mismas condiciones de incubación: 42°C en microaerobiosis (CampyGen, Thermo Scientific). Adicionalmente, se realizó PCR del gen ARNr 16S específico de género *Campylobacter* a cada muestra fecal. Transcurridas 48 a 72 h. se observaron los cultivos de manera macroscópica y se analizaron mediante Tinción de Gram e identificación por MALDI-TOF (VITEK MS). Los resultados fueron analizados mediante test de Kappa y tabla de contingencia usando el programa IBM SPSS 21.

Resultados: La prevalencia global de campylobacterias (*Campylobacter* spp. y organismos relacionados taxonómicamente) fue de 6%, considerando los resultados de los tres medios de cultivo. Se aislaron 14 campylobacterias, siendo *Campylobacter jejuni* la especie más prevalente (63,6%), seguido de *Campylobacter coli* (27,2%) y *Arcobacter butzleri* (9,2%). El medio con el mejor desempeño diagnóstico fue mCCDA, donde se detectaron 14 muestras positivas, coincidiendo con la detección directa por PCR, a diferencia de agar CASA y CHROMoagar con 11 muestras positivas cada uno. La sensibilidad (100%), especificidad (92%), Valor predictivo negativo (44%) y Valor predictivo positivo (100%) obtenida para los dos medios cromogénicos fueron idénticos. Si bien los medios cromogénicos una menor capacidad de detección que mCCDA, éstos se contaminaron mucho menos con microbiota acompañante y la coloración de las colonias permitió una identificación presuntiva adecuada obteniéndose una buena concordancia del 87% mediante test de Kappa.

Conclusiones: Nuestros resultados evidencian que el medio clásico mCCDA tiene un mejor desempeño para aislar *Campylobacter* spp. y organismos relacionados. Sin embargo, los medios cromogénicos son bastante selectivos y además permiten una mejor orientación en la identificación presuntiva de estos patógenos, lo que podría servir de guía para laboratorios clínicos que pretendan implementar el diagnóstico de la campilobacteriosis en las muestras fecales de pacientes con gastroenteritis aguda.

Keywords: *Campylobacter*, medio cromogénico, Gastroenteritis, Comparación

Financing: Financiamiento: Proyecto FONDECYT Regular 1200125.

Acknowledgments: Laboratorio de Microbiología del Hospital Base San José de Osorno

**Tuberculosis infantil: experiencia de 6 años en el Hospital Félix Bulnes Cerda****Pamela Medina¹**, María Cecilia Bustamante¹

(1) Hospital Félix Bulnes Cerda, Infectología, Mapocho 7432, Cerro Navia, Santiago, Chile

Medina Pamela ¹, Bustamante María Cecilia¹

1.Unidad de Infectología Hospital Félix Bulnes

INTRODUCCIÓN: La tuberculosis (TBC) es una enfermedad transmisible causada por el *Mycobacterium tuberculosis* de gran impacto mundial y una de las primeras causas de mortalidad por enfermedad infecciosa prevenible. El informe de la OMS del año 2022 afirma que la mayor carga de enfermedad en el hombre adulto con un 56,5%, seguido por el grupo de mujeres adultas con un 32,5% de los casos y en tercer lugar los niños con un 11% del total de casos. La TBC en el niño es un evento centinela que pone en evidencia una circulación activa del *Mycobacterium tuberculosis* en la población. La TBC infantil en Chile ha aumentado en los últimos años incluso durante la pandemia. Nos pareció interesante conocer nuestra realidad, identificar y describir las características epidemiológicas de los casos de TBC infantil ingresados al Hospital Félix Bulnes Cerda (HFBC).

OBJETIVOS: Conocer nuestra realidad, identificar y describir las características clínicas y epidemiológicas de los casos de TBC infantil ingresados HFBC durante el período comprendido entre enero del año 2017 y agosto del 2023.

MATERIAL Y MÉTODO: Estudio descriptivo-retrospectivo, donde se analizaron informes mensuales realizados en nuestro hospital y enviadas al programa de control y eliminación de la tuberculosis (PRO CET), fichas clínicas, de los casos de TBC infantil hospitalizados o controlados de forma ambulatoria en HFBC.

RESULTADOS: Durante este período se diagnosticaron 287 pacientes con TBC en todas sus formas, 264 (84.43%) son pacientes adultos y 23 (15.57%) son pacientes pediátricos. En el grupo menores de 15 años, la localización es pulmonar en el 60.8% (14 casos) y extrapulmonar en el 39.2% (9 casos). El subgrupo de menores de 5 años corresponde al 30.4% (7 casos). De los 14 casos de TBC pulmonar: 12 se confirmaron bacteriológicamente, 7 por PCR, 4 por cultivo, 1 por baciloscopia y 2 casos por sospecha clínica. De los 9 casos de TBC extrapulmonar se diagnosticaron: 2 por biopsia, 3 por PCR y 4 por sospecha clínica, desglosándose de la siguiente manera: 5 TBC ganglionar, 3 TBC pleurales y 1 TBC meníngea. Todos los casos pediátricos correspondieron a casos nuevos y no se registraron fallecidos. La mayoría de casos de TBC infantil en todas sus formas se presentó el año 2021, con 6 casos, 2 de localización pulmonar y 4 de localización extrapulmonar. La incidencia más baja se registró el año 2019 con solo un caso de localización extrapulmonar. Ninguno presentó enfermedades crónicas u otras comorbilidades. El test de Elisa VIH se realizó en 21 pacientes, no se realizó en 2 pacientes (padres no autorizan) y 1 se encuentra pendiente, sin encontrarse coinfección VIH. Se realizó estudio de susceptibilidad a drogas en 20 casos, 19 son sensibles a rifampicina e isoniacida y 1 catalogado como TB-MDR/RR por comité de terapéutica central por sospecha clínica (ambos padres con TB-MDR/RR). No se pudo realizar en 3 casos (1 se diagnostica por sospecha clínica y los otros 2 por biopsia). 21 niños menores de 15 años recibieron tratamiento con esquema primario completo (RHZE), 1 recibió esquema con HRE por 9 meses (pirazinamida suspendida por toxicidad hepática) y 1 niño recibió esquema para TBC-MDR/RR con bedaquilina, clofazimina y levofloxacino. Se conocía el antecedente de contacto con caso índice bacilífero en 7 casos y se desconocía en los 16 restantes. 16 niños son de nacionalidad chilena, 6 de estos hijos de padres extranjeros (3 peruanos y 3 haitianos), 7 de nacionalidad extranjera (4 venezolana, 1 peruana, 1 boliviana y 1 haitiana). No se observa diferencia significativa en el número de casos por sexo.

CONCLUSIONES: la TBC infantil en nuestro país es de baja frecuencia, su diagnóstico es principalmente microbiológico, correspondiendo en su mayoría a TBC pulmonar. Se observó una mayor frecuencia de casos pediátricos en pandemia en nuestro hospital, esto puede explicarse por un diagnóstico tardío del adulto bacilífero debido a disminución en la actividad de pesquisa en este grupo durante la pandemia, con mayor circulación del *Mycobacterium tuberculosis* en la comunidad, favoreciéndose el contacto estrecho por el confinamiento del grupo familiar en el hogar y además por una disminución del estudio de contactos y de una quimioprofilaxis oportuna. Cabe destacar que el diagnóstico de TBC infantil obedece más bien a un proceso clínico y no a una pesquisa activa como ocurre en el adulto.

Keywords: TBC infantil, TBC pulmonar, TBC extrapulmonar, TBC CHILE

Financing: Sin financiamiento.

Acknowledgments: Unidad de infectología y equipo de laboratorio HFBC.

Caracterización, factores de riesgo y mortalidad en pacientes con hemocultivos positivos para bacterias productoras de carbapenemasas 2020-2023 Hospital San Jose Santiago de Chile

Carolina Giraldo Martinez¹, Mabel Padilla Tolosa¹, Macarena Ortega Peña¹, Silvana Tobar Ugalde¹, Maria Pilar Gamba Acle²

(1) Universidad de Santiago de Chile, Medicina interna, Medicina, Avenida Alameda 9170022. Estación Central, Santiago, Chile

(2) Hospital San Jose, Unidad de infectología, Av. San Jose 1196 - Independencia, Santiago, Chile

Giraldo M. Carolina¹; Ortega P. Macarena¹; Padilla T. P. Mabel; Tobar U. Silvana²; Gamba A. Maria³; Bohle V. Constanza⁴;

¹ Becadas de Medicina Interna ² Interna de Medicina. Universidad de Santiago de Chile ³ Especialista en Infectología, ⁴ Especialista en Laboratorio Clínico. Hospital San José – Santiago de Chile.

Introducción: Una bacteria multirresistente es aquella que desarrolla resistencia a más de un antibiótico. En la actualidad, la resistencia bacteriana supone una de las mayores preocupaciones mundiales. La producción de betalactamasas capaces de hidrolizar carbapenémicos es uno de los mecanismos de resistencia reconocido como alarma epidemiológica por su rápida diseminación y difícil control, dado que merman una importante opción terapéutica contra bacterias multirresistentes. El aumento de la tasa de resistencia conlleva a un incremento en la morbimortalidad de pacientes infectados y más aún, en aquellos hospitalizados. Dentro de los factores de riesgo para contraerlas están el uso previo e indiscriminado de antibióticos, en especial carbapenémicos, comorbilidades asociadas, estadía en unidades de paciente crítico, uso de dispositivos invasivos y cirugías. Las carbapenemasas (CPM) integran un amplio grupo de enzimas pertenecientes a las β -lactamasas, que son una gran familia configurada para burlar la capacidad genética de las bacterias y las vuelve resistentes.

Objetivos: Caracterización de la población, identificación de presencia de factores de riesgo asociados a infecciones por bacterias multirresistentes productoras de CPM y determinar la correlación entre mortalidad y presencia de factores de riesgo en pacientes hospitalizados en el Hospital San José de Santiago de Chile, entre los años 2020-2023.

Metodología: Estudio cuantitativo observacional transversal en sujetos con hemocultivos positivos para bacterias productoras de CPM en adultos que estuvieron hospitalizados entre los años 2020 y 2023 en el Hospital San José de Santiago de Chile. Se excluyeron a quienes tienen cultivos que no sean hemocultivos.

Resultados: Se reclutaron 168 sujetos de los cuales 58 se excluyeron por no tener hemocultivo positivo dando un total de 110 para el análisis de datos, el 66%(73) corresponden al sexo masculino, la edad fue en promedio 61(\pm 17) años. El principal foco de infección fue el pulmonar 18%(20) y más del 62%(49) tuvo entre 2 a 5 elementos invasivos durante la hospitalización. El 66%(48) utilizó antibióticos previos al diagnóstico de bacteriemia por CPM y el 94%(85) de los sujetos tenía al menos una comorbilidad de importancia clínica. Durante la hospitalización el 46%(41) de los sujetos tuvo covid-19 (+), el 70%(61) estuvo expuesto a corticoides y solo el 33%(22) de los sujetos falleció durante la hospitalización. Por otro lado, el 58%(38) estuvo expuesto a intervenciones quirúrgicas invasivas y el 81%(61) estuvo expuesto a solo un tipo de CPM. Se encontró una correlación Spearman de $\rho=0.09$ $p=0.5$ entre la mortalidad y la presencia de elementos invasivos, $\rho=-0.2$ $p=0.07$ entre mortalidad y el uso de antibióticos previos, $\rho=-0.18$ $p=0.15$ entre mortalidad y el uso de corticoides, $\rho=0.2$ $p=0.09$ entre mortalidad y la presencia de intervenciones quirúrgicas invasivas y $\rho=0.1$ $p=0.3$ entre mortalidad y la presencia de más de un tipo de CPM.

Conclusiones: Se comprobó por medio de análisis de datos en toda la población de este estudio, la presencia de factores de riesgo predisponentes para el desarrollo de infecciones por bacterias productoras de CPM y más aún de bacteriemia. Resulta fundamental por parte de los médicos y el personal sanitario reconocerlos y actuar de manera diligente para su prevención y correcto tratamiento. Por otro lado, más del 90% de la población de estudio tiene al menos una comorbilidad, sin embargo, llama la atención que la población en promedio tiene 61 años, siendo una muestra relativamente joven. Por lo tanto, nos hace pensar, sobre los hábitos de los sujetos estudiados y el uso desmesurado e inadecuado de antibióticos de amplio espectro ocupados para tratar infecciones que no los ameritan, transformándolo en un problema de salud global. Este uso inadecuado podría tener un rol importante en la infección por sars-cov-2. Un oportuno reconocimiento del foco infeccioso y una terapia empírica dirigida a la epidemiología local, podrían mejorar este aspecto, disminuyendo así el ingreso hospitalario y con ello la exposición a factores de riesgo para desarrollar bacteriemia.

Keywords: hemocultivos, resistencia bacteriana, bacterias productoras de carbapenemasas

Financing: Autofinanciado

**Epidemiología de los pacientes con infección de prótesis articular del Hospital Barros Luco Trudeau 2020 - 2022**

Veronica Salas Montenegro¹, Diego Berrocal¹, Jose Gregorio Martinez Bolivar¹, Ivan Parraguez Cea¹, Edgardo Vargas¹, Francisco Zamora¹, Consuelo Dorian¹, Isidora Castro¹, Marcela Bello¹, Antonia Climent¹, María Ignacia Correa¹

(1) Universidad Santiago de Chile. Hospital Barros Luco Trudeau.

La cirugía protésica articular es frecuente y sus complicaciones tienen elevada morbilidad. La infección de prótesis articular o peri protésica, está asociada con larga estancia hospitalaria, impotencia funcional, uso prolongado de terapia antibiótica e intervenciones quirúrgicas frecuentes. Su incidencia varía: en prótesis de rodilla oscila entre el 1-2%; mientras que en cirugía de cadera y hombro no superan el 1%. En Chile, de acuerdo con el Informe de Vigilancia de Infecciones Asociadas a la Atención de Salud del 2020, la incidencia en prótesis de cadera es de 1,83%. Existen factores de riesgo asociados a la infección: cirugía post traumática, uso de corticoides, enfermedad hepática, uso de alcohol y drogas endovenosas, tiempo quirúrgico prolongado, cirugía subsecuente, infecciones urinarias o de la vía respiratoria, mal control glicémico y obesidad. El tratamiento consta de desbridamiento quirúrgico (con/sin extracción de la prótesis, según sea el caso), antibioticoterapia endovenosa y posteriormente oral. El tratamiento quirúrgico y antibiótico óptimo no cuentan con estudios intervencionales controlados; pero sí queda claro el impacto de estas; ya que, en nuestro país, el costo promedio por paciente alcanzó un valor de \$3.241.800. Por lo anterior; junto a la no existencia de una descripción epidemiológica local; el grupo de investigación se planteó estos objetivos describir el grupo de pacientes diagnosticados con infección de prótesis articular en el Hospital Barros Luco Trudeau; y 1. Detallar las características poblacionales del grupo en estudio. 2. Conocer los agentes etiológicos e 3. Identificar factores de riesgo clásicos dentro del grupo de pacientes en estudio. Para lo anterior, se identificaron los pacientes a partir de la base de datos de la unidad de infectología y según los reportes de IAAS de la institución para mediante un estudio descriptivo, dar a conocer las características que permiten cumplir los objetivos de la investigación; resultando: 9 pacientes con diagnóstico definitivo de infección, de los cuales 8 secundarias a cirugía de cadera y 1 de rodilla. 6 mujeres, todos los pacientes con más de 60 años (6 mayores de 80 años), 5 diabéticos, 7 hipertensos, 2 con fibrosis pulmonar; además 1 paciente con antecedente de enfermedad neoplásica, 1 con trasplante hepático, 1 usuario de esteroides por artritis reumatoidea y 1 con enfermedad renal crónica. Sólo 2 pacientes sin antecedentes relevantes reportados. 1 fumador, sin reporte de uso de sustancias ilícitas y 6 tenían más de 1 comorbilidad. 6 recibieron primera cirugía a causa de fractura y 3 por artrosis con clasificación de ASA más elevada para el primer grupo. 2 de los pacientes operados por artrosis tuvieron primera cirugía en otro centro. Sólo 1 tuvo reporte de sedimento de orina inflamatorio antes de la primera cirugía con urocultivo positivo. Sólo a 2 pacientes no se le solicitó urocultivo previo. Todos los pacientes recibieron antibioprofilaxis prequirúrgica; siendo cefazolina el antibiótico empleado. Ninguna de las cirugías fue reportada como prolongada, y 2 pacientes requirieron transfusiones. La presencia de secreción a través de herida fue el principal signo de infección (77% de los casos) y se acompañó de fistula en 4 pacientes. El dolor fue el principal síntoma (66% de los casos) con impotencia funcional en el 83%. Sólo 1 tuvo fiebre y 1 aflojamiento de prótesis. Los días de síntomas hasta la hospitalización variaron de 2 a 180 (promedio 34 y mediana de 15). 1 paciente sin cultivo; 2 tuvieron cultivo negativo. 2 pacientes tuvieron infección por *Klebsiella pneumoniae*, 1 por *Pseudomonas aeruginosa*, 1 por *Staphylococcus aureus*, 1 por *Staphylococcus epidermidis* y 1 por *Streptococcus agalactiae*. 5 pacientes fueron manejados con desbridamiento y retención de implante, 1 con recambio de prótesis en 2 tiempos y 3 sólo con aseos quirúrgicos conservadores. 1 paciente fallece. El resto continúa en seguimiento; 1 con tratamiento antibiótico supresivo, 4 con nuevas recaídas y 3 en seguimiento sin infección. Así; el grupo estudiado resultó de alto riesgo de infección al lograrse identificar varios de los factores de riesgo contenidos en la literatura, sobre todo edad y las múltiples comorbilidades. Los microorganismos identificados son los posibles sin embargo sorprende la preponderancia de *Klebsiella pneumoniae*. Resalta el alto porcentaje de recaída, 50% de los sobrevivientes y el desarrollo de infección a pesar del reporte de antibioprofilaxis.

Keywords: Prótesis articular, Infección protésica

Caracterización clínica y microbiológica de infecciones por *Stenotrophomonas maltophilia* en un hospital universitario en 2021

Patricio Ross Pérez¹, Vicente Gándara², Francisca Caro³, Jorge Miles⁵, Rodolfo Amstein⁵, Patricia García^{3,4}, Jaime Labarca¹

(1) Departamento de Enfermedades Infecciosas del Adulto, Escuela de Medicina, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago de Chile

(2) Departamento de Medicina Interna, Escuela de Medicina, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago de Chile

(3) Laboratorio de Microbiología, Red de Salud UC-CHRISTUS

(4) Departamento de Laboratorio Clínico, Escuela de Medicina, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago de Chile

(5) Escuela de Medicina, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile. Santiago de Chile

Antecedentes: *Stenotrophomonas maltophilia* es un bacilo gram negativo no fermentador oportunista que produce neumonía y bacteriemia en pacientes críticos e inmunosuprimidos con una alta tasa de mortalidad. La incidencia de infecciones por este microorganismo está en aumento debido al uso de antibióticos de amplio espectro. Posee una amplia gama de mecanismos de resistencia intrínseca, incluyendo carbapenemasas, por lo que tiene escasas alternativas terapéuticas.

Objetivo: Describir las características clínicas y microbiológicas de las infecciones por *S. maltophilia*.

Métodos: Estudio transversal de pacientes hospitalizados en un hospital universitario con infecciones por *S. maltophilia* en el año 2021. Se excluyeron los casos donde se consideró que *S. maltophilia* representaba colonización. Se calcula la incidencia de infecciones en unidades de alta complejidad, se describen características demográficas y clínicas de los pacientes, susceptibilidad antimicrobiana de los aislados, tipo de infección y tratamiento utilizado, y desenlaces clínicos. Las variables categóricas se describen en proporción, y las variables continuas como mediana y rangos intercuartiles.

Resultados: Se encontraron 45 casos (incidencia 0,91 casos/1000 pacientes-día), de los cuales 66.6% eran hombres, la mediana de edad fue de 60 años (52-70) y el 88% tenía comorbilidades. El 55.5% fue hospitalizado por COVID-19 grave. Los factores de inmunosupresión más frecuente fueron uso de esteroides (62.2%), cáncer activo (15.6%) y uso de inmunosupresores orales (11.1%). El 92.1% estaba hospitalizado en unidades de alta complejidad, el 71.1% estaba en ventilación mecánica invasiva y el 92.1% tenía un catéter venoso central *in situ*. El tiempo de estadía previo a la infección fue de 13 días (6-22). El 91% recibió antibióticos previo a la infección (2 [1-4] antibióticos por paciente) siendo los más frecuentes: piperacilina/tazobactam (57.8%), ceftriaxona (49.9%) y carbapenémicos (42.2%). Al momento del diagnóstico infección, el puntaje en los scores de SOFA y APACHE II fue de 7 (4-9) y 17 (13-23), respectivamente. El foco infeccioso fue pulmonar en un 80% (47% neumonía y 33% traqueobronquitis), seguido de un 11.1% de foco intravascular. El 66.6% fue aislado junto a otro patógeno, principalmente *Pseudomonas aeruginosa*. Los tratamientos más frecuentemente indicados fueron cotrimoxazol (46.7%), levofloxacino (31.1%) y ceftazidima (13.3%). La mediana de duración de terapia antibiótica fue de 8 (5-14) días. La estadía hospitalaria total fue de 36 (24-63) días y el 28.9% falleció durante su hospitalización. La susceptibilidad a cotrimoxazol, levofloxacino, minociclina y ceftazidima fue de 84.5%, 88.9%, 100% y 35.5%, respectivamente. El 6.6% de los aislados fue resistente a cotrimoxazol y levofloxacino. Se rescataron 19 aislados a los cuales se probó sinergia de ceftazidima/avibactam y aztreonam con una CIM 50 y CIM 90 de 1 ug/mL y 2 ug/mL, respectivamente.

Conclusión: Las infecciones por *S. maltophilia* ocurrieron en pacientes críticos que habían usado antibióticos de amplio espectro y su foco fue mayoritariamente pulmonar. Los pacientes presentaron estadías hospitalarias prolongadas y una alta mortalidad intrahospitalaria. Existe una proporción considerable de aislados no susceptibles a terapias de primera línea, sin embargo, la concentración inhibitoria mínima para ceftazidima/avibactam y aztreonam fue baja. El comportamiento clínico de las infecciones por *S. maltophilia* probablemente se vio influenciado por la alta incidencia de COVID-19 en ese período.

Keywords: *Stenotrophomonas*, Oportunista, Carbapenemasas

Factores asociados a estancia hospitalaria prolongada en pacientes con diagnóstico de tuberculosis en el Hospital Dr. Lucio Córdova, entre los años 2020 al 2023Claudia Vera Velásquez¹, Nicolas Navarro Soriano¹

(1) Hospital de Enfermedades Infecciosas Dr Lucio Cordova, Santiago, Chile

INTRODUCCIÓN

La tuberculosis (TBC) es una enfermedad infecciosa que continúa siendo un importante problema de salud a nivel mundial., cerca de 1.5 millones de personas fallecieron de tuberculosis en el año 2020. Aunque la TBC podría tratarse idealmente en atención primaria, la hospitalización aún desempeña un papel crucial en su tratamiento. De hecho, en muchos casos, los pacientes enfrentan estancias hospitalarias prolongadas, que a menudo superan los 15 días. Diversos estudios han indicado que las hospitalizaciones prolongadas no siempre resultan necesarias y pueden suponer un uso ineficiente de los recursos disponible, con un mayor costo, llegando a representar más del 50% del presupuesto destinado a esta enfermedad, mayor impacto en la morbilidad, reducción de camas disponibles para otros pacientes, saturación de las urgencias y el riesgo de eventos adversos.

La (OMS) ha establecido pautas que apuntan a disminuir las tasas de hospitalización y el tiempo de estancia de los pacientes con TBC en los hospitales. Diversos estudios han identificado factores predictivos asociados a estancias hospitalarias prolongadas en pacientes con TBC que incluyen algunas comorbilidades, variables clínicas y variables sociodemográficas. En el año 2014, se registraron un total de 2,383 casos de TBC en Chile, de los cuales el 59.1% de los pacientes fueron dados de alta hospitalaria, según los datos proporcionados por el Minsal. Sin embargo, es importante mencionar que en el país existe una falta de información sobre la evolución y los factores asociados a las estancias prolongadas de los pacientes hospitalizados. Actualmente, no hay estudios disponibles sobre hospitalización prolongada en este tipo de pacientes en Chile. Dada la importancia de abordar la TBC de manera integral, sería fundamental contar con más investigaciones y datos específicos sobre la hospitalización prolongada en pacientes con esta enfermedad en Chile.

OBJETIVO GENERAL

Analizar los factores asociados a estancia hospitalaria prolongada en pacientes hospitalizados con diagnóstico de TBC en el Hospital Dr. Lucio Córdova, entre los años 2020-2023.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se realizará un estudio transversal, retrospectivo, que incluirá a todos los pacientes adultos hospitalizados con antecedentes de TBC en el HDLC, durante el periodo 2020 a junio 2023.

Los datos recogidos serán variables sociodemográficas y factores asociados a estancia prolongada.

La fuente de información serán los egresos hospitalarios con diagnóstico de TBC del período en estudio, como base de datos anonimizada.

El análisis se realizará mediante estadística descriptiva, y análisis de regresión logística. Las variables numéricas se describirán a través de media (DS) y mediana (rango min – max). Las variables categóricas a través de frecuencias. Se realizará una regresión logística univariable y multivariable con las variables mas significativas para el estudio.

RESULTADOS

Se incluyeron 223 pacientes ingresado por diagnóstico de TBC, de los cuales 121 (54.3%) presentaron una hospitalización sobre 15 días, de los que 78 (43,6%) eran hombres. La mediana de edad fue de 40 años (min-max de 20 – 79 años). La mayoría presentaba la comorbilidad de VIH (71,9%), en cuanto a lo sociodemográfico se observó que el 74,5% presenta situación calle, y que la localización de TBC más frecuente fue a nivel del sistema nervioso central (81,8%).

