SOCIEDAD CHILENA DE INFECTOLOGÍA

XLI CONGRESO CHILENO de Infectología

17 al 20 de noviembre del 2026

LIBRO DE RESÚMENES



Comité Científico

Dr. Francisco Zamora V.
Dra. Dona Benadof
Daniel Cortés Guerra
Claudio González M.
Valentina Gutiérrez Muñoz
Dra. Cecilia Piñera Morel
Dra. Mariella Raijmakers Hidalgo
Dra. Loreto Rojas Wettig
Dr. Pablo Valenzuela García
Nicolás Valdebenito Farías

Invitados Internacionales

Roberto Jabornisky
Alejandra Reyes
Rolando Ulloa-Gutiérrez

Invitados Nacionales

Elias Arab
Inés Araneda
Diego Aranguiz
Isabel Araya
Claudia Astudillo
Diana Ávila
Angélica Becerra
Juan Pablo Bolbarán
Rodrigo Bozzo
Catalina Castellano
Verónica Chauriye
Ida Concha
Loreto Correa
Daniel Cortés
Daniela Cortez
Jovita Corzo
Marcela Díaz
Adriana Diettes
Renata Dupuy
Carlos Fernández
Macarena Gajardo
Carla Gálvez
Raimundo García
Javiera Garrido
Claudia Gianoni
Diego Gómez
Leonor Jofré
Catalina Le Roy
Felipe Lecannelier
Marcela Linares
Manuel Lira
Francia López
Cristian Lovera
Beatriz Luna
Daniela Martínez
Eduardo Maurelia
Carolina Méndez
Andrés Muñoz
Javiera Muñoz
Joel Navarrete
Nelson Nilo
Javiera Ormeño
Álvaro Pacheco
María Angélica Palomino
Stephania Passalaqua
María de los Ángeles Paul
Paola Pérez
Cecilia Piñera
Vicente Quiróz
Andrés Retamal
Joel Riquelme
María Carolina Rivacoba
Karla Rodríguez
María José Rojas
Paula Rojas
Valeria Rojas
Vivian Rybertt
Andrés Salazar
Pamela Schellman
Luisa Schonhaut
Verónica Soto
Rubén Torres
Francisco Verdugo
Camila Vergara
Romina Vergara
Felipe Verscheure
Mónica Villanueva
Rodolfo Villena
Cecilia Von Borries
Consuelo Zec

Índice

Comunicaciones Orales

Epidemiología y salud pública....5
IAAS....7
Infecciones emergentes....8
Infecciones en inmunosuprimidos....9
Infecciones VIH y otras ITS....13
Microbiología....15
Resistencia antimicrobiana....16
Otros....20

E-posters

Epidemiología y salud pública....23
Farmacología clínica....51
IAAS....55
Infecciones bacterianas....60
Infecciones emergentes....72
Infecciones en inmunosuprimidos....73
Infecciones fúngicas....83
Infecciones VIH y otras ITS....85
Infecciones virales....107
Microbiología....113
PROA....120
Resistencia antimicrobiana....142
Otros....174

Casos Clínicos 179

Índice de autores 182

COMUNICACIONES ORALES

Folio 41

ANÁLISIS SOCIODEMOGRÁFICO Y EPIDEMIOLÓGICO DE LAS INFECCIONES POR HANTAVIRUS EN LA REGIÓN DEL BIOBÍO DURANTE EL PERIODO 2013–2025

Autor principal: Natalia Paulina Sanchez Leiva

Los hantavirus son virus zoonóticos transmitidos principalmente por roedores silvestres. En Chile, el único hantavirus asociado a casos humanos es Orthohantavirus andesense (virus Andes), cuyo principal reservorio es el ratón colilargo (Oligoryzomys longicaudatus). La infección presenta una elevada letalidad y se adquiere principalmente por inhalación de aerosoles contaminados con excretas de roedores infectados, constituyendo además una de las pocas especies de hantavirus con capacidad demostrada de transmisión persona a persona. Su distribución en Chile se extiende desde la Región de Coquimbo hasta la Región de Aysén, con una marcada heterogeneidad espacial y temporal influenciada por factores ambientales, ecológicos y sociodemográficos. A pesar de los avances en vigilancia epidemiológica, persisten brechas en la comprensión de los factores asociados a la distribución territorial de los casos en la region del Biobio. Caracterizar epidemiológica, sociodemográfica y territorialmente los casos confirmados de hantavirus en la Región del Biobío durante el período 2013-2025, evaluando su distribución espacial según unidades geomorfológicas. Se planteó como hipótesis que la incidencia de la enfermedad presenta una distribución territorial heterogénea asociada a las características ambientales del territorio. Se realizó un estudio epidemiológico observacional retrospectivo de los casos confirmados de infección por Orthohantavirus andesense registrados en la Región del Biobío (Chile) entre 2013 y 2025. La información fue obtenida de los registros de vigilancia epidemiológica de la SEREMI de Salud e incluyó casos confirmados por serología y/o RT-PCR. El análisis consideró la modificación territorial derivada de la creación de la Región de Ñuble, diferenciando el período previo (2013-2017) y posterior (2018-2025) a la división administrativa. Se calcularon tasas de incidencia acumulada utilizando datos poblacionales oficiales del INE y los casos fueron georreferenciados según comuna probable de contagio, agrupándose en cuatro macrozonas geomorfológicas. Se analizaron variables sociodemográficas, clínicas, ocupacionales y de exposición. Los casos fueron analizados según lugar probable de contagio y agrupados en cuatro macrozonas geomorfológicas. La comparación de la incidencia entre macrozonas se realizó mediante pruebas no paramétricas (Kruskal-Wallis y Dunn con corrección de Bonferroni), considerando un nivel de significancia de 0,05. Entre 2013 y 2025 se notificaron 109 casos confirmados de infección por hantavirus en la Región del Biobío, con predominio en hombres (67%) y una edad promedio de 36 años. La mayor concentración de casos se registró en la provincia de Biobío y en las comunas de Los Ángeles, Quilaco, Santa Bárbara y Contulmo. Los años 2017 y 2019 presentaron la mayor incidencia regional (0,88 casos por 100.000 habitantes). El 45% de los casos ocurrió durante el verano y el grupo etario más afectado correspondió a personas de 15 a 29 años. La letalidad acumulada fue de 30%, observándose una tendencia decreciente durante el período de estudio. El 61% de los pacientes desarrolló síndrome cardiopulmonar por hantavirus. La residencia y las actividades laborales constituyeron las circunstancias de exposición más frecuentemente registradas. El análisis territorial mostró una distribución heterogénea de la incidencia acumulada entre las distintas unidades geomorfológicas, con valores más elevados en la Precordillera/Cordillera de los Andes y diferencias estadísticamente significativas respecto de la Planicie Litoral/Costera (p=0,002). Los resultados confirman una distribución territorial heterogénea de la infección por hantavirus en la Región del Biobío, con diferencias significativas entre unidades geomorfológicas y comunas. La mayor incidencia observada en sectores precordilleranos y cordilleranos sugiere una influencia de las características ambientales y territoriales en la ocurrencia de la enfermedad. La identificación de estas áreas de mayor incidencia aporta información relevante para la focalización de acciones preventivas y de comunicación de riesgo en las poblaciones expuestas.

Folio 217

ANÁLISIS BAYESIANO ESPACIO-TEMPORAL DE LOS PATRONES ESTACIONALES Y ESPACIALES DE LA TUBERCULOSIS Y SUS DETERMINANTES EN CHILE, 2011-2023

Autor principal: José Daniel Conejeros
Co-autores: Salvador Vargas-García; Kasim Allel; Nadia Escobar; María Elvira Balcells; Eduardo A. Undurraga

La tuberculosis (TB) es una enfermedad infecciosa respiratoria crónica causada por Mycobacterium tuberculosis y continúa siendo una de las principales causas de muerte por un solo agente infeccioso, con cerca de 10 millones de nuevos casos y 1,4 millones de muertes al año. En América Latina, la incidencia de TB es de alrededor de 40 casos por cada 100.000 habitantes. La incidencia de TB en Chile ha mostrado un crecimiento sostenido en la última década, pasando de 14,4 casos por 100.000 habitantes en 2015 a 16,5 en 2025. Sin embargo, la mayoría de la investigación previa sobre el riesgo de TB se basa en conteos anuales y unidades administrativas gruesas, lo que dificulta la gestión de los sistemas de vigilancia para identificar dónde se concentra el riesgo y cuándo ocurre. Hoy no se cuenta con una caracterización espacio-temporal de la TB a escala comunal para todo el país. Estimar los componentes espacial, anual y estacional del riesgo de notificación de TB en las 343 comunas de Chile continental (2011-2023) y cuantificar su asociación con características sociodemográficas, de vivienda, de acceso a salud y climáticas con el riesgo comunal. Implementamos un estudio ecológico poblacional sobre un panel mensual balanceado de 61.740 observaciones (343 comunas × 15 años × 12 meses), construido con los casos notificados al Programa Nacional de Control y Eliminación de la Tuberculosis entre el 1 de enero de 2011 y el 31 de diciembre de 2023, proyecciones de población del INE, indicadores del Censo 2024, registros de establecimientos de atención primaria e indicadores satelitales de temperatura. Se ajustaron modelos jerárquicos bayesianos de conteos con verosimilitud binomial negativa que combinan un componente espacial BYM2, tendencia anual (caminata aleatoria de primer orden), estacionalidad mensual cíclica e interacción espacio-temporal del tipo: comuna-año (Knorr-Held tipo I), más 12 covariables estandarizadas, un lag de notificación de 1 mes y un offset poblacional. El modelo se seleccionó mediante WAIC entre 18 especificaciones anidadas, se estimó con INLA (priors de complejidad penalizada) y se validó mediante MCMC (4 cadenas y 50.000 iteraciones). Se reportan razones de riesgo (RR) con desviación estándar e intervalos de credibilidad del 95% (IC95). El riesgo de notificación aumentó con la densidad poblacional (RR 1,19; IC95 1,05–1,37), el hacinamiento (1,13; 1,05–1,23), la proporción de población migrante (1,15; 1,06–1,26) e indígena (1,14; 1,03–1,25) y la desviación mensual de temperatura intracomunal (1,05; 1,01–1,08); una mayor oferta de centros de atención primaria por 100.000 habitantes se asoció a menor notificación (0,85; 0,75–0,97) (Tabla 1). La notificación mostró estacionalidad reproducible, con máximo en agosto (RR 1,13; 1,07–1,19) y mínimo en febrero (0,87; 0,82–0,92), un contraste cercano al 30% entre invierno y verano. La tendencia anual cayó 11% en 2020 (0,89; 0,84–0,94) durante la pandemia y repuntó hacia 2023 (1,05; 1,00–1,11). La desviación estándar espacial fue de 0,42 (44% de estructuración espacial), mientras que la interacción comuna-año (DE 0,21) mostró trayectorias comunales heterogéneas y focos de riesgo persistente (Figura 1). Una interacción comuna-mes no mejoró el ajuste (ΔWAIC $\approx$ 0) y la sobredispersión fue sustancial. La epidemiología de la TB en Chile se caracteriza por una marcada heterogeneidad espacial, una estacionalidad invernal consistente y trayectorias comunales crecientemente divergentes. El riesgo se concentra en comunas con alta densidad poblacional, mayor hacinamiento, mayor proporción de población migrante e indígena y menor disponibilidad de atención primaria, lo que sugiere que las desigualdades territoriales desempeñan un papel central en la distribución de la enfermedad. La persistencia de focos espaciales de alto riesgo y la divergencia entre trayectorias comunales indican que una parte importante de la variación en la carga de TB ocurre a escala local, respaldando estrategias de vigilancia e intervención focalizadas territorialmente.

Folio 256

AUDITORÍA DE HIGIENE DE MANOS EN LA UCI MEDIANTE UN DISPOSITIVO EDGE AI CON CNN Y AUTOATENCIÓN ESPACIOTEMPORAL: ESTUDIO PILOTO DE FACTIBILIDAD

Autor principal: Claudio Castillo Vukovic
Co-autores: Bernardo Chávez Plaza; Roberto Amador Carrasco; Cristobal Miño Morales; Cristian Fernandez Muñoz; Sylvia Alvarez Olguín; Carolina Herrera Díaz; Luis Chicuy Godoy; Mario Cuellar Martínez; Kevin Torres García; Germán Torres

La higiene de manos (HM), especialmente en las unidades de cuidados intensivos (UCI), constituye una estrategia fundamental para la prevención de infecciones asociadas a la atención de salud (IAAS). No obstante, su auditoría mediante observación directa es intermitente, requiere recursos humanos y puede modificar la conducta del personal observado (efecto Hawthorne). La visión computacional mediante dispositivos de inferencia local (Edge AI), basados en redes neuronales convolucionales (CNN), podría permitir una evaluación automatizada y continua de la técnica de HM, preservando el flujo asistencial. Evaluar la factibilidad de un dispositivo Edge AI autónomo, basado en redes neuronales profundas, para la monitorización automatizada y en tiempo real del cumplimiento de la técnica de HM según el estándar de la OMS, en la UCI del Hospital del Salvador. Se diseñó una arquitectura de inteligencia artificial (IA) basada en redes neuronales profundas (ResNet y YOLO11-CLS) con mecanismos de autoatención espaciotemporal, aplicada sobre secuencias de 16 fotogramas restringidas a la región de antebrazos y manos. Para el procesamiento de datos y la preservación de la privacidad, se utilizó un modelo mixto que combina Motion History Images (MHI) en escala de grises con coordenadas de MediaPipe (licencia Apache 2.0). Se entrenó dicho modelo mixto con 48.010 fotogramas clínicos reales, curados a partir del dataset institucional y 96.000 fotogramas sintéticos generados mediante gemelos digitales. Un factor crítico del entrenamiento fue configurar los parámetros de aumentación de datos (data augmentation), bloqueando el reflejo horizontal y vertical de las imágenes, lo que impidió contaminar la quiralidad de los movimientos ejecutados con primacía lateral. Se diseño, un dispositivo físico mediante una GPU Nvidia (RTX 3060 12GB); con Cámara Infrarroja y visión nocturna (Hikvision de 1080 x 560 pixeles); wifi; Display de Tablet (Lenovo 12\") que instalamos a 170ª frente a zona de HM a unos 40 cm de altura, siguiendo normas de asepsia requeridos para sus carcasa. El dispositivo reconoció correctamente las 6 etapas de la técnica de HM según el estándar de la OMS, con una exactitud (accuracy) de 97,2% y tiempos de inferencia de 80,5 y 91 ms/imagen respectivamente, procesando imágenes a una tasa local de hasta 25 cuadros por segundo (FPS). El modelo YOLO11-CLS alcanzó su mejor estabilidad de entrenamiento en la época (epoch) 34, con una matriz de confusión que evidenció menor dispersión entre clases. Utilizando los modelos mixtos, este dispositivo piloto registró un 90,8% de cumplimiento de la técnica de HM (1.579/1.739 casos) durante el período de observación, entre el 22/08/2026 y el 21/09/2026, independientemente del turno horario. El dispositivo permite generar reportes operacionales que apoyan el análisis por parte de los equipos de IAAS, las jefaturas clínicas y el departamento de Calidad del centro asistencial. El despliegue de un dispositivo Edge AI que integra modelos CNN con autoatención espaciotemporal, entrenados con datos reales y sintéticos, resultó factible en la UCI estudiada, sentando una base para la auditoría continua, no invasiva y escalable del cumplimiento de la técnica de HM conforme al estándar de la OMS.

Folio 169

DIAGNÓSTICO SEROLÓGICO DE TIFUS DE LOS MATORRALES EN CHILE: VALIDACIÓN DE UN NUEVO TEST DE INMUNOFLUORESCENCIA USANDO ANTÍGENO DE CANDIDATUS ORIENTIA CHILOENSIS

Autor principal: Constanza Martinez Valdebenito
Co-autores: Teresa Azocar; Catalina Rogers; Gerardo Acosta Jamett; Stuart Blacksell; John Stenos; Katia Abarca; Thomas Weitzel

El tifus de los matorrales (TM) es una zoonosis transmitida por ácaros trombicúlidos, causada por Orientia tsutsugamushi (en Asia-Pacifico) y otras especies del género Orientia. En Chile, desde 2011 se han confirmado casos autóctonos de TM, y en 2020 se describió una nueva especie, Candidatus Orientia chiloensis, como agente causal. Los ensayos serológicos para TM, basados en antígeno de Orientia tsutsugamushi, muestran bajo rendimiento en casos de TM en Chile, probablemente por divergencia antigénica entre especies. El objetivo de este estudio fue desarrollar y validar un ensayo de inmunofluorescencia indirecta (IFA) basado en Ca. O. chiloensis para el diagnóstico serológico de TM en Chile. Estudio de validación de nueva técnica serológica. El ensayo se desarrolló usando un antígeno de un aislado clínico de Ca. O. chiloensis, cultivado en células L929, fijado e inactivado en portaobjetos. Para la validación se incluyó como grupo positivo 45 sueros de casos con TM confirmados por técnicas moleculares, y un grupo negativo de 78 voluntarios sanos sin exposición reciente en zonas endémicas de TM en Chile. Se incluyó adicionalmente un grupo control de 73 sueros con otras infecciones por Rickettsiales y bacterias relacionadas: 34 casos de TM por O. tsutsugamushi, 14 de casos de infecciones por Rickettsia spp. y 25 casos con otras infecciones (Coxiella burnetii, Bartonella spp.). Se realizó un "screening¨ de los sueros a diluciones 1:32 y 1:64, aquello que mostraron reacción en la dilución 1:64 fueron titulados. Sensibilidad y especificidad se calcularon mediante tabla de contingencia usando qPCR como estándar de referencia, y se construyó una tabla de sensibilidad y especificidad por cada dilución. En la dilución 1:32, 44 de 45 muestras fueron positivas mostrando una sensibilidad del 97.8% (IC95% 88.2-99.4). En tanto, en la dilución 1:64 los casos positivos fueron 38 de 45 mostrando una sensibilidad en esa dilución del 84.4% (IC95%: 70.5-93.5). Para el panel de sueros negativos (chilenos con bajo riesgo de exposición), 3 de 78 mostraron reactividad en la dilución 1:32, resultando en una especificidad de 96% (IC95%: 87-98); y 2 de 78 en la dilución 1:64, con una especificidad de 97% (IC95%: 90-100) (Tabla 1). En los 34 sueros de casos de TM por O. tsutsugamushi, 15 (44.1%) reaccionaron frente al antígeno de Ca. O. chiloensis (con títulos finales entre 1:32 y 1:512) (Tabla 2). En los 39 sueros con infecciones por Rickettsia spp. y otras bacterias relacionadas, 6 (15.4%) mostraron reactividad de bajo nivel (títulos ≤1:64). Considerando el total de muestras de control (n=151), la especificidad calculada en la dilución 1:32 fue de 84.1% (IC95%: 77.3-89.5), mientras que en la dilución 1:64 era de 93.4% (IC95%: 88.2-96.8). El nuevo ensayo IFA mostró un alto desempeño diagnóstico. Se observó una baja reactividad cruzada a bacterias fuera del género Orientia y una reactividad parcial frente a O. tsutsugamushi, sugiriendo una divergencia antigénica entre especies de Orientia. Eso respalda la necesidad de ampliar el panel de antígenos para ensayos serológicos de TM fuera de Asia-Pacifico. Estudios más amplios deben determinar los valores de cut-off del IFA en el futuro.