De los factores de riesgo analizados, (ajustado por edad y sexo) se encontró que el VIH (ORa : 3,2 ; IC 95% 1,78- 5,93), situación calle (ORa : 3,2 ; IC 1,65-6,54) y presentar diagnóstico de TBC en: sistema nervioso central (ORa : 3,4 ; IC 1,1-13,1) estaban asociados a una estancia hospitalaria mayor a 15 días.

CONCLUSIONES

En resumen, este estudio identificó factores como VIH, situación de calle y diagnóstico de tuberculosis en el sistema nervioso central, asociados a hospitalizaciones prolongadas por encima de 15 días. Estos hallazgos destacan la necesidad de abordar estos aspectos para mejorar la atención y eficiencia en pacientes con tuberculosis en el Hospital Dr. Lucio Córdova.

Keywords: Tuberculosis, Estancia Prolongada, Factores de Riesgo

Análisis de barreras para la administración temprana de antibióticos intravenosos en el manejo de sepsis en pacientes hospitalizados.

Nicole Worner^{1,2}, Anna Szmigin², Josephine Falade¹

(1) University College London, School of Pharmacy, Life Sciences, 29-39 Brunswick Square WC1N 1AX, Londres, Reino Unido

(2) Guy's and St Thomas' NHS Foundation Trust, Westminster Bridge Road SE1 7EH, Londres, Reino Unido

Introducción: Se ha demostrado que el diagnóstico oportuno y el uso óptimo de antimicrobianos (dentro de una hora del diagnóstico) aumentan la probabilidad de sobrevida en pacientes sépticos. Sin embargo, la adherencia a las guías clínicas permanece como un área de preocupación en Guy's and St Thomas' Trust, donde un estudio previo identificó que la etapa limitante del proceso fue el tiempo que transcurre a partir de la prescripción hasta la administración del antibiótico intravenoso.

Objetivo: El objetivo de este estudio fue analizar el proceso del tratamiento de sepsis desde la prescripción del antibiótico hasta su administración e identificar las barreras para la pronta administración de antibióticos, en Guy's and St Thomas' Trust.

Material y método: Estudio cuantitativo con metodología múltiple, realizado en Guy's and St Thomas' Trust. El estudio de cohorte prospectivo fue utilizado para medir el tiempo desde la prescripción hasta la administración del antibiótico en pacientes hospitalizados adultos con sospecha de sepsis y para identificar las barreras para la pronta administración. El estudio retrospectivo de datos fue utilizado para realizar un análisis de influencia estacional, y para identificar los servicios con alta frecuencia de pacientes con sospecha de sepsis y aquellos con el mayor retraso en la administración de antibióticos. Por último, una encuesta dirigida a enfermeros(as), trabajando en los servicios previamente identificados, fue enviada para evaluar su percepción sobre este tema.

Debido a la naturaleza observacional del estudio no se necesitó aprobación ética. Un formulario de ética fue completado con fines académicos para la escuela de farmacia de University College London.

Resultados: Dentro de los 87 casos con sospecha de sepsis identificados con el estudio de cohorte prospectivo, 31.3% tuvo un tiempo de administración mayor a 60 minutos (a partir de la prescripción del antibiótico). Las barreras más frecuentemente identificadas en estos casos fueron "El antibiótico no fue prescrito para administración inmediata" (52%) y "Acceso endovenoso no disponible" (36%). Por otra parte, de acuerdo con la encuesta realizada, las barreras más frecuentemente percibidas por enfermeros(as) fueron la alta demanda de trabajo y el acceso venoso no disponible en los pacientes.

Conclusiones: Este estudio ayuda a determinar las barreras que afectan la pronta administración de antibióticos endovenosos para el manejo oportuno de sepsis. La percepción de los(as) enfermeros(as) fue validada con el estudio de cohorte prospectivo, demostrando que la administración de antibióticos en pacientes con sepsis está afectada por múltiples factores y revelando una oportunidad de mejora e intervención.

Keywords: Sepsis, barreras, administración, antibióticos, endovenosos

**Características clínicas y epidemiológicas de recién nacidos con sífilis congénita. Evaluación de 15 años.****Alejandra Reyes¹, Pamela Medina², Carolina Chávez³, Isidora Campbell⁴, Víctor Contreras⁵**

(1) Hospital Felix Bulnes Cerda Unidad De Infectología, Unidad De Infectologia, Unidad De Infectologia, Mapocho 7432, Santiago, Chile

(2) Hospital Felix Bulnes Cerda, Unidad de Infectologías, Unidad de Infectologia, Mapocho 7432, Santiago, Chile

(3) Hospital Felix Bulnes Cerda, Unidad de Infectologia, Unidad de Infectologia, Mapocho 7432, Santiago, Chile

(4) Hospital Felix Bulnes Cerda, Unidad de Infectologia, Unidad de Infectologia, Mapocho 7432, Santiago, Chile

(5) Hospital Felix Bulnes Cerda, Unidad de Infectologia, Unidad de Infectologia, Mapocho 7432, Santiago, Chile

Introducción:

La sífilis congénita es una patología de difícil diagnóstico en etapa neonatal, cuya mejor estrategia de prevención es el tamizaje con test no treponémicos durante la gestación, que permite la pesquisa, diagnóstico y tratamiento oportuno de la sífilis en la gestante. En Chile desde hace muchos años se realiza en forma universal 4 tamizajes con test no treponémicos a las gestantes, lo cual, ha mejorado la pesquisa y tratamiento oportuno de la sífilis en las gestantes. La sífilis congénita sigue siendo un problema de salud pública a nivel mundial y nos pareció interesante mostrar nuestra experiencia de 15 años en el diagnóstico y manejo de recién nacidos expuestos a sífilis, en una población de gestantes que tiene acceso a 4 tamizaje con test no treponémicos durante la gestación, en forma universal.

Objetivo: Describir las características epidemiológicas, serológicas, clínicas y el seguimiento de recién nacidos con sífilis congénita probable y confirmada.

Material y método: Trabajo descriptivo, retrospectivo y prospectivo. Se analizaron las fichas clínicas de los recién nacidos ingresados a la unidad de neonatología con sospecha de sífilis congénita, desde el año 2008 al 2011 y desde el año 2012 al 2022 se aplicó una ficha de seguimiento de los casos. Para establecer la sospecha diagnóstica se aplicó un protocolo de diagnóstico y manejo de la sífilis congénita. Los recién nacidos con sospecha de sífilis congénita fueron evaluados clínicamente, con VDRL en sangre periférica, cuya dilución se comparó con la dilución del VDRL en sangre de la madre al parto, citoquímico y VDRL en LCR y radiografía de huesos largos, entre otros. Fueron catalogados como casos confirmados los recién nacidos que presentaron clínica y/o serología compatible o VDRL reactivo en el LCR y como casos probables aquellos en los cuales, no se pudo confirmar el diagnóstico, pero cumplían con los criterios definidos en el protocolo, todos recibieron tratamiento con penicilina G sódica.

Resultados: Se ingresaron al estudio 172 recién nacidos con diagnóstico de sífilis congénita, en 20 se confirmó el diagnóstico.

El promedio de edad materna de las madres con sífilis durante la gestación fue de 27 años, con un 66% de embarazos no controlados o con 2 o menos controles durante la gestación, solo en el 5,2% de las gestantes se realizaron 4 tamizajes con test no treponémicos establecidos por la norma nacional. En el 48% se detectó trastorno de uso de sustancias (TUS) y el 95% fueron VIH no reactivos al parto. Las diluciones maternas al parto fluctuaron entre reactivo débil a 1:128. En el 86% de las gestantes el diagnóstico de sífilis se estableció en el tercer trimestre de la gestación o al parto y en el 48% correspondieron a sífilis diagnosticadas en etapa latente precoz, adquiridas cercana al parto.

El 1,2% de los recién nacidos fueron sintomáticos al nacer. Se confirmó el diagnóstico en el 11% de los recién nacidos, de los cuales el 90% presentó neurosífilis y los restantes se mantuvieron en su categoría de probables sin poder descartar o confirmar los casos. Se ha completado el seguimiento de un año o más, en el 62% de los casos, y de éstos, el 100% de los casos asintomáticos presentaron pruebas treponémicas no reactivas al año de vida.

Conclusiones: La sífilis congénita sigue siendo una enfermedad de difícil diagnóstico que se debe sospechar en recién nacidos hijos de madres jóvenes, con antecedentes de TUS, embarazos no controlados o mal controlados, sin los tamizajes para sífilis establecidos por la norma nacional, o con reinfección o infección durante el tercer trimestre de la gestación. El tamizaje con test no treponémicos en 4 oportunidades durante la gestación contribuye a prevenir la sífilis congénita. La sospecha diagnóstica se establece principalmente por los antecedentes epidemiológicos y serológicos de la madre. La confirmación de los casos es infrecuente y habitualmente se asocia a VDRL reactivo en LCR. En la gran mayoría de los casos los recién nacidos nacen asintomáticos y no es posible descartar o confirmar la enfermedad, lo que obliga a tratarlos y realizar seguimiento.

Keywords: SIFILIS CONGENITA

Financing: sin financiamiento

Infección por *Staphylococcus aureus* meticilino resistente de la comunidad portadores de leucocidina de panton valentine, una serie de casos.

Christian Oliver Conde Abeliuk¹, Cinthia Carleo¹, Iván Parraguez¹, Evangelo Castro², Sofia Palma^{1,2}, Carola Escobar^{1,2}, Margareta Mühlhauser², Pablo Valenzuela²

⁽¹⁾ Universidad de Santiago de Chile, Medicina, Facultad de Ciencias Médicas, Avenida Libertador Bernardo O'Higgins n°3363, Santiago, Chile

⁽²⁾ Hospital de la Dirección de Previsión de Carabineros de Chile, Infectología, Medicina, Vital Apoquindo 1200, Las Condes, Santiago de Chile, Santiago, Chile

Introducción

Las infecciones por *Staphylococcus aureus*, son una de las infecciones más frecuentes a nivel hospitalario. En 1990 se reportó el primer caso de *S. aureus* resistente a meticilina asociado a la comunidad (SAMR-AC). El *S. aureus* fue declarado recientemente por la OMS como prioritario, debido a la expansión de cepas resistentes en el mundo, con cuadros severos. Los primeros casos de SAMR-AC reportados en Sudamérica fueron en Uruguay, posteriormente el 2008 se reportaron 5 casos en Chile. Desde entonces se ha evidenciado un lento incremento del número de casos en las últimas décadas.

La resistencia del *S. aureus* a meticilina se debe a la adquisición de un gen llamado *mecA*, el cual forma parte de un elemento genético móvil llamado cassette cromosómico estafilocócico (SCCmec). Estos cassettes varían entre *Staphylococcus*, destacando el SCCmecIV en las cepas comunitarias. Este último se asocia a genes que codifican factores de virulencia, como la toxina leucocidina de Panton-Valentine (PVL), la cual se asocia a infecciones severas por *S. aureus*.

Objetivos

Primario: Describir las características clínicas, epidemiológicas y microbiológicas de pacientes con infecciones por SAMR-AC portadores de PVL en hospital DIPRECA y Hospital de Carabineros entre abril 2018 y mayo 2023.

Secundario: Describir factores de riesgo, respuesta clínica y sobrevida a los 30 días.

Material y métodos

Estudio descriptivo, retrospectivo, observacional, de pacientes con infección documentada por SAMR-AC, entre abril 2018 a mayo 2023, de muestras obtenidas de aislamientos provenientes de secreciones, tejido y/o líquidos estériles, con PVL positivo estudiado por ISP. Se registran y describen las características epidemiológicas, clínicas, microbiológicas y tratamiento antibiótico recibido, mortalidad a 30 días y recurrencia a 90 días.

Resultados

En el periodo de tiempo estudiado se presentaron un total de 20 casos con infección por SAMR-AC, de los cuales finalmente se descartaron 2, por falta de información clínica. El promedio de edad fue 38 años (rango 14 - 95 años). El 88.9% eran hombres. Dentro de los factores socio/culturales destaca: hacinamiento 44.4%, carabinero 50%, jubilados 27.8%, estudiantes 22.2%, practica de deportes de contacto físico 33.3% y el 100% de los pacientes eran de nacionalidad chilena y no habían realizados viajes al extranjero.

Dentro de las comorbilidades se observó Diabetes Mellitus 17%, hipertensión arterial 11%, acné 11%, cirrosis 5.2 %, adicción a drogas 5%, infarto cerebral 5%. El 38,9% de los pacientes eran sanos.

El 61% consultó previamente a médico por la infección con un rango de 1-3 consultas. Requirieron hospitalización el 72%, con un promedio de 17 días, rango 1-102 días. La presentación clínica más frecuente, fue infección de piel y partes blandas 89%, presentándose como: furúnculos o abscesos 66%, celulitis 17%, acné severo 11% o fasciitis necrotizante 6%. Se observó bacteriemia en 22% de los casos, neumonía grave en 7%, empiema pleural en 11% y ventriculitis/meningitis en 5%. En las infecciones graves los antibióticos utilizados fueron vancomicina, linezolid y daptomicina. En cuadros leves se utilizó clindamicina, cotrimoxazol, y doxiciclina. En el 50% se realizó descolonización nasal. La mitad de los pacientes requirió cirugía (rango 1-6 pabellones). El 22,2% requirió manejo en UCI. El 100% sobrevivió a los 30 días, 11% tuvo recurrencia a los 90 días y 2 pacientes fallecieron a los 90 días. Se observó un inicio tardío de terapia antimicrobiana específica, 56% utilizaron previamente betalactámicos. Todos los pacientes recibieron terapia antibiótica guiada según antibiograma.

Conclusión

Esta serie de casos muestra la variabilidad clínica de las infecciones por SAMR-AC desde infecciones leves a graves, los casos severos requirieron aseo quirúrgico y/o estadia en UCI. Los casos de neumonía se asociaron a necesidad de VMI y la presencia de bacteriemia e infección de SNC se asociaron a mayor mortalidad.

Keywords: *Staphylococcus aureus*, leucocidina de Panton-Valentine, factores de riesgo

Financing: Sin financiamiento.

Asociación entre infección por bacilos Gram negativos productores de carbapenemasas y el tiempo desde ingreso hasta la muerte de pacientes entre 2020-2023 en Hospital Felix Bulnes

Ariel Fernando Ramírez González¹, patricia mazzoni werner¹, MARIA SOLEDAD SEPULVEDA BRITO¹

(1) Hospital Félix Bulnes Cerda, Infectología, Mapocho # 7432. Comuna Cerro Navia, Santiago, Chile

INTRODUCCIÓN: los bacilos Gram negativos productores de carbapenemasas generan infecciones sanguíneas y bronquiales en pacientes hospitalizados en unidades críticas. El aumento de la resistencia bacteriana y paciente con mayores comorbilidades, generalmente en adultos mayores, está vinculado a un aumento de los días de hospitalización, que conducen a mayor mortalidad, siendo el tratamiento farmacológico clave para la sobrevida.

OBJETIVO: Determinar la asociación entre el tipo de infección bacilos Gram negativos productores de carbapenemasas y el tiempo transcurrido desde ingreso al Hospital hasta la muerte de los pacientes entre los años 2020-2023 en el Hospital Felix Bulnes.

MATERIALES Y METODOS: Estudio cohorte retrospectiva, a partir de n=141 sujetos que fueron hospitalizados entre los años 2020 y 2023 en la UPC considerados como infecciones graves. Se dividieron en 2 grupos: muestras sanguíneas (MS) y muestras bronquiales (MB), se recolectó información a través de fichas clínicas y laboratorio: fecha de ingreso, diagnóstico de ingreso, muestras de cultivo en sangre y bronquiales positivas para bacilos Gram negativos productores de carbapenemasas y que recibieron terapia antimicrobiana dirigida con Ceftazidima/Avibactam v/s otros antimicrobianos, se estimó mortalidad a los 30 días posterior al tratamiento. Sospecha de infección intrahospitalaria se consideró positiva desde los 7 días de ingreso. Los microorganismos se agruparon en enterobacteriales y bacilos no fermentadores. El diagnóstico de ingreso se agrupó en causas respiratorias y no respiratorias. Se agruparon las comorbilidades en cardiometabólicas y otras. Se aplicaron los criterios de inclusión: infección a través de los cultivos positivos en muestras sanguíneas y bronquiales desde el 2020 hasta julio de 2023. Criterios de exclusión: muestras consideradas colonización de la vía aérea, sujetos sin registro completo del tratamiento, sujetos sin fechas de ingreso o egreso. Los sujetos que presentaron cultivo positivo en sangre y bronquial en el mismo período, se consideró solo la muestra positiva en sangre. Se determinó el tiempo desde el ingreso hasta el inicio de la infección, sospecha de infección intrahospitalaria y el tiempo transcurrido desde el ingreso hasta su muerte. En el análisis estadístico se describieron las variables mediante el percentil P_{25} - P_{50} - P_{75} , Chi cuadrado de independencia, test exacto de Fisher y U de Mann-Whitney con el software SPSS v.27.

RESULTADOS: Total n=61 pacientes estudiados, para el grupo sanguíneo n=22 y grupo bronquial n=39, la distribución del sexo fue: mujeres 36,3% y hombres 63,7%; mujeres 25,6% y hombres 74,3% respectivamente; la mediana para la edad, 56,5(44-70,5) y 62(44-75) años; días desde el ingreso hasta la infección 11(6,25-22) y 19(11-39) días para ambos grupos. Para la sospecha de infección intrahospitalaria fue: MS,18(81,8%) y MB, 35(89,7%); Mortalidad a los 30 días desde la infección en MS 9 (40,9%) y MB 11(28,2%). Sobrevida al alta en MS12(54,5%) y MB 23(58,9%). Comorbilidades cardiometabólicas en MS 16(72,7%) y MB 28(71,7%). La comparación entre el tiempo de ingreso al hospital y el desarrollo de la infección no fue significativa ($p=0,116$), en cambio, para la sospecha de infección intrahospitalaria fue significativa ($p<0,001$) y el tiempo desde el ingreso hasta la muerte de los sujetos ($p=0,037$) entre los grupos; no hay asociación entre los grupos en relación a: la sospecha de infección intrahospitalaria, los microorganismos, sobrevida al alta, muerte a los 30 días diagnóstico de ingreso y ambos grupos de tratamientos antimicrobianos ($p>0,05$).

CONCLUSIONES: En este estudio se encontró un subregistro de la información existente en las fichas clínicas de los pacientes. Existe asociación entre la sospecha de infección intrahospitalaria y los días hasta el diagnóstico de la infección, y entre el tiempo transcurrido desde el ingreso hasta la muerte de los sujetos en el grupo de infección sanguínea.

Keywords: Bacilos Gram negativos, Carbapenemasas, Mortalidad, Infección intrahospitalaria

Financing: FINANCIAMIENTO: este estudio no contó con financiamiento de ninguna entidad privada o pública.

Acknowledgments: 1.- Diego Gallegos. Estadístico Departamento de Docencia e Investigación Hospital Félix Bulnes.2.- Camilo Amador. Médico jefe Unidad de Infecciones Intrahospitalarias.

Tuberculosis extrapulmonar entre 2013 y 2020 en un Hospital Provincial**Gabriel Alejandro Uribe Sanzana**¹, Pablo Saavedra Romero², Jaime Vásquez González¹

(1) Complejo Asistencial Víctor Ríos Ruíz, Medicina Interna, Ricardo Vicuña 147, Los Ángeles, Chile

(2) Complejo Asistencial Víctor Ríos Ruíz, Laboratorio Clínico, sección Microbiología, Ricardo Vicuña 147, Los Ángeles, Chile

Introducción: La tuberculosis (TB) es un problema de salud pública mundial, además, debido a la emergencia del COVID-19 en el 2019, se produjo una caída en el diagnóstico y tratamiento de esta patología. Chile también sufrió las consecuencias de la pandemia, con un aumento a 1.2 fallecidos por cada 100.000 habitantes en el 2021 (33% más que 2020) y una baja en la incidencia por de la disminución de las actividades de búsqueda. La TB afecta principalmente a los pulmones, pero puede producir lesiones en otros sitios por diseminación hematogena y linfática hasta en un 25% de los casos, a esto se denomina tuberculosis extrapulmonar (TBE). Esta ha recibido menos atención no siendo considerada como un problema de salud pública. Sin embargo, algunas formas de TBE pueden tener alta morbilidad y mortalidad, produciendo secuelas y discapacidades. A pesar de que ha existido una tendencia a la baja de la tuberculosis pulmonar, esta no se ha trasladado a la TBE.

Se presenta una casuística de pacientes diagnosticados y notificados como TBE en un hospital provincial de alta complejidad.

Objetivos: Describir los casos de TBE diagnosticadas entre 2013 y 2020 en un hospital provincial de alta complejidad, con énfasis en el tiempo diagnóstico desde el inicio de la sintomatología,

Métodos: Revisión de fichas clínicas electrónicas (FCE) de pacientes notificados como TB entre 2013 y 2020, seleccionando aquellos con TBE con sus características demográficas, clínicas y diagnósticas. Se definió como el inicio de síntomas la primera vez que se menciona el síntoma cardinal en la ficha en la cualquier consulta.

Resultados: 98 pacientes se diagnosticaron como TBE (25% de los casos totales de TB). Se analizaron 92 pacientes (2 se descartó TB en el seguimiento y 4 no tenían datos FCE), la edad promedio fue 44 años. El 55.4% (n=51) fueron de sexo femenino. Las localizaciones fueron: pleural 35.9%, ganglionar 21.7%, ósea 11.5%, SNC 5.4%, otras menos frecuentes: ocular, peritoneal, pericárdica, intestinal, genitourinarias. 31.5% tuvo diagnósticos microbiológico, el resto fue una combinación de clínica, ADA e histopatología. Al agruparlos por población vulnerable se encontró que 42.4% tenían al menos 1 factor de riesgo. De estos 15.2% eran adultos mayores, 11.96% tenían otra inmunosupresión, 9.8% diabetes, 5.4% extranjero.

En 80 pacientes se logró determinar el inicio de síntomas, siendo el promedio de días desde este al diagnóstico 154 días (rango 1-1020 días). Además, hubo 20 días promedio hasta el inicio de la terapia antituberculosa. 91 pacientes iniciaron tratamiento estándar. Se observó 14 pacientes con eventos adversos, con 5 de ellos que necesitaron cambio en la terapia.

Conclusiones: Este trabajo entrega características de una cohorte de 8 años de un hospital provincial de pacientes con tuberculosis extrapulmonar. 25% de los pacientes con tuberculosis en esta cohorte era extrapulmonar, datos similares a los conocidos en otras series. Se observa predominio del sexo femenino, concordante con las series descritas, pero distinto a lo que ocurre con la tuberculosis pulmonar. La localización más frecuente fue la pleural, seguida de la ganglionar y ósea, en este caso esto puede deberse a la falta de sospecha clínica y por ende de estudio microbiológico de las lesiones ganglionares sospechosas. Esto es concordante con la forma de realizar el diagnóstico, dado que solo el 31.2% tuvo confirmación microbiológica, el resto se realizó a través de la combinación de clínica, ADA e histología. Los factores de riesgo son similares a los descritos en la literatura, sin embargo, llama la atención la baja coexistencia de VIH y la predominancia de otras inmunosupresiones y ser adulto mayor como los más frecuentes. Una de las variables críticas es el tiempo que lleva la sospecha y el inicio de la terapia en los pacientes confirmados, esto distan de ser razonables y se podrían explicar por la baja sospecha clínica, lo inespecífico de los síntomas y los métodos diagnósticos con mala sensibilidad en tejidos extrapulmonares, sin embargo, ninguno es justificación para el tiempo que lleva realizar el diagnóstico. Es importante mantener la educación y la alta sospecha en los pacientes con factores de riesgo y con síntomas sugerentes, ya que la enfermedad está lejos de ser erradicada.

Keywords: Tuberculosis, tuberculosis extrapulmonar, Mycobacterium tuberculosis

Financing: Sin financiamiento



Vectores de tifus de los matorrales en el sur de Chile

Constanza Martínez-Valdebenito¹, Gerardo Acosta Jamett³, Katia Abarca Villaseca¹, Thomas Weitzel², Maria Carolina Silva de la Fuente⁴

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Enfermedades Infecciosas e Inmunología Pediátricas, Medicina, Diagonal Paraguay 362, Santiago, Chile

(2) Universidad del Desarrollo, Clínica Alemana de Santiago, Medicina, Avenida Plaza 680, Santiago, Chile

(3) Universidad Austral de Chile, Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria and Center for Surveillance and Evolution of Infectious Diseases, Facultad de Ciencias Veterinarias, Isla Teja SN, Valdivia, Chile

(4) Universidad Católica del Maule, Departamento de Ciencias Agrarias, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Camino a los Niches, Curico, Curico, Chile

Antecedentes

El tifus de los matorrales, causado por el *Orientia* spp. y transmitido por larvas de ácaros trombicúlidos, es una zoonosis emergente transmitida por vectores. Recientemente, la enfermedad ha sido descubierta en el sur de Chile.

Objetivos

Este estudio tuvo como objetivo determinar la prevalencia y riqueza de especies de ácaros trombicúlidos asociados a roedores y su infección con *Orientia* spp. en diferentes áreas de dos regiones del sur de Chile.

Material y Métodos

Durante los veranos de 2018 y 2020, se recolectaron ácaros trombicúlidos de roedores capturados en 9 sitios del sur de Chile conocidos por ser endémicos de tifus del matorral (ubicados en Cochamó e Isla de Chiloé en la Región de Los Lagos, y Tortel en la Región de Aysén). Los ácaros fueron identificados morfológicamente y se realizó una PCR cuantitativa específica para *Orientia* para evaluar la prevalencia en muestras en pool según la especie de roedor y la prevalencia individual del ácaro.