Folio 33

INCIDENCIA DE ENFERMEDAD FÚNGICA INVASORA PROBABLE/PROBADA DURANTE EL PRIMER AÑO POST TRASPLANTE DE PROGENITORES HEMATOPOYÉTICOS ALOGÉNICO PEDIÁTRICO

Autor principal: Gonzalo Valenzuela Galaz
Co-autores: Felipe Lizana Gajardo; Nicole Le Corre Pérez; Valentina Gutiérrez Muñoz; Cecilia Vizcaya Altamirano; María Angélica Wietstruck Peña; Cristian Sotomayor Fahrenkrog

En Chile no hay datos sobre la incidencia y temporalidad de la enfermedad fúngica invasora (EFI) en pacientes pediátricos con trasplante alogénico de progenitores hematopoyéticos (Alo-TPH) . Esta información resulta relevante para racionalizar el tiempo de uso y el tipo de antifúngico más adecuado en nuestro medio. La profilaxis antifúngica de amplio espectro, especialmente con agentes activos frente a hongos filamentosos, representa una carga económica relevante. Estimar la incidencia acumulada de EFI probable/probada durante el primer año post Alo-TPH. Comparar la incidencia de EFI entre pacientes oncológicos y no oncológicos, describir la profilaxis administrada durante el acondicionamiento y cuantificar el riesgo residual después del día 100 post Alo-TPH. Cohorte no concurrente unicéntrica de menores de 20 años receptores de Alo-TPH entre 2021 y 2025 en la Unidad de Hematología, Oncología y Trasplante de Células Madre UC Christus. El evento principal fue la primera EFI probable/probada dentro del año posterior a cada Alo-TPH. La incidencia acumulada de EFI se estimó mediante Aalen-Johansen, considerando la muerte y un segundo Alo-TPH como eventos competitivos. Los grupos se compararon mediante la diferencia absoluta de riesgo y un modelo de Cox de causa específica. Se realizó un análisis en pacientes vivos y libres de EFI al día 100. Durante el período se realizaron 119 Alo-TPH en 115 pacientes; 63 por indicaciones oncológicas y 56 por indicaciones no oncológicas. Cuatro pacientes recibieron dos Alo-TPH; en dos de ellos, el segundo Alo-TPH ocurrió antes de 1 año post primer Alo-TPH. La mediana de edad al Alo-TPH fue 7,9 años (RIC 3,4–12,2). La profilaxis antifúngica fue fluconazol en 79/119 (66,4%), anfotericina/voriconazol/posaconazol en 36/119 (30,3%) y equinocandinas en 4/119 (3,3%). No hubo diferencias en el uso de profilaxis activa frente a hongos filamentosos entre las indicaciones oncológicas y no oncológicas (28,6% versus 32,1%; p=0,69). Se identificaron 16 EFI probable/probadas, siete en episodios con indicación oncológica y nueve con indicación no oncológica. Se identificaron 5 EFI probadas por Cándida spp en hemocultivos. De las 11 EFI probables por filamentoso/mucoral, se identificó: (1) Alternaria en cavidad rinosinusal, (2) Aspergillus pulmonar y, (3) Aspergillus niger, terrus y Fusarium solani en muestra de lavado broncoalveolar. La incidencia acumulada global de EFI fue 8,4% (IC 95% 4,6–15,1) al día 30, 12,6% (IC 95% 7,8–20,0) al día 100 y 13,4% (IC 95% 8,5–21,0) al año. Al año fue 11,1% (IC 95% 5,5–21,9) en los Alo-TPH con indicación oncológica y 16,1% (IC 95% 8,7–28,6) en aquellos con indicación no oncológica. El HR fue 0,66 (IC95% 0,25-1,75; p=0,40). Quince de los 16 eventos (93,8%) ocurrieron antes del día 100. El análisis de EFI post día 100 incluyó 99 Alo-TPH en 96 pacientes, ocurriendo solo un evento. La incidencia acumulada condicional hasta el año fue 1,0% (IC 95% 0,1-7,0). La incidencia de EFI probable/probada fue de 13,4% al año post Alo-TPH, concentrándose durante los primeros 100 días y sin diferencia concluyente entre pacientes con diagnóstico oncológico o no oncológico. En pacientes vivos y libres de EFI 100 días post Alo-TPH, el riesgo fue bajo. Estos resultados aportan evidencia local que sustenta mantener la profilaxis antifúngica al menos hasta el día 100 post Alo-TPH.

Folio 160

MODELO PREDICTIVO PARA MORTALIDAD EN NEUTROPENIA FEBRIL CON BACTERIEMIA: DATOS DE UNA COHORTE COLOMBIANA

Autor principal: Claudia Patricia Cañadas-Aragón
Co-autores: Jose Millán Oñate-Gutierrez; Lina Marcela Sandoval-Moreno; Carlos Arturo Alvarez-Moreno

La neutropenia febril (NF) con bacteriemia se asocia con elevada mortalidad y requiere estratificación pronóstica temprana. Las escalas utilizadas en pacientes críticos, como SOFA o APACHE II, pueden depender de variables de laboratorio, monitoreo intensivo o información no siempre disponible al ingreso. El Pitt Bacteremia Score (PBS) es una herramienta clínica simple, inmediata y sin costo, pero no ha sido validado como modelo predictivo en pacientes colombianos con NF y bacteriemia. Desarrollar y validar internamente un modelo predictivo de cabecera basado en el PBS para mortalidad intrahospitalaria en adultos con NF y bacteriemia, y comparar su discriminación frente a qPITT, SOFA, qSOFA y APACHE II. Cohorte retrospectiva de la red Colsanitas–Keralty. Se incluyeron adultos con fiebre, neutropenia definida como recuento absoluto de neutrófilos <500 células/µL y bacteriemia confirmada por hemocultivo. Se ajustaron modelos logísticos para mortalidad intrahospitalaria basados en PBS solo y PBS más edad ≥65 años. Se evaluaron discriminación mediante AUC, calibración mediante pendiente, puntaje de Brier y prueba de Hosmer–Lemeshow, y validación interna por bootstrap con corrección de optimismo. Las AUC entre escalas se compararon mediante prueba de DeLong. Se analizaron 133 pacientes; la mortalidad intrahospitalaria fue 28,6%. El modelo basado en PBS alcanzó un AUC corregido por optimismo de 0,89; al adicionar edad ≥65 años, el AUC fue 0,90, con adecuada calibración. El PBS superó significativamente a qSOFA y APACHE II, sin demostrar superioridad frente a SOFA. El modelo estratificó la mortalidad observada desde 0% en riesgo predicho <10% hasta 81,5% en riesgo >60%. Un modelo de cabecera basado en PBS predijo la mortalidad intrahospitalaria con excelente discriminación, buena calibración y estabilidad en validación interna. Su simplicidad lo posiciona como candidato para estratificación pronóstica rutinaria en NF con bacteriemia, pendiente de validación externa prospectiva.

Folio 162

CAPACIDAD DISCRIMINATIVA DE LAS ESCALAS PITT, QPITT, SOFA, QSOFA Y APACHE II PARA PREDECIR MORTALIDAD INTRAHOSPITALARIA EN BACTERIEMIA ASOCIADA A NEUTROPENIA FEBRIL

Autor principal: Claudia Patricia Cañadas Aragón
Co-autores: Lina Marcela Sandoval Moreno; Jose Millán Oñate Gutierrez

La estratificación pronóstica temprana en la bacteriemia asociada a neutropenia febril (NF) es determinante para decidir el nivel de cuidado y la intensidad terapéutica. Se dispone de múltiples escalas de severidad (Pitt Bacteremia Score (PITT), su versión rápida (qPITT), SOFA, qSOFA y APACHE II), pero su desempeño comparativo en la población onco-hematológica neutropénica ha sido poco evaluado en el contexto iberoamericano, donde su uso podría orientar decisiones al lado de la cama. Comparar la capacidad discriminativa de las escalas PITT, qPITT, SOFA, qSOFA y APACHE II para predecir la mortalidad intrahospitalaria en pacientes con bacteriemia asociada a NF. Estudio observacional analítico de cohorte retrospectiva multicéntrica (cuatro sedes de la Red Keralty, 2022–2026). Se incluyeron episodios de bacteriemia confirmada por hemocultivo en pacientes con neutropenia. Para cada episodio se calcularon las cinco escalas de severidad al momento del evento. El desenlace fue la mortalidad intrahospitalaria. La discriminación se evaluó mediante el área bajo la curva ROC (AUC) con intervalos de confianza del 95% (IC95%) estimados por bootstrap (2000 remuestreos). Las puntuaciones entre supervivientes y fallecidos se compararon con la prueba de Mann-Whitney y se determinó el punto de corte óptimo del PITT mediante el índice de Youden. Se incluyeron 567 episodios; la mortalidad intrahospitalaria fue del 31,2% (177). Todas las escalas fueron significativamente mayores en los fallecidos (p<0,001). El PITT mostró la mejor discriminación (AUC 0,958; IC95% 0,940–0,975), seguido del qPITT (0,934; 0,910–0,955), SOFA (0,852; 0,816–0,884), APACHE II (0,808; 0,767–0,845) y qSOFA (0,780; 0,745–0,815). El PITT fue superior a SOFA, APACHE II y qSOFA. Las medianas de PITT fueron 9 (RIC 7–10) en fallecidos frente a 3 (RIC 1–4) en supervivientes. El punto de corte óptimo del PITT fue ≥5 (sensibilidad 92,1%; especificidad 94,1%): la mortalidad fue del 87,6% con PITT ≥5 frente al 3,7% con PITT <5. En esta cohorte multicéntrica de bacteriemia asociada a NF, el PITT y el qPITT superaron a SOFA, qSOFA y APACHE II para predecir mortalidad intrahospitalaria, con una discriminación muy buena. Por su cálculo sencillo a la cabecera del paciente, el qPITT y un PITT ≥5 son herramientas prácticas para identificar precozmente a los pacientes de alto riesgo. Dado que algunos componentes reflejan fisiología perimortem, se requiere validación temporal y externa prospectiva.

Folio 168

FRECUENCIA DE FIEBRE AL DIAGNÓSTICO DE CÁNCER E INCIDENCIA DE EPISODIOS DE NEUTROPENIA FEBRIL DURANTE EL PRIMER AÑO DE QUIMIOTERAPIA SEGÚN TIPO DE CÁNCER EN PACIENTES PEDIÁTRICOS

Autor principal: Montserrat Rios Ortega
Co-autores: Beatriz Silva; Romina Valenzuela; Carolina Ibañez; María Elena Santolaya

El cáncer infantil es causa importante de morbimortalidad pediátrica. En Chile se diagnostican cerca de 570 casos nuevos al año (152,8/millón en menores de 15 años); el 82,7% se atiende en la red pública PINDA y el más prevalente es la leucemia linfoblástica aguda (LLA). La fiebre, con o sin neutropenia, es un síntoma de alarma frecuente que lleva a iniciar antimicrobianos (ATB). Se describe fiebre al diagnóstico de cáncer en ≥50% de los pacientes, principalmente en LLA, y durante la quimioterapia (QT) ≥60% presenta neutropenia febril (NF). No existen estudios pediátricos que describan la fiebre al diagnóstico ni la incidencia de NF según tipo de cáncer, ni la relación entre ambas. Caracterizarlas permitiría evaluar el riesgo real de infección bacteriana desde el diagnóstico y durante el primer año de QT, y propiciar un uso racional de ATB. Describir la frecuencia de fiebre al diagnóstico y la incidencia de episodios de NF durante el primer año de QT en niños con cáncer, según tipo de cáncer. Estudio prospectivo multicéntrico realizado entre agosto 2025 y julio 2026 en 10 hospitales de la red PINDA de Chile, a partir del estudio base FONDECYT regular 1251720. Se incluyeron menores de 18 años con diagnóstico reciente de cáncer o de recaída. Se registraron variables demográficas y clínicas, fiebre al diagnóstico y episodios de NF. Se obtuvo consentimiento informado de padres o tutores y asentimiento en mayores de 11 años. El estudio fue aprobado por el Comité de Ética de Investigación en Seres Humanos de la Facultad de Medicina de la Universidad de Chile y por los comités locales. Las variables categóricas se describieron como frecuencias absolutas y porcentajes; las cuantitativas, evaluadas con la prueba de Shapiro-Wilk, como mediana y rango intercuartílico (RIC). La incidencia de NF se estimó como tasa por 1.000 días-persona con IC95%, bajo una distribución de Poisson. El seguimiento se calculó desde el diagnóstico hasta completar 12 meses o hasta el 14 de septiembre de 2026, lo que ocurriera primero. Los análisis se realizaron en Stata SE14.0. Ingresaron 137 pacientes: 128 (93,4%) con diagnóstico reciente de cáncer y 9 (6,6%) con recaída. La mediana de edad fue 7 años (RIC 3-10) y el 61,3% fue de sexo masculino (Tabla 1). El 24,8% (34/137) presentó fiebre al diagnóstico, más frecuente en leucemia mieloide aguda (LMA) (50%) y LLA (41,1%) que en tumores sólidos (2,9%). Agrupados, fue más frecuente en cánceres hematológicos que en tumores sólidos (34,4% vs. 4,5%). En 30.502 días-persona de seguimiento se registraron 130 episodios de NF; 69 pacientes presentaron al menos uno. La tasa global fue 4,26 por 1.000 días-persona (IC95% 3,56–5,06), mayor en LMA y menor en otras neoplasias hematológicas (Tabla 2). Un cuarto de los pacientes presentó fiebre al diagnóstico, valor menor al reportado en la literatura. A diferencia de estudios previos centrados en LLA, la describimos según tipo de cáncer, predominando en cánceres hematológicos. Solo dos pacientes (6,4%) tuvieron etiología bacteriana, lo que sugiere un fenómeno inflamatorio asociado al cáncer más que una infección que requiera ATB. El 50% presentó al menos un episodio de NF en el primer año de QT; la LMA tuvo la mayor tasa, el primer episodio más precoz y más recurrencias. Esto concuerda con la literatura y podría relacionarse con la intensidad de su QT. El 64,7% de los pacientes con fiebre al diagnóstico presentó NF posterior, conocimiento nuevo cuyo significado debe evaluarse en el tiempo. Nuestros datos sobre fiebre al diagnóstico, su relación con NF posterior y la incidencia de NF según tipo de cáncer deben seguir evaluándose prospectivamente, para favorecer el uso racional de ATB en esta población creciente, anticipar la carga de NF durante la QT y optimizar los recursos y el manejo estandarizado en la red PINDA.