Resultados

Se capturaron un total de 376 roedores pertenecientes a 7 especies con un esfuerzo de captura de 4.063 noches/trampa. Se encontraron ácaros en las 7 especies de roedores, con tasas de infección que variaron según la especie, desde un 33% hasta un 100%. Los ácaros mostraron baja especificidad de hospedero y la abundancia de hospedero varió según el sitio de muestreo. Se identificaron seis especies de ácaros trombicúlidos. El género *Herpetacarus* fue el más abundante y prevalente en 8 de los 9 sitios. El análisis molecular reveló que el 24,3% (61/251) de los pools de ácaros dieron positivo para el ADN de *Orientia*, la mayoría perteneciente al género *Herpetacarus*. El análisis de ácaros individuales (n=901) mostró que el 31,2% de las muestras de *Herpetacarusanarctica* (n=202) eran positivas para el ADN de *Orientia*; las tasas de infección fueron del 7,0% en *Paratrombicula neuquenensis* (n=213), 6,9% en *Herpetacarus eloisae* (n=144), 3,6% en *Argentinacarus expansus* (n=55) y 0% en *Paratrombicula goffi* (n=110) y *Quadrasetta chiloensis* (n=177). El sitio más al sur (Tortel) mostró las tasas más altas de infestación de ácaros trombicúlidos e infección por *Orientia* en los roedores capturados.

Conclusiones

Este estudio proporciona nuevos conocimientos sobre la fauna de ácaros trombicúlidos y la prevalencia de la infección por *Orientia* en ácaros recolectados de roedores salvajes en el sur de Chile. Se observaron altas tasas de infestación de roedores en el género *Herpetacarus* y en otros dos géneros de ácaros. Geográficamente, las tasas de infestación y las prevalencias de *Orientia* difirieron, con las tasas más altas observadas en la Región de Aysén. Este estudio fue financiado por FONDECYT Regular N°1130817, 1170810 & 1220813.

Keywords: Tifus de los matorrales, vectores, orientia, orientia chiolensis, acaros

Financing: Este estudio fue financiado por FONDECYT Regular N°1130817, 1170810 & 1220813.

Resultado del seguimiento de 170 hijos/as de madres chagas confirmada, sospechosos de enfermedad de chagas vertical (echv) nacidos entre el 2017 y 2022, ssmocc Santiago Chile.

Marisol Denegri Cartes¹, Miren Edurne Urarte Izeta^{1,2}, Fernando Pasten Pasten³, Gabriel Illul Morchio⁴, Pamela Medina Vicuña¹, Isidora Campbell Araya¹, Nicolas Urnia Rojas⁵

- (1) Hospital Felix Bulnes Cerda, Unidad de Infectología, Mapocho Sur 7432 Cerro Navia, Santiago, Chile
- (2) Hospital San Juan de Dios Santiago, Poli Chagas Infectología, Huerfanos 3255, Santiago, Santiago, Chile
- (3) Laboratorio clínico hospital Felix Bulnes
- (4) Laboratorio Clínico Hospital San Juan de Dios
- (5) Estudiante Medicina Universidad Del Desarrollo, Medicina

INTRODUCCIÓN: En las últimas décadas se han implementado medidas de control eficientes de los mecanismos de transmisión vectorial y transfusional de *T. cruzi* y el 2014 con la norma técnica nacional para ECH se inician medidas para controlar la transmisión vertical.

El 2016 el SSMOCC inicia tamizaje serológico para ECH en gestantes atendidas en la atención primaria y secundaria de salud y con ello el seguimiento de sus RN/lactantes con PCR y serología IgG *T. cruzi* al nacer, 2 y 9 meses según recomendación MINSAL para detección temprana de la infección vertical y tratamiento precoz. Esto permite obtener cura parasitológica en el 100% de los niños/as tratados menores de 1 año.

OBJETIVOS:

Evaluar el cumplimiento del seguimiento de hijos/as de madres Chagas positiva confirmada.

Conocer el porcentaje de transmisión vertical y de tratamiento de casos confirmados

MATERIAL Y METODO: Se realizó seguimiento a los RN/lactantes hijos/as de madres con ECH nacidos en Hospitales de la red. Según recomendación Norma MINSAL se tomaron muestras de sangre para estudio serológico IgG y PCR *T. cruzi* al nacer, previo al alta hospitalaria. Se realizó controles de seguimiento en Policlínicos de la especialidad en HSJD y HFBC y aquellos de procedencia rural, fueron citados para la toma de muestras en sus hospitales de origen, previa coordinación con toma de muestra y laboratorio para la 2da y 3era PCR. Estas muestras fueron procesadas en el Instituto de salud pública de Chile (ISPCH).

A los casos con 3 PCR no detectables se les realizó estudio serológico después de los nueve meses para finalizar el seguimiento con 2 serologías negativas. A los lactantes con pérdida de seguimiento, se realizó contacto telefónico con sus madres y/o se coordinó visita domiciliaria de rescate con atención primaria para lograr confirmar o descartar ECHV.

RESULTADOS: Entre enero 2017 a diciembre 2022 ingresaron a seguimiento 170 recién nacidos(RN), de ellos completaron estudio con diagnostico descartado 101 lactantes (59%), en 35 pacientes no se completó seguimiento y se cerró el caso (21%), 28 se encuentran aún en estudio. y 6 pacientes (4%) fueron diagnosticado con ECHV.

Los 35 casos fueron cerrados por regreso a Bolivia 8 (23%), cambio de domicilio 8 (23%), inubicables 19 (59%) después de llamadas telefónicas repetidas y 2 visitas domiciliarias.

A 143/170 (84%) RN se les realizó la 1era PCR en la maternidad, la 2da PCR se realizó a 98/170 (57,6%) y la 3era PCR a los 9 meses se le realizó a 59/170 (34,7%). En cuanto a la cobertura de toma de PCR por año, se evidenció que la 1era PCR de recién nacido ha ido mejorando desde su implementación desde 66,6% el 2017 al 90,6% el 2021, no siendo impactada por la pandemia COVID 19, sin embargo, el seguimiento con 2da y 3era PCR en lactantes tuvo un impacto importante durante la pandemia y logra recuperar parcialmente el 2022

Se diagnosticó transmisión vertical a 6 lactantes (4%) con un promedio de edad de diagnóstico de 11,6 meses (2-28 meses). De estos 4 completaron tratamiento y 2 se encuentran en inicio de tratamiento por rescate reciente (1 retorna de Bolivia y otro nacido en extrasistema perdido de controles)

CONCLUSIONES: El seguimiento de los hijos de madres Chagas positivo requiere una estrecha coordinación de los encargados del programa, con atención primaria y laboratorio para realizar las tomas de muestras de exámenes de seguimiento y derivación a ISPCH.

Se requiere un trabajo en equipo del personal de salud involucrado en la atención de estos lactantes para lograr adherencia materna al seguimiento que involucra varias tomas de muestras de exámenes a su hijo durante el 1er año de vida para confirmar o descartar el diagnóstico de enfermedad de Chagas vertical.

Keywords: Chagas vertical, seguimiento lactantes, *Trypanosoma cruzi*

Financing: NO

Acknowledgments: Agradecimientos a toda la red del Programa de Enfermedad de Chagas del Servicio de salud Metropolitano Occidente



Seroprevalencia y factores asociados a exposición a rickettsiaceae en perros de cinco regiones en Chile

Constanza Martínez-Valdebenito², Ju Jiang³, Katia Abarca Villaseca², Thomas Weitzel⁵, Javier López², Paulina López¹, Allen Richards⁴, Gerardo Acosta-Jamett¹

(1) Universidad Austral, Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria and Center for Surveillance and Evolution of Infectious Diseases, Facultad de Ciencias Veterinarias, Isla teja SN, Valdivia, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Enfermedades Infecciosas e Inmunología Pediátricas, Medicina, Diagonal Paraguay 362, Santiago, Chile

(3) Naval Medical Research Center, Silver Spring, Silver Spring, Washington, USA

(4) The Henry M. Jackson Foundation for the Advancement of Military Medicine, Inc., Bethesda, Washington, USA

(5) Universidad del Desarrollo, Clínica Alemana de Santiago, Medicina, Av. Plaza 683, Santiago, Chile

Antecedentes

El sur de Chile es endémico para el Tifus de los Matorrales (TM) causado por *Ca. Orientia chiloensis*. Sin embargo, la epidemiología del TM y otras posibles infecciones rickettsiales en todo el país no se conoce bien. Los estudios seroepidemiológicos en perros son una herramienta de vigilancia útil para muchas enfermedades infecciosas, incluidas las infecciones transmitidas por vectores.

Objetivos

Este estudio tiene como objetivo evaluar la seroprevalencia y los factores asociados a la exposición a *Orientia* del grupo del tifus de los matorrales (STGO), las rickettsias del grupo de la fiebre manchada (SFGR) y las rickettsias del grupo del tifus (TGR) en perros domésticos del norte, centro y sur de Chile.

Material y Métodos

Se realizó un muestreo transversal entre 2010 y 2016 en áreas rurales y urbanas de cinco regiones de Chile. En las áreas urbanas, los hogares fueron seleccionados mediante un muestreo aleatorio doblemente estratificado, mientras que se utilizó un muestreo por conveniencia en las áreas rurales. Se administró una encuesta epidemiológica a los dueños de los perros para evaluar los factores asociados a la seropositividad a los patógenos antes descritos. Las muestras de suero se analizaron mediante un ensayo de inmunosorbente ligado a enzimas (ELISA) para detectar anticuerpos IgG específicos contra STGO, SFGR y TGR.

Resultados

Se muestrearon un total de 1.097 perros en 1.006 hogares. Las seroprevalencias generales para STGO, SFGR y TGR fueron del 19,2%, 1,2% y 1,0%, respectivamente. Las seroprevalencias para STGO, SFGR y TGR en las distintas regiones oscilaron entre el 5,5% y el 23%, el 0,5% y el 3,0% y el 0,0% y el 2,4%, respectivamente. Al evaluar los factores asociados a la presencia de anticuerpos, se observó una mayor seropositividad para STGO en perros que no habían sido desparasitados externamente, en aquellos de áreas rurales, perros machos, perros mayores y aquellos con un mayor número de garrapatas. Además, la probabilidad de encontrar perros positivos aumentó en hogares con más perros. No se encontraron factores asociados a la positividad para SFGR o TGR.

Conclusiones

Este estudio reveló una alta tasa de exposición de perros domésticos a STGO y una baja tasa de exposición a otros grupos de rickettsias en todo Chile. Lo cual demuestra que la exposición a *Orientia* en Chile es mucho más amplia de lo que se sabe actualmente. Se necesitan más estudios epidemiológicos para confirmar la amplia distribución de *Ca. O. chiloensis* y la posible endemia de otras especies rickettsiales. Este estudio fue financiado por FONDECYT Regular N°1130817, 1170810 y 1220813.

Keywords: seroprevalencia, rickettsia, rickettsiales, factores, exposición

Financing: Este estudio fue financiado por FONDECYT Regular N°1130817, 1170810 y 1220813.

Tamizaje serológico de enfermedad de chagas (ech) en gestantes del Servicio de Salud Metropolitano Occidente (ssmocc). experiencia 2017-2022.

edurne urarte izeta^{1,2}, **marisol denegri cartes**¹, **gabriel llull morchio**⁴, **fernando pasten pasten**³, **patricia mazzoni werner**¹, **isidora campbell araya**¹, **camilo amador marquez**¹, **javier salazar valenzuela**¹

- (1) Hospital Dr felix Bulnes Cerda, Infectología, Mapocho sur 7432 cerro navia, Santiago, Chile
- (2) Hospital San Juan de Dios santiago, Poli Chagas Infectología, Huerfanos 3255 Santiago, Santiago, Chile
- (3) Hospital Dr. felix Bulnes Cerda, Laboratorio Clínico, mapocho sur 7432 cerro navia, Santiago, Chile
- (4) Hospital san Juan de Dios Santiago, Huerfanos 3255, Santiago, Chile

INTRODUCCIÓN: La transmisión vertical de *Trypanosoma cruzi* es actualmente el principal mecanismo de nuevos casos de ECH en nuestro país. El tamizaje serológico de *T. cruzi* en gestantes, indicado en todo el territorio nacional, permite identificar aquellas madres infectadas para realizar evaluación clínica, seguimiento de sus RN/lactantes hasta confirmar o descartar la infección; además estudio de sus contactos especialmente de otros hijos para ofrecer tratamiento a todos los infectados. Las madres también deben ser tratadas una vez finalizada la lactancia, para prevenir la transmisión en los siguientes embarazos y disminuir la posibilidad de complicaciones de ECH crónica. El SSMOC inicia tamizaje de gestantes a mediados del 2016, las muestras se envían a los Hospitales San Juan de Dios (HSJD) y Dr. Félix Bulnes Cerda (HFBC) para ser confirmadas en el Laboratorio de Parasitología del Instituto de Salud pública de Chile (ISPCH) en caso de resultar reactivas a Electro quimioluminiscencia (EQL) realizada en Laboratorios clínicos locales.

OBJETIVOS: Conocer el funcionamiento de la red de derivación de gestantes positivas, procedencia de gestantes confirmadas, resultado de su evaluación clínica y estado de tratamiento a 5 años de iniciado el programa.

MATERIAL Y MÉTODO: Se identificaron exámenes con ECH positivo confirmado en ISPCH provenientes del tamizaje de gestantes, se evaluaron antecedentes clínicos y epidemiológicos de aquellas que fueron derivadas al policlínico de especialidad del HSJD y HFBC. Se identificó en ficha clínica, el resultado de su evaluación clínica y el estado de tratamiento anti *T. cruzi* durante los años 2017-2022. **RESULTADOS:** Se tamizaron 84.023 gestantes durante los años 2017-2022 confirmándose 241 gestantes (0,28%) en ISPCH, correspondiendo a pacientes bolivianas 175 (76%) y de procedencia rural 184 (79,6%). Ingresaron a seguimiento 175 gestantes (76 %), y de ellas completaron su clasificación clínica 163 (93%) correspondiendo en su mayoría a ECH indeterminada 160 pacientes (91,4%), 3 fueron catalogadas como ECH crónica determinada (1,75%) (2 colopatía y 1 esofagopatía), 12 (6,85%) se encuentran en estudio por sospecha de compromiso órgano blanco. Del total de pacientes atendidas solo se mantuvieron en control y recibieron tratamiento completo 34 (19,4%).

CONCLUSIONES: Las pacientes pesquisadas con ECH en el tamizaje de gestantes durante los años 2017- 2022, son en su mayoría migrantes bolivianas, que residen en zonas rurales de nuestro servicio de Salud, trabajadoras agrícolas temporales, lo que hace difícil su acceso a controles y administración de tratamiento. Se requiere acercar la atención de especialidad a estas pacientes para que se logre el objetivo de tratamiento del 90% exigido en las metas establecidas por el MINSAL y organismos internacionales para prevenir transmisión vertical en futuros embarazos.

Se implemento recientemente un policlínico de la especialidad en el área rural (Melipilla), para mejorar los resultados del programa. Hemos mejorado nuestros registros y notificación logrando estar cerca de las metas esperados, quedando como tarea pendiente lograr el tratamiento antiparasitario en este grupo de personas.

Keywords: Chagas;gestantes; tamizaje serologico

Financing: NO

Acknowledgments: A toda la red de Chagas SSMOCC y a Laboratorio Parasitologia ISP Chile.

**Propagación de *Candidatus Orientia chiloensis* a partir de muestras humanas en cultivo de células L929**Constanza Martínez-Valdebenito¹, Katia Abarca Villaseca¹, Thomas Weitzel², Gerardo Acosta-Jamett³

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Enfermedades Infecciosas e Inmunología Pediátricas, Medicina, Diagonal Paraguay 362, Santiago, Chile

(2) Universidad del Desarrollo, Clínica Alemana de Santiago, Medicina, Av. Plaza 683, Santiago, Chile

(3) Universidad Austral, Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, De Ciencias Veterinarias, Isla Teja SN, Valdivia, Chile

Antecedentes

El tifus de los matorrales (TM) es causada por *Orientia tsutsugamushi* e históricamente se limitaba a la región de Asia Pacífico. Sin embargo, en 2006 se identificó un caso de TM asociado a un organismo similar a *Orientia* en Chile. En los últimos años, nuestro grupo ha investigado este nuevo patógeno, denominado *Candidatus Orientia chiloensis*, incluyendo su epidemiología y transmisión en Chile. Este trabajo describe el primer aislamiento y propagación de esta especie en líneas de cultivo celular a partir de muestras clínicas.

Métodos

Se inocularon en células de fibroblastos de ratón (L929) muestras de escara y sangre de 30 casos de TM confirmados por qPCR. Las muestras positivas para detección de DNA de *Orientia*, se inocularon en monocapas de células, se incubaron a 35°C durante 1 hora y se observaron diariamente hasta 15 días posterior a la infección. Luego, se cosecharon los cultivos para realizar qPCR modificada de rrs (*Orien16S*) y PCR convencional dirigida a rrs y *htrA* para secuenciación y análisis posterior con el software MEGAX. Además, se utilizó el pellet celular de los cultivos para la realización de una prueba de inmunofluorescencia (IF) con suero de pacientes chilenos con TM confirmado para demostrar reactividad y visualizar los organismos cultivados. En otra etapa, se cultivó *Orientia* para la visualización mediante microscopía electrónica para ello. La monocapa celular infectada por 10 días se fijó con glutaraldehído al 2,5% por 16 horas, se post-fijó en tetróxido de osmio al 1% en buffer cacodilato durante 90 min y luego se lavó durante 30 min con 3 cambios de agua bidestilada. Se tiñó en bloque con acetato de uranilo 2% acuoso durante 1 hora. Se deshidrató con una batería de acetona de 50, 70, 95, 100 y 100% durante 15 min cada una. Se pre incluyó en resina:acetona 1:1 durante toda la noche. para visualizar la presencia de bacterias intracelulares en un microscopio electrónico de transmisión Thermo-Fisher Talos F200C (TEM) a 200 kV.

Resultados

Entre las 20 muestras de capa leucoplaquetaria y las 30 muestras de escaras probadas, demostramos el crecimiento de *Orientia* en 2 (10%) y 5 (16%), respectivamente, utilizando *Orien16S* (valores de Ct de 20-30). Se secuenció uno de los aislados, mostrando identidades del 98% para rrs y del 97% para *htrA*, respectivamente. Los análisis filogenéticos agruparon el aislado en el mismo clado previamente identificado como *Candidatus O. chiloensis*. La prueba de IF mostró una alta reactividad a una dilución de 1/256. El TEM reveló la presencia de bacterias cocobacilares intracelulares (0,5 µM) compatibles con células de *Orientia* dentro de las células L929.

Conclusión

El estudio demuestra el exitoso cultivo y propagación de *Candidatus Orientia chiloensis* en líneas de cultivo celular L929. El aislamiento de esta nueva especie de *Orientia* en cultivo es un paso importante para futuros estudios, incluyendo la caracterización genética completa de la especie causante de la infección en Chile y el desarrollo de ensayos serológicos locales.

Keywords: *Orientia*, Aislamiento, tifus de los matorrales, enfermedades vectoriales, diagnóstico

Financing: Este estudio fue financiado por FONDECYT Regular N°1130817, 1170810 y 1220813.

Acknowledgments: Agradecimientos a Dra Jeanne Salje por su valiosa colaboración.

Tuberculosis Extra pulmonar en el Hospital Félix Bulnes años 2020 - 2023: Estudio retrospectivo Observacionalpatricia mazzoni werner¹, javiera salazar¹, Victor Contreras Suarez¹, MARIA SOLEDAD SEPULVEDA BRITO¹

(1) Hospital Félix Bulnes, Avenida Mapocho sur 7432, Cerro Navia, Región Metropolitana, Santiago de Chile, Chile

Introducción: La tuberculosis extra pulmonar es una patología que en la mayoría de las áreas de Chile ha ido en descenso. Esta situación ha llevado a que sea cada vez más lejano incluir a las presentaciones de TBC extra pulmonar, dentro de los diagnósticos diferenciales. En las comunas que atiende el Hospital Félix Bulnes, hemos evidenciado un aumento en los diagnósticos de tuberculosis extra pulmonar en relación a la situación nacional, así como también a la descrita a nivel mundial. **Hipótesis:** En la población que se atiende en el HFB existe una mayor prevalencia de tuberculosis extra pulmonar y asociado a esto, una mayor mortalidad, en comparación a lo publicado en el resto de Chile. Estas diferencias epidemiológicas se deben posiblemente a factores sociales como la mayor cantidad de personas en situación de calle y con consumo de drogas.

Metodología: Se realizó un estudio observacional descriptivo de las series de casos diagnosticados e ingresados como tuberculosis extra pulmonar en el programa de tuberculosis del Hospital Félix Bulnes entre los años 2020-2023.

Resultados: Se obtuvieron un total de 163 casos de tuberculosis diagnosticados entre los años 2020 al 2023 en el Hospital Félix Bulnes cerda. De estos casos, 87 (53%) de los casos correspondieron a TBC Pulmonar, y 76 (47%) casos a TBC Extra Pulmonar. De las TBC extra Pulmonares se distribuyeron de la siguiente forma; TBC Miliar 25 (33%); TBC pleural 16 (21%); TBC Ganglionar 9 (12%); TBC peritoneal 8 (10%); TBC columna 6 (8%); TBC meníngea 4 (5.3%); TBC Testicular 2 (2.6%); TBC mama 1 (1.3%); TBC piel 1 (1.3%). Dentro de las variables epidemiológicas, 124 casos correspondieron a personas de nacionalidad chilena (76%), siguiendo en frecuencia 13 casos de nacionalidad peruana; 8 casos de nacionalidad venezolana; 7 casos de nacionalidad haitiana; 3 casos de nacionalidad boliviana; 2 casos de nacionalidad colombiana; 1 caso de nacionalidad argentina y 1 caso de nacionalidad república dominicana. La distribución por sexo asignado al nacer fue en una razón de mujer/hombre = 31/44. La distribución por edad, se correspondía en su mayoría a el rango de edad entre 30-49 años, seguido por el rango de edad de 49-69 años. Dentro de la serie de casos destaca la aparición de casos índices pediátricos observando 7 casos en menores de 15 años. La mortalidad total del grupo de casos fue de 41 pacientes, los que corresponden a un 25% del total. De este grupo de personas fallecidas, 16 (39%) casos correspondían al grupo de TBC extra pulmonar y 25 casos (60%) a TBC pulmonares. Se encontró también un aumento de la mortalidad global de la serie de casos de TBC en un 25% lo cual muestra una estrecha relación al factor social de vivir en situación de calle.

Discusión: Las personas que viven en situación de calle y que presentan TBC en cualquier tipo de presentación, tiene un riesgo relativo de fallecer de 3.5 veces mayor que las personas con TBC que no se encuentran en situación de calle. Los factores sociales podrían estar definiendo las diferencias epidemiológicas encontrada en nuestra población, y explicar el aumento en prevalencia y mortalidad encontrada en relación a la reportada en Chile.

Conclusiones: La población de personas con Tuberculosis que se atienden en el HFB, presentan una mayor mortalidad, y mayor presentación de TBC extra pulmonar, posiblemente relacionada a factores sociales como vivir en situación de calle y la drogadicción. Buscamos con este estudio dar inicio a estudios multicentricos, que den la justificación de adoptar medidas sanitarias locales, como la implantación de Centros comunitarios de atención especial para personas de alto riesgo social que presenten TBC en cualquier tipo de presentación clínica

Keywords: Tuberculosis, Tuberculosis extra pulmonar; Situación de Calle; mortalidad

Acknowledgments: Agradecimiento a todo el Equipo de PROCET del Hospital Felix Bulnes

**Experiencia de nueve casos de Chagas infantil. Descripción clínico epidemiológica, síntomas, tratamiento, efectos adversos en el Hospital Doctor Ernesto Torres Galdames**Olga Lopez Muñoz¹, Lissette Dominguez Rodríguez¹, Liliana Salazar García¹

(1) Hospital Doctor Ernesto Torres Galdames, Infectología, Heroes de la Concepción 502, Iquique, Chile

1. Introducción:

La enfermedad de Chagas es una zoonosis producida por el protozoo *Trypanosoma cruzi*. En Chile se transmite por el vector *Triatoma infestans*. Se extiende desde México hasta el cono sur, a la altura de la sexta región. La OMS la declaró como la enfermedad tropical desatendida parasitaria más importante de las Américas. Sus mecanismos de transmisión son vectorial, sanguínea (transfusional), oral (por jugo de frutas), y vertical. Actualmente Chile está libre de la transmisión vectorial y oral, siendo la transmisión vertical el mecanismo que genera nuevos casos en nuestro país. Sin embargo, en los países fronterizos como Perú, Bolivia y Argentina todavía persiste la transmisión vectorial. En la macrozona norte de Chile se observa viajes desde Bolivia para tener sus hijos en Chile, representando en nuestro hospital el 56% de los partos. Esto se da por menor morbimortalidad perinatal y entrega de ajuares del Programa Chile Crece. Esto genera la paradoja de no contar con la transmisión vectorial y la necesidad de estudiar muchos binomios para los casos de detección de la transmisión vertical de la Enfermedad de Chagas. El estudio de los RN según la norma técnica vigente debe ser estudiado con PCR de *Trypanosoma cruzi* y Microstrout. Es fundamental hacer diagnóstico precoz en los niños, ya que tienen mayor probabilidad de cura clínica y serológica.

2. Objetivos: caracterización clínico epidemiológica de 9 casos de Chagas infantil, RAM a nifurtimox y seguimiento.

3. Material y método: seguimiento prospectivo de 9 casos de Chagas congénito y revisión de ficha clínica, Título IFI Chagas, Revisión de RAM a Nifurtimox y respuesta clínica.

4. Resultados: 9 casos, 5 H/ 4M. Edad diagnóstico 8 meses - 14 años (mediana 29 meses). Todos pacientes son hijos de bolivianas.

1 caso nació con Hidrops fetal, 7 casos asintomáticos, uno de los casos fue diagnosticado a los 14 años, por lo que no se puede asegurar que haya habido adquisición vectorial o vertical. Los 7 casos congénitos fueron confirmados por PCR. Título basal IFI Chagas 1/80 a 1/1280, con caída de título IFI 2-3 veces. Los 7 tratados negativizaron su PCR de *Trypanosoma cruzi* sanguínea.

8 han recibido tratamiento y un caso está por iniciar tratamiento. 2 casos (7 y 8 meses) recibieron nifurtimox 10 mg/kg/día dividido en tres tomas y 6 recibieron nifurtimox 8 mg/kg/día dividido en tres dosis. En ambos grupos se inició de tratamiento con dosis progresiva: 1/4 de dosis por cinco días, 1/2 de dosis por cinco días y desde el día 11 con dosis plena. Se completó 60 días de tratamiento, incluyendo el inicio escalonado de tratamiento. Sólo un caso tuvo eosinofilia leve, que no ameritó suspensión del tratamiento. Ninguno tuvo cefalea, mialgia, astenia o anorexia.

Seguimiento post tratamiento 1 - 6 meses.

5. Conclusiones:

El movimiento migratorio produce un gran impacto en la necesidad de estudio de transmisión vertical de la Enfermedad de Chagas.

Es fundamental implementar en todos los hospitales microstrout, para poder pesquisar los casos de Chagas congénito que tienen riesgo de irse a Bolivia con su diagnóstico realizado.

Nifurtimox al ser usado en dosis progresiva, disminuye considerablemente la aparición de efectos adversos a medicamentos, permitiendo completar tratamiento.

Los criterios de cura en niños se definen por negativización de PCR de *Trypanosoma cruzi* y negativización de IFI Chagas, por lo cual es prioritario tener acceso expedito a estos exámenes.

Keywords: Chagas congénito, Nifurtimox, Transmisión vertical

Financing: No hay

Subnotificación de enfermedades de notificación obligatoria en un centro terciario de la región Metropolitana, Chile 2022

Izkiá Siches Pastén^{1,2}, Alejandra Cespedes Lacombe^{2,3}, Camila Cubillos Godoy², Valentina Higuera Moreno², Angel Geraldo Guarda³

(1) Hospital San Juan de Dios, Unidad de Infectología, Huerfanos 3255, Santiago, Chile

(2) Hospital San Juan de Dios, Equipo de Epidemiología, Huerfanos 3255, Santiago, Chile

(3) Hospital San Juan de Dios, Laboratorio Clínico, Huerfanos 3255, Santiago, Chile

INTRODUCCIÓN:

La vigilancia en salud pública es una herramienta fundamental para la planificación, ejecución, toma de decisiones y evaluación. Chile tiene una larga tradición que ha contribuido a reducir la incidencia y prevalencia de enfermedades transmisibles. Para ello, se requiere una red que permita detectar, vigilar y notificar eventos de importancia. El Código Sanitario, mediante el Decreto 7, establece los mecanismos de vigilancia, las responsabilidades y sanciones. El modelo de vigilancia chileno para las enfermedades transmisibles, vigente desde el año 2000, incluye tres subsistemas de vigilancia: laboratorio, ambiental y morbilidad. Para este último, el médico tratante es responsable de notificar cuando se sospecha o confirma un caso de Enfermedad de Notificación Obligatoria (ENO). En nuestro centro público de alta complejidad de la Región Metropolitana (RM) hay 7 equipos responsables de notificar enfermedades dentro de programas establecidos: VIH (Infectología), ITS Sífilis y Gonorrea (UNACESS de Dermatología), Chagas (Parasitología), VHB y VHC (Gastroenterología), TBC (Broncopulmonar) y Lepra (Dermatología). El resto de las ENO son notificadas por cada médico/a tratante bajo supervisión del equipo de epidemiología del centro de salud y es en estos casos donde se observan las principales falencias.

OBJETIVOS:

Estimar los niveles de subnotificación de ENO en un centro de salud público de alta complejidad, durante el año 2022.

MATERIALES Y MÉTODOS:

El presente estudio corresponde a un análisis descriptivo observacional de las ENO realizadas en un centro público de alta complejidad de la RM, Chile, que cuenta con atención abierta y cerrada. El análisis contempla solo los casos dentro del año calendario 2022. Para obtener la información se solicitó a la SEREMI de Salud de la RM las bases de datos de Epivigila de todas las ENO inmediatas y diarias registradas del centro de salud excluyendo COVID-19. Se compararon las principales ENO con los registros del laboratorio del centro de salud y solicitudes y confirmaciones del Instituto de Salud Pública (ISP) de Chile. Se rescataron del laboratorio los hemocultivos positivos, cultivo de LCR positivos, cultivo de líquido pleural, LCR con más de 100 células sin microorganismo aislado derivado a ISP. Se cuantificaron las solicitudes al ISP de estudio de triquinosis, arbovirosis y las confirmaciones del ISP para VHB, VHC, VIH y Chagas. Se compararon las notificaciones existentes para los casos de sospecha y confirmación según corresponde.

RESULTADOS:

Se notificaron 810 casos en Epivigila: 68 ENO inmediatas (excluyendo COVID-19) y 742 diarias. Para el listado correspondiente a ENO inmediata se rescataron un total de 266 solicitudes de exámenes por sospecha, estimando una notificación cercana al 25%. Las de menor notificación corresponden a triquinosis con 1 notificación de 72 solicitudes (1,3%) y Arbovirus con 2 notificaciones de un total de 91 solicitudes (2%). El escenario en ENO diarias es diferente: De 742 casos en Epivigila, 733 corresponden a programas (VIH, Chagas, ITS, VHB, VHC, Lepra). Solo 9 notificaciones están fuera de programas. Destaca la falta de notificación de *Streptococcus pneumoniae* invasor existiendo solo 2 notificaciones de un total de 15 registradas por el laboratorio (13%). Dentro de las enfermedades asociadas a programa destaca el caso de VHC, con solo con 12 notificaciones de 24 confirmaciones del ISP (50%).

DISCUSIÓN

Existe una subnotificación en el centro de salud, mayoritaria en ENO inmediata. En el caso de ENO diarias, los programas alcanzan altos niveles de notificación con personal asignado y capacitado para ello. La subnotificación de VHC podría deberse a que los pacientes confirmados por el ISP no acuden a la evaluación clínica, dificultando que se realice la notificación. Desde la medición 2022 el equipo de epidemiología ha realizado una serie de intervenciones para reducir la brecha, educando al personal clínico y fortaleciendo la supervisión mediante el reporte continuo del laboratorio local de solicitudes, resultados positivos y confirmaciones del ISP.

Keywords: Notificación Obligatoria Epidemiología Vigilancia Emergentes

Financing: Sin financiamiento

Acknowledgments: Hospital San Juan de Dios Equipos clínicos de Salud Epidemiología SEREMI Salud RM Equipo de Epidemiología HSJ D Unidad de Infectología HSJ D Laboratorio Clínico HSJ D

Serie de tres casos de pacientes con meningoencefalitis Chagásica en Pacientes VIH. Clínica, diagnóstico, tratamiento y evolución.**Olga Lopez Muñoz¹**, Damián Garces Todorovich¹, María Jercic Lara², Graciela Herrera Rojas³, Isabella Tapia Bazaes⁴

(1) Hospital Dr. Ernesto Torres Galdames, Iquique, Infectología, Heroes de la Concepción 502, Iquique, Chile

(2) Instituto de Salud Pública, Parasitología, Marathón 1000, Santiago, Chile

(3) Universidad Andrés Bello, (alumna de pregrado de Medicina), Medicina, Lorenzo Sazie 2320, Santiago, Chile

(4) Universidad del Alba, (alumna de pregrado de Medicina), Medicina, Ejercito 171, Santiago, Chile

1. Introducción: La enfermedad de Chagas en una enfermedad zoonótica producida por el *Tripanosoma cruzi* y su vector en Chile es *Triatoma infestans*. Se extiende desde México hasta el cono Sur. Es la enfermedad tropical desatendida parasitaria más importante para las Américas. En nuestro Chile hay desconocimiento de prevalencia y tratamiento. Fases: aguda y crónica que puede ser indeterminada o con compromiso de órganos en esófago, colon y corazón. En pacientes inmunosuprimidos (trasplante de órganos o precursores hematopoyéticos, síndromes linfoproliferativos y VIH en etapa SIDA) puede presentar reactivación aguda de la fase crónica, siendo las formas más frecuentes miocarditis, meningoencefalitis y chagoma cerebral, las que tienen 100% de mortalidad si no se tratan dentro de las primeras tres semanas.

2. Objetivos: caracterizar la serie en presentación clínica, laboratorio, tratamiento, repuesta a fármacos y sobrevida.

3. Material y método: revisión prospectiva de 3 casos (1 Hospital de Ovalle chileno y 2 Hospital de Iquique bolivianos), clínica, laboratorio, tiempo de tratamiento con nifurtimox y sobrevida.

4. Resultados

Caso 1: 2005, varón 36 años, chileno, Hospital de Ovalle. 3 meses de baja de peso progresiva, diarrea crónica, disfagia y postración. Una semana antes de su hospitalización fiebre, cefalea intensa, alteración de la memoria, pérdida de control de esfínteres y el día de su hospitalización convulsión tónico-clónica generalizada. EDA con candidiasis esofágica. Ig M/ Ig G toxoplasmosis negativa. LTCD4 135, CV 44000. IFI Chagas 1/160. Presentó signos meníngeos. LCR: glucosa 0.48 mg/dl, proteínas 0.84 mg/dl, leucocitos 50, polimorfonucleares 90%, mononucleares 10%, Tinta china negativa, VDRL (-). Frotis de LCR tripoamastigote nanado en LCR. TAC de cerebro demostró lesiones hipodensas de la sustancia blanca de ambos hemisferios cerebrales. Se inició tratamiento con nifurtimox 200 mg cada 8 horas, que se mantuvo por 7 meses, hasta llegar a LTCD4 > 200. Se adicionó profilaxis de PCP con cotrimoxazol forte. La TARV se inició a las 2 semanas con AZT/3TC + EFV. A los 7 meses tuvo LTCD4 256 y CV <80. Se adicionó fenitoína por las convulsiones. Actualmente tiene 18 años de sobrevida y lleva una vida normal.

Caso 2: 2019, varón 39 años, boliviano, Hospital de Iquique. Sin antecedentes mórbidos. Debut de VIH. LTCD4 60, CV 1290. Tuvo compromiso de conciencia, por lo que se conectó a VMI. IFI Chagas (+) 1/80. TAC de cerebro sin masas. LCR: proteínas 6.27 g/dl, glucosa 0.27 g/dl, leucocitos 69, polimorfonucleares 80%, mononucleares 20%, VDRL (-), tinta china (-), Gen Expert (-), panel PCR bacteriano (-), PCR de *Tripanosoma cruzi* (ISP) positiva. Se inició nifurtimox 8 mg/kg/día dividido en 3 tomas. Se adicionó profilaxis de PCP y de MAC. A las dos semanas se inició TDF/TFC/EFV. Se dió de alta, con Glasgow 15, a la tercera semana de tratamiento de la meningitis Chagásica y acudió al control a la semana post alta. Hubo pérdida de seguimiento porque regreso a su país.

Caso 3: 2023, mujer 36 años, boliviana. Hospital de Iquique. Sin antecedentes mórbidos. Debut de VIH, diagnóstico por contacto VIH (+), LTCD4 77, CV 189000. IFI Chagas (+) 1/80. A la consulta de ingreso refirió que tenía paresia y parestesia en su extremidad superior izquierda de 3 semanas de evolución. Se derivó a urgencias. TAC de cerebro normal, RNM de encéfalo con discreto refuerzo de leptomeninges. LCR: proteínas 0.4 mg/dl, glucosa 0.49 mg/dl, leucocitos 6 cel/ml, polimorfonucleares 17%, mononucleares 83%, gene expert (-), VDRL (-), panel PCR bacteriano (-), PCR de *Tripanosoma cruzi* (ISP) positiva. Inició nifurtimox 8 mg/kg/día dividido en tres tomas, que se mantuvo en esa dosis por 2 meses y luego se bajó a 120 mg cada 12 horas por 1 mes. Se adicionó profilaxis de PCP y MAC. Inició TARV 3TC/TDF/DTG a la cuarta semana, cuando ya no tenía síntomas neurológicos. Al tercer mes LTCD4 140, CV <20, IFI Chagas 1/20, PCR sanguínea de *Tripanosoma cruzi* (-). Tiene sobrevida al cuadro de 7 meses y esta haciendo una vida normal.

5. Conclusiones:

El tratamiento puede hacerse en hospitales de mediana complejidad.

Es fundamental contar con el antecedente de un tamizaje positivo a Chagas para sospechar este cuadro.

Acceso rápido a PCR de *Tripanosoma cruzi* en LCR (ISP).

Todos los casos tuvieron respuesta a nifurtimox.

Es importante dar a conocer la existencia de este cuadro dentro de los equipos de salud, para que se pueda sospechar y tratar oportunamente.

Keywords: Chagas, Meningitis Chagásica, Nifurtimox, SIDA, Inmunosuprimidos

Financing: No hay financiamiento.

Acknowledgments: Agradecimientos: Dra. Irene Levy (fotografía en LCR), Dra. Susana Verdugo (acceso a nifurtimox paciente 2005), Dr. Renzo Tassara y Dra. Patricia Muñoz (enseñanza de Chagas)

Evaluación de diez años de programa transmisión vertical de Chagas del Servicio Salud Aconcagua, Chile**Daniel Cortés Guerra**¹, Marcelo González²

(1) Hospital San Camilo, Servicio Pediatría, San Felipe, Chile

(2) Hospital San Camilo, Programa Chagas, San Felipe, Chile

Antecedentes:

Chagas es la enfermedad causada por el parásito protozoario *Trypanosoma cruzi*, endémica en Chile y considerada como enfermedad desatendida por la Organización Mundial de la Salud.

Con múltiples métodos de transmisión, el mecanismo tradicional vectorial se encuentra bajo control epidemiológico en el país, siendo la transmisión congénita por vía transplacentaria la de mayor relevancia desde el punto de vista de la salud pública.

Objetivo: Describir perfil clínico y de seguimiento acorde a guía nacional del programa de Chagas congénito de la red Servicio Salud Aconcagua (SSA), Chile.

Sujetos y método: Estudio descriptivo, transversal, empleando bases de datos pertenecientes al programa de monitoreo de Chagas congénito de la red Servicio de Salud Aconcagua, durante el período 2013 a 2022. Se describe perfil epidemiológico, seguimiento y categoría diagnóstica final de pacientes nacidos de madres que viven con Chagas en período descrito acorde a guías nacionales del programa.

Resultados: Se registró un total de 82 pacientes hijos de madres que viven con Chagas durante el período de seguimiento. 41 (51%) de sexo femenino. Hubo un total de 15 (18%) pacientes con pérdida de seguimiento para definir categoría final.

Respecto al perfil de las madres de los pacientes, 73 se encontraban en fase crónica indeterminada, con 1 de ellas con megacolon chagásico y fase clínica no descrita en los registros en las 8 restantes. Solo 18 (22%) tienen antecedente de terapia previo a gestación, siendo 36 (44%) originarias de alguna comuna de la red del Servicio Salud Aconcagua, destacando que 22 (27%) son de nacionalidad boliviana. Se desconoce el estatus serológico de las abuelas maternas en la mayor parte de los casos (65%).

De los 67 pacientes que completaron seguimiento, en 61 de ellos fue descartada la transmisión vertical acorde a protocolo de seguimiento, con muestreo secuencial mediante PCR para *Trypanosoma cruzi* no detectado y con estudio serológico negativo por al menos 2 métodos para conclusión final. Se documentaron 6 casos de infección vertical, ninguno de ellos con antecedente de terapia materna previo gestación. Sólo en 2 de estos casos (33%) se documentó negativización serológica posterior a tratamiento. Hubo un solo caso que no logró completar terapia por reacción adversa a 2 tipos de terapia.

Conclusiones: Chagas congénito es un tema relevante en nuestra región. Existen dificultades en el seguimiento de este grupo evidenciado por la tasa de pérdida de seguimiento de estos pacientes, concordante con perfil de enfermedad desatendida. Con los resultados obtenidos, se está trabajando localmente en el desarrollo de una intervención de tipo "mejora calidad" del proceso de atención, en búsqueda de tasa de pérdida de seguimiento menor o igual al 5% en los próximos 5 años.

Keywords: Chagas, congénito, desatendida

Financing: Sin financiamiento externo

Infecciones extrapulmonares por micobacterias no tuberculosas en Chile, 2009-2020Pablo Valenzuela¹, Christian Conde², Fabiola Arias³, Álvaro Díaz⁴, Nadia Escobar⁵

(1) Unidad de Infectología, Servicio de Medicina, Hospital DIPRECA, Vital Apoquindo 1200, Las Condes, Santiago, Chile

(2) Departamento de Infectología, Servicio de Medicina, Complejo Asistencial Barros Luco, Santiago, Chile

(3) Sección Micobacterias, Instituto de Salud Pública de Chile, Santiago, Chile

(4) Sección Micobacterias, Instituto de Salud Pública de Chile, Santiago, Chile

(5) Programa de Control y Eliminación de la Tuberculosis. Ministerio de Salud, Santiago, Chile

1. INTRODUCCIÓN

Las micobacterias no tuberculosas (MNT) son un amplio y heterogéneo grupo de bacterias, compuesta por más de 180 especies, de reservorio ambiental, con diferentes grados de patogenicidad en humanos. A nivel mundial su epidemiología no está clara, pero diferentes países evidencian un aumento sostenido de su incidencia, sobretodo en aquellos con un control de la infección por *Mycobacterium tuberculosis*. En Chile se desconoce la magnitud de esta patología.

2. OBJETIVOS

Estimar la prevalencia de las infecciones extrapulmonares por MNT en Chile entre los años 2009 y 2020. Describir la microbiología de las infecciones extrapulmonares por MNT en Chile entre los años 2009 y 2020. Describir el perfil epidemiológicos de las infecciones extrapulmonares por MNT.

3. MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio descriptivo, retrospectivo, del registro de micobacterias identificadas por la Sección Micobacterias del Instituto de Salud Pública entre los años 2009 y 2020. Se incluyeron todos los cultivos de micobacterias en medio sólido o líquido rotulado como extrapulmonar derivados para identificación al Instituto de Salud Pública entre los años 2009 y 2020. Las especies se identificaron mediante la técnica de polimorfismos de longitud de fragmentos de restricción (RLFP) y secuenciación del gen hsp65 entre los años 2009 y 2015, desde el 2015 por hibridación reversa en tiras con sondas (GenoType Mycobacterium CM 2.0, GenoType Mycobacterium AS, GenoType Mycobacterium NTM-DR) y secuenciación del gen hsp65. Se creó una base de datos en el programa Excel 2016 para recabar la información mencionada, donde sólo tienen acceso aquellos involucrados directamente en su creación (F.A y A.D.) y un asesor externo de la Sección de Micobacterias (P.V.). Las variables a medir son: sexo, número de cultivos positivos, especies identificadas, órganos comprometidos y lugar geográfico de origen. Estas se expresarán como números absolutos y porcentajes. Protocolo aprobado por el Comité de Ética del Hospital DIPRECA.

4. RESULTADOS

Durante el período 2009-2020 hubo 323 cultivos extrapulmonares positivos para MNT, provenientes de 281 pacientes, 205 (72.9%) eran de sexo masculino, hubo 26 pacientes (12.6%) con más de 1 cultivo positivo y 2 pacientes con más de 1 MNT identificada. Se identificaron 18 aislamientos el año 2009, 18 el 2010, 27 el 2011, 17 el 2012, 20 el 2013, 29 el 2014, 42 el 2015, 22 el 2016, 29 el 2017, 55 el 2018, 21 el 2019 y 25 el 2020, correspondiendo a 129 entre 2009-2014 y 194 entre 2015-2020. El origen geográfico fue Región Metropolitana (244, 75%), del Biobío (23, 7%), Valparaíso (16, 5%), Los Lagos (14, 4%), Araucanía (11, 3%), Maule (6, 2%), O'Higgins y Los Ríos (3, 1% cada una), Atacama, Antofagasta y Magallanes y Antártica Chilena (1 aislamiento cada uno). Las micobacterias se identificaron en sangre (202, 62.5%), orina (41, 12.6%), ganglios (28, 8.6%), pleura (25, 7.7%), osteo-articular (13, 4%), peritoneal (8, 2.4%), líquido cefalorraquídeo (5, 1.5%) y pericardio (1, 0.3%). 86.3% de las MNT identificadas se clasificaron de crecimiento lento, 13.3% de crecimiento rápido y 1 MNT no fue posible de clasificar. Las micobacterias de crecimiento lento fueron *M. avium* (176, 54.4%), complejo *M. avium-intracellulare* (47, 14.5%), *M. goodii* (14, 4.3%), *M. intracellulare* (12, 3.7%), *M. kansasii* (10, 3%) y *M. simiae* (9, 2.7%). Las micobacterias de crecimiento rápido fueron *M. chelonae* (13, 4%), grupo *M. fortuitum* (10, 3%) y complejo *M. abscessus* (5, 1.5%).

5. CONCLUSIONES

En Chile existe un aumento de las infecciones extrapulmonares por MNT, explicado en parte por la implementación de nuevas herramientas diagnósticas por parte del Laboratorio de Referencia Nacional. Estas infecciones afectan principalmente al sexo masculino, se concentran en la zona centro-sur con mínima representación de regiones extremas, corresponden a infecciones con compromiso hematógeno, genitourinario y ganglionar, donde predomina el complejo *M. avium-intracellulare*.

Keywords: Micobacteria, micobacteria no tuberculosa, Mycobacterium avium-intracellulare, infección

Financing: No recibió financiamiento.

Acknowledgments: Al personal de la Sección Micobacteria del ISP.

Perfil de resistencia de microorganismos identificados en bacteriemia en pacientes hemato-oncológicos en hospital terciario de Santiago de Chile.

Cinthia Carleo¹, Natalia Díaz Hernández¹, Fernanda Undurraga¹, Mariella Raijmakers¹

(1) Universidad de Santiago de Chile, Hospital Barros Buco Trudeau, Ciencias Médicas, Gran Avenida 3204, Santiago de Chile, Chile

Introducción:

Las infecciones en pacientes con inmunosupresión hemato-oncológica son una complicación grave, con una alta mortalidad, especialmente si hay bacteriemia. La cual es frecuente debido al especial riesgo por factores propios de su enfermedad de base y tratamiento, hospitalizaciones, procedimientos y uso de dispositivos invasivos.

Es así que la adecuada elección del tratamiento antibiótico empírico es crucial, más aún en la era de la resistencia antimicrobiana, en que es fundamental conocer las tasas de resistencia locales, para así establecer esquemas antibióticos empíricos adecuados a la situación local.

Objetivos: Describir el perfil de resistencia de microorganismos aislados desde botella de hemocultivo, obtenidos de pacientes con patología hemato-oncológica que cursaron con fiebre (con o sin neutropenia) hospitalizados en un servicio de hematología de un hospital terciario en Santiago de Chile.

Material y métodos: Estudio observacional retrospectivo. Se solicitó al laboratorio de microbiología los hemocultivos positivos entre enero 2021 y junio 2022. Se evaluó la susceptibilidad antimicrobiana por método automatizado de microdilución en caldo (sistema BD Phoenix™ AP), informándola según las definiciones del CLSI vigentes al 2022. En bacilos Gram negativos (BGN) se utilizó el mismo sistema para detección de Betalactamasas de espectro extendido (BLEE) e inmunocromatografía de flujo lateral (Coris BioConcept) para detección de carbapenemasas.

Luego se revisaron las fichas clínicas electrónicas, extrayendo datos epidemiológicos, diagnósticos, días de hospitalización hasta el evento febril, estado de neutropenia y tratamientos antibióticos recibidos.

Resultados: Se obtuvo un total de 48 hemocultivos positivos, correspondientes a 25 pacientes. Los diagnósticos de base fueron: 56% Leucemia mieloide aguda, 20% Leucemia linfoblástica aguda, 12% Linfoma no Hodgkin, 8% Leucemia mieloide crónica y 4% anemia aplásica.

En el 98% de los eventos de bacteriemia, los pacientes estaban hospitalizados para terapia de inducción, consolidación o rescate. El 90% de ellos presentaban neutropenia (PMN <500) y 54% neutropenia prolongada (mayor de 7 días). Solo 1 paciente se encontraba recibiendo profilaxis antibiótica. En 71% de los eventos (34/48), se registró una hospitalización en los 3 meses previos. Todos recibieron como esquema antibiótico empírico imipenem más vancomicina y en 6 casos se asoció amikacina.

El 59% de las bacteriemias fueron causadas por BGN y 41% por bacterias Gram positivas, siendo las más frecuentes *Escherichia coli* (37,5%), *Enterococcus spp.* (14,5%) y *Klebsiella pneumoniae* (12,5%).

En BGN 23% (7/30) de las cepas fueron resistentes a cefalosporinas de cuarta generación (cefepime), 3 *E. coli* y 4 *K. pneumoniae*.

En bacterias gram positivas se detectó una resistencia de 55,5% (10/18), principalmente en *Enterococcus spp.*, de los cuales 6 correspondieron a *Enterococcus faecium*, todos resistentes a Vancomicina y 1 a *Enterococcus faecalis* sensible a ampicilina. Además *Staphylococcus epidermidis* en 4/18. De las 6 bacteriemias por *E. faecium*, 4 tenían hisopados rectales positivos con el mismo microorganismo. En 52% pacientes se hizo un ajuste de terapia antibiótica tras resultado de antibiograma en una media de 3.6 días (rango 2-11 días), y en el resto se mantuvo la terapia inicial por sospecha de infección polimicrobiana.

Conclusiones: En esta serie de casos de bacteriemia, predominan BGN, con más de 20% de cepas productoras de BLEE, lo cual sustenta el esquema antibiótico empírico local basado en carbapenémico. El uso de Vancomicina amerita revisión y eventual cambio por otra alternativa dado el perfil de resistencia encontrado en cocos Gram positivos, de los cuales *E. faecium* resistente a Vancomicina, fue el predominante. Además, la identificación de casos de colonización por este microorganismo entre nuestros pacientes subraya la importancia de considerar la colonización como un factor de riesgo de bacteriemia. Estos resultados refuerzan la necesidad de implementar estrategias de vigilancia activa y adaptación continua de nuestro esquema empírico inicial, con el fin de garantizar un tratamiento empírico más adecuado. La implementación de estrategias de uso racional de antibióticos y la vigilancia constante de la resistencia antimicrobiana son fundamentales para garantizar una atención médica segura y efectiva.