Folio 69

LINFOMAS EN PERSONAS VIVIENDO CON VIH: ANÁLISIS CLÍNICO-EPIDEMIOLÓGICO DE UNA COHORTE RETROSPECTIVA MULTICÉNTRICA EN AMÉRICA LATINA

Autor principal: Gabriel Castillo Rozas
Co-autores: Fabio Paredes; Valeria Fink; Jessica L. Castilho; Sandra Wagner Cardoso; Álvaro López Iñiguez; Beatriz Grinsztejn; Daisy Machado; Diana Varela; Eduardo Gotuzzo; Claudia P. Cortés; Gabriel Castillo Rozas

El efecto del diagnóstico precoz y el inicio temprano de la TAR sobre la incidencia de linfomas asociados a enfermedad avanzada está menos estudiado en Latinoamérica. El objetivo es estudiar las variaciones temporales de los linfomas en una cohorte y caracterizar las tendencias de los linfomas de Hodgkin (LH) y no-Hodgkin (LNH) asociados a VIH entre 1986 y 2024. Estudio multicéntrico, observacional, de cohorte retrospectiva utilizando la base de datos de CCASAnet (Caribbean, Central and South America network for HIV epidemiology), con registros entre 1986 y 2024. Se incluyeron pacientes desde los 18 años, que iniciaran TAR posterior al ingreso a la cohorte y con 3 fármacos, seguidos desde el ingreso hasta el diagnóstico de linfoma, muerte, pérdida de seguimiento o el cierre administrativo del 31 de diciembre de 2024. El cálculo de incidencia se realizó sobre 23.100 participantes y 190 linfomas incidentes; la caracterización clínica, sobre los 269 casos de linfoma con información disponible. La tendencia temporal se estimó mediante regresión de Poisson sobre celdas de persona-tiempo, con el año calendario como variable continua y ajuste por tiempo transcurrido en cohorte, centro, sexo y edad; las tasas por trienio se acompañan de IC95% exacto de Poisson. Los factores asociados a la incidencia de linfoma y a la mortalidad por cualquier causa en la cohorte completa se evaluaron con modelos de riesgos proporcionales estratificados por centro, con sexo, edad (spline natural de 3 grados de libertad), CD4 basal y era de enrolamiento como covariables; el efecto del inicio precoz de TAR (≤6 meses) se estimó en un marco de landmark a 6 meses. Se evaluó el desarrollo de infecciones oportunistas posteriores al diagnóstico de linfoma. De 150.613 personas-año (n= 23.100) se detectaron 190 linfomas incidentes (157 LNH y 33 LH). Los pacientes con LNH mostraron mayor porcentaje de carga viral detectable al diagnóstico de linfoma (64,7% vs 37,2%), menor latencia entre el inicio de TAR y el diagnóstico (0,6 vs 1,9 años), sin diferencias en los CD4 al diagnóstico de linfoma (172 vs 187 cels/ml), versus LH. Encontramos una disminución en la tasa de incidencia de linfoma en el período de observación (desde 3,74 casos/1.000 personas-año en 2001-2003 a 0,5 casos/1.000 personas-año en 2022-2024), con una razón de tasas ajustada de 0,962 por año calendario, equivalente a una caída de 3,8% anual. La incidencia de LH se mantuvo estable (Fig 1). Sexo femenino, menor edad al diagnóstico de VIH y enrolamiento posterior al 2015 se asociaron a menor incidencia de linfoma. El recuento de CD4 al diagnóstico de VIH fue mayor post-2015 que pre-2015 (180 vs 132 cels/ml), sin diferencias en los CD4 al diagnóstico de linfoma (176 vs 178 cels/ml). Asimismo, al diagnóstico de VIH los pacientes con LNH tuvieron recuento CD4 más bajo (150 vs 213 cels/ml), y con mayor porcentaje de enfermedad avanzada al debut (71,4% vs 53,6%), versus LH. Se detectaron 24 eventos oportunistas (Fig 2), con una mediana de presentación de 1,1 mes post-diagnóstico de linfoma. Los tres más frecuentes fueron TBC (8/24), neumonía por P. jirovecii (5/24) y enfermedad por CMV (3/24). Estos pacientes tenían menos CD4 al diagnóstico de linfoma (100 vs 182 cels/ml) y presentaron linfomas de forma más precoz tras el diagnóstico de VIH (mediana 18,3 vs 28,8 meses). 78,6% tenían carga viral detectable al evento oportunista. De ellos, 19 pacientes fallecieron (79,2%). La mortalidad global fue mayor en LNH que en LH (57,5% vs 38%, log-rank p=0,029). Sexo masculino, mayor edad, CD4 basal <200 cels/ml, enrolamiento previo al 2015 y retraso en el inicio de TAR >6 meses se asociaron a mayor mortalidad global. La

disminución sostenida de los casos incidentes de linfoma en el tiempo probablemente sea por un mejor estado inmunológico al momento del diagnóstico de VIH. Los LNH mostraron una mortalidad global más alta, con un peor estado inmunológico basal pre-TAR y en debut junto a otros eventos oportunistas, los cuales se asociaron a mayor mortalidad global. El diagnóstico precoz e inicio inmediato de la TAR son ejes fundamentales para evitar las complicaciones no infecciosas de la enfermedad avanzada por VIH.

Folio 63

DESEMPEÑO DE VITEK® REVEAL™ PARA EL ESTUDIO DE SUSCEPTIBILIDAD DE BACILOS GRAM NEGATIVOS DIRECTAMENTE DESDE HEMOCULTIVOS POSITIVOS

Autor principal: Mónica Lafourcade Ramirez
Co-autores: Felipe Soto Caniumil; Gonzalo Soto Ojeda; Nicolás Donoso Campos

Los métodos rápidos de susceptibilidad desde hemocultivos positivos entregan resultados en menos de 8 horas, frente a las 24 a 48 horas del método convencional, lo que es relevante para el inicio precoz de una terapia adecuada en sepsis. VITEK® REVEAL™ emplea la detección de compuestos orgánicos volátiles (VOC) para el estudio secuencial de susceptibilidad, directamente desde el vial de hemocultivo positivo, en 11 especies de bacilos Gram negativos, sin requerir subcultivo previo. Comparar el desempeño del VITEK® REVEAL™ directamente desde hemocultivos positivos con bacilos Gram negativos, frente al método convencional que emplea VITEK® 2 Compact (tarjetas AST-N402/N403), evaluando acuerdo esencial (AE), acuerdo categórico (AC), discrepancias muy mayores, mayores y menores (DMM, DM, Dm) y tiempo al resultado. Entre noviembre del 2024 y marzo del 2026 se incluyeron hemocultivos positivos monomicrobianos incubados en equipo BACT/ALERT® 3D, cuya tinción de Gram mostró bacilos Gram negativos, procesados antes de 16 horas desde su positividad. Se transfirieron 3 mL de sangre a tubo estéril, se homogeneizó por vórtex y se diluyeron 25 µL en 25 mL de agua plurónica; la suspensión se inoculó en tarjetas GN BC-AST mediante Microscan® RENOK Inoculator, selladas y cargadas en VITEK® REVEAL™. En paralelo se realizó subcultivo en agar sangre, MacConkey y chromID® CPS® Elite (CPSE); los aislamientos se identificaron mediante VITEK® MS, o BIOFIRE® BCID2 cuando fue solicitado. La susceptibilidad convencional se procesó al día siguiente en VITEK® 2 Compact. Se incluyeron 71 de 75 muestras evaluadas, excluyéndose 4: 2 por carga fuera de la ventana de 16 horas y 2 por error de tarjeta no repetible en plazo. Once muestras correspondieron a frascos inoculados con aislamientos clínicos conservados y sangre de donante, incubados hasta su positividad en el mismo equipo. Se obtuvieron 893 comparaciones pares sobre 14 antimicrobianos comunes, evaluadas según CLSI M52. Las DMM y DM se resolvieron mediante microdilución en caldo en laboratorio externo; las Dm no se enviaron dada su menor implicancia clínica (CLSI M52). Los aislamientos fueron: E. coli (n=52, 73,2%), K. pneumoniae (n=5, 7,0%), P. mirabilis (n=4, 5,6%), E. cloacae complex (n=3, 4,2%), K. oxytoca (n=2), C. koseri (n=2), P. aeruginosa (n=2) y K. aerogenes (n=1). Doce aislamientos (16,9%) fueron BLEE positivos (9 E. coli y 3 K. pneumoniae). El AE fue de 98,1% (876/893) y el AC de 94,7% (846/893) frente a VITEK® 2 Compact. Se detectaron 7 DMM (8,05% de 87 pares resistentes en VITEK® 2 Compact), concentradas en piperacilina/tazobactam (n=4), ampicilina/sulbactam (n=2) y ceftazidima (n=1), y 2 DM en imipenem y ceftolozano/tazobactam sobre cepas pansensibles. La microdilución respaldó a VITEK® REVEAL™ en 4 de las 9 discrepancias y a VITEK® 2 Compact en 5; ambas DM correspondieron a error de lectura de VITEK® REVEAL™. Tomando la microdilución como referencia, el AC alcanzó 95,2% (850/893), con 3 DMM (3,6%) y 2 DM (0,26%). Las 38 Dm se concentraron en ampicilina/sulbactam (n=15) y ciprofloxacino (n=12). El AE y el AC alcanzaron el 100% en aztreonam, ceftazidima/avibactam, ertapenem y meropenem. El tiempo al resultado secuencial de VITEK® REVEAL™ fue 6,5 h de mediana desde la positividad del hemocultivo, frente a 10,5 h de VITEK® 2 Compact desde el subcultivo; considerando el tiempo de subcultivo, el flujo convencional representa un total estimado de 34,5 h desde la positividad. VITEK® REVEAL™ entregó resultados con una exactitud comparable a la del método convencional y en un tiempo menor, en un flujo aplicable a la rutina diaria. Las DMM se concentraron en betalactámicos asociados a inhibidor, patrón descrito previamente en cepas productoras de BLEE; la microdilución respaldó a VITEK® REVEAL™ en 4 de las 7 DMM, reduciendo la tasa final a 3,6%. La entrega del antibiograma el mismo día de la positividad, con reporte secuencial por antimicrobiano, abre la posibilidad de un ajuste terapéutico precoz, condicionado a una comunicación clínica oportuna. La baja proporción de cepas resistentes, con solo 2 aislamientos resistentes confirmados en piperacilina/tazobactam, limita la precisión de las tasas obtenidas, por lo que se requiere evaluarlo en centros con mayor prevalencia de resistencia.

Folio 224

NDM-7 COMO CARBAPENEMASA DOMINANTE EN CHILE: UN PANORAMA EPIDEMIOLÓGICO DISTINTIVO DE ENTEROBACTERALES PRODUCTORES DE NDM EN UNA RED MULTICÉNTRICA, 2018–2025

Autor principal: Nicolás Alberto Canales Sandoval
Co-autores: Ana María González; Katherine Soto; José Rodrigo Martínez; Lina Rivas; Anne Peters; César Arias; Rodrigo Baptista; Diana Panesso; Juan Antonio Ugalde; Patricia García; José Munita; Lorena Díaz

Los Enterobacterales resistentes a carbapenémicos (CRE) son patógenos considerados como amenaza crítica por la Organización Mundial de la Salud (OMS). En particular, los CRE productores de carbapenemasas (CP) presentan un aumento sostenido en los últimos años, con distintas clases de enzimas como KPC, OXA-48 o NDM. La metalo-betalactamasa NDM ha surgido como una de las principales preocupaciones debido a las limitadas opciones terapéuticas disponibles para su tratamiento. Existen más de 90 variantes de NDM, con NDM-5 y NDM-1 como las más frecuentes a nivel global, caracterizadas por ser diseminadas en elementos genéticos móviles. En Chile tenemos evidencia de un marcado aumento de CP-CRE y una pronunciada presencia de NDM. Caracterizar las variantes de NDM en aislados CP-CRE causantes de infecciones invasoras entre los años 2018-2025 Se realizó secuenciación de genoma completo en plataforma Illumina de 193 aislados de CP-CRE productoras de NDM recuperados de infecciones invasoras en pacientes de 11 centros hospitalarios pertenecientes a la red MICROB-R durante 2018-2025. Se prepararon librerías con el kit Illumina DNA Prep y se secuenciaron en Illumina Nextseq 2000 de largo 2x150 pb. Las lecturas fueron procesadas mediante el pipeline estandarizado MGAP, que incluye la anotación de genes de resistencia a antibióticos con AMRFinder plus y la identificación del secuencio tipo utilizando la herramienta MLST. De un total de 193 aislados NDM positivos el 83.93% (n = 162) se identificó como la variante NDM-7, un 13.47% (n = 26) como NDM-5 y un 2.59% (n = 5) como NDM-1. Los genes se detectaron en diversas especies de Enterobacterales, principalmente del género Klebsiella (46.11%, n = 89), Enterobacter (31.08%, n = 60) y en Escherichia coli (15.02%, n = 29). La variante NDM-7 se detectó desde el 2018 en Enterobacter hormaechei y posteriormente (desde el año 2020) se detectó en 11 especies, siendo las más frecuentes Klebsiella pneumoniae (41.35%, n = 67), Enterobacter hormaechei (28.39%, n = 46), y E. coli (14.81%, n = 24). Adicionalmente, su detección incluyó diversidad de linajes. En K. pneumoniae durante el período 2020-2025 se detectaron 9 linajes distintos portadores del gen; entre los más frecuentes se encuentran el ST45 (46.27%, n = 31) con una alta presencia durante 2021 y 2022, el ST25 (19.40%, n = 13) presente desde 2021, y el ST307 (14.92%, n = 10) desde 2023. En E. hormaechei NDM-7 se detectó en 15 STs, siendo el ST134 (21.74%, n = 10) detectado de 2018 a 2023 y el ST45 (41.30%, n = 19) desde el año 2021. Para E. coli se encontraron 16 linajes distintos portando este gen entre 2021 y 2024. En el caso de NDM-5 se detectó desde el 2022 en al menos 6 especies. Particularmente en K. pneumoniae (42.31%, n = 11) se ha detectado en 4 linajes distintos, pero mayormente en el ST11 (72.72%, n = 8). En E. hormaechei (19.23%, n = 5) se detectó dentro del ST134 (80%, n = 4) principalmente. La variante NDM-1 se encontró sólo en K. pneumoniae y E. hormaechei entre los años 2023 y 2025. Este estudio revela un patrón epidemiológico distintivo que diferencia a Chile de las tendencias globales en CRE productores de NDM. Mientras que NDM-1 y NDM-5 predominan a nivel mundial, nuestros datos muestran una abrumadora dominancia de NDM-7 (83,9%) en Chile, detectada desde 2018 y con una diseminación progresiva a múltiples especies y linajes a lo largo de siete años. Esta variante, identificada inicialmente en E. hormaechei, se ha diseminado exitosamente en al menos 11 especies (principalmente K. pneumoniae) a través de diversos linajes, lo que sugiere la transferencia horizontal de genes como principal mecanismo

de diseminación. La emergencia de NDM-5, predominantemente en K. pneumoniae ST11 desde 2022, y la aparición esporádica de NDM-1 desde 2023, añaden mayor complejidad a un panorama en rápida evolución. Los hallazgos subrayan que la epidemiología de carbapenemasas en Chile sigue una trayectoria distinta a la de otras regiones, con NDM-7 como la principal amenaza y destacan la necesidad crítica de monitoreo genómico continuo de CRE en redes hospitalarias de alcance nacional como MICROB-R.

Folio 230

CAMBIO EPIDEMIOLÓGICO DE SARM EN CHILE: INTRODUCCIONES MÚLTIPLES Y ALZA DE USA300-SAE

Autor principal: Jose R. W. Martinez
Co-autores: Amy Elizabeth Campbell; Lorena Diaz ; Colleen Bianco; Erin Theiller; Swetha Rajagopal; Alejandra Londoño Jiménez; Ahmed M. Moustafa; Lina Rivas; Cesar A. Arias; Patricia Garcia; Paul J. Planet; Jose M. Munita; Red de Laboratorios MICROB-R, Chile

Las infecciones por Staphylococcus aureus resistente a meticilina (SARM) constituyen un problema relevante de salud pública a nivel global. En Chile, la epidemiología de SARM se caracterizó durante décadas por la predominancia del clon Chileno/Cordobés (ChC) ST5-SCCmecI, un linaje hospitalario multirresistente. Reportes recientes describen un cambio epidemiológico en el país, con una disminución sostenida de este clon y un aumento de linajes portadores de SCCmec IV–VI. Entre los linajes potencialmente responsables de este cambio destaca la variante sudamericana epidémica de USA300 (USA300-SAE, ST8-SCCmecIVc), que a comienzos de la década de 2000 reemplazó al clon ChC en Colombia, Venezuela y Ecuador, pero permaneció infrecuente en Chile durante décadas. USA300-SAE porta el elemento móvil COMER, que agrupa genes de resistencia a cobre y a mercurio, y que se ha propuesto como un factor adaptativo de este linaje. Sin embargo, la contribución de USA300-SAE al cambio epidemiológico observado en Chile y la relevancia funcional de sus determinantes de resistencia a metales no han sido exploradas en profundidad. Determinar la contribución de USA300-SAE al cambio epidemiológico reciente del SARM invasivo en Chile y caracterizar la relevancia funcional de sus determinantes de resistencia a metales. Se secuenciaron 274 aislados invasivos de SARM recolectados durante 2022 en 11 hospitales de Chile y se compararon con colecciones históricas de Santiago (1999–2018). Se construyó una filogenia de máxima verosimilitud de ST8 incorporando genomas regionales publicados y se realizó un análisis de reloj molecular bayesiano con reconstrucción ancestral de la distribución geográfica en 155 genomas USA300-SAE. Se desarrolló un método de digestión con BsmAI basado en k-mers diagnósticos (CURED), aplicado a 92 aislados de 2023 y validado por secuenciación Sanger de un alelo diagnóstico. Finalmente, se reconstruyeron los eventos de pérdida de COMER sobre la filogenia y se evaluó el efecto de la deleción del locus copX-mco-copL en la cepa USA300-SAE M121 sobre el crecimiento en medio definido y la sobrevida en agua con $CuCl_2$. En 2022, los ST más frecuentes fueron ST5 (39%), ST8 (22%) y ST105 (19%). La frecuencia de ST8 aumentó del 10% en 2015 al 22% en 2022, en paralelo con una marcada reducción de la resistencia a gentamicina, ciprofloxacino, clindamicina y eritromicina. Los aislados ST8 presentaron escasa resistencia a los antimicrobianos no betalactámicos evaluados, en contraste con ST5 y ST105. El análisis filogenómico reveló que los aislados ST8 chilenos se distribuyeron en 49 clados monofiléticos, de los cuales 36 (73%) pertenecieron al clado USA300-SAE, todos portadores de SCCmecIVc. Mediante el método basado en BsmAI, USA300-SAE representó el 23% (21/92) de los aislados invasivos de 2023, consistente con la tendencia al alza respecto del 17% determinado por secuenciación en 2022. El reloj molecular identificó seis sublinajes de circulación local con divergencias entre 2001 y 2019 y múltiples orígenes geográficos. Los aislados chilenos se distribuyeron a lo largo de todo el subárbol SAE, sugiriendo introducciones múltiples e independientes. Sobre la filogenia se identificaron 14 eventos independientes de pérdida parcial de COMER, siendo el cluster de mercurio el más frecuentemente perdido (10/14) y el locus de cobre copX-mco-copL el más conservado (perdido en 4/14). La deleción de copX-mco-copL aumentó significativamente la susceptibilidad al cobre en medio definido y redujo la sobrevida en agua con 10 µM de $CuCl_2$; ambos fenotipos fueron restaurados mediante complementación en cis. El aumento de USA300-SAE en Chile se asocia con múltiples introducciones independientes desde distintos países de Sudamérica, más que con la expansión de un único clado local. La conservación del locus copX-mco-copL sugiere que este determinante podría conferir una ventaja adaptativa en ambientes con exposición a cobre, aunque no es posible establecer una relación causal entre dicha exposición y el cambio epidemiológico. El método basado en BsmAI ofrece una estrategia rápida para la vigilancia de USA300-SAE.

Folio 242

FACTORES ASOCIADOS AL RETRASO EN EL INICIO DE TERAPIA ACTIVA EN INFECCIONES POR BACILOS GRAMNEGATIVOS RESISTENTES A CARBAPENÉMICOS: COHORTE HOSPITAL TERCIARIO

Autor principal: Manuel Ortunio Martinez
Co-autores: Cesar Bascuñán Moreno; Adrian Pardo Villegas; Braulio Aliaga Campos; Christian Conde Abeliuk; Claudio Gonzalez Gonzalez; Francisco Zamora Vargas

Las infecciones por bacilos gramnegativos resistentes a carbapenémicos (BGNRC) representan una grave amenaza en el entorno hospitalario. La selección precoz de terapia activa es especialmente compleja en infecciones por bacilos gramnegativos resistentes a carbapenémicos Identificar las características clínicas y microbiológicas asociadas al retraso (>48 horas) en el inicio de terapia microbiológicamente activa en pacientes hospitalizados con infecciones por BGNRC entre abril 2022 y julio 2024. Estudio observacional analítico de cohorte retrospectiva de un hospital terciario que evaluó 105 episodios de infección por BGNRC en 102 pacientes. Se definió como fecha índice el primer cultivo que definió el episodio infeccioso. La terapia activa se definió como cobertura microbiológica in vitro contra todos los BGNRC causales del episodio. El desenlace primario fue la terapia activa tardía o ausente (inicio desde el día 3 o nunca), comparada con la terapia oportuna (días 0 a 2). Se excluyeron pacientes fallecidos durante las primeras 48 horas. Se realizó un análisis multivariable mediante regresión logística penalizada de Firth, ajustando por colonización previa, puntaje SOFA (por cada 2 puntos), aislamiento de Pseudomonas aeruginosa, presencia de más de un BGN causal y año calendario. Un 55,2% (58/105) de los episodios recibió terapia activa de forma tardía o no la recibió (3 episodios nunca recibieron terapia activa), mientras que el 44,8% (47/105) la recibió de forma oportuna. La mediana de tiempo hasta la primera terapia activa entre los tratados fue de 3 días [RIC 2-5]. En el modelo multivariable, la presencia de Pseudomonas aeruginosa se asoció significativamente con mayores odds de inicio tardío o ausencia de terapia activa (ORa 2,98; IC 95%: 1,14–8,44; p = 0,025). La presencia de más de un BGN causal mostró una asociación con el retraso terapéutico, sin embargo la amplitud del intervalo de confianza refleja una estimación imprecisa (9/9 episodios presentaron retraso; ORa 9,85; IC 95%: 1,07–1306,81; p = 0,043). Un mayor puntaje SOFA se asoció con menores odds de retraso (ORa 0,67 por cada incremento de 2 puntos; IC 95%: 0,51–0,86; p = 0,001), lo que podría reflejar una intensificación terapéutica empírica más precoz frente a la gravedad clínica del paciente. Se observó una tendencia hacia la disminución del retraso terapéutico por cada año transcurrido entre 2022 y 2024 (ORa 0,56 por año; IC 95%: 0,31–0,99; p = 0,048). Más de la mitad de los episodios por BGNRC no recibió terapia activa durante las primeras 48 horas. La brecha fue mayor en las infecciones por P. aeruginosa y en aquellas por múltiples BGN, aunque en estas últimas la estimación fue imprecisa. Por el diseño retrospectivo y unicéntrico estas asociaciones no permiten establecer causalidad. Estos resultados apoyan priorizar alertas microbiológicas precoces para Pseudomonas aeruginosa y revisión precoz por PROA y mecanismos explícitos para verificar la cobertura completa en infecciones polimicrobianas.

Folio 45

COSTO-UTILIDAD DE B/F/TAF COMO TERAPIA DE CAMBIO PARA ADULTOS QUE VIVEN CON VIH DESDE LA PERSPECTIVA DEL SISTEMA DE SALUD PÚBLICO CHILENO

Autor principal: Daniela Sugg Herrera
Co-autores: Fernando Bernal Ortiz; Maria Alejandra Pereira Aljaro

El VIH/SIDA es una condición relevante de salud pública y de alto costo dentro de las Garantías Explícitas en Salud (GES) en Chile. Por su carácter crónico, el tratamiento antirretroviral debe asegurar eficacia sostenida, seguridad, tolerabilidad, alta barrera genética a la resistencia y un bajo potencial de interacciones farmacológicas. Aunque las guías internacionales recomiendan esquemas basados en inhibidores de la integrasa, bictegravir/emtricitabina/tenofovir alafenamida (BIC/FTC/TAF) no está disponible en la canasta GES de inicio, lo que limita su uso como alternativa de cambio en personas con experiencia terapéutica. Estimar la relación de costo-utilidad de BIC/FTC/TAF frente a esquemas antirretrovirales relevantes en personas mayores de 18 años con VIH-1, virológicamente suprimidas y sin resistencia actual o previa a inhibidores de la integrasa, desde la perspectiva del sistema público de salud chileno. Se adaptó a Chile un modelo de Markov previamente desarrollado, con horizonte de vida y tasa de descuento anual de 3% para costos y beneficios. El modelo representó la progresión clínica según estratos de CD4+, incorporando eficacia virológica, recuperación inmunológica, fracaso virológico, eventos adversos, comorbilidades no asociadas a sida, tratamientos posteriores y costos de atención. BIC/FTC/TAF se comparó con abacavir/lamivudina/dolutegravir (ABC/3TC/DTG), tenofovir alafenamida/emtricitabina/elvitegravir/cobicistat (TAF/FTC/EVG/c) y tenofovir disoproxil fumarato/emtricitabina más darunavir/cobicistat (TDF/FTC + DRV/c). Los parámetros clínicos provinieron de ensayos pivotales, metaanálisis y estudios de cohorte; los costos y las líneas posteriores se adaptaron con datos nacionales. Los desenlaces fueron costos acumulados descontados, años de vida ajustados por calidad (AVAC) y razones de costo-efectividad incremental. Se realizaron análisis de sensibilidad determinístico y probabilístico. El tiempo medio de permanencia en el esquema inicial fue de 12,57 años con BIC/FTC/TAF, comparado con 10,17 años con ABC/3TC/DTG y 5,73 años con TDF/FTC + DRV/c. Las comorbilidades no asociadas a sida explicaron la mayor proporción de los costos acumulados: 76,83% para BIC/FTC/TAF, 79,64% para ABC/3TC/DTG y 81,94% para TDF/FTC + DRV/c. TDF/FTC + DRV/c concentró los mayores costos totales por estas comorbilidades, así como los mayores costos por enfermedad renal crónica y enfermedad cardiovascular; ABC/3TC/DTG presentó los segundos mayores costos cardiovasculares. Los eventos adversos relacionados con el tratamiento representaron entre 0,04% y 0,05% del total. BIC/FTC/TAF resultó una estrategia dominante frente a ABC/3TC/DTG y TDF/FTC + DRV/c, al presentar mayor efectividad y menores costos acumulados descontados. En la comparación con TAF/FTC/EVG/c, BIC/FTC/TAF no resultó costo-efectivo en el caso base (Tabla 1).Sin embargo, este último resultado debe interpretarse con cautela, pues el modelo no capturó completamente los potenciales efectos clínicos y económicos asociados a la menor barrera genética a la resistencia de elvitegravir ni a las interacciones farmacológicas relacionadas con cobicistat. El análisis de sensibilidad determinístico mostró que los principales factores de variación fueron los riesgos renales y cardiovasculares, junto con los precios de las terapias antirretrovirales. Estas variaciones no modificaron las conclusiones de costo-efectividad frente a ninguno de los comparadores. Complementariamente, en el análisis probabilístico la probabilidad de que BIC/FTC/TAF fuera costo-efectivo aumentó desde aproximadamente 20% en los umbrales más bajos hasta cerca de 50% en umbrales altos, próximos a $100 millones por AVAC (Figura 1). En personas con VIH virológicamente suprimidas en quienes se evalúa un cambio de tratamiento, BIC/FTC/TAF fue dominante frente a ABC/3TC/DTG y TDF/FTC + DRV/c, al generar mayores AVAC y menores costos acumulados. Estas diferencias se asociaron principalmente con una menor carga de comorbilidades no asociadas a SIDA y una mayor permanencia en el esquema inicial. Los resultados aportan antecedentes para considerar BIC/FTC/TAF como alternativa de cambio terapéutico dentro de las Garantías Explícitas en Salud.

Folio 62

ADMINISTRACIÓN INTRAHOSPITALARIA PRECOZ DE NIRSEVIMAB EN RECIÉN NACIDOS PREMATUROS: OPORTUNIDAD Y SEGURIDAD DURANTE TRES TEMPORADAS DE VRS EN CHILE

Autor principal: Giannina Izquierdo Copiz
Co-autores: Camila Cabrera Diaz; Rodolfo Villena Martinez; Carolina Guerra Escobar; Dominique Sabja Muñoz; Juan Pablo Torres Torretti

Los recién nacidos prematuros (RNPT) presentan un mayor riesgo de enfermedad grave asociada al virus respiratorio sincicial (VRS). Sin embargo, reportes sobre la seguridad de la administración precoz de nirsevimab durante las primeras semanas de vida aún es limitada. Contar con datos de vida real permite respaldar estrategias de inmunización oportuna en RNPT, especialmente durante la temporada de circulación de VRS y previo al alta hospitalaria. Evaluar la oportunidad de inmunización y seguridad de la administración intrahospitalaria precoz de nirsevimab en RNPT hospitalizados, durante tres temporadas consecutivas de su implementación. Estudio observacional prospectivo de RNPT clínicamente estables inmunizados con nirsevimab, hospitalizados en una unidad de neonatología durante tres temporadas consecutivas de circulación de VRS (2024–2026). Se registraron variables como edad gestacional (EG), peso de nacimiento (PN), duración de la hospitalización, edad/peso al momento de la inmunización y tiempo transcurrido entre la administración de nirsevimab y el alta hospitalaria. Se definió estabilidad clínica a la ausencia de requerimiento de drogas vasoactivas ≥48 horas, extubación y ausencia de apneas por ≥ 48 horas; en pacientes con ventilación mecánica crónica, se consideró como estabilidad de los parámetros ventilatorios (≥ 48 horas). Se evaluó la presencia de eventos adversos (EA) c/4 horas durante las primeras 48 horas posteriores a la inmunización, clasificados en locales (reacciones en el sitio de administración) y sistémicos (fiebre, apnea, bradicardia, anafilaxia y convulsiones); de estos últimos, se consideraron graves anafilaxia y convulsiones. La seguridad fue monitorizada durante 7 días posteriores a la administración en RNPT <1.000 g. Se definió fiebre a una T° >38,0 °C o >37,5 °C en dos mediciones consecutivas y apnea como la suspensión del flujo respiratorio por ≥20 segundos, asociada a bradicardia (≤90 latidos por minuto) y/o desaturación de oxígeno. Las variables continuas se expresaron como mediana (RIC) y las categóricas como frecuencia (%). Se usó Kruskal-Wallis (con post-hoc de Dunn-Bonferroni) o x^2/Fisher para comparaciones entre temporadas, y Mann-Whitney para comparaciones entre dos grupos, según correspondiera. Se consideró significativo p<0,05.El estudio fue aprobado por el Comité de Ética Científico del Servicio de Salud Metropolitano Sur. Se incluyeron 381 RNPT, con una mediana de EG de 33 semanas (31–35), PN de 1.918 g (1.424–2.255). La mediana de hospitalización fue de 21 días (10–41). Nirsevimab se administró con una mediana de 3 días de vida (ddv) (1–7) y 17 días (8–33) antes del alta. En <32 semanas de EG, la inmunización ocurrió a una mediana de 7 ddv (3–16). Se observó fiebre en 27 (7,1%) y apnea en 23 (6,0%) RNPT. Ambos eventos fueron más frecuentes en <32 semanas (n= 114) que en ≥32 semanas (n= 267) de EG: fiebre 12,3% vs. 4,9%; (p=0,010); apnea 10,5% vs. 4,1%; (p=0,016). La mayoría de los episodios de apnea (91,3%) se resolvieron con estímulo táctil. No se presentaron EA sistémicos como anafilaxia ni convulsiones, solo una EA local (pápula). En RNPT con PN <1.000 g (n=35), la hospitalización tuvo una mediana de 71 días (53–97) y nirsevimab se administró a 15 ddv (8–24), 51 días (43–78) antes del alta. Cinco pacientes (14,3%) presentaron apnea, todas resueltas con estimulación táctil (4 con antecedente de apnea previo); cuatro (11,4%) presentaron fiebre autolimitada. La administración intrahospitalaria precoz de nirsevimab en RNPT clínicamente estables mostró un perfil de seguridad favorable, incluidos los extremadamente prematuros y de extremo bajo peso al nacer, sin EA sistémicos graves atribuibles. Fiebre y apnea fueron más frecuentes en <32 semanas de EG, mayoritariamente autolimitadas o resueltas con estimulación táctil. La estrategia respalda la oportunidad de inmunización durante la hospitalización y en períodos de alta circulación viral comunitaria, con potencial impacto en la transmisión intrahospitalaria de VRS. FONDECYT N.º 1251617.

E-POSTERS

Folio 9

TASA DE EGRESOS HOSPITALARIOS POR PERICARDITIS AGUDA EN ADULTOS: UN ANÁLISIS DESCRIPTIVO DEL PERÍODO 2021-2024

Autor principal: Rodrigo Ignacio Bruno Abarca Sullca

La pericarditis aguda es un síndrome inflamatorio del pericardio, generalmente de etiología viral o idiopática. Aunque suele ser autolimitada y responder a terapia ambulatoria, algunos pacientes requieren hospitalización para evitar complicaciones, derrame y/o taponamiento cardíaco. Presenta una incidencia global de 3 a 32 casos por 100.000 personas-año, (considerándose una patología poco frecuente), sin embargo, el análisis de bases de datos poblacionales permite identificar grupos de riesgo. En Chile carecemos de estimaciones de egresos hospitalarios, lo que justifica esta descripción epidemiológica. Determinar la tasa de egresos hospitalarios (TEH) por pericarditis aguda en adultos de 20 años o más, durante el período 2021–2024. Estudio observacional, descriptivo y transversal, que recopiló datos del Departamento de Estadísticas e Información de Salud (DEIS) y del Instituto Nacional de Estadísticas (INE). Se calculó la TEH en adultos con diagnóstico principal de pericarditis aguda no especificada ([CIE-10]: I30.9), registrados entre enero de 2021 y diciembre de 2024, considerando sexo, grupo etario y denominadores poblacionales. Al utilizar datos anónimos de fuentes públicas, no se requirió aprobación por un comité de ética, según la normativa vigente. La TEH global fue de 2,29/100.000 personas-año, con tendencia ascendente desde 2,05 en 2021 hasta 2,60 en 2024. El sexo masculino presentó la mayor TEH en todos los grupos etarios con 3,20/100.000. El grupo de 70-79 años tuvo la mayor TEH (3,34/100.000) mientras que el grupo de 30-39 años presentó la menor (1,64/100.000). La letalidad global fue de 2,5%, con un gradiente etario marcado: 0,45% en el grupo de 20-29 años y 5,33% en el de 70-79 años. Este estudio poblacional presenta datos epidemiológicos actualizados de la pericarditis aguda en Chile (TEH en aumento, mayor frecuencia en hombres y adultos mayores), información útil para la orientación clínica y como base para estudios prospectivos sobre factores de riesgo asociados.