Keywords: bacteriemia, resistencia antibiótica, inmunosuprimidos

Financing: Sin financiamiento.

Acknowledgments: A nuestros tutores guías en este trabajo.

**Remdesivir en pacientes pediátricos inmunocomprometidos con infección por sars-cov-2**

Gonzalo Valenzuela¹, Pedro Lopez Castro¹, Felipe Lizana², Katherine Barahona³, Carlos Palma⁴, Cecilia Vizcaya^{1,3}

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Enfermedades Infecciosas e Inmunología Pediátrica, Medicina, Diag. Paraguay 362, Santiago, Región Metropolitana, Chile

(2) Hospital Clínico UC-CHRISTUS, Farmacia, Medicina, Marcoleta 367, Santiago, Chile

(3) Hospital Clínico UC-CHRISTUS, Pediatría, Medicina, Marcoleta 367, Santiago, Chile

(4) Pontificia Universidad Católica de Chile, Centro de Investigaciones Médicas, Medicina, Marcoleta 391, Santiago, Chile

Introducción: La mortalidad de pacientes onco-hematológicos (OH), receptores de trasplante hematológico (TPH) y trasplantados de órganos sólidos (TOS) alcanza un 10-30% (ECIL-8, EORTC). Remdesivir (RDV) es un antiviral utilizado en COVID-19. En la actualidad, se dispone de escasos datos de eficacia y seguridad sobre su utilización en pacientes pediátricos con inmunosupresión. Reportamos la experiencia de uso de RDV en pacientes pediátricos onco-hematológicos (OH), receptores de trasplante hematológico (TPH) y trasplantados de órganos sólidos (TOS) en un hospital terciario.

Material y métodos: Serie de casos de pacientes pediátricos que recibieron RDV entre los años 2021 a 2023 en el Hospital Clínico UC-CHRISTUS. Se incluyeron pacientes pediátricos menores de 18 años, con diagnóstico de COVID-19 confirmado por RT-PCR. Se registraron datos clínico-demográficos, dosis y duración de tratamiento con RDV junto con efectos adversos y desenlaces clínicos (requerimiento de oxígeno, soporte ventilatorio, UCI y mortalidad a 30 días). Además, se obtuvo datos de excreción viral al seguimiento, mediante RT-PCR-SARS-CoV-2 con el kit TibMolBiol, dirigido a la región RdRP (Roche®), obteniendo un resultado positivo ($Ct \leq 37$), indeterminado ($Ct 37-40$) o negativo (sin amplificación). Los datos fueron obtenidos a partir de las fichas clínicas de los pacientes, con dispensa de consentimiento previa aprobación ética (ID 220228004).

Resultados: Nueve pacientes recibieron RDV durante el período evaluado. Seis (66,7%) pacientes fueron receptores de TPH/OH y tres (33,3%) receptores de TOS. La mediana de edad fue 9 años, 5 (55,6%) de sexo masculino. Tres (33,3%) del total estaba previamente vacunado. Cinco pacientes recibieron dosis definida para población pediátrica y 4 dosis la dosificación de adultos (mayores 12 años). Tres pacientes (33,33%) requirieron dos o más cursos de RDV (cada uno de cinco días de tratamiento). Cuatro pacientes (44,4%), requirieron oxigenoterapia, pero ninguno requirió ventilación mecánica, traslado a UCI ni falleció durante la estadía hospitalaria. En cuanto a la excreción viral, cuatro (44,4%) lograron una RT-PCR negativa a los 30 días de iniciada la terapia. El Ct post-RDV fue mayor que el obtenido pre-tratamiento (18, RIQ 11.0-23.0 versus 30, RIQ 20.77-36.4; $p=0.04$). Se reportó solo un evento adverso (11,1%), que consistió en hipotensión autolimitada asociado a la infusión de RDV. Al día 5 de tratamiento, ningún paciente presentó falla renal aguda ni alteraciones en las pruebas hepáticas.

Conclusión: RDV corresponde a un tratamiento seguro para SARS-CoV-2 en pacientes inmunocomprometidos. Además, evitaría progresión de la enfermedad hacia formas graves, previniendo el requerimiento de soporte ventilatorio y necesidad de cuidados en UPC, pudiendo tener incluso un impacto en la mortalidad.

Keywords: COVID-19, SARS-CoV-2, hemato-oncología, remdesivir, trasplante órgano sólido

Financing: No aplica

Profilaxis anti-infecciosa en pacientes con mieloma múltiple (mm) y linfoma no hodgkin-b (lnh-b) inmunodeficientes tratados por anticuerpos monoclonales (AcMo) bi-específicosMario Ojeda-Urbe¹

(1) Ghrmsa Hôpital E Muller, Hematologie et Unite de Therapie Cellulaire, 20 Avenue du Dr Laennec, Mulhouse, Francia

INTRODUCCIÓN. La inmunoterapia del MM es parte de sus más recientes tratamientos. El uso en MM de AcMo anti-CD38 es parte del tratamiento de primera línea asociado a quimioterapia/dexametasona en Francia. Los AcMo anti-CD20 junto a la quimioterapia han sido por décadas el tratamiento estándar del LNH-B, en primera línea o ulterior. Los AcMo anti-CD19 y anti-CD79b son de uso más reciente. A la hora actual los AcMo bi-específicos (AcMo-bsp) dirigidos hacia un antígeno de la célula tumoral y hacia una molécula de activación en linfocitos T (CD3) se han integrado al tratamiento del MM y LNH-B en fase refractaria o de recaída (R/R) post-quimio-inmunoterapia. Su eficacia ha sido validada pero numerosos ensayos siguen en curso. Su uso acentúa la inmunodeficiencia humoral y celular en pacientes que ya lo son debido a la patología misma y a los tratamientos previos.

OBJETIVO. Evaluar la eficacia de la estrategia de prevención y tratamiento de infecciones virales, bacterianas y fúngicas en pacientes tratados con AcMo-bsp: a) MM, anti-BCMA/CD3 (Teclistamab, anti-BCMA (B-cell-maturation-antigen) en el plasmocito y activación de la respuesta T uniéndose a la fracción CD3 del RCT (receptor células T); b) LNH-B, anti-CD20/CD3 (Glofitamab, anti-CD20 en la célula tumoral y activación de la respuesta T uniéndose a la subunidad CD3e del RCT)

MATERIAL Y MÉTODO: Entre 09/2022 y 09/2023 15 pacientes con MM (sexo (n) F (7) M (8), edad promedio 68 años (56-79) y 2 pacientes con LNH-B (sexo M2, edad promedio 62 años) fueron incluidos en este estudio. Todos habían recibido al menos 3 líneas de quimioterapia/inmunoterapia y la mayoría con antecedente de autotransplante de células madres periféricas en su historia clínica. Evaluamos la incidencia, tipo y severidad de las infecciones observadas desde el día 1 del tratamiento con AcMo-bsp y hasta el último día del seguimiento.

Medidas profilácticas aplicadas: a) anti-viral: valaciclovir 500 mg/d o 500 mg 2x/d ; b) anti-bacteriana: bactrim 1 cp. 3x/sem ; c) gammaglobulinas polivalentes por vía sub-cutánea 1x/sem (a domicilio) o intravenosa 1x/mes (posología según la severidad de la hipogammaglobulinemia, habitualmente < 4g/L); d) G-CSF en caso de neutropenia < 1.5 G/L ; e) testeo regular de una eventual infección por SARS-CoV-2 ; e) en casos positivos e independiente de la presencia de síntomas y signos clínicos se prescribió tratamiento oral con paxlovid (compuesto de ritonavir y nirmatrelvir); f) aquellos con persistencia de la detección viral > 2 semanas o considerados de alto riesgo recibían plasma humano convaleciente; e) se recomendó estar al día en vacunaciones anti-neumococo y anti-COVID19.

RESULTADOS: En pacientes con MM y con un seguimiento promedio de 4 meses (hubo 3 decesos antes de 3 meses en 3 pacientes y 3 otros han suspendido la inmunoterapia por progresión) se observaron 6 infecciones bacterianas severas necesitando una hospitalización y antibioterapia de largo espectro. Cuando el germen pudo ser identificado, fueron bacilos gram-: Escherichia coli, Proteus mirabilis, Klebsiella pneumoniae. En un paciente LNH-B con 5 meses de seguimiento (previamente tratado con CART-cells) se observaron 2 infecciones pulmonares bacterianas severas necesitando hospitalización y una infección fúngica por Cándida parapsilopsis, todas de evolución favorable mediante antibioterapia de largo espectro y caspofungina. Dos pacientes con MM y uno con LNH-B presentaron infecciones por SARS-CoV-2 con detección viral persistente >2 semanas, lo que motivó el uso de paxlovid y luego plasma humano convaleciente.

CONCLUSIONES. Las medidas profilácticas aplicadas en esta categoría de pacientes con inmunodeficiencia secundaria debido a la patología y al tratamiento con AcMo-bsp se han mostrado medianamente satisfactorias en la prevención de infecciones graves. Un 40% presentó un episodio infeccioso severo y el resto no. Tratándose de terapéuticas nuevas el seguimiento es corto y adaptaciones de la estrategia profiláctica son necesarias. Además, se trata de una población de pacientes con pronóstico peyorativo, cuya esperanza de vida es dependiente de la obtención de una buena respuesta anti-tumoral.

Keywords: Inmunoterapia, Anticuerpos Monoclonales, Inmunodeficiencia secundaria, Infeccion, profilaxis anti-infecciosa

**Factores de riesgo de infecciones en pacientes pediátricos sometidos a trasplante hepático: estudio de cohorte retrospectivo entre 2015-2020.**

Scarlet Rissi¹, Alvaro Vega¹, Paulina Coria¹, Natalia Barnafi¹, Gabriela Araneda¹, Gloria González¹, Maria Paz Muñoz¹, Marlon Barraza¹

(1) Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna, Antonio Varas 360, Providencia, Santiago, Chile

Introducción: El trasplante hepático (TH) pediátrico es el tratamiento de la enfermedad hepática terminal, con una sobrevida a 5 años del 85–96%. Sin embargo, no está exento de complicaciones, entre ellas las infecciosas. Estas se pueden asociar a la disfunción del aloinjerto y son una causa común de muerte en niños después de un trasplante. Desde el 2015 alrededor del 80% de los trasplantes pediátricos se realizan en el HLCM, conocer la epidemiología de las enfermedades infecciosas se hace imperante para el manejo de estos pacientes en su primer año post trasplante.

Objetivos: Estimar la frecuencia y factores de riesgo de infecciones en pacientes pediátricos sometidos a TH durante el primer año post operatorio.

Método: Estudio de cohorte retrospectivo de pacientes pediátricos sometidos a TH entre los años 2015-2020 en el hospital Dr. Luis Calvo Mackenna, centro de referencia nacional de TH pediátrico. Se excluyeron pacientes con doble TH y hepático/renal. Se revisaron las fichas del paciente y se registraron y describieron los eventos de infección (bacteriana, viral, fúngica) en el primer año post-trasplante. Se estimó la sobrevida libre (SLE) de evento (primera infección) a 1 año post trasplante mediante el estimador de Kaplan-Meier. Los factores de riesgo fueron evaluados desde un enfoque bivariado y multivariado mediante análisis de sobrevida. Se estimó la SLE según variables sociodemográficas, cirugía, infecciones y profilaxis pre trasplante, estadía en unidad de paciente crítico y complicaciones post trasplante mediante análisis bivariados usando curvas de KM las que fueron comparadas a través el test no paramétrico de Log-Rank. Las variables significativas fueron analizadas mediante modelo de riesgo proporcionales de Cox. Se estimó el Hazard ratio y su respectivo IC95%.

Resultados: Un total de 69 pacientes fueron analizados, 11 fueron excluidos (6 doble trasplante/ 5 doble órgano) y 58 fueron utilizados para los análisis. La edad mediana fue de 21 meses (RIQ 9-41), 41,4% fueron de sexo masculino y 58,6% femenino. La principal indicación de TH fue atresia de las vías biliares (63,8%). Al año post-trasplante, 63,8% (N=37) de los pacientes tuvieron una infección bacteriana, 58,6 % viral (N=34) y 31 % fúngica (N=18) con un total de 208 episodios de infección. El principal foco fue abdominal 32% (N= 67), incluyendo colitis, peritonitis y colangitis. En 73,6% (N=153) de los episodios se logró determinar el agente causal. De los aislados bacterianos (N=87), 64,4% (N= 56) fueron Enterobacteriales (*Klebsiella pneumoniae* y *Enterobacter cloacae*); de los hongos (N=19) 58% (N=11) fueron *Candida albicans*; mientras que de las infecciones virales (N=60) se detectó principalmente citomegalovirus 41,7% (N=25) y virus epstein-Barr 20,7% (N=12). Hubo 7 pacientes fallecidos al primer año post-trasplante, 2 de causa infecciosa (infecciones mixtas). La SLE al año post-trasplante fue 12,1% (IC 95% 6,03 -24,2), siendo los primeros días los de mayor riesgo de infección con SLE mediana de 10,5 días. La SLE bacteriana, fúngica y viral fue 17,2% (IC95% 9,8-30,3); 67,5% (IC95% 56,2-80,5) y 43,1% (IC95% 32,1-57,9); respectivamente, con una SLE mediana de 16 y 152 días post-trasplante para infecciones bacterianas y virales, sin alcanzar el 50% de SLE para infecciones fúngicas. Los análisis de SLE bivariado y multivariado mostraron que los principales factores de riesgo asociado a infecciones fueron: número de procedimientos invasores HR 2,13 (IC95% 1,62-2,8) y complicaciones biliares HR 2,07 (IC95% 1,13-3,8).

Conclusiones: Las infecciones bacterianas de foco abdominal fueron las principales complicaciones infecciosas en pacientes pediátricos post-trasplante hepático, siendo los primeros 10 días los de mayor riesgo. Por otra parte, las complicaciones biliares y número de procedimientos invasivos fueron los principales factores de riesgo de infección. Los hallazgos de este estudio nos permitirán definir medidas para mejorar la prevención y tratamiento de estas complicaciones y disminuir la morbi-mortalidad asociada.

Keywords: trasplante hepático pediátrico, Inmunocomprometidos, Factores de riesgo

Financing: Sin financiamiento

Infección por *Trichosporon asahii* en pacientes pediátricos. Reporte de una serie de casos.

Pedro Lopez¹, Gonzalo Valenzuela¹, Katherine Barahona², Francisco Alcalde³, Armando Lavayen³, Felipe Reyes^{1,3}

(1) Pontificia Universidad Católica, Enfermedades infecciosas e Inmunología pediátrica, Medicina, Avda. Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile

(2) Hospital Clínico UC Christus, Pediatría, Marcoleta N°s 347 y 367, Santiago, Chile

(3) Hospital Sótero del Río, Infectología pediátrica, Avenida Concha y Toro N° 3459, Puente Alto, Santiago, Chile

Antecedentes: El *Trichosporonasahii* es un patógeno oportunista emergente que causa infección en pacientes inmunodeprimidos, particularmente en neoplasias malignas hematológicas capaces de producir enfermedades invasivas con una alta morbimortalidad. Actualmente existen pocos datos al respecto de los cuadros en pacientes pediátricos que son un grupo de riesgo.

Objetivos: Describir las características clínicas y epidemiológicas por infecciones por *Trichosporon asahii* y además su respuesta a los diferentes esquemas antifúngicos utilizados.

Materiales y métodos: Revisión retrospectiva de las infecciones confirmadas por laboratorio secundarias a *Trichosporon asahii* en pacientes pediátricos entre 0-18 años desde junio de 2020 hasta abril de 2023 en el Complejo asistencial Dr. Sótero del Río, Santiago, Chile. Para ello, se revisaron los antecedentes clínicos y de laboratorio en la ficha clínica de los pacientes con resultados positivos microbiológicos.

Resultados: Se identificaron 8 pacientes pediátricos con 17 cultivos positivos para *Trichosporon asahii*. Cada paciente tenía una infección clínica. El 88% presentó una infección del tracto urinario (ITU), mientras que uno tenía fungemia. La edad media fue de 10,98 años, principalmente hombres (75 %). Cuatro pacientes (50 %) tenían neurocirugía reciente y dos (25%) antecedentes de inmunosupresión. En el momento de la infección, todos fueron ingresados en la Unidad de Cuidados Intensivos Pediátricos (UCIP), habiendo recibido un curso prolongado de antibióticos de amplio espectro, además de inhibidores de la bomba de protones. Siete (88%) estaban en ventilación mecánica invasiva y dos (25%) en corticosteroides. La mayoría de los pacientes (88 %) recibieron voriconazol como terapia de primera línea y uno fluconazol debido a interacciones farmacológicas. Siete pacientes recibieron terapia combinada para una mejor concentración en la vía urinaria, con más frecuencia (86%) voriconazol asociado con fluconazol. Dos de ellos murieron (25 %), uno relacionado a fungemia por *Trichosporon asahii* y el segundo debido a complicaciones relacionadas a un cuadro de COVID-19 grave.

Conclusiones: *Trichosporonasahii* es un microorganismo oportunista que también afecta a personas no inmunodeprimidas y se asocia con una alta tasa de mortalidad. La terapia antimicrobiana y la estadías en unidades de cuidados intensivos fueron los hallazgos más frecuentes en nuestros casos. La neurocirugía reciente fue la condición más frecuente.

El voriconazol es la terapia antifúngica de primera línea. En la infección del tracto urinario, la terapia combinada con fluconazol fue utilizada debido a su mejor concentración en la orina.

Keywords: *Trichosporon asahii*, Infección fúngica invasora, fungemia

Financing: Autofinanciamiento

Acknowledgments: Equipo de infectología del hospital Sótero del Río. Equipo de cuidados intensivos adultos y pediátrico del hospital Sótero del Río.

Descripción clínico-epidemiológica de pacientes con candidemia hospitalizados en un hospital público de alta complejidad.

Christian Oliver Conde Abeliuk^{1,2}, Isidora Marzullo¹, Francesca Mazzotti¹, Antonia Olea¹, Catherine Vera², Gustavo Saint-Pierre², Mariella Raijmakers^{1,2}

(1) Universidad de Santiago de Chile, Facultad de Ciencias Médicas, Medicina, Avenida Libertador Bernardo O'Higgins n°3363, Santiago, Chile

(2) Hospital Barros Luco Trudeau, Infectología, Medicina, Gran avenida 3204, San Miguel, Santiago, Chile

¹Departamento de Infectología, Hospital Barros Luco Trudeau.

²Facultad de Ciencias Médicas, Universidad de Santiago de Chile.

³Laboratorio de Microbiología, Hospital Barros Luco Trudeau.

1. Introducción

La candidiasis es la micosis de mayor incidencia en el mundo, con un aumento progresivo en los últimos años. La candidemia, es la principal micosis invasora en pacientes hospitalizados, se asocia a una alta mortalidad, estadía hospitalaria prolongada y altos costos. A la fecha, existen pocos datos de candidemia en nuestro país, destacando los entregados por la Red de Micosis Invasoras de Chile publicados en el año 2019. Por este motivo nos parece fundamental obtener y analizar datos locales sobre la incidencia, características epidemiológicas y distribución de especies identificadas.

2. Objetivos

Describir las características clínicas, epidemiológicas, microbiológicas y mortalidad a los 30 días en pacientes que hayan cursado con candidemia en el Complejo Asistencial Barros Luco, hospitalizados entre marzo 2020 y enero de 2023.

3. Material y métodos

Estudio descriptivo, retrospectivo de pacientes hospitalizados entre marzo 2020 a enero de 2023, que cursaron con candidemia durante su estadía hospitalaria. Se recogieron las siguientes variables: edad, sexo, comorbilidades, Score de Charlson, estadía en Unidad de Paciente Crítico (UPC), utilización de antibióticos o corticoides previos, especie de cándida identificada, antifúngico utilizado, tiempo transcurrido entre el hemocultivo positivo e inicio de terapia antifúngica.

4. Resultados

Se incluyeron 42 candidemias entre marzo del 2020 a enero del 2023, con una incidencia de 0,5/1000 admisiones. El promedio de edad fue de 60 años (Mediana 64; rango 17-87 años). El 57% eran pacientes del sexo masculino. Dentro de las comorbilidades destaca diabetes mellitus (43%), enfermedad renal crónica en hemodiálisis (21%), inmunosupresión farmacológica (14%), tumor de órganos sólidos (12%) y daño hepático crónico (10%). El promedio de Score de Charlson fue de 4 puntos (rango 0-11 puntos). La especie aislada con mayor frecuencia fue *Candida albicans* con un 52% de los casos, seguido de *C. parapsilosis* (24%), *C. glabrata* (12%), *C. tropicalis* (10%) y *C. lusitaniae* (2%). Solo en 1 caso se reportó estudio de susceptibilidad que correspondió a *C. parapsilosis* y que requirió ajuste de tratamiento antifúngico por los resultados.

Como factor de riesgo para candidemia se identificó uso de antibióticos previos (79%), presencia de dispositivo de acceso vascular (74%), estadía en UPC durante la hospitalización (71%) y uso de corticoides previo (47%).

Del total de pacientes diagnosticados, solo recibieron tratamiento antifúngico el 74%. De este grupo el tratamiento empírico inicial correspondió a fluconazol (58%), seguido de anidulafungina (42%). De los pacientes tratados, el 68% recibió dosis de carga. El tiempo promedio de inicio de terapia antifúngica desde el cultivo fue de 3 días (rango 1-6 días). Solo se registró un caso de reacción adversa a medicamentos, que curso con hepatitis leve por fluconazol.

La sobrevida a los 30 días fue de 33%. De los pacientes que no recibieron terapia antifúngica (26% de los casos), el 91% falleció a los 30 días y de los que recibieron terapia antifúngica falleció un 56%.

Por último, hubo 9 casos (21%) con candidemia persistente de los cuales solo 1 falleció dentro de los 30 días.

5. Conclusiones

En la institución se observó una tasa de incidencia similar a la reportada a nivel nacional en candidemia. Sin embargo, se identificó una tasa de supervivencia a los 30 días significativamente más baja. Este fenómeno probablemente se relaciona con varios factores, como el rango de edad de nuestros pacientes, la presencia de múltiples enfermedades concomitantes, tiempo promedio en el inicio del tratamiento antifúngico, entre otras causas. Es fundamental llevar a cabo un estudio más exhaustivo para determinar aquellos factores determinantes en la mortalidad de estos pacientes para implementar estrategias de intervención apropiadas.

Keywords: Candidemia, Mortalidad a los 30 días

Financing: Sin financiamiento.

Área: Infecciones por virus de inmunodeficiencia humana y otras infecciones de transmisión sexual.

P72

Nivel de conocimiento de la profilaxis pre-exposición del virus de inmunodeficiencia humana de los estudiantes de la Universidad Católica del Norte

Sebastián Orellana Soto¹, Matías Vera¹, Ximena Mondaca¹, Constanza Mandiola¹

(1) Universidad Católica del Norte, Departamento de Ciencias Farmacéuticas, Facultad de Ciencias, Av. Angamos 0610, Antofagasta, Chile.

Introducción: La Profilaxis Pre-Exposición (PrEP) es una estrategia de prevención contra el VIH. En Chile el programa inició el 2019 donde tuvo un escaso impacto encontrándose por debajo de las expectativas del gobierno. Actualmente, se conoce que los jóvenes entre 20 a 29 años son el principal rango etario que adquiere el virus, edades que concuerdan con el periodo universitario. La información bibliográfica sobre el nivel de conocimiento de la PrEP es escasa a nivel nacional y latinoamericano; por lo que surge la necesidad de realizar este estudio entre los estudiantes de la Universidad Católica del Norte (UCN) sobre el conocimiento del programa.

Objetivo: Evaluar el nivel de conocimiento de los estudiantes de la UCN respecto al programa PrEP contra el VIH durante el año 2022.

Metodología: Se diseñó una encuesta autoaplicada y virtual que se realizó a los estudiantes matriculados de la UCN, sede Antofagasta y Coquimbo, que cumplieran con los criterios de inclusión. Con el fin de evaluar cuál es el nivel de conocimiento de la PrEP y también, se caracterizaron académica y socio demográficamente a los estudiantes, se analizó su nivel de conocimiento sobre las vías de transmisión y las percepciones de riesgo de adquisición de VIH.

El cuestionario comprendió 4 categorías que incluyeron 36 preguntas, evaluadas, aceptadas y validadas por Comité Ético Científico (CEC) de la UCN.

Resultados: De los formularios correctamente respondidos (n=124), el 58,9% corresponden a mujeres, el 96% cisgénero y el 66,9% se identificó como heterosexual. El nivel de conocimiento sobre las vías de transmisión de VIH fue de un 60,5%, mientras que de las conductas de riesgo de adquirir el virus fue de un 40%. A su vez, el 70% de las y los participantes consideró que tiene bajo o ningún riesgo de adquirir el VIH. En cuanto al programa PrEP, el 54% de la muestra no conocía la existencia del programa antes del momento de realizar la encuesta. De ellos (n=51), la mayoría tenía un nivel de conocimiento bajo (4,8% de conocimiento del programa).

Conclusión: Existe un desconocimiento en los estudiantes UCN sobre la PrEP contra el VIH. En general, las y los universitarios poseen un bajo nivel de percepción de riesgo del virus y a su vez, un bajo conocimiento de las conductas de riesgo. Una proyección se basa en habilitar espacios de educación sobre factores de riesgo y prevención combinada del VIH para toda la comunidad especialmente para jóvenes que ya iniciaron su vida sexual.

Keywords: PrEP, prevención VIH, Estudiantes universitarios, Nivel de conocimiento, Percepción de riesgo

Financing: Sin financiamiento

Acknowledgments: A los estudiantes que la Universidad Católica del Norte que participaron del estudio



Área: Infecciones por virus de inmunodeficiencia humana y otras infecciones de transmisión sexual.