Folio 14

EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR DE LA COLONIZACIÓN RECTOVAGINAL MATERNA POR STREPTOCOCCUS AGALACTIAE EN CHILE: IMPLICANCIAS PARA LA COBERTURA DE FUTURAS VACUNAS MATERNAS

Autor principal: Daniel Escobar Araya
Co-autores: Fernando Amaya Inzunza; Fabiola Cartes Ruz; Guillermo Barrios Barrios; Johanna Jorquera Vargas; Esteban Paredes Osses; Javier Tognarelli Santiago; Daniel Largo D'Aiuto; Lissette Valenzuela Gonzalez

Streptococcus agalactiae (Streptococcus grupo B, GBS) es una causa importante de sepsis, meningitis y neumonía neonatal. La colonización rectovaginal materna constituye el principal reservorio para la transmisión vertical y el principal factor de riesgo de enfermedad neonatal precoz. Aunque la profilaxis antibiótica intraparto ha reducido esta forma de enfermedad, su impacto sobre la colonización materna y la enfermedad tardía es limitado, lo que refuerza el interés por la vacunación materna. En Chile, la información sobre las cepas colonizantes es escasa. Este estudio determinó la prevalencia de colonización por GBS y caracterizó microbiológica y molecularmente los aislamientos maternos para establecer una línea base para la potencial cobertura teórica de los prototipos vacunales en fases clínicas avanzadas. Determinar la prevalencia de colonización rectovaginal por GBS y caracterizar la epidemiología molecular de los aislamientos maternos en Chile, con el fin de generar información basal para la vigilancia genómica y evaluar la cobertura teórica de las futuras vacunas maternas contra el GBS. Se realizó un estudio transversal en 500 mujeres embarazadas entre las 34 y 37 semanas de gestación atendidas en un centro público de referencia de Santiago de Chile. Se efectuó tamizaje rectovaginal para GBS y los aislamientos obtenidos fueron caracterizados mediante serotipificación capsular, estudio de susceptibilidad antimicrobiana, análisis de genes asociados a virulencia y tipificación multilocus por secuenciación (MLST). La colonización rectovaginal por GBS se detectó en 43 de las 500 mujeres estudiadas (8,6%). Aunque los aislamientos maternos presentaron una considerable diversidad genética, agrupándose en múltiples complejos clonales reconocidos internacionalmente, su estructura poblacional fue similar a la descrita a nivel mundial, incluyendo la presencia del linaje hipervirulento CC17/ST17. Se identificaron seis serotipos capsulares (Ia, Ib, II, III, IV y V), siendo los serotipos III y V los más frecuentes. Esta distribución fue concordante con la previamente descrita en aislamientos invasivos de GBS en Chile, lo que sugiere una amplia cobertura teórica de las futuras vacunas maternas. Los genes de virulencia mostraron una elevada conservación genética: todos los aislamientos portaban los genes de colonización esenciales cfb, fbsB, fbsC, pbsP y sip, mientras que srr2 se restringió al linaje CC17/ST17. Todos los aislamientos fueron susceptibles a penicilina y la resistencia a eritromicina y clindamicina fue poco frecuente. Los aislamientos maternos colonizantes de GBS en Chile constituyen una población genéticamente diversa, con determinantes de virulencia ampliamente conservados y susceptibilidad universal a penicilina. La estrecha concordancia observada entre la distribución de serotipos colonizantes e invasivos proporciona la primera línea base molecular nacional para la vigilancia del GBS en mujeres embarazadas y respalda la expectativa de una amplia cobertura de las futuras vacunas maternas contra este patógeno en Chile.

Folio 38

DETERMINACIÓN DE ANTICUERPOS CONTRA LEPTOSPIRAS PATÓGENAS EN EQUINOS DE COMUNIDADES MAPUCHE VULNERABLES DE COMUNA PADRE LAS CASAS REGION DE LA ARAUCANÍA BAJO ENFOQUE UNA SALUD

Autor principal: Christian Tuemmers Apablaza
Co-autores: Diego Aravena Yevenes; Juan Manuel Sanhueza Frigolett; Daniela Tapia Escárate; Paulina Cabrera Herreros; Adriana Ahumada Riquelme; Gerardo Quezada Sandoval

La leptospirosis es una zoonosis causada por bacterias patógenas del género Leptospira spp. que afecta a mamíferos y al ser humano. En el sur de Chile, el clima templado-lluvioso y las condiciones rurales favorecen la persistencia ambiental de la bacteria. La transmisión ocurre principalmente por vía indirecta a través del contacto con agua o suelos contaminados con la orina de reservorios animales, principalmente roedores. En equinos, la infección suele ser subclínica, lo que facilita su diseminación silenciosa. A pesar de su relevancia, la información epidemiológica sobre esta zoonosis en equinos de sistemas de pequeña escala y comunidades indígenas en la Región de La Araucanía es escasa, siendo fundamental su investigación bajo el enfoque Una Salud Determinar la frecuencia de anticuerpos contra leptospiras patógenas mediante la prueba de microaglutinación en 100 equinos pertenecientes a 14 comunidades mapuche vulnerables de la comuna de Padre Las Casas, Región de La Araucanía, Chile, bajo el enfoque de Una Salud Se realizó un estudio observacional descriptivo de corte transversal en la comuna de Padre Las Casa donde se seleccionó un tamaño muestral de 100 equinos mestizos, clínicamente sanos, mediante muestreo no probabilístico por conveniencia en operativos veterinarios de desarrollo territorial indígena y de la municipalidad. El diagnóstico serológico se realizó mediante la prueba de microaglutinación en un laboratorio de referencia nacional especializada frente a un panel de ocho serovares patógenos vivos: L. interrogans serovares Hardjo, Pomona, Canicola, Icterohaemorrhagiae, Autumnalis y Bratislava; L.borgpetersenii serovar Tarassovi y L. kirschneri serovar Grippotyphosa. Un título ≥1:100 se consideró positivo. Se aplicó una encuesta epidemiológica voluntaria para caracterizar el manejo de los predios. Los datos se analizaron con estadística descriptiva, análisis bivariado (chi-cuadrado) y regresión logística multivariada (modelo mixto con efecto aleatorio por comunidad de origen, $p < 0,05$). La seroprevalencia de anticuerpos contra Leptospira spp. fue del 44% (IC 95%: 34,3%–53,7%). No se detectó asociación significativa con el sexo (52,3% hembras y 47,7% machos, $p = 0,897$). El serovar Hardjo presentó la mayor frecuencia de serorreactividad entre los animales positivos con 97,7% (43/44), seguido de Autumnalis (72,7%), Canicola (47,7%) y Pomona (29,5%). No se registró reactividad para Grippotyphosa, Bratislava, Icterohaemorrhagiae ni Tarassovi. El 81,8% (36/44) de los casos positivos exhibió coaglutinación, reaccionando simultáneamente a dos (38,6%), tres (20,5%) o cuatro serovares (22,7%). Los títulos de anticuerpos oscilaron entre 1:100 y 1:6400, donde Hardjo y Canicola se concentraron en 1:100, mientras que Autumnalis registró la dispersión más amplia hasta 1:6400. En el análisis multivariado, la edad de 3 años o más se asoció significativamente con la seropositividad (OR ajustado = 5,03; IC 95%: 1,20–34,58; $p = 0,04$), evidenciando una probabilidad de exposición 5 veces mayor en animales adultos. La tenencia de aves mostró una asociación inversa marginal (OR ajustado = 0,44; IC 95%: 0,18–1,01; $p = 0,05$). Se determinó una elevada seroprevalencia frente a Leptospira spp. (44%) en equinos de comunidades mapuche vulnerables de Padre Las Casas, confirmando una alta exposición ambiental y la circulación activa del patógeno. La predominancia del serovar Hardjo (97,7%) sugiere una importante transmisión interespecie asociada al pastoreo extensivo y al uso compartido de praderas y fuentes de agua con bovinos (hospedadores de mantenimiento). La edad mayor o igual a 3 años representa el principal factor de riesgo, debido al mayor tiempo de exposición acumulativa en el medio rural. Las elevadas coaglutinaciones (81,8%) reflejan la complejidad inmunológica de la enfermedad en el campo y reacciones cruzadas de la técnica MAT. Estos resultados evidencian la urgencia de fortalecer los programas de vigilancia epidemiológica veterinaria y de integrar formalmente a los equinos en estrategias sanitarias bajo el concepto de Una Salud para mitigar el riesgo zoonótico en sectores rurales vulnerables

Folio 49

10 AÑOS DE VIGILANCIA EPIDEMIOLÓGICA EN LA SALMONICULTURA CHILENA: ESTUDIO RESTROSPECTIVO 2014-2024 DEL RIESGO DE MORTALIDAD POR ENFERMEDADES INFECCIOSAS

Autor principal: Benjamín Diethelm Varela
Co-autores: Enrico Rezende Landaeta; Francisco Melo Ledermann; Stefan Gelcich Crossley; Nicolhole Atero Fredericksen; Eduardo Undurraga Fourcade; Fernando Mardones Loyola

Chile es el segundo mayor productor de salmón del mundo, y se espera que esta industria continúe su crecimiento en las siguientes décadas. Sin embargo, las enfermedades infecciosas representan un severo obstáculo a este crecimiento, particularmente la septicemia rickettsial de salmónidos (SRS). SRS y otras infecciones imponen pérdidas económicas significativas, impactan negativamente el bienestar animal, e incentivan el uso de antibióticos, lo cual contribuye al fenómeno global de resistencia a antimicrobianos y a la degradación medioambiental. El manejo de las enfermedades infecciosas mediante una estrategia de manejo integrada que priorice la prevención primordial y primaria es esencial, pero ello requiere de un entendimiento detallado de su epidemiología. En Chile, la vigilancia de enfermedades infecciosas en acuicultura está basada en guías del Servicio Nacional de Pesca Agricultura (Sernapesca). El servicio mantiene una base de datos, lamada Sistema Integrado de Fiscalización de la Acuicultura (SIFA), que agrega todos los datos históricos de mortalidad de las enfermedades infecciosas, y que podría emplearse para lograr una mejor comprensión de la epidemiología de las enfermedades infecciosas. El objetivo principal de este estudio fue proveer una caracterización epidemiológica detallada de las principales infecciosas que afectan a la salmonicultura chilena. Empleamos un diseño de estudio de cohorte retrospectivo del 2014 al 2024. Se enfocó el estudio en las seis enfermedades con mayor riesgo de mortalidad total en salmónidos: SRS, tenacibaculosis, enfermedad renal bacteriana (BKD), inflamación de músculo cardíaco y esquelético (HSMI), necrosis pancreática infecciosa (IPN), y amebiasis. Nuestros datos cubrieron un total de 2,659 ciclos productivos de 811 centros de cultivo de salmón ubicados desde Los Ríos hasta Magallanes. Se incluyeron las especies salmón del Atlántico, trucha arcoíris y salmón Coho. Los datos empleados fueron los registros de mortalidad de salmónidos, y las tasas de infestación por Caligus , ambos del SIFA. Para cada enfermedad construimos series de tiempo. Mediante análisis espacial, caracterizamos el fenómeno de coinfecciones por SRS y tenacibaculosis. A través de modelamiento de regresión binomial negativa con efectos mixtos identificamos, para cada enfermedad, el efecto de predictores sobre el riesgo de mortalidad. Nuestras series de tiempo muestran que SRS se ha mantenido como la principal fuente de riesgo de mortalidad durante todo el período de estudio, pero la tenacibaculosis ha mostrado un aumento sostenido en su contribución al riesgo desde 2018 (Figura 1). El análisis espacial indica que las coinfecciones por SRS y tenacibaculosis se han vuelto comunes desde 2018 (Figura 2) y que tienden a ser precedidas por infestaciones por Caligus (Figura 3). Nuestros modelos binomiales negativos muestran que varios factores actúan como determinantes de riesgo para las seis enfermedades infecciosas que modelamos, incluyendo la temperatura del agua y las infestaciones por Caligus rogercresseyi. Nuestras medidas de bondad de ajuste indican que, para todas las enfermedades, la mayor parte de la varianza de la variable dependiente proviene de los factores aleatorios que dan cuenta de la estructura anidada del sistema,, lo que sugiere la existencia de factores no incorporados a los modelos, tales como variables espaciales, geográficas, o hidrodinámicas, que podrían actuar como predictores importantes de riesgo. Este estudio proporciona una evaluación detallada de la epidemiología de las enfermedades infecciosas en salmonicultura chilena a lo largo de 10 años. Se destaca la hiperendemicidad de SRS y la emergencia de tenacibaculosis. Se describe por primera vez en un estudio de campo el fenómeno de coinfecciones SRS-tenacibaculosis. Nuestro modelamiento sugiere la necesidad de explorar predictores adicionales. Estos resultados aportan información novedosa para la prevención de enfermedades infecciosas en la salmonicultura, la cual podrá ser empleada por productores y autoridades para diseñar mejores estrategias de control.

Folio 53

DETERMINACIÓN DE LA PREVALENCIA DE ANTICUERPOS CONTRA TOXOPLASMA GONDII EN FELINOS DOMÉSTICOS (FELIS CATUS) EN PUERTO MONTT, REGIÓN DE LOS LAGOS, CHILE

Autor principal: Constanza Abarzúa Urrutia
Co-autores: Lucía Azócar Aedo; María Gallardo Paffetti

Introducción La toxoplasmosis es una enfermedad zoonótica de distribución mundial, afecta a múltiples especies y es producida por el parásito protozoario Toxoplasma gondii, que tiene como hospedero definitivo al gato doméstico (Felis catus). En Chile los estudios epidemiológicos sobre la prevalencia de anticuerpos contra T. gondii en gatos son escasos y datan de hace varios años. La toxoplasmosis en humanos tiene consecuencias graves en embarazadas, neonatos y personas con inmunosupresión, por lo cual es importante conocer qué ocurre con la enfermedad en las poblaciones de gatos domésticos, considerando la estrecha relación de las personas y sus mascotas en la sociedad actual. Objetivo Estimar la prevalencia de anticuerpos contra T. gondii en felinos domésticos atendidos en el Centro de Esterilización de Mascotas (CEM) de Puerto Montt, Región de Los Lagos, Chile y determinar características demográficas de los animales seropositivos, como también factores posiblemente asociados con la seropositividad en estas mascotas. Materiales Se realizó un estudio epidemiológico observacional transversal cuantitativo y analítico durante diciembre de 2025 a marzo de 2026. Se muestrearon 80 felinos domésticos atendidos en el CEM de Puerto Montt, al cual acuden tutores con sus animales de compañía para cirugías de ovariohisterectomías u orquiectomías. Se incluyeron gatos que cumplieran con requisitos administrativos por parte de los tutores (estar correctamente inscrito para el día de la cirugía) y que las mascotas estuvieran clínicamente sanas. Se excluyeron gatos con un peso corporal menor a 1,9 kg, con una edad menor a cinco meses o con fecha de último parto inferior a dos meses. Los tutores firmaron un consentimiento informado para participar en la investigación. De cada animal se extrajo una muestra de 1 ml de sangre y el suero fue analizado con la prueba inmunocromatográfica Antigen Rapid Toxoplasma Ab (Laboratorio BIONOTE®). Se calculó la prevalencia de anticuerpos contra el parásito con su Intervalo de Confianza del 95% (IC 95%); a partir de las fichas clínicas de los pacientes felinos, se obtuvieron características demográficas para estimar la frecuencia de animales seropositivos y seronegativos evaluando posibles diferencias entre las proporciones de cada variable con la prueba de Chi cuadrado con corrección de Yates ($p<0,05$) con EpiInfo versión 6.04. Se utilizaron tablas de contingencia de 2x2 para estimar el Odds Ratio (OR) como medida de riesgo epidemiológico ($p<0,05$) junto con su IC 95% y valor p ($p<0,05$) utilizando Epi Info versión 7.2. Resultados La prevalencia de anticuerpos contra T. gondii fue de un 16,2% (IC 95%= 8,1-24,5%). Se observó una mayor positividad en felinos hembras (76,9%), adultos de 1 a 6 años (69,2%), con modo de obtención "recogidos" (46,2%), sin desparasitaciones al día (92,3%), con peso corporal <2,9 kg y >3,0 kg (50,0%) y de origen urbano (61,5%). Ser un felino adulto de 1 a 6 años fue un factor de riesgo para la presencia de anticuerpos (OR=3,78; valor p=0,03); mientras que la procedencia urbana fue un factor de protección (OR=0,21; valor p=0,04) (Tabla 1). Conclusiones Conclusiones La detección de gatos sanos con anticuerpos contra T. gondii en Puerto Montt denota un riesgo potencial para la salud pública para los tutores de mascotas, por lo cual la educación a la comunidad y la prevención bajo el enfoque "Una Sola Salud" es relevante, con medidas como promover la esterilización de gatas, mantener a los felinos dentro de casa ("indoor") y con su calendario de controles veterinarios al día y desparasitaciones. También es importante explicar y difundir información comprensible a la población como la mantención de higiene de los hogares y del ambiente al recolectar las heces de los gatos todos los días y lavar el arenero al menos tres veces por semana con desinfectantes. En el ámbito de la salud pública, es necesario aumentar la atención dada a la enfermedad y continuar con la realización de estudios epidemiológicos a nivel local, regional o nacional para, a partir de la evidencia científica, decidir la implementación de tamizaje preventivo para Toxoplasma en embarazadas en Chile.

Folio 54

EXPOSICIÓN Y ANTICUERPOS CON REACTIVIDAD CRUZADA A MÚLTIPLES SEROGRUPOS DE LEPTOSPIRA PATÓGENA EN GATOS DOMÉSTICOS EN PUERTO MONTT Y SUS ALREDEDORES: RIESGO ZOONÓTICO POTENCIAL

Autor principal: Michelle Carvajal Velásquez
Co-autores: Lucía Azócar Aedo; María Gallardo Paffetti

Introducción: La leptospirosis es una zoonosis de distribución mundial causada por bacterias patógenas del género Leptospira, las cuales afectan a diversas especies de animales que actúan como reservorios. Existe incertidumbre respecto a si los felinos domésticos (Felis catus) pueden o no transmitir la bacteria los humanos. Objetivo Estimar la prevalencia de anticuerpos anti-Leptospira patógena en felinos domésticos en Puerto Montt y sus alrededores utilizando la prueba de Aglutinación Microscópica (MAT), establecer serogrupos y serovares más frecuentes y cuantificar títulos de anticuerpos. También determinar factores asociados con la seropositividad. Materiales Es un estudio epidemiológico observacional transversal, descriptivo, cuantitativo y analítico en Puerto Montt y sus alrededores, en la Región de Los Lagos. Se muestrearon 117 gatos con un muestreo probabilístico de tipo aleatorio simple, seleccionando animales mediante visitas domiciliarias y en hospitales y clínicas veterinarias para la obtención de muestras de sangre y suero. Se incluyeron a animales clínicamente sanos, mayores de dos meses de edad y de un peso corporal mayor a 2 kg. El tutor de cada mascota firmó un consentimiento informado. La detección de anticuerpos anti-Leptospira patógena se realizó con el siguiente panel de la prueba MAT: Leptospira interrogans serogrupo Sejroe (serovar Hardjo), Pomona (serovar Pomona), Canicola (serovar Canicola), Icterohaemorrhagiae (serovar Icterohaemorrhagiae), Autumnalis (serovar Autumnalis) y serogrupo Australis (serovar Bratislava); Leptospira borgpetersenii serogrupo Tarassovi (serovar Tarassovi); y Leptospira kirschneri serogrupo Grippotyphosa (serovar Grippotyphosa). Se consideraron títulos de anticuerpos de 1:100, 1:200, 1:400, 1:800, 1:1600 y se catalogó como evidencia de seropositividad a un título igual o mayor a 1:100. Se calculó la prevalencia de anticuerpos anti-Leptospira con su Intervalo de Confianza del 95% (IC 95%) y la frecuencia de serogrupos, serovares y títulos de anticuerpos en los animales seropositivos. Se realizó un cuestionario epidemiológico para obtener características demográficas, ambientales y de hábitos de vida de los animales y con esos datos se construyó un modelo de regresión logística realizando un análisis univariado ($p<0,25$) y multivariado empleando la prueba de razón de logaritmo de máxima verosimilitud ($p<0,05$) con Statistix V. 10. Resultados Siete felinos resultaron positivos a prueba MAT. La prevalencia de anticuerpos anti-Leptospira fue de un 5,9% (IC95%=1,6-10,2%). Destaca que, hubo positividad a tres, cuatro, cinco o seis serogrupos/serovares al mismo tiempo en un mismo animal, con diferentes porcentajes que variaron entre 14,3% a 57,1% (Figura 1A), lo que implica reactividad cruzada y, para efectos de este estudio, el serogrupo/serovar, con el título de anticuerpos más alto, se consideró como el causante de la reacción serológica. En base a esto, el serogrupo/serovar más frecuente fue Tarassovi (57,1%), seguido de Pomona (28,6%) y Autumnalis (14,3%). En cuanto a los títulos de anticuerpos, la mayor seropositividad se observó en el nivel 1:400 (57,1%), seguida de 1:200 (28,6/), que indican exposición a Leptospira y sólo un felino presentó un título de 1:800 (14,6%) (Figura 1B), que denota posible infección activa, aunque este animal no tenía signología clínica de leptospirosis. El modelo de regresión logística incluyó la variable “hábitat mixto: indoor y outdoor”, pero no fue estadísticamente significativa (OR=3,7; IC 95%=0,4-32,1%). Conclusiones Se detectaron gatos domésticos con anticuerpos anti-Leptospira patógena en Puerto Montt y sus alrededores, con títulos que indican exposición al patógeno y reactividad serológica cruzada a múltiples serogrupos/serovares en un mismo animal, lo cual es motivo de preocupación por el potencial zoonótico para los tutores de mascotas. Es importante continuar realizando estudios epidemiológicos sobre leptospirosis en Chile, por el auge y popularidad de los gatos como mascotas en la sociedad contemporánea, siendo las investigaciones basadas en el enfoque “Una Sola Salud”, un buen nicho para proponer y cuyos resultados futuros podrían proponer medidas de prevención certeras en salud ambiental, medicina veterinaria y dentro de la práctica clínica en medicina humana.

Folio 74

RASTREO GENÓMICO DE LISTERIA MONOCYTOGENES EN ALIMENTOS PARA IDENTIFICAR LA FUENTE DE UN CASO DE LISTERIOSIS MATERNA

Autor principal: Marcela Sánchez Troncoso
Co-autores: Gustavo Rojas Medina; Elias Kassisse El-Hage; Vanessa Villagrán Paredes; Veronica Alvarez Pérez; Paulina Jara Cifuentes; Karola Parra Silva; Matías Bravo Torres; Marlene Barrientos Saldivia; Gerardo Fernández Muñoz; Maria Ignacia Reyes Fuentes; Julio Parra Flores

Listeria monocytogenes (Lm) es un patógeno ubicuo y persistente en plantas procesadoras de alimentos, capaz de contaminar diversos productos, especialmente quesos, embutidos, carnes y pescados. La listeriosis puede provocar aborto, septicemia, meningitis y muerte, y los principales serotipos asociados a casos y brotes son 4b, 1/2a y 1/2b. A nivel mundial, la mayoría de los brotes se relacionan con alimentos listos para el consumo, productos lácteos y cárnicos. En Chile, se han registrado brotes asociados principalmente con quesos, embutidos y otros productos cárnicos, predominando los serotipos 4b, 1/2a y 1/2b. La secuenciación del genoma completo (SGC) ha reemplazado progresivamente a PFGE como método de referencia para la caracterización de Lm. Esta técnica permite identificar los aislados, establecer relaciones genéticas y epidemiológicas, realizar MLST y cgMLST, así como detectar serotipos y genes relacionados con virulencia y resistencia antimicrobiana. la investigación busca determinar, mediante caracterización genómica, la relación entre el aislado clínico y aislados de alimentos recolectados durante la investigación epidemiológica de un caso de listeriosis materna. El aislamiento de cepas de L. monocytogenes (Lm) se realizó según ISO 11290-1:2017, utilizando caldo Fraser para enriquecimiento selectivo y ensayo inmunoenzimático VIDAS®LMO2, método de referencia 30704 VIDAS L. monocytogenes II, para presuntividad, seguido de siembra en agar ALOA para confirmación. Las cepas presuntivas fueron enviadas a AGES, Austria, para secuenciación. A partir de los genomas completos se determinaron los serotipos mediante secuencias objetivo de cinco regiones de ADN (lmo118, lmo0737, ORF2110, ORF2829 y prs). La tipificación ST y cgMLST, genes de virulencia y resistencia, plásmidos y elementos genéticos móviles se analizaron mediante MLST, cgMLST, VFDB, AMRFinderPlus, MOB-suite y MobileElementFinder, respectivamente, en MBioSEQ Ridom Typer 12.0. La relación genómica se estableció según criterios para brotes de ETA, considerando como estrechamente relacionadas las cepas con <10 alelos diferentes por cgMLST y como posible fuente común aquellas con <20 SNP. La Unidad de Epidemiología de la SEREMI de Salud de Ñuble, realizó la investigación mediante la encuesta epidemiológica de listeriosis, que incluyó consumo de alimentos durante las cuatro semanas previas, lugares de compra e historia alimentaria. Se recolectaron muestras en un local de sushi asociado al consumo referido, en dos oportunidades (12/01/2025 y 18/12/2024), identificándose L. monocytogenes en el Laboratorio de Salud Pública Ambiental y Laboral de la SEREMI de Salud de Ñuble. El estudio fue autorizado por el Comité Ético Científico del Hospital Herminda Martín (N° CEC-HCHM202546-2025). La cepa clínica fue identificada como Lm ST392 (CC392) y serotipo 1/2b, al igual que las cepas aisladas del alimento. Además, al utilizar la matriz cgMLST hay solo 2 alelos de distancia y 4-8 SNP entre la cepa clínica y la cepa del alimento, lo que confirma al sushi como la fuente de contaminación (Figura 1). Por otra parte, ambas cepas tenían los mismos genes de resistencia y de virulencia. Además, destacar que el gen inlA no presentó codones de parada prematuros, compatibles con una proteína InlA potencialmente funcional. Las cepas de L. monocytogenes aisladas de sushi y del paciente con listeriosis se encuentran estrechamente relacionadas con 2 alelos de diferencia y 4-8 SNP de distancia Lo que proporciona evidencia genómica y epidemiológica consistente con el sushi como fuente de infección. La Secuenciación de genoma completo (SGC) constituye una herramienta de alta resolución para caracterizar y estudiar brotes y casos de Lm y representa una estrategia robusta para la vigilancia epidemiológica y el control de infecciones asociadas a Lm.

Folio 76

PRIMERA ESTIMACIÓN CHILENA DE COBERTURA NACIONAL DE LA PREVALENCIA DE INFECCIÓN POR MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS MEDIANTE QUANTIFERON-TB GOLD PLUS (2017-2025)

Autor principal: Pamela Torres Villegas
Co-autores: Pablo Valenzuela García; Elvira Balcells Marty; Patricia García Cañete

Chile mantiene una incidencia intermedia de enfermedad tuberculosa pero carece de datos nacionales sobre la prevalencia de infección por Mycobacterium tuberculosis, información necesaria para orientar estrategias de tamizaje y tratamiento preventivo. Determinar la prevalencia de infección por M. tuberculosis mediante QuantiFERON-TB Gold Plus (QFT) en una cohorte chilena de cobertura nacional y caracterizar su distribución demográfica, geográfica y temporal. Estudio descriptivo retrospectivo de todas las determinaciones de QFT procesadas en el Laboratorio de Microbiología de la Red de Salud UC-CHRISTUS entre el 9 de noviembre de 2017 y el 11 de octubre de 2025, correspondientes a individuos estudiados por indicación clínica. Se retuvo la primera determinación interpretable por individuo. La prevalencia se estimó con intervalo de confianza del 95% mediante método exacto binomial y su asociación con variables demográficas y geográficas mediante regresión logística. La comparación entre los períodos prepandémico y pandémico se restringió a la metodología ELISA. Se describió la frecuencia de viraje en individuos con exactamente dos determinaciones y primera determinación negativa, evaluando su dependencia de la metodología analítica y del intervalo entre determinaciones; adicionalmente se describió la reversión y el rendimiento de la repetición en primeras determinaciones indeterminadas. De 43.254 individuos únicos, 41.356 dispusieron de una determinación interpretable y conformaron la cohorte de análisis. La prevalencia de infección fue de 8,84% (IC 95%: 8,56%-9,11%). Fue mínima en el grupo de 15 a 29 años y aumentó progresivamente a partir de los 30 años, hasta 15,58% en las personas de 75 años y más, y fue superior en población extranjera (19,95% frente a 8,62%; OR ajustado 3,42; IC 95%: 2,86-4,09). La diferencia por sexo fue estadísticamente significativa pero de magnitud reducida (9,21% en hombres frente a 8,58% en mujeres). La prevalencia por país de origen osciló entre 2,70% en Argentina y 46,34% en Haití. Entre los períodos prepandémico y pandémico la prevalencia descendió de 10,54% a 7,47% (OR ajustado 0,680; IC 95%: 0,619-0,747), sin que la composición demográfica de ambos períodos explicara la diferencia. En un análisis exploratorio de determinaciones seriadas, la frecuencia de viraje fue de 3,42% (IC 95%: 2,81%-4,13%), la de reversión de 36,89% y la repetición de una primera determinación indeterminada rindió un resultado interpretable en 71,82% de los casos; estas frecuencias dependen de la metodología analítica y de la estructura de indicación del examen. La prevalencia de infección por M. tuberculosis en esta cohorte fue de 8,84%. Por tratarse de una población con indicación clínica de tamizaje, y por tanto con probabilidad pre-test superior a la de la población general, esta cifra no constituye una prevalencia poblacional; su magnitud, inferior a las estimaciones globales derivadas de modelamiento matemático, sugiere que dichos modelos sobredimensionan el reservorio en países de incidencia intermedia. La concentración de la infección en migrantes procedentes de países de alta endemicidad identifica a este grupo como prioritario para tamizaje dirigido; en adultos mayores, la elevada prevalencia caracteriza un reservorio relevante cuya intervención requiere estratificación adicional según riesgo de progresión.

Folio 78

PATÓGENOS BACTERIANOS OPORTUNISTAS EN DOSIFICADORES DE LECHE INFANTIL: IDENTIFICACIÓN Y FILOGENIA MOLECULAR

Autor principal: Sebastián Andrés Molina Valenzuela
Co-autores: Ignacio Maldonado Parra; Ignacio Alberto Orellana Tolosa; Carolina Nicolé González García; Boris Parra Verdugo; Bernardo Candia Herrera; Fabiola Cerda Leal

Las fórmulas lácteas y leche en polvo son el alimento de un 60% de la población de recién nacidos y lactantes. Diferentes alertas alimentarias y retiro de este tipo de productos en Chile y en otros países, se han asociados al aislamiento de Clostridium botulinum, C. perfringens, Cronobacter sakazakii, Bacillus cereus, Salmonella spp. y Staphylococcus aureus (OMS, 2026). En marzo del año 2026 la Autoridad Europea de Seguridad Europea (EFSA), a través de un panel de expertos analizó los principales riesgos asociados al consumo de fórmulas infantiles por recién nacidos y lactantes. Entre los principales peligros mencionan el hogar, las plantas de procesamiento, utensilios, la preparación, los biberones, envases, tetinas, tapas y anillos. La cuchara dosificadora, que generalmente es mantenida en los envases; es mencionada cómo vehículo de contaminación bacteriana, sin encontrarse estudios que verifiquen su potencial peligro como reservorio de agentes microbianos Determinar el potencial peligro de las cucharas dosificadoras de leche en polvo, como reservorio de patógenos bacterianos, mediante la identificación genómica y caracterización filogenética de los aislados Mediante el uso de bolsas estériles de cierre hermético, se recolectaron 12 cucharas dosificadoras de leche en polvo directamente desde envases en uso, las cuales se analizaron en el laboratorio en un tiempo menor a 3 h. A partir del mango de cada cuchara, se tomaron muestras con hisopos estériles para su siembra aséptica en agar Plate Count (Difco®), agar MacConkey (Difco®) y Agar Cromo Orientación (Linsan®). Las colonias aisladas se identificaron fenotípicamente, se comprobó su pureza y se conservaron a -20 °C en glicerol al 40%. Para 15 cepas (procedentes de 3 cucharas), se extrajo el ADN genómico mediante un protocolo CTAB modificado (INIA Quilamapu) y se amplificó el gen 16S rRNA por PCR convencional (iniciadores 27F/1492R). La secuenciación se realizó mediante la plataforma Sanger paired-end (Macrogen, Corea del Sur). Las lecturas directas e inversas se ensamblaron en Sequencher para generar secuencias consenso. La identidad taxonómica se determinó por BLASTn (NCBI) usando secuencias de cepas tipo de la base de datos LPSN. La filogenia de máxima verosimilitud del gen 16S se realizó mediante MAFFT, trimAl e IQ-TREE con 1000 repeticiones de bootstrap. El análisis microbiológico dependiente de cultivo permitió el desarrollo bacteriano en 8 (66%), de las 12 cucharas y dos de ellas presentaron crecimiento en agar MacConkey. Se aisló y confeccionó un cepario, con un total de 60 cepas bacterianas. El análisis genómico de las secuencias del ARNr 16S representó principalmente cuatro géneros de patógenos oportunistas en microbiología médica. Cuatro aislados cercanos al género Pseudomonas sp., otros cuatro asociados a la familia Erwinaceae, tres cepas próximas al género Acinetobacter y una cepa cercana al género Klebsiella sp.. Se excluyeron tres secuencias de baja calidad, debido a dificultades de amplificación o ensamblaje de los productos. La Figura 1 (a y b), presenta los árboles filogenético-comparativos con las cepas de referencia, para los principales géneros pesquisados. Los resultados confirmaron el rol de las cucharas dosificadoras como reservorios y vehículos silentes de patógenos oportunistas relevantes como Pseudomonas sp., Acinetobacter sp. y Klebsiella sp. Las cucharas son reservorios de peligros biológicos y deben ser consideradas en los análisis de riesgos asociadas a este tipo de alimentos. El análisis de riesgo indica que la inoculación entérica diaria de estos agentes hacia el lactante representa un peligro sustancial. Las consecuencias directas incluyen daño a la barrera mucosa e infecciones invasivas, pueden complicar críticamente el estado clínico de los lactantes y relacionarse con la morbimortalidad infantil. Resulta urgente difundir los resultados y generar protocolos validados de buenas prácticas operacionales, que permitan reducir los riesgos asociados al uso de las cucharas dosificadoras en el hogar y centros de alimentación colectivas. Esta iniciativa se proyecta en profundizar en la investigación y generación de protocolos a través de la postulación a fondos nacionales.