Prevalencia y genotipificación de virus papiloma humano (HPV) de alto riesgo oncológico en mujeres chilenas sanas.

Marjorie Morales Concha¹, Constanza Hidalgo Toledo², Isidora Oportus Molina², Hugo Hidalgo Torres¹

(1) Laboratorio Clínico Inmunomédica, Biología Molecular, Castellón 316, Concepción, Chile

(2) Interna de Universidad San Sebastián, Medicina, Concepción, Chile

En Chile, el cáncer de cuello uterino (CCU) es la segunda causa de muerte por neoplasias malignas en la mujer, asociado en más del 90% a infección por virus papiloma humano (HPV). Se han descrito más de 100 genotipos del HPV siendo los que poseen mayor riesgo para el desarrollo neoplásico el HPV16 y HPV18. Sin embargo, se desconoce cuál es la prevalencia de estos genotipos en población de mujeres sanas.

Objetivo: El objetivo de este trabajo fue determinar la prevalencia de genotipos HPV de alto riesgo oncológico en población que se atiende en controles preventivos de salud en un centro privado.

Metodología: Se reclutaron 2073 muestras endocervicales de mujeres sanas que procedían a realizarse un examen preventivo en 13 comunas diferentes de Chile. Se realizó la genotipificación de 14 serotipos de HPV mediante qPCR de tiempo real con un kit comercial.

Resultados: La positividad obtenida de esta muestra fue de un 42.6% para al menos un genotipo de HPV. La mayor prevalencia la alcanzó HPV16 (16%), HPV31 (12%), HPV39 (11%) y HPV51 (9%); dejando al genotipo 18 relegado al 7% de prevalencia en la población estudiada. Del total de muestras positivas, el 52% presentaban co-infecciones. Las distintas comunas presentaron prevalencias diferentes a los serotipos estudiados.

Conclusión: Pese a que nuestras guías clínicas se basan en los genotipos HPV16 y HPV18, se observa que este último no presenta mayor prevalencia en la población femenina sana asintomática. El análisis de prevalencia de genotipos de alto riesgo oncológico de HPV en mujeres sanas permitirá mejorar la prevención del CCU de manera temprana y evaluar el plan de vacunación actual.

Keywords: virus papiloma humano, genotipificación, prevalencia

Financing: Laboratorio Clínico Inmunomédica

Acknowledgments: Centro médico Inmunomédica y sus profesionales

Área: Infecciones por virus de inmunodeficiencia humana y otras infecciones de transmisión sexual.

P74

Caracterización de personas viviendo con VIH que ingresan a controles en un centro de atención privado en Chile

Jaime Olivares Ligena¹, Alicia Sciaraffia Rubio¹, Alejandro Afani Saud¹, Rocío Tordecilla¹, Carla Bastías¹, María Antonieta Guzmán¹, Valeria Palma¹, Alba Rivas¹

(1) Hospital clínico de la Universidad de Chile, Medicina interna - Inmunología y alergias, Medicina, Av. Carlos Lorca Tobar 999, Santiago, Chile

INTRODUCCIÓN

De acuerdo a ONUSIDA 2022, 38 millones de personas vivían con VIH en el mundo en 2021 y 2.3 millones en América Latina, con más de 40 millones de muertes asociadas a SIDA desde el inicio de la pandemia. A pesar del aumento de acceso a la terapia, se reportó que ese año 1,3 millones se infectaron y 650.000 murieron por enfermedades relacionadas con el SIDA. Casi un 25% de las nuevas infecciones ocurrieron en Asia y el Pacífico. En Latinoamérica se observó un 5% de aumento de nuevas infecciones respecto al 2010. Para Chile, el Instituto de Salud Pública (ISP) reportó el incremento de casos a 5.401 tras la disminución notoria en 2020, siendo los hombres y el grupo etario de 20 a 39 años los más afectados.

El acceso a la Terapia antirretroviral (TARV) en Chile está cubierto por el sistema de garantías explícitas en salud, tanto en el sistema público como privado. En 2021, 84.000 personas vivían con VIH y 27.000 no utilizaban TARV. Los 3 esquemas más usados en nuestro país son Abacavir/Lamivudina/Dolutegravir (31%), Tenofovir disoproxil fumarato/Lamivudina/Dolutegravir (22%) y Tenofovir alafenamida/Emtricitabina/Elvitegravir/Cobicistat (14%). Post pandemia COVID-19 hubo una caída en el testeo y asistencia a controles; y un incremento en diagnóstico tardío y morbimortalidad.

OBJETIVOS

Caracterizar a pacientes que ingresaron a controles durante el año 2021 en el Centro de VIH del Hospital Clínico Universidad de Chile (HCUCH) de la red privada de salud, incluyendo sexo, edad, nacionalidad, preferencias sexuales, comorbilidades, etapa de VIH y TARV.

MATERIALES Y MÉTODOS

Estudio transversal descriptivo, revisión de fichas clínicas de pacientes HCUCH, con datos agrupados, aprobado por comité de ética institucional.

Criterios de inclusión: tener diagnóstico de VIH confirmado por ISP en 2021, ser mayor de 18 años. Se excluyeron trasladados de otro centro o que ya habían iniciado TARV.

RESULTADOS

139 pacientes ingresaron en el año 2021 (34.34% y 4% menos que los años 2019 y 2020, respectivamente), 98.5% hombres. Por grupo etario: 13 (9,3%) tenían entre 18 y 24 años, 90 (64,7%) entre 25 y 39 años y 36 (25,9%) eran mayores de 40. 28 pacientes (20,1%) eran inmigrantes, 101 (72,6%) se categorizó como hombres que tienen sexo con hombres (HSH), 2 (1,4%) transgénero y 38 (27,3%) heterosexuales. Diagnóstico de coinfecciones: 28 (20,1%) sífilis, 6 (4,3%) tuberculosis, 6 (4,3%) hepatitis B y 3 (2,1%) hepatitis C.

Estatus inmunológico: 80 (57,6%) ingresó con recuentos de CD4 menores de 350 cél/uL, 48 (34,5%) con recuentos menores a 200 cél/uL y 17 (12,2%) con menos de 50 cél/uL. Carga viral: 44 (31,7%) con menos de 10.000 copias, 40 (28,8%) entre 10.000 y 100.000 copias, 29 (20,9%) entre 100.000 y 500.000 y 21 (15,1%) más de 500.000 copias. 8 pacientes no tenían registro en ficha de esta información.

TARV indicada: 113 (81,3%) Tenofovir alafenamida/Emtricitabina/Bictegravir, 11 (7,9%) Tenofovir disoproxil fumarato/Emtricitabina y Dolutegravir, 7 (5%) Tenofovir disoproxil fumarato/Emtricitabina y Raltegravir y el 5,7% inició con otros esquemas.

CONCLUSIONES

La pandemia COVID-19 tuvo un impacto negativo en el diagnóstico de VIH en Latinoamérica, incluyendo a nuestro país. Específicamente, en el HCUCH se observó una reducción de 33,3% de ingreso a programa VIH respecto pre pandemia COVID-19, la mayoría son hombres, HSH, 57,6% en etapa tardía de la enfermedad, 34,5% en etapa avanzada y un 36% con carga viral mayor a 100.000 copias de VIH. Los datos obtenidos son concordantes con la información publicada por el ISP, a excepción de la proporción de ciudadanos extranjeros (20,1% comparado a 48,7% nacional) y los esquemas terapéuticos predominantes (Tenofovir alafenamida/Emtricitabina/Bictegravir es el esquema de elección en este centro). Esto debido a las diferencias en los medicamentos disponibles entre los sistemas público y privado.

La severidad de la enfermedad de los pacientes al igual que la baja sustancial en el número de ingresos nos debe impulsar a implementar estrategias que permitan incrementar la pesquisa de personas viviendo con VIH, su incorporación a los programas y la consiguiente disminución de transmisión del virus.

Keywords: virus de inmunodeficiencia humana, sida, epidemiología

Financing: Sin financiamiento

Acknowledgments: Agradecimientos a todo el equipo de inmunología y laboratorio de biología molecular del HCUCH.



Área: Infecciones por virus de inmunodeficiencia humana y otras infecciones de transmisión sexual.

P75

El ADN proviral de VIH podría ser útil para la detección de mutaciones de resistencia a inhibidores de la integrasa en pacientes con viremias de bajo nivel

PABLO FERRER¹, Magdalena Durán¹, Verónica Ramos¹, Daniella Maureira¹, Alejandro Afani¹

(1) Hospital Clínico Universidad de Chile, Medicina, Medicina, Carlos Lorca Tobar, 999, Independencia, Santiago, Chile

Introducción

Los inhibidores de la transferencia de cadena de la integrasa (INSTI) son una familia de fármacos que bloquean la transferencia del ADN proviral al genoma del huésped. Actualmente en los pacientes que experimentaron falla virológica (FV), la identificación de mutaciones asociadas a resistencia debido al uso de INSTI se realiza a partir de ARN viral. Sin embargo, hay pacientes que desarrollan FV con viremias de bajo nivel en los cuales no es posible realizar este ensayo debido a la escasa cantidad de ARN disponible.

Objetivos

El objetivo de este trabajo es evaluar el ADN proviral como blanco genético alternativo para realizar una genotipificación.

Materiales y Métodos

Se reclutó a un total de 180 pacientes que habían recibido un INSTI como parte de su terapia, con cargas virales mayor a 1.000 copias/mL y en los cuales se sospechaba FV. Se realizó una genotipificación para INSTI simultáneamente en ARN y ADN proviral. Por RT-PCR se amplificó el gen de la integrasa y los amplicones resultantes fueron secuenciados mediante el método de Sanger. La calidad de las secuencias obtenidas se analizó con el software ReCall® y la predicción de resistencia a INSTI se llevó a cabo en la base de datos de Stanford con el programa VIHdb v9.0.

Resultados

De las 180 muestras ingresadas se encontró que 148 (82.2%) fueron concordantes y 32 (17.8%) discordantes entre ARN y ADN proviral. En las muestras concordantes resistentes en ambos compartimentos se detectó el mismo número y tipo de mutaciones. Las mutaciones mayores detectadas fueron T66K (0.6%), E92K (1.1%), G140A (1.1%), G140S (0.6%), Y143R (1.6%), Q148H (1.1%), Q148R (1.1%) y N155H (7.7%). Esta concordancia produjo el mismo nivel de resistencia para cada INSTI en los dos blancos genéticos analizados. En las 32 muestras discordantes se observó que 28 (15.6%) fueron ARN Resistentes/ADN Susceptibles y 4 (2.2%) fueron ARN Susceptibles/ADN Resistentes. En las muestras discordantes las siguientes mutaciones no pudieron ser detectadas por el ADN proviral: E92Q, E92L, E138K, G140S, Q148R y H155N y estas muestras fueron Susceptibles por ADN proviral y Resistentes por ARN. Por otro lado, en las muestras discordantes que dieron Susceptibles por ARN y Resistentes por ADN proviral las mutaciones que no se detectaron en el ARN fueron E92Q, G140R, Q148R y N155H.

Conclusiones

A pesar que estos resultados muestran una alta concordancia entre las secuencias del gen de la integrasa obtenidas por ARN y ADN proviral, se observó que cuando el ARN es mayor a 1.000 copias/mL se detectan más mutaciones clínicamente relevantes en el ARN viral plasmático que en el ADN proviral integrado. Por lo tanto, se recomienda que cuando haya ARN disponible hacer el genotipo por ARN. No obstante, nuestros resultados también ofrecen una alternativa prometedora para la realización de genotipos de integrasa en pacientes con sospecha de FV y que tengan viremias de bajo nivel (<1.000 copias/mL). Sin embargo, consideramos que para resultados más concluyentes sobre la validez clínica del ADN proviral de VIH se necesitan más investigaciones en las cuales se combinen el uso de ADN proviral y secuenciación masiva.

Keywords: ADN Proviral, Inhibidores de la Integrasa, VIH/SIDA, INSTI, Genotipificación de VIH

Financing: Hospital Clínico Universidad de Chile

Acknowledgments: OAIC del Hospital Clínico Universidad de Chile

Área: Infecciones por virus de inmunodeficiencia humana y otras infecciones de transmisión sexual.

P76

Desenlace serológico de neurosífilis en pacientes tratados con ceftriaxona comparado con penicilina en una cohorte de pacientes portadores de VIH

Sandra González Bobadilla¹, Rodrigo Rojas Orrego², Catalina Novoa Matus², María Paz Iturrieta Meléndez¹, María Laura Otth Lagunas¹, Camila Jorquera Sepúlveda¹

(1) Universidad de Chile, Programa de Formación de especialistas en Enfermedades Infecciosas del Adulto, Facultad de Medicina, Santiago, Chile

(2) Hospital San Borja Arriarán, Servicio de Infectología, Santiago, Chile

Introducción

La sífilis es una enfermedad de transmisión sexual ampliamente distribuida a nivel mundial que ha aumentado globalmente su incidencia particularmente en hombres que tienen sexo con hombres y población con infección por VIH. La neurosífilis (Ns) se puede manifestar en cualquier etapa de la enfermedad, y el consenso terapéutico establece a la penicilina sódica endovenosa (PNC) como la terapia de elección con pocas alternativas, las que se han asumido de menor eficacia. Este tratamiento, si bien efectivo, implica costos asociados a hospitalizaciones prolongadas, incluso en asintomáticos. En este contexto ceftriaxona (CFX), droga que permite dosis única diaria ambulatoria mantiene su interés como alternativa terapéutica de aplicación simplificada. Si bien, hay poca evidencia de su efectividad, algunas recientes reportan resultados similares a PNC.

Objetivos

Comparar la respuesta serológica en sangre a los 6 meses en pacientes adultos VIH positivos diagnosticados con Ns y tratados con CFX o PNC.

Material y método

Estudio de cohorte retrospectiva en pacientes con infección por VIH y Ns atendidos en el Hospital Clínico San Borja Arriarán entre 2013 y 2022. Se incluyeron pacientes >17 años con diagnóstico de NS (VDRL reactivo en LCR o recuento de leucocitos en LCR ≥ 20 cel/mm³, independiente de síntomas) que hubiesen recibido tratamiento por 14 días de CFX 2gr/día IM o PNC 24MUI/día ev y que contaran con control serológico a los 6 meses. Hubo elección terapéutica libre para los tratantes. Del registro clínico de pacientes con punción lumbar por sospecha de Ns, se pesqu coastó 84 casos que cumplían criterios de inclusión. Se definió como respuesta serológica adecuada un descenso de 2 diluciones en el título de VDRL a los 6 meses desde el diagnóstico. Se utilizó Stata 15.1 para cálculo de medidas de tendencia central, test de χ^2 o prueba exacta de Fischer y test de U Mann-Whitney. Para la asociación de variables se aplicó regresión logística.

Resultados

37 pacientes recibieron tratamiento con PNC y 47 con CFX. No hubo diferencias significativas entre ambos grupos en las siguientes variables: sexo masculino con 97,3% y 97,8% respectivamente (p 0,86), mediana de edad (32 años en ambos grupos), carga viral indetectable en 29 y 34% (p 0,59). El uso de terapia retroviral (TAR) fue de 35% y 51% en los grupos PNC y CFX (p 0,14). Sólo se encontró diferencias en el recuento de CD4 con mediana 237 (RIC 140-397) para PNC vs 419 cels/mm³ (RIC 283-563) en CFX (p 0,001). 16% presentó comorbilidades, sin diferencias.

Se pesqu coastaron síntomas de Ns en 26,1% de los pacientes sin diferencias significativas. VDRL en LCR resultó (+) en 92% en grupo PNC y 72% en CFX (p 0,02). No hubo diferencias en el recuento de leucocitos, mediana de 6 cels/mm³ en grupo PNC y de 18 cels/mm³ en grupo CFX (p 0,69).

Un 84% presentó un descenso de 2 diluciones de VDRL a los 6 meses en el grupo PNC y 89% en el grupo CFX, con OR 1,6 (IC 95% 0.45-5.81) en análisis univariado. Al incorporar en el análisis multivariado a variables como recuento de CD4, carga viral y uso de TAR al diagnóstico resulta OR 1,48 (IC 95% 0.38-5.71) a favor de CFX, sin lograr demostrar asociación significativa de desenlace serológico adecuado a alguno de los 2 tratamientos estudiados.

Conclusiones

Los resultados de este trabajo no detectaron diferencias en respuesta serológica precoz de los dos tratamientos, concordando con resultados similares de otras series todos con números bajos de enrolados como para recomendar de forma categórica el uso de CFX o PNC por igual.

El menor recuento de CD4 en el grupo PNC puede indicar un sesgo de selección, pero no tuvo impacto al incluir estas variables en el análisis multivariado.

Como particularidad de este estudio, destaca la gran proporción de Ns asintomática cuyo enfoque terapéutico es foco de controversia últimamente), sin embargo, no es descartable un registro incompleto de síntomas considerando el carácter retrospectivo de este estudio. En los pacientes con respuesta serológica inadecuada no fue posible descartar reinfección, aunque, es posible asumir que este fenómeno se distribuye de forma independiente en ambos grupos. Los hallazgos de este estudio se suman a otros que llevan a considerar en casos seleccionados de Ns a la CFX como alternativa terapéutica simplificada. Ensayos comparativos prospectivos ayudarían a aportar mayor certeza a este planteamiento.

Keywords: neurosífilis, ceftriaxona, VIH

Acknowledgments: A Dra. Rebeca Northland y Dr. Marcelo Wolff, siempre generosos con su conocimiento y experiencia



Área: Infecciones por virus de inmunodeficiencia humana y otras infecciones de transmisión sexual.

P77

Serie de casos de sarcoma de kaposi durante pandemia sars-cov-2, en hospital Dr. Juan Noé Crevani, Arica.

mario mercado pizarro¹, Melannie Ayala Aramayo¹, Carlos Vergara Beas¹, Gonzalo Hevia Marcet¹

(1) Hospital regional de Arica y Parinacota, UNACESS, -, 18 de septiembre 1000, Arica, Chile

Introducción:

El sarcoma de Kaposi (SK) es una neoplasia vascular de bajo grado asociado a infección por virus herpes – 8. Se manifiesta primariamente como lesiones vasculares múltiples en la piel (Kaposi cutáneo), pudiendo también afectar epitelios de los tractos aéreo o digestivo, linfonodos y órganos sólidos (Kaposi visceral). Distinguir las lesiones de SK de otras neoplasia y proliferaciones vasculares puede resultar un desafío. Por tanto, la biopsia es la herramienta confirmatoria. El SK asociado a VIH es una patología de etapa SIDA, cuya incidencia ha declinado con el tiempo, lo que se atribuye a la amplia disponibilidad de terapia antirretroviral (TARV). Sin embargo, la pandemia por SARS-CoV-2, trajo entre otras consecuencias, la caída del testeo y pesquisa, ergo retraso en diagnóstico de VIH y subsecuentemente retraso en inicio de TARV. Esto último lleva a la progresión de la enfermedad y aumento de enfermedades que eran de baja incidencia como forma de presentación de etapa SIDA.

Objetivos:

Demostrar aumento de incidencia de sarcoma de Kaposi asociado a VIH, en tiempos de pandemia. Material y método: Serie de casos de pacientes VIH diagnosticados con sarcoma de Kaposi durante la pandemia por SARS-CoV-2, entre los años 2020 y 2023 en Hospital Dr. Juan Noé Crevani, Arica. Fueron incluidos en este estudio exclusivamente los pacientes con biopsia compatible con SK.

Resultados:

Se obtuvo 6 pacientes diagnosticados con Sarcoma de Kaposi por biopsia, todos son hombres (100%) con un promedio de edad de 40,8 años al momento del diagnóstico de SK, 5 solo afectación cutánea y 1 con afectación cutáneo-visceral (16,7%), 4 son chilenos (66,7%), 2 extranjeros (33,3%), 3 pacientes con otras infecciones oportunistas (50%), 1 diagnóstico de SK se realizó sincrónicamente al de VIH (16,7%), los 6 con TARV (100%), ninguno con quimioterapia (0%) pero todos mantienen lesiones cutáneas aún y destaca 1 fallecido, no por SK complicado sino por linfoma no Hodgkin (16,7%).

Conclusiones:

La literatura muestra la gran caída de SK en la era de terapia antirretroviral de gran actividad (HAART) por lo que queremos destacar que, en los últimos 5 años previos a la pandemia, sólo hubo 2 casos de diagnóstico de SK en nuestro centro, lo que corresponde a un aumento en 300% durante la pandemia (6 casos), pudiendo traducir caída en las coberturas de diagnóstico y TARV. Puede haber contribuido a este aumento de incidencia de casos de SK, el aumento de biopsias concretadas, por la llegada de un nuevo dermatólogo a nuestro centro y por lo tanto mayor celeridad en la toma de biopsias de nuestros pacientes con sospecha de SK. Finalmente, no es una patología que debemos olvidar, sigue siendo una enfermedad definitoria de SIDA que está al alcance del examen físico para establecer la sospecha.

Keywords: sarcoma de Kaposi en pandemia

Financing: autofinanciado

Acknowledgments: al Hospital regional de Arica y en especial a los equipos de dermatología y UNACESS

Área: Infecciones por virus de inmunodeficiencia humana y otras infecciones de transmisión sexual.

Descripción de ingresos al programa de atención a personas que viven con virus de la inmunodeficiencia humana entre los años 2017-2022 en el Hospital San Pablo de Coquimbo.

Marianella Lira Spinali¹, Natalia Huerta- Veas¹, Jaime Tapia Cortes¹

(1) Hospital San Pablo Coquimbo, Unidad de infectología, Av videla SN, Coquimbo, Chile

Lira, Marianella¹; Huerta-Veas, Natalia¹; Tapia, Jaime¹.

¹Hospital San Pablo de Coquimbo.

INTRODUCCIÓN

Según estimaciones hechas por el Ministerio de Salud chileno, al año 2021 el 89% de personas infectadas conocería su diagnóstico, el 77% recibiría tratamiento antirretroviral (TARV) y el 97% lograría cargas virales indetectables con menos de 1000 copias, lo que posiciona a Chile por debajo de las metas de la década, pero optimistas respecto a las cifras logradas reportadas por organismos internacionales (86% diagnosticadas, 76% en TARV y 71% con éxito terapéutico). De los casos nuevos de Virus de inmunodeficiencia Humana (VIH) reportados entre 2019-21, un 38,2% se encontraba en etapa Síndrome de Inmunodeficiencia Adquirida (SIDA). En Coquimbo, un 52,5% fue diagnosticado con SIDA en el año 2020. En Chile, desde la última modificación de la guía GES, se indica iniciar TARV a toda persona que reciba el diagnóstico de VIH.

OBJETIVO

Describir los ingresos al programa VIH del Hospital San Pablo de Coquimbo (HSPC) en el periodo 2017-22 considerando características epidemiológicas, etapificación al diagnóstico y TARV iniciada.

MÉTODO

Estudio descriptivo. Se evaluó el total de ingresos al programa VIH del Hospital San Pablo de Coquimbo que iniciaron TARV entre los años 2017-22.

Se consideró la edad, sexo, nacionalidad, orientación sexual, etapificación al diagnóstico y TARV indicada al ingreso.

RESULTADOS

Se realizó una revisión de los ingresos de pacientes con VIH a la Unidad de infectología del HSPC durante el periodo 2017 - 2022. De los 455 individuos evaluados, destaca:

La edad promedio al ingreso fue de 33 años (17 - 68). El 83,2% son hombres y el 16,7% mujeres. La nacionalidad predominante fue la chilena (con 81,7%) seguida de la venezolana (6,5%), además de otros países de origen: Haití, Colombia, Perú, Bolivia, Ecuador, República Dominicana y Brasil. La nacionalidad extranjera predominante fue variando cada año, siendo en 2018-19 la población haitiana y luego en 2020-22 la venezolana.

Los ingresos por año se desagregan en: 2017, 44 personas. 2018, 67 personas. 2019, 87 personas. 2020, 69 personas. 2021, 103 personas y el 2022, 85 personas.

Respecto a la orientación sexual declarada, todas las mujeres se definieron como heterosexuales (excepto 3 de las que no se tiene información). Respecto a los hombres, el 58% son homosexuales, el 24% heterosexuales, el 10% bisexuales y el grupo restante declara otra orientación sexual.

En relación con el esquema de TARV al ingreso, un 14% iniciaron tratamiento con inhibidores de la transcriptasa inversa no nucleósidos (INTIN), 1% con inhibidores de proteasa (IP) y 79,95% con inhibidores de integrasa (IN). A través de los años, se refleja la evolución en la preferencia de esquema de inicio. El 2017 predominan los IP, luego en 2018 los INTIN. En 2019 la principal elección fueron los IN, esquema predilecto que se mantuvo en los años siguientes. Con respecto a la etapificación al diagnóstico, el 40,6% ingresó en estadio SIDA, correspondiendo a 185 pacientes.

CONCLUSIONES

Se describe un alto porcentaje de personas que ingresan en etapa SIDA al centro de especialidad de VIH, La poca disponibilidad de programas preventivos en salud para hombres jóvenes, sumado al escaso interés en el cuidado de su propia salud y una baja percepción del riesgo, evidencia que la garantía de diagnóstico y tratamiento no es suficiente mientras no se convoque dirigidamente a la población objetivo al tamizaje precoz. Si bien la pandemia COVID-19 fue un periodo crítico para los centros de salud, en el HSPC se vio una disminución de ingresos en etapa SIDA en el año 2020 en comparación con otros años, a pesar de reportes nacionales de la plataforma Epivigila. Para mayor análisis habría que acceder a reportes del otro centro de especialidad de la región o de la salud privada.

Respecto a la elección de TARV, coincide la preferencia de ciertas familias de fármacos por sobre otras con recomendaciones nacionales e internacionales, lo que demuestra la gran disponibilidad de fármacos para tratar el VIH de manera adecuada e individualizada en la unidad de VIH del HSPC.

Keywords: virus de inmunodeficiencia Humana, diagnóstico, ingreso, tratamiento antirretroviral, epidemiología

Financing: No corresponde



Área: Infecciones por virus de inmunodeficiencia humana y otras infecciones de transmisión sexual.