Folio 83

PERFIL EPIDEMIOLÓGICO DE LAS LESIONES POR MORDEDURAS DE PERROS Y GATOS EN SERVICIOS DE URGENCIA DE LA PROVINCIA DE BIOBÍO, CHILE (2015–2025): UN ESTUDIO BAJO EL ENFOQUE ONE HEALTH

Autor principal: Natalia Sanchez Leiva

Las lesiones por mordeduras de animales representan un problema de salud pública global relevante y frecuentemente subestimado, generando una importante carga asistencial e infecciosa para los sistemas sanitarios (aproximadamente el 1% de las consultas de urgencia). Los perros son responsables de la mayoría de las agresiones (60-90%), seguidos por los gatos. La gravedad clínica de estas heridas depende de factores como la especie, tamaño, localización anatómica, edad de la víctima y el acceso oportuno a atención médica, constituyendo además una vía importante de transmisión de patógenos como Pasteurella, Staphylococcus y diversos anaerobios. Desde el enfoque de Una Salud (One Health), este fenómeno refleja la interacción dinámica entre los ámbitos humano, animal y ambiental, donde la expansión urbana, el incremento de animales de compañía y las deficiencias en la tenencia responsable elevan el riesgo de agresiones. En Chile, la información epidemiológica oficial es limitada y los estudios científicos de largo periodo que analicen simultáneamente la evolución temporal, características sociodemográficas, territoriales y clínicas continúan siendo escasos. Conocer estas tendencias de largo plazo es fundamental para orientar políticas públicas de prevención y planificación asistencial, una evidencia que en la Región del Biobío ha sido hasta ahora muy limitada. El estudio tuvo como objetivo principal caracterizar exhaustivamente la evolución temporal, la distribución sociodemográfica, los patrones anatómicos específicos y el comportamiento territorial de las atenciones de urgencia asociadas a mordeduras de cánidos y félidos en la Provincia de Biobío durante el período 2015–2025 Estudio observacional, descriptivo y de serie temporal retrospectiva basado en un universo censal de 28.211 atenciones de urgencia por mordeduras de perros y gatos en la Provincia de Biobío (2015–2025), a partir de registros administrativos anonimizados del Servicio de Salud Biobío obtenidos por Ley de Transparencia. Se analizaron variables temporales, sociodemográficas, topográficas, espaciales (tasas de incidencia acumulada por 100.000 habitantes), la condición del animal y el manejo clínico. El análisis estadístico empleó frecuencias, medidas de tendencia central, tasas, pruebas de Chi-cuadrado (chi^2) y el coeficiente V de Cramer, con un nivel de significancia de $p < 0,05$. Las lesiones por mordeduras de perros y gatos configuran un problema de salud pública de magnitud considerable y en constante expansión en la Provincia de Biobío durante el período analizado. Los hallazgos demuestran que el riesgo no es aleatorio, sino que se encuentra estructurado de manera diferencial según el ciclo vital, el género y el territorio, evidenciando una alta vulnerabilidad de la población infantil frente a lesiones craneofaciales por cánidos y un marcado riesgo ocupacional/doméstico en manos asociado a felinos. Estos resultados subrayan la necesidad imperativa de superar los enfoques estrictamente asistenciales y reactivos, impulsando el desarrollo de estrategias preventivas integrales bajo el enfoque de Una Salud (One Health) que articulen la educación comunitaria en tenencia responsable, el control poblacional de animales en zonas de mayor ruralidad y el fortalecimiento continuo de la vigilancia epidemiológica local.

Folio 84

TUBERCULOSIS EN CHILE: TENDENCIAS TEMPORALES Y CAMBIOS EN EL PERFIL SEGÚN NACIONALIDAD 2015-2024

Autor principal: Iñaki Letelier Lazo
Co-autores: Claudio Arturo Méndez Valenzuela

La tuberculosis es una enfermedad infecciosa de importancia de salud pública, y corresponde a una Enfermedad de Notificación Obligatoria (ENO) en Chile, por lo que los casos diagnosticados deben ser registrados en el sistema nacional de vigilancia epidemiológica. La disponibilidad de estos registros permite describir su comportamiento poblacional y temporal. El objetivo de este estudio fue analizar la tendencia temporal y el perfil demográfico de los casos notificados de tuberculosis en Chile entre 2015 y 2024. Estudio observacional, de series temporales sobre las notificaciones de tuberculosis registradas en Chile durante los años 2015-2024. Se utilizaron registros nacionales del sistema nacional de vigilancia epidemiológica correspondientes al período de estudio. Los datos fueron obtenidos mediante una solicitud de acceso a la información pública a la Subsecretaría de Salud Pública y fueron proporcionados en una base de datos anonimizada. Se analizaron las variables edad, sexo y nacionalidad. Las variables categóricas se describieron mediante frecuencias absolutas y relativas. La distribución de la edad no cumplió el supuesto de normalidad; por ello, se describió mediante mediana y rango intercuartílico (RIC), y se comparó entre los grupos de nacionalidad mediante la prueba de Mann–Whitney. Las tendencias temporales se estimaron mediante regresión de Poisson, utilizando errores estándar robustos para corregir la sobredispersión observada, los resultados se expresaron como razones de tasas (RR), con sus respectivos intervalos de confianza (IC95%). Dada las características del diseño del estudio, no se requirió de la autorización de un comité ético científico. Durante el período estudiado se notificaron 27.901 casos de tuberculosis, del total, 17.764 correspondieron a hombres (63,7%) y 10.136 a mujeres (36,3%). Según nacionalidad 21.175 correspondieron a personas chilenas (75,9%) y 6.356 a población extranjera (22,8%), con 370 registros que no identificaban nacionalidad (1,3%). La proporción de mujeres fue mayor entre las personas de nacionalidad extranjera que entre aquellas de nacionalidad chilena (40,3% y 35,2% respectivamente). Entre los registros con edad y nacionalidad informadas, los casos de personas extranjeras presentaron una edad menor que las chilenas, con medianas de 31 años (RIC: 25–39) y 51 años (RIC: 36–64), respectivamente, con resultados estadísticamente significativos (Mann–Whitney: U=102.361.353; p<0,001). Las notificaciones registradas aumentaron 22,5%, desde 2.561 casos en 2015 hasta 3.138 en 2024. El modelo de Poisson mostró un incremento global promedio de 1,86% anual (RR: 1,019; IC95%: 1,010–1,027; p<0,001). La evolución fue diferente según nacionalidad (Figura 1). Los casos en población chilena disminuyeron 0,72% anualmente, sin alcanzar significación estadística (RR: 0,993; IC95%: 0,982–1,004; p = 0,196), mientras que los casos en población extranjera aumentaron 12,87% anual con significancia estadística (RR: 1,129; IC95%: 1,095–1,163; p<0,001) (Figura 2). En consecuencia, la proporción de casos extranjeros aumentó desde 10,5% en 2015 hasta 31,0% en 2024. Durante 2015 a 2024 las notificaciones de tuberculosis en Chile han presentado una evolución epidemiológica divergente según nacionalidad, caracterizada por un aumento sostenido de casos en población extranjera, quienes presentan un perfil significativamente más joven y una mayor proporción de mujeres, Estos hallazgos refuerzan la necesidad de continuar fortaleciendo la vigilancia epidemiológica nacional y el abordaje comunitario de poblaciones en situación de vulnerabilidad.

Folio 88

CARACTERÍSTICAS CLÍNICAS Y RESPUESTA VIRAL SOSTENIDA EN PACIENTES CON HEPATITIS C TRATADOS CON ANTIVIRALES DE ACCIÓN DIRECTA EN UN HOSPITAL TERCIARIO, 2016–2026

Autor principal: Francisca Bustamante Vargas
Co-autores: Eva Herrera Ahumada; María José Marambio Ureta; Francisco Zamora Vargas; María Fernanda Espinoza Soto

Los antivirales de acción directa han transformado el tratamiento de la hepatitis C crónica, con tasas de respuesta viral sostenida superiores al 95% en condiciones ideales. Sin embargo, los resultados obtenidos en la práctica clínica pueden verse afectados por el rescate de pacientes recién diagnoticados, el acceso al tratamiento y las pérdidas de seguimiento. Caracterizar el perfil clínico, virológico y terapéutico de los pacientes con hepatitis C crónica tratados con sofosbuvir/velpatasvir y/o sofosbuvir/velpatasvir/voxilaprevir en un hospital terciario, y determinar la proporción con respuesta viral sostenida y con resultado postratamiento no documentado. Cohorte observacional retrospectiva basada en registros clínicos y administrativos. Se incluyeron pacientes con hepatitis C crónica confirmada que iniciaron tratamiento con sofosbuvir/velpatasvir y/o sofosbuvir/velpatasvir/voxilaprevir entre junio de 2016 y mayo de 2026. Se realizó análisis de base de datos de uso clínico del policlínico VHC con apoyo de un asistente de inteligencia artificial, bajo supervisión humana directa. Los registros repetidos fueron revisados para diferenciar duplicaciones de episodios clínicos distintos y las variables fueron homologadas cuando existía equivalencia clínica. Una muestra aleatoria del 10% fue contrastada manualmente con las fuentes originales. La respuesta viral sostenida se definió como ARN-VHC indetectable al menos 12 semanas después de finalizado el tratamiento. Los resultados se expresaron como frecuencias absolutas y porcentajes. Se incluyeron 289 pacientes: 279 (96,5%) recibieron exclusivamente sofosbuvir/velpatasvir, seis (2,1%) sofosbuvir/velpatasvir/voxilaprevir y cuatro (1,4%) ambos esquemas en episodios sucesivos. La coinfección por VIH estuvo presente en 120 pacientes (41,5%), la presencia de cirrosis en 63 (21,8%) y hepatocarcinoma en 15 (5,2%). Se dispuso de FibroScan en 170 pacientes (58,8%): 94 (55,3%) presentaron F0–F1; 20 (11,8%), F2; 13 (7,6%), F3; y 43 (25,3%), F4 o cirrosis. El genotipo más frecuente fue el 1 (138; 47,8%), seguido por los genotipos 4 (61; 21,1%) y 3 (30; 10,4%); en 49 pacientes (17,0%) el genotipo no estaba determinado o registrado. Se documentó respuesta viral sostenida en 94,5% de pacientes tratados. Ocho pacientes (2,8%) fallecieron durante el tratamiento, tres (1,0%) lo abandonaron y uno (0,3%) lo suspendió. Durante el período de seguimiento se registraron 15 defunciones por cualquier causa (5,2%). En esta cohorte tratada por hepatitis C destacó una elevada proporción de coinfección por VIH y enfermedad hepática avanzada. La respuesta viral sostenida fue alta entre quienes presentaban un desenlace terapéutico documentado; sin embargo, casi una cuarta parte de la cohorte carecía de un resultado postratamiento interpretable. Esta brecha limita la estimación de efectividad global y señala la necesidad de fortalecer el seguimiento y el registro de la evaluación virológica posterior al tratamiento.

Folio 89

ANÁLISIS DE CAMBIOS TEMPORALES EN EL PERFIL CLÍNICO DE PACIENTES CON HEPATITIS C TRATADOS CON ANTIVIRALES DE ACCIÓN DIRECTA EN UN HOSPITAL TERCIARIO, 2016–2026

Autor principal: Francisca Bustamante Vargas
Co-autores: María José Marambio Ureta; Eva Herrera Ahumada; Francisco Zamora Vargas; María Fernanda Espinoza Soto

La incorporación de los antivirales de acción directa (DAA) modificó sustancialmente el pronostico de la hepatitis C crónica. En Chile, el acceso y la inclusión de los DAA a la canasta GES, podría haber cambiado el perfil clínico de los pacientes atendidos en los centros hospitalarios. La caracterización de estos cambios puede contribuir a orientar las estrategias locales de pesquisa y seguimiento. Comparar la proporción de cirrosis, hepatocarcinoma y coinfección por VIH al diagnostico, así como la frecuencia mensual de diagnósticos confirmados, entre pacientes con hepatitis C crónica tratados con sofosbuvir/velpatasvir y/o sofosbuvir/velpatasvir/voxilaprevir durante tres períodos consecutivos. Estudio observacional, retrospectivo y descriptivo, basado en el registro clínico consolidado de pacientes con hepatitis C crónica de un hospital terciario. Se incluyeron pacientes con diagnóstico confirmado tratados con sofosbuvir/velpatasvir y/o sofosbuvir/velpatasvir/voxilaprevir entre 2016 y 2026. Cada paciente fue asignado a uno de tres períodos según el año de confirmación diagnóstica: 2016–2019, 2020–2022 o 2023–2026. Se describieron la presencia de complicaciones hepáticas como cirrosis y/o hepatocarcinoma y coinfección por VIH al diagnostico. Las variables categóricas se expresaron como frecuencias absolutas y porcentajes. Debido a la diferencia en la duración de los períodos, el volumen de diagnósticos se expresó como número de casos confirmados por mes de observación. Se incluyeron 289 pacientes: 279 (96,5%) recibieron exclusivamente sofosbuvir/velpatasvir, seis (2,1%) exclusivamente sofosbuvir/velpatasvir/voxilaprevir y cuatro (1,4%) ambos esquemas en episodios sucesivos. Se diagnosticaron 87 pacientes en 2016–2019, 73 en 2020–2022 y 129 en 2023–2026. La proporción de pacientes con cirrosis disminuyó de 31,0% (27/87) en 2016–2019 a 24,7% (18/73) en 2020–2022 y 14,0% (18/129) en 2023–2026. El hepatocarcinoma se identificó en 9,2% (8/87), 4,1% (3/73) y 3,1% (4/129), respectivamente. En contraste, la coinfección por VIH aumentó de 25,3% (22/87) a 43,8% (32/73) y 51,2% (66/129). La frecuencia mensual de diagnósticos confirmados fue de 2,02, 2,03 y 3,15 casos por mes, respectivamente. Durante el período estudiado se observó un cambio en el perfil de los pacientes con hepatitis C crónica tratados con AAD: disminuyó la proporción con cirrosis y hepatocarcinoma, aumentó la coinfección por VIH y se incrementó la frecuencia mensual de diagnósticos en el período más reciente. La incorporación de variables demográficas (población de riesgo), vías de transmisión, reinfección y población sometida a tamizaje permitiría explicar mejor estas tendencias y orientar las estrategias locales de pesquisa.

Folio 90

CARGA DE COMORBILIDAD Y MORTALIDAD INTRAHOSPITALARIA EN PACIENTES CON TUBERCULOSIS PULMONAR: ANÁLISIS NACIONAL EN CHILE, 2019 Y 2024

Autor principal: Jesús Alejandro Ignacio Guerrero Muñoz
Co-autores: Salvador Ayala Pizarro

Introducción: La tuberculosis (TB) sigue siendo una de las principales causas de mortalidad a nivel global y la principal causa de muerte por un único agente infeccioso. En Chile, esta enfermedad se mantiene como un problema de salud pública a pesar del programa nacional de control. En este contexto, la coexistencia de múltiples condiciones médicas se ha asociado con peores desenlaces clínicos en pacientes con TB, incluida una mayor mortalidad. Sin embargo, la magnitud de esta asociación y los perfiles específicos de comorbilidad asociados a la muerte intrahospitalaria siguen estando insuficientemente caracterizados. Objetivos: Describir la prevalencia de comorbilidades y evaluar su asociación con la mortalidad intrahospitalaria en pacientes hospitalizados por TB pulmonar en Chile entre 2019 y 2024. Adicionalmente, identificar las comorbilidades individuales y los pares de condiciones con mayor exceso de prevalencia en los pacientes fallecidos respecto a sobrevivientes. Material y métodos: Se realizó un estudio transversal utilizando la base nacional de Grupos Relacionados por el Diagnóstico (GRD) de Chile, que recopila el 100% de las hospitalizaciones de hospitales públicos, cubriendo aproximadamente al 80% de la población del país. Se incluyeron hospitalizaciones con diagnóstico principal de TB pulmonar según la Clasificación Internacional de Enfermedades, décima revisión (CIE-10: A15.x, A16.x y A19.x) entre enero de 2019 y diciembre de 2024, analizando exclusivamente el egreso más reciente por paciente. Las comorbilidades se identificaron mediante el índice de Elixhauser de 31 condiciones, y la carga acumulada se categorizó según el número de comorbilidades. Se ajustaron modelos de regresión logística multivariada por edad y sexo para estimar odds ratios ajustados (aOR) de mortalidad intrahospitalaria. Resultados: Se incluyeron 3.445 hospitalizaciones (70.5% hombres, edad media 47 años). La mortalidad intrahospitalaria global fue de 14,1%, evidenciando un alza desde 7,3% en 2019 hasta 18,9% en 2022, con un descenso parcial a 14.7% en 2024. Las comorbilidades más frecuentes fueron pérdida de peso (28,3%), abuso de drogas (22,2%), trastornos hidroelectrolíticos (21,6%), hipertensión arterial (18,7%) y abuso de alcohol (16,6%). La mortalidad aumentó en un patrón dosis-respuesta según la carga de comorbilidades: desde un 4% en pacientes sin comorbilidades hasta un 43% en aquellos con siete o más. El modelo multivariado, comparado con los pacientes sin comorbilidades, el aOR fue 2,14 (IC95%: 1,34–3,51) para una condición, 2,90 (1,85–4,71) para dos, 4,16 (2,65–6,80) para tres y 6,26 (4,03–10,1) para cuatro o más. De forma individual, la coagulopatía (aOR: 2,53; IC95%: 1,59–3,98), la enfermedad hepática (aOR: 2,31; 1,68–3,16), la pérdida de peso (aOR: 2,27; 1,82–2,83) y el abuso de drogas (aOR: 1,60; 1,23–2,06) se asociaron independientemente con mortalidad. En el análisis de pares, las 15 combinaciones con mayor diferencia de prevalencia entre fallecidos y sobrevivientes, todos incluyeron al menos una de las siguientes condiciones: pérdida de peso, trastornos hidroelectrolíticos, abuso de alcohol o de drogas. Esto sugiere un patrón convergente de malnutrición, desregulación metabólica y consumo problemático de sustancias. Conclusiones: Las comorbilidades son frecuentes en pacientes hospitalizados por TB pulmonar en Chile y su presencia se asocia de manera independiente con mayor mortalidad intrahospitalaria. Este riesgo opera bajo un claro patrón dosis-respuesta, aumentando en más de seis veces ante la coexistencia de cuatro o más condiciones médicas. El perfil clínico revela un patrón convergente donde la desnutrición, la desregulación metabólica y el consumo problemático de sustancias estructuran un clúster de alta letalidad. Estos hallazgos reafirman que la identificación de pacientes de alto riesgo mediante la carga acumulada y combinaciones específicas de comorbilidades es fundamental para apoyar estrategias sistemáticas de tamizaje, estratificación de riesgo y priorización clínica al ingreso hospitalario.