P79

Resistencia a los inhibidores de la integrasa de VIH-1: análisis retrospectivo entre los años 2012 y 2023

PABLO FERRER¹, Verónica Ramos¹, Magdalena Durán¹, Daniella Maureira¹, Alejandro Afani¹

(1) Hospital Clínico Universidad de Chile, Medicina, Medicina, Carlos Lorca Tobar 999, Santiago, Chile

Introducción

Los inhibidores de la transferencia de cadena de la integrasa (INSTI) son fármacos seguros y eficaces para el tratamiento del VIH-1. Raltegravir (RAL) y Elvitegravir (EVG) pertenecen a los INSTI de primera generación. Dolutegravir (DTG), Bictegravir (BIC), y Cabotegravir (CAB) a los de segunda generación. Actualmente, todos ellos están disponibles en Chile. Debido a que el uso de los INSTI en nuestro país ha aumentado significativamente es muy importante conocer la prevalencia de la resistencia adquirida en la población a esta familia de antirretrovirales.

Objetivos

Realizar un análisis observacional retrospectivo descriptivo en pacientes bajo tratamiento antirretroviral que hayan usado inhibidores de la integrasa en su terapia y que hayan requerido un genotipo de integrasa entre los años 2012 y 2023. Determinar la prevalencia y evolución de la resistencia adquirida a los INSTI.

Material y Métodos

Se analizó un total de 5.266 pacientes. El gen completo de la integrasa se amplificó mediante RT-PCR anidada. Los amplicones resultantes fueron secuenciados mediante el método de Sanger. La calidad de las secuencias obtenidas se analizó con el software ReCall® y la predicción de resistencia a INSTI se llevó a cabo en la base de datos de Stanford, con el programa VIHdb v9.0.

Resultados

De los 5.266 pacientes analizados entre los años 2012 y 2023 se encontró que 1.467 fueron resistentes a RAL (prevalencia 27.9%), 1.452 a EVG (27.6%), 441 a DTG (8.4%), 439 a BIC (8.3%) y 973 a CAB (18.5%). La frecuencia de las mutaciones principales fueron las siguientes: Q146P (0.1%), E138A/K/T (9.2%), G140A/C/R/S (16.1%), Y143A/C/G/H/R/S (14.3%), Q148H/K/Q/R (17.2%), N155H (25.2%), R263K (1.1%). En las mutaciones accesorias se encontraron las siguientes frecuencias: D232N (10.8%), L74F/M (9.1%), T97A (21.8%), G163E/K/R/S/T (39.2%), E157K/Q (6.5%), S2320R (3.9%). No se encontró una diferencia estadísticamente significativa en la carga viral ni en el recuento de linfocitos T CD4 entre los pacientes resistentes y los susceptibles.

Conclusiones

Nuestro análisis muestra que la prevalencia de la resistencia adquirida a los INSTI varió según se trate de un INSTI de primera o de segunda generación. La prevalencia promedio en el periodo estudiado es 2.5 veces más alta en los INSTI de primera generación que en los de segunda generación (26.2 vs 10.3%). Sin embargo, llama la atención que CAB siendo un INSTI de segunda generación tenga una prevalencia promedio de 18.3%, es decir 1.8 veces la prevalencia de la resistencia a DTG y BIC. Los resultados obtenidos justifican una vigilancia permanente de la resistencia a los INSTI en los pacientes que inician el tratamiento antirretroviral.

Keywords: HIV, Inhibidores de integrasa, resistencia adquirida

Financing: Hospital Clínico Universidad de Chile

Acknowledgments: Nuestro agradecimiento al Laboratorio de Medicina Molecular por la realización de los genotipos de integrasa durante 12 años.

Caracterización de las gestantes diagnosticadas con virus linfotrópico de células T humano tipo I/II en la región de Arica y Parinacota desde septiembre 2021 a marzo 2023.

Yessenia Ortunio Martínez¹, Ximena Aramayo Seoane², Su-elen Jofré González¹

(1) Hospital Dr. Juan Noé Crevani, Programa de Enfermedades Emergentes y Reemergentes, Arica, Chile.

(2) Hospital Dr. Juan Noé Crevani, Servicio de Neonatología y Consulta Pediátrica de Infectología, Arica, Chile.

Introducción: El virus linfotrópico de células T humano, denominado HTLV, es el primer retrovirus descubierto en 1977 y es capaz de generar infección asintomática de forma prolongada, siendo considerado el más potente de los oncovirus humanos. Se transmite principalmente por contacto directo con fluidos corporales infectados como sangre, leche materna y semen. Actualmente, la vía perinatal por lactancia materna es muy importante pues es una de la más susceptible de prevención. En Chile, en donantes de sangre, la prevalencia de HTLV-I fue mayor en mujeres, personas de mayor edad y en aquellas con residencia en la zona norte de Chile.

Objetivo: Caracterizar las gestantes diagnosticadas con HTLV I/II, pesquiasadas en protocolo de prevención de transmisión vertical en la Región de Arica y Parinacota durante el período Septiembre de 2021 a Mayo de 2023.

Materiales y Método: Se realizó una investigación descriptiva y transversal. La muestra se compone de todas las gestantes confirmadas por el Instituto de Salud Pública (ISP) con HTLV I/II entre septiembre 2021 y mayo 2023. En el segundo trimestre de embarazo se realiza tamizaje de HTLV-I/II a las gestantes, como parte del set de exámenes de rutina de embarazo. Se tamizó con pruebas de Inmunoensayo de Electroquimioluminiscencia (ECLIA), y las reactivas fueron confirmadas por IFI y PCR en el ISP. Las gestantes confirmadas, ingresaron a control en el programa de enfermedades emergentes y reemergentes (PoliERRE) y control obstétrico de alto riesgo. Se evaluaron datos como: edad, población de origen, nacionalidad, ocupación, antecedentes de transfusión de sangre, tatuajes, multiparidad, abortos y comorbilidades. Se analizaron los datos mediante el software estadístico SYSTAT 13 y cada una de las variables mediante frecuencia y porcentaje, además de análisis de tabla de una sola vía mediante el test de χ^2 de Pearson. Todos los valores significativos fueron cuando el valor $p < 0,05$.

Resultados: Las gestantes tenían una edad media aritmética de $31,8 \pm 6,7$ años. Según el χ^2 de análisis de tabla de una vía, existieron diferencias significativas ($p < 0,002$) en la población de origen debido al alto porcentaje (72,2%) de población aymara, en comparación a las gestantes que declararon no pertenecer alguna (16,7%), como también un bajo porcentaje (11,1%) de aquellas de origen quechua. Así mismo, también se encontró diferencias significativas ($p < 0,001$) al detectar que un alto número de mujeres (15- 83,3%) indicaron no haber recibido transfusiones de sangre, en comparación a las que no sabían (1- 5,6%) o que sí lo habían hecho (2- 11,1%). Igualmente, se produjo una diferencia significativa ($p < 0,005$) en cuanto a aquellas gestantes sin tatuajes (15- 83,3%) de aquellas que sí estaban tatuadas (3- 16,7%). Por otro lado, hubo un alto grado de diferencia ($p < 0,005$) entre aquellas que no indicaron haber tenido abortos (15- 83,3%), comparadas a las que sí tenían este antecedente (3- 16,7%). Se observó una discrepancia importante ($p < 0,042$) en aquellas que no presentan comorbilidades (6- 37,5%) o hipotiroidismo (3- 18,75%) en comparación al bajo número de las demás patologías observadas. Finalmente, las variables como nacionalidad, escolaridad, ocupación y multiparidad, no presentaron diferencias significativas.

Conclusiones: Lo más relevante de esta caracterización es la población de origen, siendo la más frecuente la Aymara, así mismo, se constató que la mayoría de la gestantes no tenían antecedente de transfusión de hemoderivados, ni presencia de tatuajes ni antecedente de abortos. La comorbilidad más frecuente fue el hipotiroidismo.

Keywords: Caracterización, Gestante, HTLV, Protocolo

Financing: Servicio de Salud Arica-Parinacota (SSA) y las Autoras.

Acknowledgments: SSA- Especialmente EU Makarena LilloHJNC: Directiva, Comité de Ética, Obstetricia, Pediatría, PoliERRE, Banco de Sangre (Especialmente Dra Magdalena Gardilic)ISPDISAM

Prevención de la infección por herpes zóster con una vacuna recombinante contra herpes zóster para promover el envejecimiento saludable

Carolina Beltrán-Pavez¹, Desmond Curran², Mark Doherty², Nicolas Lecrenier², Thomas Breuer²

(1) GSK, Dpto. Médico, Vacunas, Santiago, Chile

(2) GSK, Dpto. Médico, Vacunas, Wavre, Bélgica

Introducción

El envejecimiento de la población es una tendencia demográfica en la mayoría de los países a nivel mundial. En la Unión Europea, la esperanza de vida ha aumentado de 74 a 81 años entre 1990 y 2018. A medida que la esperanza de vida aumenta, también se están incrementando los períodos de tiempo viviendo con problemas de salud. Las recomendaciones de inmunización se centran en vacunas que previenen mortalidad, contribuyendo así a aumentar la esperanza de vida. El enfoque también debería incluir vacunas que promuevan el envejecimiento saludable, mejorando la calidad de una vida prolongada.

Objetivos

Describir el impacto del herpes zóster (HZ) en adultos ≥ 50 años de edad y resumir la evidencia disponible sobre cómo la vacuna recombinante contra herpes zóster (RZV, siglas en inglés) contribuye al envejecimiento saludable.

Materiales y métodos

Realizamos una revisión narrativa de la literatura publicada sobre el impacto del desarrollo de HZ en el envejecimiento saludable, y la capacidad de la vacunación para prevenir la carga subsiguiente de la enfermedad. Específicamente, describimos el impacto del HZ en la capacidad funcional y la calidad de vida, así como el impacto de la RZV en la reducción de la carga del HZ en adultos ≥ 50 años.

Resultados

Una de cada tres personas desarrolla HZ en su vida. Aproximadamente, ocurren 15 millones de casos de HZ al año en todo el mundo en adultos ≥ 50 años. La neuralgia post-herpética (NPH, dolor persistente durante ≥ 90 días) ocurre en hasta en el 30% de los pacientes, y el HZ oftálmico afecta hasta al 25% de los pacientes. El HZ se presenta como una erupción vesicular unilateral con dolor calificado como "el peor dolor imaginable" en $\geq 15\%$ de los pacientes. Las opciones de tratamiento para el HZ y sus complicaciones son limitadas y subóptimas, donde solo el 14% de los pacientes con NPH están satisfechos con su tratamiento. El dolor afecta significativamente el sueño, el estado de ánimo, el funcionamiento físico, social y mental. La vacuna RZV provoca una respuesta inmunitaria potente y duradera, dirigida a la disminución de la inmunidad celular. RZV redujo la carga del dolor del HZ y la interferencia en las actividades de la vida diaria en $>90\%$ en adultos mayores de ≥ 50 años.

Conclusiones

La vacuna RZV, al prevenir los episodios de HZ, ayuda a mantener la capacidad funcional y contribuye al bienestar para un envejecimiento saludable.

Presentación previa: EUPHA 2023

Declaraciones:

CBP, DC, MD, NL y TB son empleados/accionistas del grupo de compañías GSK. NL también reporta patentes planeadas, emitidas o pendientes, y participación en comités de seguridad de datos/juntas asesoras fuera del trabajo presentado. Todos los autores declaran que no tienen otras relaciones y actividades financieras y no financieras.

Keywords: Inmunosenescencia, Vacuna Recombinante, Vacunación del adulto, Prevención, Herpes Zóster

Financing: Financiamiento: GlaxoSmithKline Biologicals SA

Acknowledgments: Agradecimiento: Business & Decision Life Sciences platform c/o GSK (redacción médica); Costello Medical Consulting (apoyo editorial).

Seguimiento por elastografía en pacientes con hepatitis c en tratamiento antiviral: resultados obtenidos de la población atendida en un hospital terciario de la RM.Aldo Díaz¹, MARIA ESPINOZA¹, FRANCISCO ZAMORA¹

(1) Sin Afiliación

ANTECEDENTES: La infección crónica por el virus de la Hepatitis C (VHC) es una de las principales causas hepáticas de morbimortalidad a nivel mundial, esta representa el 27% de los casos globales de cirrosis. La introducción de los nuevos tratamientos antivirales ha supuesto un cambio radical en la evolución natural de la enfermedad, desde un grado variable de inflamación y fibrosis hasta cirrosis hepática y hepatocarcinoma. La determinación del grado de fibrosis en estos pacientes constituye un pilar esencial en el pronóstico, decisión del tratamiento y respuesta al mismo. En este sentido la elastografía hepática se ha convertido en el método no invasivo imprescindible de seguimiento y evaluación de respuesta a tratamiento.

OBJETIVO: Describir los resultados de seguimiento y respuesta a tratamiento mediante la elastografía hepática obtenidos en pacientes en control por hepatitis C.

MATERIALES Y MÉTODOS: Estudio retrospectivo descriptivo realizado a partir de la base de datos de uso clínico del policlínico de VHC de un hospital terciario del área sur de Santiago de Chile con datos obtenidos de pacientes bajo control con elastografía hepática desde el 2014 al 2023.

RESULTADOS: De una muestra inicial de 343 pacientes en seguimiento, 182 de ellos tenían evaluación en al menos una ocasión por elastografía, 82 mujeres y 100 hombres con un promedio de rigidez hepática de 17,92 kPa y 13,85kPa respectivamente, los resultados mostraron valores desde los 2,9 kPa a 75 kPa (en rango de puntuación mínima de 2,5 a máxima de 75kPa). Del grupo de 182 pacientes se excluyeron aquellos fallecidos (9/182), a los pacientes con enfermedad activa sin tratamiento (3/182) y quienes no han podido ser ubicables en el seguimiento (1/182), además de quienes no tenían elastografía de control comparativa (100/182). El grupo final compuesto por 69 pacientes con un promedio de 17,65 kPa en primer control, 34 hombres (promedio 16,79kPa) y 35 mujeres (17,9kPa) y un segundo control comparativo entre los 4 a 96 meses posteriores con una reducción promedio de 3,2 kPa . 12 Pacientes del total tuvieron un tercer seguimiento mediante fibroScan con una reducción promedio de 7,9 kPa todos con disminución de la puntuación de fibrosis y solo dos tienen una cuarta valoración con una diferencia promedio en relación al primer control de 12,5 kPa. De los 69 pacientes al primer control el 39% se encontraba en el grupo F0-F1 de la puntuación de fibrosis (normal), 7% en F2 (fibrosis moderada), 33% en F3 (fibrosis grave), 40,5% en F4 (cirrosis), en contraste la puntuación de fibrosis al segundo control el 43% se encontraba en F0-F1, 7% en F2, 15,9%. En F3 y 33% en F4.

CONCLUSIONES: En el seguimiento de pacientes con infección crónica por virus hepatitis C en tratamiento antiviral a través de elastografía hepática se puede evidenciar disminución en la puntuación promedio de rigidez hepática en kPa en el tiempo, así como un aparente descenso de la puntuación de fibrosis en los subgrupos (F0-F4) en los controles comparativos posteriores. Estos resultados permiten iniciar el camino para la recopilación de mayores datos y análisis que faciliten la evaluación e impacto del tratamiento antiviral en pacientes con VHC sobre la fibrosis hepática por medio de métodos no invasivos, además de estimular el seguimiento de la respuesta a tratamiento por elastografía en la población local.

Keywords: elastography, Liver Cirrhosis, Hepatitis C

Financing: ninguno

Prevalencia de HTLV en donantes de sangre de un centro público de alta complejidad de la región metropolitana Chile desde 2019-2023 y estrategias de enfrentamiento

Izkia Siches^{1,4}, Savka Veas Véliz², Alejandra Cespedes^{3,4}, Leonardo Chanqueo^{1,3}, Camila Cubillos⁴, Valentina Higuera⁴, Andrea Amaro³, Sebastian Archiles³

- (1) Hospital San Juan de Dios, Unidad de Infectología, Huerfanos 3255, Santiago, Chile
- (2) Hospital San Juan de Dios, Banco de Sangre, Huerfanos 3255, Santiago, Chile
- (3) Hospital San Juan de Dios, Laboratorio Clínico, Huerfanos 3255, Santiago, Chile
- (4) Hospital San Juan de Dios, Equipo de Epidemiología, Huerfanos 3255, Santiago, Chile

INTRODUCCIÓN

Se estima que alrededor de 20 millones de personas en el mundo están infectadas con el HTLV-1. Latinoamérica es considerada una zona de endemia. La forma de transmisión más frecuente de HTLV es perinatal, especialmente a través de la leche materna.

Desde diciembre de 2008, se instruye la pesquisa del virus HTLV-1 en bancos de sangre del país, y se establece la confirmación por el Instituto de Salud Pública (ISP), incorporándose a la vigilancia de laboratorio, no así a la vigilancia de morbilidad. La confirmación se realiza mediante la detección simultánea en cada muestra de sangre de los anticuerpos anti-HTLV-1/2 y el provirus.

El informe de vigilancia del ISP 2015-2020 recibió un total de 6.351 muestras para confirmación de HTLV-I, de las cuales el 38,1% (2.421/6.351) resultaron positivas, 60,4% (3.836/6.351) negativas y 1,5% (94/6.351) indeterminadas.

El 2018 la División de Prevención y Control de Enfermedades, MINSAL lanzó la 2da versión del PROTOCOLO DE ATENCIÓN DE PACIENTES CON HTLV-I donde se indica la población objetivo y las principales estrategias de prevención y control de la infección por HTLV-1. Entre ellas las más relevantes son la pesquisa y control en toda mujer embarazada, el tamizaje al 100% de la sangre obtenida, el estudio pretrasplante, el tamizaje en pacientes infectados con el VIH y el estudio a la madre, pareja, hermanos e hijos de pacientes positivos. Lamentablemente esta guía no viene asociada a presupuesto, por lo que la implementación no se ha llevado a cabo en el país.

OBJETIVOS:

Describir la prevalencia de HTLV en donantes de sangre en un hospital público de alta complejidad de la región metropolitana. Elaborar estrategias locales para seguir lineamiento MINSAL.

MATERIALES Y MÉTODOS

Estudio descriptivo observacional. Se analizaron todos los casos confirmados por el ISP de donantes de sangre para estimar prevalencia. Se describió sexo y edad de cada año.

RESULTADOS

De 48.688 donantes analizados, 108 resultaron con serología reactiva, de ellas se confirmaron 37 (34%) desde el 2019-2023, 9 el 2019, 2 el 2020, 4 el 2021, 14 en 2022 y 8 hasta julio del 2023. Los donantes de sangre estos años correspondiente al quinquenio analizado fueron de 48.688 estimando una positividad de 7 por 10.000 donantes en este centro. Los donantes positivos corresponden a 26 mujeres y 11 hombres con 41 años de edad promedio. 17 de ellos menores de 40 años. Para estos casos actualmente no es posible dar cumplimiento al protocolo de atención MINSAL.

DISCUSIÓN

La prevalencia encontrada no presenta grandes diferencias con las descritas en los informes nacionales del ISP de quinquenios previos, pero nos parece importante recalcar que se mantienen las limitaciones diagnósticas para dar seguimiento a las estrategias de control y prevención de este virus, entre las más relevantes el suspender la lactancia materna de mujeres positivas.

Una de las principales limitantes es el acceso al estudio serológico. En nuestro centro sólo está disponible para donantes de sangre. El examen en el extrasistema tiene un costo aproximado de 130.000 pesos chilenos (150 USD) y la confirmación en el ISP \$108.000 pesos chilenos (125 USD).

En nuestro hospital, que cuenta con los equipos requeridos y el personal capacitado, hemos estimado un costo aproximadamente de \$3.300 pesos chilenos por examen (4 USD).

Nuestra recomendación es iniciar el diagnóstico por etapas, partiendo con los contactos de los casos positivos requiriendo aproximadamente 100 exámenes anuales considerando 5 contactos por caso positivo. Además incorporar el tamizaje de mujeres embarazadas de países de alta prevalencia que corresponden aproximadamente a 500 anuales de un total de 2.800 partos por año. Así hemos propuesto iniciar con 1.000 exámenes al año y actualizar el protocolo local para generar un flujo establecido de atención que incorpore la investigación epidemiológica junto a los equipos de Banco de Sangre, Ginecología y Obstetricia, Hematología, Infectología, Medicina Interna, Neurología y Laboratorio Central. Todos los pacientes positivos tras la confirmación del diagnóstico serán evaluados en el policlínico de neurología y medicina interna. En este último se realizará la investigación epidemiológica con el estudio de los contactos.

La implementación efectiva de protocolos de seguimiento y atención de pacientes con infección por HTLV-1 a nivel nacional significarán un avance relevante en la prevención y control de esta enfermedad en nuestro país.

Keywords: HTLV Vigilancia Prevención Transmisión

Financing: Sin financiamiento

Acknowledgments: Hospital San Juan de Dios Banco de Sangre Laboratorio Central Equipo de Epidemiología Unidad de Infectología

Descripción genómica de *Klebsiella michiganensis* portadora de carbapenemasa tipo KPC.

Felipe Morales León^{1,3}, Alejandro Aguayo-Reyes^{1,4,5}, Mario Quezada-Aguiluz^{1,4}, Sergio Mella-Montecinos^{4,5}, Nestor Herrera^{1,5}, Gerardo González-Rocha^{1,2}, Andrés Opazo-Capurro^{1,2}

(1) Universidad de Concepción, Grupo de Estudio en Resistencia Antimicrobiana G-RAM, Barrio Universitario s/n, Concepción, Chile

(2) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, De Ciencias Biológicas, Barrio Universitario s/n, Concepción, Chile

(3) Universidad de Concepción, Departamento de Farmacia, Facultad de Farmacia, Barrio Universitario s/n, Concepción, Chile

(4) Universidad de Concepción, GREEN, Facultad de Medicina, Departamento de medicina interna, Facultad de Medicina, Barrio Universitario s/n, Concepción, Chile

(5) Hospital Dr. Guillermo Grant Benavente, Chacabuco sin numero, Concepción, Chile

1.- Grupo de Estudio en Resistencia Antimicrobiana G-RAM, Universidad de Concepción; 2.- Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos (LIAA), Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción; 3.- Facultad de Farmacia, Departamento de Farmacia, Universidad de Concepción; 4.-GREEN, Facultad de Medicina, Departamento de medicina interna, Universidad de Concepción; 6.- Hospital Dr. Guillermo Grant Benavente, Concepción

Introducción:

Klebsiella michiganensis es una bacteria gramnegativa descrita por primera vez en 2013. Originalmente, se relacionaba estrechamente con *Klebsiella oxytoca* al compartir una similitud en la secuencia de ARNr 16S de hasta un 99%. Sin embargo, desde entonces se ha reconocido que *K. michiganensis* es un patógeno humano emergente asociado a infecciones intrahospitalarias. Por su parte, de elevado interés resulta la descripción de cepas de *K. michiganensis* resistentes a los carbapenémicos. Así, un estudio informó la caracterización de una nueva cepa de *K. michiganensis* resistente a carbapenémicos por portación de múltiples genes de resistencia incluidos *bla*_{SIM-1'}, *bla*_{OXA-1'}, *bla*_{CTX-M-14'}, *qnrS* y *aac(6')-Ib-cr*. Por otro lado, también se han descrito cepas resistentes a carbapenémicos por portación de carbapenemasas tipo KPC, la cual resulta particularmente preocupante dado el potencial de diseminación de estos genes. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo es caracterizar a una cepa de *K. michiganensis* portadoras de carbapenemasa aislada desde un paciente colonizado en el año 2021.

Materiales y métodos

Se estudió el perfil de susceptibilidad de una cepa de *K. michiganensis* aislada durante el año 2021, desde una muestra de hisopado rectal. Se realizó el estudio de susceptibilidad para los principales antimicrobianos de interés clínico utilizando el método de Kirby-Bauer en agar Muller-Hinton. Los puntos de corte para determinar la susceptibilidad fueron interpretados según los criterios del *Clinical & Laboratory Standards Institute* (CLSI) del año 2022. Posteriormente, se realizó la extracción del DNA genómico (gDNA) por medio de kit de extracción Wizard® (Promega) para su posterior secuenciación mediante la plataforma Illumina NextSeq 2000 (SeqCenter LLC Pittsburgh USA). El genoma obtenido fue ensamblado con el software SPAdes (3.13) y posteriormente se realizó la anotación empleando Prokka (1.14.6). Específicamente, se pesquisaron genes de resistencia y virulencia utilizando la base de datos CARD en Abricate. Además, se determinó el ST utilizando el esquema pubMLST para *K. oxytoca* según lo recomendado por la literatura. Para conocer el entorno genético del gen *bla*_{KPC-2'}, se realizó la alineación de genomas empleando BLAST y genomas de referencia para su posterior reconstrucción por medio de la herramienta EasyFig.

Resultados:

El genoma ensamblado resultó en 7 808 160pb organizados en 4346 contigs. Se confirmó la identidad de *K. michiganensis* perteneciente al ST177. Se identificó un tipo capsular K_ locus107 y un antígeno LPS O1/02v1. Por otra parte, se identificaron varios genes de resistencia, siendo los más relevantes *bla*_{KPC-2'}, *bla*_{OXY-1'}, *bla*_{TEM-109'}, *acc(6')-Ib-cr* y *arr3*. La cepa resultó resistente a meropenem, ertapenem, gentamicina, cefalosporinas de tercera generación y ciprofloxacino; mostrando susceptibilidad a ampicacina, ceftazidima-avibactam y tigeciclina, lo cual concuerda con el genotipo asociado. En relación los genes de virulencia, se identificaron los genes *ybtS*, *irp1*, *irp2*, *finB*, entre otros. En relación con el análisis del entorno genético de *bla*_{KPC-2'} se identificó una estructura similar a la existente en un transposón Tn4401, el cual contribuye a la diseminación de estos genes de resistencia.

Conclusión:

La caracterización genómica del aislado de *K. michiganensis* en Chile ha revelado la presencia de múltiples genes de resistencia, incluido *bla*_{KPC-2'}. El perfil de resistencia concuerda con los hallazgos genómicos, mientras que la asociación de *bla*_{KPC-2'} con el transposón Tn4401 sugiere un mecanismo potencial de transferencia y diseminación. La vigilancia y estrategias de control se vuelven de relevancia frente a estos hallazgos.

Keywords: *Klebsiella michiganensis*, Carbapenemasa, Entorno genético, Diseminación

Financing: Proyecto Pfizer y VRID in202200672Int.

Análisis metagenómico de la microbiota intestinal en una muestra de pacientes portadores de *helicobacter pylori*, utilizando secuenciación oxford nanopore.

Claudia Vilo-Muñoz¹, Sebastian Ramirez-Rivera¹, Mirit Bitrán-Ambler¹, Giuliano Bernal-Dossetto¹

(1) Universidad Católica del Norte, Departamento de ciencias biomédicas, Facultad de Medicina, Larrondo 1281, Coquimbo, Chile

1. Antecedentes

Helicobacter pylori es una bacteria microaerofílica Gram-negativa, que suele encontrarse en la superficie del epitelio gástrico e induce inflamación crónica en la mucosa subyacente. La infección por esta bacteria tiene una prevalencia aproximada de un 50% en la población mundial, mientras que en Chile la prevalencia fluctúa entre un 60 y un 79%. Debido a estos índices es importante conocer si la presencia de *H. pylori* afecta la microbiota intestinal de pacientes portadores, ya que se ha observado que existe un cambio en la diversidad microbiana cuando se cursa con la infección aguda y también luego de la erradicación con terapia antibiótica.

2. Objetivos:

- Conocer la diversidad de la microbiota intestinal de pacientes portadores de *H. pylori*, de la región de Coquimbo.
- Determinar si existen diferencias entre la microbiota de pacientes portadores y no portadores de *H. pylori*

3. Material y métodos

Un grupo de pacientes (N=68) de la región de Coquimbo, accedió a entregar de forma voluntaria una muestra fecal a través del operativo preventivo enmarcado en el proyecto FIC-R "Diagnóstico no invasivo de *Helicobacter pylori* en APS". Los participantes firmaron consentimiento informado, y el estudio fue aprobado por el Comité Ético Científico de la Facultad de Medicina de la Universidad Católica del Norte. La muestra fecal fue obtenida por el propio paciente y transportada al laboratorio en un frasco estéril con medio de transporte RNA later. La muestra fue procesada para obtener el ADN bacteriano utilizando el kit QIAamp PowerFecal® Pro DNA Kit. Para la determinación de la presencia de *H. pylori* en la muestra fecal, se realizó amplificación del gen *UreC* mediante la técnica nested-qPCR. Para la secuenciación se seleccionaron 13 muestras del N total, 9 *H. pylori* (+), y 4 *H. pylori* (-). Se analizó la microbiota intestinal usando secuenciación de tercera generación. Para esto el gen 16S rRNA fue amplificado mediante PCR usando los partidores con códigos de barras unidos. El mix de reacción se preparó siguiendo las indicaciones del protocolo de la enzima LongAmp® Taq DNA Polymerase y se incubó en el termociclador rápido AB7500. La construcción de librerías se realizó siguiendo el protocolo "Ligation sequencing amplicons (SQK-LSK110)", que se utiliza para la secuenciación mediante dispositivos Oxford Nanopore Technologies (ONT). A los productos de PCR del gen 16S, con los códigos de barras, se les ligó los adaptadores, utilizando el kit de ligación SQK-LSK110 de ONT. Los experimentos se realizaron en celdas de flujo FLO-MIN106D. La secuenciación se llevó a cabo en el equipo MinION Mk1B durante 48hrs. Las secuencias obtenidas fueron analizadas utilizando el sistema "Bacterial and Viral Bioinformatics Workspace", además de R Statistical Software para generación de figuras y test estadísticos, utilizando paquete Vegan.

4. Resultados

La secuenciación por Nanopore permitió evidenciar predominancia de FiloFirmicutes, Bacteroidetes y Proteobacteria, lo que concuerda con lo que se ha observado en pacientes sanos en otros estudios de microbiota intestinal. A nivel de familias se observó *Lachnospiraceae*, que ha sido asociada con la producción de metabolitos beneficiosos para la salud y en pacientes de edad avanzada. Mientras que a nivel de género se observó predominancia de *Faecalibacterium*, muy común en muestras de microbiota intestinal. También se observó presencia de *Blautia*, un género asociado a la fermentación de azúcares en el intestino y al control de procesos inflamatorios. Análisis estadísticos demostraron que no existe diferencia entre la estructura de la microbiota de pacientes portadores y no portadores de *H. pylori*, indicando que al parecer esta bacteria no interferiría con el desarrollo de la microbiota normal de la población.

5. Conclusiones.

La secuenciación de tercera generación de Oxford Nanopore utilizada en este estudio permitió obtener información valiosa respecto de la estructura de la microbiota intestinal de voluntarios portadores y no portadores de *H. pylori*. Se logró determinar que no existen diferencias significativas en cuanto a la composición de la microbiota intestinal en ambos grupos. Esto es un primer paso para determinar que factores o actores microbiológicos podrían incidir en alteraciones en la microbiota intestinal que puedan conducir a patogenicidad.

Keywords: *H. pylori*, Microbiota, Secuenciación

Financing: FIC 40041031

Análisis microbiológico del sushi adquirido en locales gastronómicos de las ciudades de La Serena y Coquimbo, Chile

Francisca Cerda Rojas¹, Javiera Castillo¹, Sarita Martínez¹, Yessarella Rodríguez¹, Benjamin Pardo¹, Mariana Varas¹, Diego Riveros¹, Fernando Bravo¹, Nicole Urriola³, Daniel Herrera², Dagianna Gonzáles²

(1) Universidad Santo Tomás, Estudiantes Escuela de Tecnología Médica, Facultad de Ciencias de la Salud, ruta 5, La Serena, Chile

(2) Universidad Santo Tomás, Docente Escuela de Tecnología Médica, Facultad de Ciencias de la Salud, ruta 5, la Serena, Chile

(3) Universidad Católica del Norte, Docente Departamento de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Larrondo 1281, Coquimbo, Chile

Introducción: Los actuales hábitos alimenticios de la población incluyen el consumo de los alimentos denominados Listos para Consumo, muchos de ellos adquiridos mediante aplicaciones o redes sociales, estos alimentos pueden o no poseer tratamiento térmico previo a ser consumidos por el cliente. El sushi es una comida popular en la actualidad y se ha masificado, por lo que es necesario estimar el riesgo asociado de producir una enfermedad de transmisión alimentaria (ETA), principalmente porque se comercializa como comida rápida y que cuenta con los ingredientes que son considerados riesgosos por la Organización Mundial de la Salud (OMS). Esto, si no se llevan a cabo las buenas prácticas de manufactura, puede representar un riesgo para el consumidor final puesto que se expone a diversos microorganismos patógenos o no. El objetivo de este trabajo es analizar la calidad microbiológica del sushi adquirido en locales gastronómicos de las ciudades de La Serena y Coquimbo, Chile.

Material y Métodos: Se analizaron 20 muestras aleatorias de 10 locales establecidos dedicados a la venta de sushi elegidos al azar entre las ciudades de La Serena y Coquimbo, Chile. Se realizaron los siguientes análisis microbiológicos según lo establecido por la FDA: recuento aerobio mesófilo (RAM), recuento de coliformes, presencia de *Staphylococcus aureus* y adicionalmente se investigó la presencia de patógenos relacionados con el sushi como: *Bacillus cereus*, *Listeria sp.*, *Salmonella sp.* y *Vibrio parahaemolyticus*.

Resultados: Se evidenció que el 100% de las muestras testeadas tienen un recuento de aerobio mesófilo menor al orden de 10^3 UFC/g, encontrándose en niveles aceptables para la categoría de alimentos en platos preparados según lo establecido por el Reglamento Sanitario de los Alimentos de Chile (RSA). Se observó un alto recuento de coliformes totales en todas las muestras, se evidenció que la presencia de coliformes totales es mayor en las muestras que no recibieron tratamiento térmico en comparación con las que sí, aun presentando aceptabilidad microbiológica según criterios aplicables establecidos por el RSA. También se aislaron 3 cepas de *Listeria sp.* tanto en cortes fríos como con tratamiento térmico. No fue posible establecer la presencia de *Salmonella sp.*, ni *Vibrio parahaemolyticus*. En relación con *Staphylococcus aureus* no se detectó en ninguna de las muestras evaluadas, pero sí se detectó contaminación con otras especies del género de menor importancia clínica en relación con las ETAs.

Conclusión: Las muestras analizadas no representan un riesgo para la salud del consumidor ya sea con o sin tratamiento térmico, siempre y cuando se cumpla con las buenas prácticas higiénicas en la elaboración del producto y se respeten el tiempo y temperatura de almacenamiento recomendado para este tipo de alimento. Es necesario ampliar el estudio para evaluar el potencial rol que tiene el sushi como alimento vehículo productor de intoxicaciones alimentarias por enterotoxinas preformadas.

Keywords: Sushi, Alimentos, coliformes, *Listeria sp*

Cefiderocol: efectividad *in vitro* en *Pseudomonas aeruginosa* y *Stenotrophomonas maltophilia* multirresistentes**Aniela Wozniak**^{1,2,3}, Patricia García^{1,2,3}, Camila Pardo⁵, Patricio Ross⁴, Cecilia Zumarán²

(1) Departamento de Laboratorios Clínicos, Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile

(2) Laboratorio de Microbiología, Servicio de Laboratorios Clínicos, Red de Salud UC-CHRISTUS

(3) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance, MICROB-R, Chile

(4) Departamento de Enfermedades Infecciosas del Adulto, Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile

(5) Alumna de la carrera de Ciencias Biológicas, Facultad de Ciencias Biológicas. Pontificia Universidad Católica de Chile

Introducción: *Pseudomonas aeruginosa* y *Stenotrophomonas maltophilia* son patógenos oportunistas que causan infecciones asociadas a la atención de salud. Las infecciones por *P. aeruginosa* resistente a carbapenémicos (CRPA) presentan alta mortalidad debido a las escasas opciones terapéuticas, siendo cefiderocol (CFC) una alternativa cuando existe resistencia a ceftazidima/avibactam (CZA) o ceftolozano/tazobactam (TOL/TAZ). CFC es un nuevo antibiótico (cefalosporina conjugada con un sideróforo) de uso en Europa y en Estados Unidos, pero aún no disponible en Chile. Tiene un alto costo, la prueba de susceptibilidad es compleja, y hay pocos estudios clínicos respecto de su eficacia. La resistencia a CFC se debe a alteraciones en las proteínas involucradas en el transporte de hierro, y/o en las proteínas de unión a penicilina, y/o a la sobreexpresión de bombas de expulsión. Además, se vio que los aislados resistentes a CFC son más frecuentes entre aislados resistentes a CZA y TOL/TAZ. *S. maltophilia* es un patógeno de importancia creciente que presenta resistencia intrínseca a varios antibióticos por enzimas modificadoras de aminoglicósidos, beta-lactamasas cromosomales y sobreexpresión de bombas de expulsión, siendo cotrimoxazol (CTX) y levofloxacino (LEV) el tratamiento de elección. CFC y aztreonam/avibactam son las alternativas en caso de resistencia a esos agentes. En Chile no existe información acerca de la susceptibilidad a CFC en aislados clínicos de estos microorganismos.

Objetivos: Determinar la susceptibilidad a CFC en aislados clínicos de *P. aeruginosa* y *S. maltophilia* no susceptibles a los antibióticos recomendados para su tratamiento.

Material y Método: Se determinó la susceptibilidad a CFC en 47 aislados clínicos de *P. aeruginosa* resistentes a CZA y/o carbapenémicos, y 25 *S. maltophilia* no susceptibles a LEV y/o CTX. El 100% de los aislados de *P. aeruginosa* eran no productores de carbapenemasas y el 42% eran productoras de PER, una betalactamasa de espectro extendido asociada a la resistencia a CZA y TOL/TAZ. Se utilizó el método de microdilución en caldo para determinar la concentración inhibitoria mínima a CFC (CIM). Se utilizó caldo Mueller-Hinton con cationes ajustados y depletado de hierro (concentración final de hierro $\leq 0,03$ mg/L) con concentraciones de CFC desde 0,03 hasta 32 $\mu\text{g/mL}$. Se utilizaron los puntos de corte recomendados por el CLSI 2023.

Resultados: Para *P. aeruginosa* la susceptibilidad a CFC fue de 87% (41/47), 5 de los aislados (11%) fueron intermedios y uno (2%) fue resistente con una CIM de 32 $\mu\text{g/mL}$. Los aislados PER-negativos tuvieron una CIM₅₀ y CIM₉₀ de 0,5 $\mu\text{g/mL}$ y 4 $\mu\text{g/mL}$ respectivamente. En cambio, los aislados PER-positivos tuvieron una CIM₅₀ y CIM₉₀ de 1 $\mu\text{g/mL}$ y 8 $\mu\text{g/mL}$ respectivamente. El 91% (43/47), 81% (38/47) y el 98% (46/4) de los aislados fueron no susceptibles a meropenem, TOL/TAZ e imipenem respectivamente. El 100% de los aislados de *S. maltophilia* fueron susceptibles a CFC. La CIM₅₀ fue de 0,06 $\mu\text{g/mL}$ y la CIM₉₀ de 0,125 $\mu\text{g/mL}$. El 52% (13/25) y 40% (10/25) de los aislados fueron resistentes a CTX y LEV respectivamente. Los aislados con mayor CIM (0,25 $\mu\text{g/mL}$) fueron resistentes a CTX y a LEV, mientras que los aislados con menor CIM (0,03 $\mu\text{g/mL}$) fueron resistentes solo a uno de dichos antibióticos.

Conclusiones: CFC tiene una buena actividad *in vitro* en aislados clínicos de *P. aeruginosa* y de *S. maltophilia* multirresistentes por lo que podría ser útil como tratamiento en infecciones. El aislado de *P. aeruginosa* resistente a CFC no posee PER y es resistente a CZA, TOL/TAZ, y carbapenémicos. Es posible que los mecanismos de resistencia a CZA, TOL/TAZ y CFC estén relacionados pero se requieren estudios de secuenciación total del genoma para determinarlo.

Keywords: cefiderocol, *Stenotrophomonas maltophilia*, *Pseudomonas aeruginosa*

Financing: Fondo de Desarrollo Académico del Departamento de Laboratorios Clínicos. Escuela de Medicina.

Acknowledgments: Agradecemos al personal del Laboratorio de Microbiología de la Red de Salud UC-CHRISTUS en el Centro Médico San Joaquín.

Conocimiento del lavado de manos y uso del alcohol gel durante la pandemia del covid-19 en la población de la Serena y Coquimbo, Chile

Javiera Castillo¹, Francisca Cerda¹, Sarita Martínez¹, Yessarella Rodríguez¹, Benjamín Pardo¹, Mariana Varas¹, Diego Riveros¹, Fernando Bravo¹, Daniel Herrera², Dagianna González², Nicole Urriola³

(1) Universidad Santo Tomás, Estudiantes Escuela de Tecnología Médica, Facultad de Ciencias de la Salud, Ruta 5, La Serena, Chile

(2) Universidad Santo Tomás, Docente Escuela de Tecnología Médica, Facultad de Ciencias de la Salud, Ruta 5, La Serena, Chile

(3) Universidad Católica del Norte, Docente Departamento de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Larrondo 1281, Coquimbo, Chile

En el marco de la pandemia del covid-19, las manos contaminadas han sido consideradas como un mecanismo de transmisión del virus, así como de otros tipos de microorganismos, por lo que el lavado de manos con agua y jabón es una de las medidas más eficaces para prevenir las infecciones por covid-19 y fue considerada una estrategia importante como medida de profilaxis a nivel nacional y mundial. Nuestro objetivo es determinar el nivel de conocimiento y prácticas sobre el lavado de manos y el uso del alcohol gel que adquirió durante la pandemia de covid-19 la población adulta de las ciudades de La Serena y Coquimbo. **Material y Métodos:** Estudio cuantitativo descriptivo, se aplicaron 239 encuestas al azar a personas mayores de 18 años con consentimiento informado, entre mayo y septiembre 2022. Esta encuesta se validó previamente para determinar la pertinencia de las preguntas distribuidas en 4 ítems según conocimiento sobre el lavado de manos, uso del alcohol gel, hábitos higiénicos, la pandemia y sus efectos. Se construyó una base de datos y se realizaron análisis de ANOVA, análisis *a posteriori* de Tukey y chi-cuadrado con el paquete estadístico SPSS 22. **Resultados:** El análisis reveló que existen diferencias significativas entre el nivel educacional, frecuencia del lavado de manos, conocimiento de los pasos del lavado de manos, y el uso intercalado de agua y de alcohol gel. El 79,5 % indicó que no conocía el alcohol gel antes de la pandemia y el 89% declaró saber que el alcohol gel no reemplaza el lavado de manos con agua y jabón. Se encontraron diferencias significativas entre la edad y el nivel educacional respecto a la efectividad del alcohol gel sobre el SARS-CoV2, ya que solo un 46% reconoce su uso como antiséptico. Se observaron diferencias significativas al comparar el nivel educacional y edad de las personas con el lavado de manos antes y después de la preparación de alimentos, el lavado de manos después de toser, sonarse o estornudar y la necesidad de lavarse las manos durante sus actividades diarias. **Conclusión:** Debido a la contingencia sanitaria que significó la pandemia del covid-19, es fundamental seguir con la educación de la población, para la mejora de procesos sanitarios prioritarios como lo es la higiene de manos; siendo indispensable que las autoridades sanitarias se involucren para establecer estrategias complementarias, ya que es difícil mantener la concentración hacia una práctica por todos conocida, pero por muchos ignorada.

Keywords: Determinar el conocimiento del lavado de manos y del uso del alcohol gel, La pandemia y sus efectos en la transmisión del covid-19, El lavado de manos y su impacto en la transmisión del covid-19, Encuesta realizada en La Serena y Coquimbo sobre el impacto de las medidas de higiene en la Pandemia



Evaluación del cumplimiento de las recomendaciones de volúmenes de sangre para hemocultivos en un hospital pediátrico de Chile

Paula Chávez Montoya¹, Paulina Coria de la Hoz¹, María Elvira Simian Marín¹, Javiera Albornoz Valenzuela¹

(1) Hospital Luis Calvo Mackenna

Introducción: Los hemocultivos son el examen de elección para diagnosticar infecciones del torrente sanguíneo, pero su rendimiento depende de varios factores, entre ellos los preanalíticos. La cantidad de sangre inoculada ha sido descrita como el principal factor determinante del rendimiento de estos, ya que impacta directamente en su sensibilidad.

Objetivo: Determinar la frecuencia con que el volumen de sangre enviado para cultivo en la práctica clínica habitual pediátrica cumple con las recomendaciones de toma de muestra.

Materiales y métodos: estudio descriptivo retrospectivo en que se estudiaron los hemocultivos tomados durante el año 2022 en el Hospital Luis Calvo Mackenna. Se calculó un tamaño muestral para asegurar un nivel de confianza de 95%. Se registró el volumen de cada muestra y se comparó con las recomendaciones locales para pacientes pediátricos según peso corporal.

Resultados: de un total de 5.525 hemocultivos obtenidos durante el período de estudio, se analizó una muestra de 522 exámenes obtenida aleatoriamente. De estos, sólo 171/522 (32,8%) cumplieron con el volumen mínimo recomendado para el peso del paciente. Según el tipo de muestra, los hemocultivos centrales y periféricos cumplieron con la recomendación de volumen en 70/209 (33,5%) y 94/286 (32,9%); respectivamente. La positividad de los hemocultivos en este período fue 56/522 (10,7%). De los positivos, 26/56 (46,4%) contaba con un volumen de sangre adecuado. Para los hemocultivos centrales, del total de muestras positivas 14/29 (48,3%) tenía un volumen adecuado y para hemocultivos periféricos 12/26 (46,2%). En unidades de paciente crítico 112/223 (50,2%) de los hemocultivos tomados se ajustó a las recomendaciones de volumen por peso, logrando una positividad de 29/223 (13%); por el contrario, en unidades básicas y ambulatorias el volumen fue el recomendado sólo en 33/141 (23,4%) y 26/158 (16,5%); con una positividad de 18/141 (12,8%) y 9/158 (5,7%), respectivamente.

Conclusiones: en la mayoría de los casos el volumen de sangre de los hemocultivos no cumplió con las recomendaciones para el peso del paciente, concordante con la literatura internacional, lo que podría ser un factor que esté afectando el rendimiento de este examen. En nuestro hospital, por tratarse de un centro pediátrico, el volumen de sangre recomendado para cultivo se guía según el peso corporal, a diferencia de la población adulta donde las recomendaciones son según edad, lo que podría representar una dificultad adicional al momento de cumplir con las características adecuadas de la toma de muestra, ya que el peso es un dato que podría no estar siempre disponible. En relación al tipo de hemocultivos, centrales y periféricos, tuvieron tasas de cumplimiento de volumen similares. Llama la atención que las unidades críticas cumplieron con mayor frecuencia la recomendación de volumen de sangre que se envía a cultivo según el peso de los pacientes, en comparación con unidades básicas y ambulatorias, por lo que sería interesante analizar los factores que determinan esta diferencia. Es indispensable implementar planes de mejora para optimizar el cumplimiento de las condiciones preanalíticas de los hemocultivos que permitan asegurar un óptimo rendimiento de este examen.

Keywords: Hemocultivos, Volumen de sangre, Pediatría

ÍNDICE DE AUTORES

A		Hetreau Letelier Bernardita	P30
Abarca Villaseca Katia	C019	I	
B		Ibanez Carolina	C016
Barraza Marlon	P69	Izquierdo Giannina	C030, C037
Beltrán-Pavez Carolina	P81	J	
C		Jiménez Javiera	C034
Carrasco Renato	P7	José Conejeros	C038
Castillo Javiera	P88	K	
Castillo Montes Mauricio	C027	Kranen Hildegard	P43
Castillo-Rozas Gabriel	C025	L	
Ceballos Valdivielso María Elena	C07	Lima Celia A.	C024
Cerda Rojas Francisca	P86	Lira Spinali Marianella	P78
Cerón Inés	C01	Lopez Muñoz Olga	P61, P63
Chávez Montoya Paula	P89	Lopez Pedro	P70
Cifuentes Sebastián	P44	López Valladares Miguel Ángel	P27
Cofre Mauricio	P13	M	
Conde Abeliuk Christian Oliver	P52, P71	Martinez Montero Sebastian	P36
Conejeros José Daniel	C013, C033	Martínez Solis Jose Rodrigo Waldemar	C017
Correa Fuentes Sonia	P15, P16	Martínez-Valdebenito Constanza	P55, P57, P59, C014
Cortés Guerra Daniel	P12, P64	Matus-Köhler Maximiliano	C06
Curilén Valenzuela Nadia	C020	Mazzoni Werner Patricia	P60
D		Medel Myriam	P29
Delpiano Luis	C035	Medina Pamela	P45
Denegri Cartes Marisol	P56	Melián Ferrada Cristian	P32
Díaz Aldo	P82	Mercado Pizarro Mario	P77
Díaz Lorena	P22	Morales Concha Marjorie	P73
Díaz Natalia	P66	Morales Francisca	P25
Espinoza Rivera Darka	P4	Morales Jara Francisca	P24
Espinoza Vásquez Carlos	P37	Morales León Felipe	P84
F		Moreno Lopez Victoria	P23
Farías Gómez Cristian Enrique	P39	N	
Ferrer Pablo	P75, P79, C04	Nunez Palma Carolina	C02
G		O	
García Patricia	P31, C08, C011	Ojeda-Uribe Mario	P68
Giraldo Martínez Carolina	P46	Orellana Soto Sebastián	P72
González Bobadilla Sandra	P76	Ortunio Martínez Yessenia	P80, C029
González Soto Ana María	P9	Otth Lagunas María Laura	C03
Guerrero Astudillo Camila	P17	Ovando Sergio	P38
H		P	
Henríquez Toledo Daniela	P20	Paredes-Osses Esteban Alfredo	C022
Herrera Chávez Néstor Andrés	P3	Peters Anne	C05



Pizarro C. Valeria	P10
Poblete Roa María Monserratt	P26
Porte Lorena	P40
Q	
Quesille-Villalobos Ana María	C031
Quilodran Ruiz Felipe	P11
Quiroz Palma Valeria	P5, P41
R	
Ramírez González Ariel Fernando	P53
Ramírez Maximiliano	C039
Reyes Jimenez Alejandra	P51
Rivacoba Rojas Maria Carolina	C018, C028
Rodas Paula	P14
Rojas Pamela	P34
Ross Patricio	P8, P48
Rossi Gabriela	P6
S	
Salas Montenegro Veronica	P47
Santolaya De Pablo María Elena	C021, C026
Sciaraffia Rubio Alicia	P74
Sepúlveda María	P1
Siches Izkia	P83
Siches Pastén Izkia	P62
Simian María Elvira	P35
Solar Camila	C036
Spencer-Sandino Maria	P18
T	
Tapia Cortes Jaime	P28
Torres Juan Pablo	C023
U	
Urarte Izeta Edurne	P58
Uribe Sanzana Gabriel	P54
V	
Valenzuela Gonzalo	P33, P67
Valenzuela Pablo	P65
Vera Velásquez Claudia	P19, P49
Vergara Pinto Paulina	P2
Villamil Aura	C09, C012, C032
Vilo-Muñoz Claudia	P85
Voykovic Yerko	P42
W	
Worner Nicole	P50
Wozniak Aniela	P87, C015
Z	
Zamora Vargas Francisco	C010



SOCIEDAD CHILENA DE
INFECTOLOGÍA
EDUCACIÓN MÉDICA CONTINUA

XXXVIII
CONGRESO CHILENO DE
INFECTOLOGÍA 2023
14 AL 17 DE NOVIEMBRE