Folio 105

FACTIBILIDAD Y ACEPTABILIDAD DE LA AUTOTOMA PARA VPH-ITS EN ATENCIÓN PRIMARIA: RESULTADOS PRELIMINARES DE UN ENSAYO ALEATORIZADO ANIDADO EN LA COHORTE MAUCO

Autor principal: Valentina Aguayo Jenschke
Co-autores: María Spencer Sandino; Eduardo Undurraga Fourcade; Jeniffer Loyola Quintero; Laura Huidobro Muñoz; Catterina Ferreccio Readi

El cáncer cervicouterino (CC) continúa siendo la segunda causa de muerte por cáncer en mujeres de 25 a 64 años en Chile, pese a contar desde 1987 con un programa nacional gratuito de tamizaje mediante Papanicolaou (PAP), reflejando una cobertura históricamente insuficiente del tamizaje asociada a barreras estructurales y sociales. Evidencia internacional muestra que la autotoma de virus papiloma humano (VPH) puede aumentar la adherencia al tamizaje, manteniendo un desempeño diagnóstico comparable al muestreo realizado por profesionales. El test de VPH, con mayor sensibilidad e incorporado en las guías clínicas nacionales desde 2015, no se ha implementado a gran escala en el sistema público debido a consideraciones de costo, capacidad diagnóstica y limitada evidencia nacional sobre estrategias operativas de su implementación y escalamiento. Además, el VPH puede coinfectar con otras infecciones de transmisión sexual (ITS), lo que podría favorecer su persistencia y potencial oncogénico. Si bien la autotoma para detección de VPH e ITS surge como potencial estrategia para reducir barreras de acceso y ampliar la cobertura del tamizaje, existe escasa evidencia nacional sobre su factibilidad, aceptabilidad y adherencia cuando se implementa mediante plataformas diagnósticas de bajo costo en atención primaria. Evaluar la factibilidad, aceptabilidad y adherencia de una estrategia de autotoma para detección de VPH e ITS mediante pruebas de bajo costo a través de un ensayo clínico aleatorizado de tres brazos en Molina, Región del Maule, Chile. Ensayo clínico aleatorizado de tres brazos; autotoma VPH-ITS en hogar, autotoma VPH-ITS en módulo clínico y tamizaje estándar (PAP en CESFAM), anidado en la cohorte MAUCO. Fueron incluidas mujeres de 48 a 64 años activas en la cohorte, sin antecedente de CC, histerectomía ni deterioro cognitivo. Se estratificó según estado de tamizaje mediante registro de SISMaule o autorreporte telefónico. Participantes con tamizaje vigente fueron aleatorizadas en ambos brazos de autotoma y sin tamizaje vigente fueron aleatorizadas en los tres brazos, con secuencia computacional gestionada en REDCap y balanceada por edad. Muestras para VPH e ITS (Chlamydia trachomatis, Neisseria gonorrhoeae, Trichomonas vaginalis y Mycoplasma genitalium) se procesan mediante pruebas de amplificación isotérmica de bajo costo (ATILA BioSystems). Se evalúa factibilidad, aceptabilidad y adherencia mediante indicadores de participación, cuestionarios estructurados y devolución de muestras o realización de PAP, además de coinfección por VPH e ITS. El reclutamiento se inició en julio de 2026 y se encuentra en curso durante este análisis preliminar. Se han procesado 79 muestras, con 7 resultados positivos para VPH (8,9%), ningún resultado positivo para ITS y un número marginal de muestras inválidas. Resultados preliminares sugieren una mayor participación en la modalidad de autotoma en módulo clínico comparada con autotoma en hogar, asociada cualitativamente a menor tiempo y costo de traslado, menor incertidumbre durante la toma de la muestra y mayor percepción de seguridad durante el procedimiento. Se ha evidenciado un limitado conocimiento sobre VPH, CC y tamizaje, lo que podría influir en la adherencia y respuestas al cuestionario basal. La infraestructura de la cohorte ha facilitado la implementación del estudio en un contexto semiurbano-rural. Estos resultados son preliminares dado que el reclutamiento se encuentra en curso y la muestra procesada representa una fracción de la planificada. Resultados preliminares sugieren que la implementación de autotoma para detección de VPH e ITS con una prueba de bajo costo es posible en el contexto de atención primaria chilena. La baja proporción de muestras inválidas y la mayor participación observada en la modalidad de autotoma en módulo clínico aportan evidencia preliminar sobre la aceptabilidad y el desempeño operativo de la estrategia. El análisis final permitirá cuantificar con mayor precisión la adherencia, aceptabilidad y factibilida de esta estrategia, y evaluar su potencial como alternativa para ampliar la cobertura de tamizaje con pruebas moleculares de bajo costo en atención primaria en Chile.

Folio 108

APLICACIÓN DE UN MODELO DE DESAGREGACIÓN ESPECIAL PARA ESTIMAR CASOS DE TUBERCULOSIS EN AREAS PEQUEÑAS EN EL GRAN SANTIAGO

Autor principal: Ismael Bravo Rodríguez
Co-autores: Bryan Castillo Mendoza; Salvador Ayala Pizarro

La tuberculosis (TB) continúa siendo un problema relevante de salud pública y presenta una distribución espacial heterogénea en Santiago de Chile. Sin embargo, la disponibilidad de información epidemiológica a escala comunal puede ocultar patrones territoriales locales relevantes para la vigilancia y el control de la enfermedad. Los métodos de desagregación espacial permiten estimar la distribución de eventos en menores escalas a partir de información agregada, con potencial para focalizar territorialmente intervenciones en grupos de mayor riesgo. Esta aproximación metodológica busca contribuir en actividades de pesquisa activa basada en la comunidad de casos de TB. Estimar la distribución espacial de casos de TB pulmonar en el Gran Santiago a una resolución de 1×1 km mediante un modelo de desagregación espacial y evaluar su capacidad para reproducir los patrones observados a nivel comunal y distrital. Estudio ecológico espacial utilizando los casos de TB pulmonar correspondientes al año 2017 (N=666), disponibles a nivel comunal y de distrito censal. Se implementó un modelo de disaggregation regression con distribución de Poisson, utilizando como offset la población estimada mediante WorldPop a resolución de 1×1 km. Se incorporaron covariables estandarizadas potencialmente asociadas al riesgo de TB, tales como: población ≥65 años, índice de vegetación (NDVI) y distribución espacial de población inmigrante e indígena. Estas últimas fueron estimadas mediante mapeo dasimétrico ponderado por población. La estructura espacial fue modelada mediante un campo aleatorio gaussiano aproximado utilizando INLA y el enfoque SPDE sobre una malla triangular, permitiendo representar la variación espacial continua del riesgo. Se obtuvieron casos esperados por píxel, posteriormente escalados para reproducir los totales observados, y el desempeño se evaluó mediante la correlación entre casos observados y predichos, además del error medio absoluto (MAE) y raíz del error cuadrático medio (RMSE), a nivel comunal y distrital. Como desarrollo metodológico en curso, se está incorporando información del Censo 2024 para identificar manzanas sin población residente y, mediante información del Servicio de Impuestos Internos (SII), delimitar los predios contenidos en las manzanas urbanas. Esta aproximación permitirá mejorar el mapeo dasimétrico, restringiendo la asignación de población y riesgo a superficies efectivamente habitadas. Asimismo, permitirá construir variables auxiliares para caracterizar el riesgo espacial de TB. El modelo presentó una correlación de 0,72 entre los casos observados y predichos a nivel comunal y de 0,22 a nivel distrital. El error medio fue cercano a cero en ambas escalas, consistente con el escalamiento de las predicciones a los totales observados. El MAE fue de 7,30 casos a nivel comunal y 1,79 a nivel distrital, mientras que el RMSE fue de 10,51 y 2,66 casos, respectivamente. La mayor dispersión relativa de los errores a nivel distrital se observó principalmente en unidades con menor número de casos, evidenciando una disminución del desempeño al aumentar la resolución espacial. En conjunto, el modelo reprodujo adecuadamente el patrón general de distribución de casos a escala comunal y mostró un ajuste satisfactorio considerando que las covariables utilizadas corresponden a una primera aproximación. La desagregación espacial permitió transformar información epidemiológica agregada comunalmente en estimaciones de casos de TB pulmonar con una resolución de 1×1 km, reproduciendo adecuadamente el patrón espacial observado a escala comunal. La menor concordancia a nivel distrital evidencia las limitaciones de inferir patrones locales a partir de datos agregados y de trabajar con unidades con bajos conteos. La incorporación de información censal y predial permitirá mejorar la representación de la población efectivamente residente y caracterizar con mayor precisión las condiciones territoriales asociadas al riesgo de TB. Esta aproximación constituye una herramienta con potencial para fortalecer la vigilancia epidemiológica de la tuberculosis, identificar áreas prioritarias y orientar estrategias de pesquisa activa de casos.

Folio 132

CARACTERIZACIÓN DE HOSPITALIZACIONES POR VRS EN NIÑOS CON INDICACIÓN DE NIRSEVIMAB

Autor principal: José Pablo Arnes Ávila
Co-autores: Gonzalo Valenzuela Galaz; Gonzalo Alarcón Andrade; Katia Abarca Villaseca; Luis Sepúlveda

El virus respiratorio sincicial (VRS) es el principal agente responsable de infecciones respiratorias agudas bajas en lactantes. En abril de 2024, Chile implementó el anticuerpo monoclonal nirsevimab como estrategia universal de inmunización pasiva contra VRS, alcanzando coberturas nacionales superiores al 80% de la población objetivo. Datos de vigilancia nacional (plataforma NirseCL, ISCI-Ministerio de Salud) muestran que la proporción de hospitalizados por VRS que requirió cuidados críticos disminuyó de 30,2% en 2023 (temporada previa a nirsevimab) a 21,4% y 24,9% en las temporadas 2024 y 2025, respectivamente. Sin embargo, persisten hospitalizaciones tanto en niños inmunizados como no inmunizados, cuya caracterización clínica comparada a nivel local aporta evidencia complementaria al panorama nacional. Describir las características clínicas y desenlaces hospitalarios de una cohorte pediátrica hospitalizada por VRS durante 2024-2025, contrastarlas según el estado de inmunización con nirsevimab al momento de su ingreso ajustando por variables clínicas relevantes, y compararlas con las tendencias nacionales de gravedad reportadas por la vigilancia epidemiológica. Estudio observacional, analítico de cohorte no concurrente y multicéntrico en centros hospitalarios del Servicio de Salud Metropolitano Sur Oriente (Complejo Asistencial Dr. Sótero del Río - Hospital Clínico Dra. Eloísa Díaz) y la Red de Salud UC-Christus (Hospital Clínico y Clínica San Carlos de Apoquindo). Se incluyeron 266 pacientes pediátricos hospitalizados con infección respiratoria, VRS confirmado (inmunofluorescencia directa, test pack o PCR) y estadía igual o mayor a 24 horas. Se clasificó como inmunizado a quien recibió al menos una dosis de nirsevimab previo al ingreso hospitalario. Las variables categóricas se compararon mediante test de Chi-cuadrado o exacto de Fisher, y las continuas mediante U de Mann-Whitney. Los desenlaces de interés se ajustaron por edad, centro, comorbilidad y sexo mediante regresión logística. Los resultados se contrastaron de forma descriptiva con las tasas nacionales de ingreso a cuidados críticos reportadas por la plataforma de vigilancia NirseCL (ISCI-MINSAL) para las temporadas entre 2019-2025. El 86,1% (229/266) de los pacientes se encontraba inmunizado al ingreso y 13,9% (37/266) no había recibido el anticuerpo. Los inmunizados fueron de mayor edad (mediana 12,7 versus 10,5 meses, p=0,016). La mediana de hospitalización fue significativamente menor en inmunizados (4 versus 5 días, p=0,002). El ingreso a unidad crítica/intermedio no difirió entre grupos (22,7% versus 32,4%, p=0,282), como tampoco la comorbilidad (76,4% versus 67,6%, p=0,341) ni la distribución de sexo (masculino 58,5% versus 59,5%, p=1,000). En el modelo de regresión logística ajustado por edad, centro, comorbilidad y sexo, la inmunización se mantuvo asociada a menor probabilidad de hospitalización prolongada, definida como mayor a 4 días (OR 0,37; p=0,014), mientras que su asociación con ingreso a unidad crítica no fue significativa (OR 0,58; p=0,188), diferencia explicada en gran parte por variabilidad entre centros (OR centro=3,40; p<0,001) más que por la inmunización. En esta cohorte de 266 pacientes de dos redes asistenciales, el 86,1% de los hospitalizados por VRS ya había recibido nirsevimab, en línea con la alta cobertura de la campaña de inmunización 2024-2025. La inmunización se asoció de forma significativa a menor duración de la hospitalización, efecto que se mantuvo tras ajustar por edad, centro, comorbilidad y sexo. No se observó asociación significativa con el ingreso a unidad crítica, cuya variabilidad parece explicarse principalmente por diferencias de definición entre centros más que por un efecto clínico real. Estos hallazgos son compatibles con un beneficio de nirsevimab sobre la gravedad de la enfermedad incluso en pacientes que requieren hospitalización, aunque su naturaleza observacional y retrospectiva no permite establecer causalidad. Se requiere validación con modelos multivariados completos y mayor número de centros para consolidar este hallazgo.

Folio 140

POLÍTICAS PÚBLICAS PARA PREVENIR EL DESCENSO EN LA VACUNACIÓN, ENFRENTAR LA DESINFORMACIÓN Y REFORZAR LA PROTECCIÓN COMUNITARIA

Autor principal: María Spencer
Co-autores: Lorenzo Vives; Mariana Chudnovsky; Jaime Cerda; Patricia García; Eduardo Undurraga

El Programa Nacional de Inmunizaciones (PNI) de Chile logrado altas coberturas en la mayoría de las vacunas incluidas en el calendario nacional. Sin embargo, las coberturas agregadas pueden ocultar diferencias importantes entre dosis, edades y territorios. La etapa comprendida entre los 12 y 36 meses es particularmente relevante, ya que concentra refuerzos y segundas dosis fundamentales para la protección individual y colectiva, pero depende principalmente de mecanismos de seguimiento desarrollados desde la atención primaria de salud. Describir la evolución de las coberturas de vacunación en recién nacidos, población infantil y escolar, con especial atención a la continuidad de refuerzos y segundas dosis entre los 12 y 36 meses; identificar su distribución territorial y aportar evidencia para fortalecer la captación, seguimiento y trazabilidad de niños con dosis pendientes. Estudio de métodos mixtos. Se realizó un análisis descriptivo de datos secundarios anonimizados y agregados del Departamento de Estadísticas e Información de Salud para el período 2019-2025, por vacuna, dosis, edad y comuna. Se estimaron coberturas, porcentaje de niños no vacunados y brechas entre dosis primarias y refuerzos; los indicadores se contrastaron con las metas ministeriales para 2025. Se examinó la distribución comunal de la segunda dosis de sarampión, rubéola y parotiditis (SRP). El componente cualitativo en curso incorpora entrevistas semiestructuradas con expertos en vacunación y salud pública, tomadores de decisión y profesionales de APS de distintas regiones, con el propósito de comprender facilitadores, desafíos operativos, institucionales y comunicacionales para contextualizar los resultados cuantitativos. Las dosis administradas entre los 12 y 36 meses mostraron resultados heterogéneos según vacuna y edad. En 2024, el porcentaje no vacunado fue 7,6% para el refuerzo hexavalente a los 18 meses, en relación con una meta de 10%, y 4,8% para el refuerzo neumocócico conjugado a los 12 meses, cercano a su meta de 5%. Para la segunda dosis de SRP a los 36 meses, el porcentaje no vacunado fue 19,2% en 2023 y 19,1% en 2024, frente a una meta de 10%; la primera dosis de SRP a los 12 meses alcanzó 2,4% y 3,6%, respectivamente. La segunda dosis de varicela registró 21,6% y 17,4% de niños no vacunados. Las mayores brechas se observaron en las segundas dosis administradas a los 36 meses. Desde la incorporación de la segunda dosis de SRP en 2022, sus coberturas se ubicaron entre 75% y 80%, mientras la primera dosis se mantuvo próxima a 95%. El análisis comunal mostró variabilidad territorial, con mayor proporción de niños no vacunados para SRP segunda dosis en comunas del norte y extremo sur. El PNI mantiene coberturas elevadas en recién nacidos, dosis primarias infantiles y vacunación escolar. Los muestran heterogeneidad en las coberturas de refuerzos y segundas dosis administradas entre los 12 y 36 meses, particularmente para SRP y varicela, así como diferencias territoriales en la proporción de niños no vacunados. Las mayores brechas se observaron en las vacunas administradas a los 36 meses, con coberturas sustancialmente inferiores a las registradas para las dosis previas del mismo esquema. El fortalecimiento de recordatorios y seguimiento nominal desde APS, junto con estrategias territoriales y coordinación con educación inicial, podría favorecer la oportunidad de vacunación. La integración del componente cualitativo permitirá contextualizar estas brechas e identificarmedidas factibles para los niveles local, regional y nacional.

Folio 158

DETERMINACIÓN OBJETIVA DEL TÉRMINO DE BROTES DE DENGUE EN RAPA NUI, CHILE: ANÁLISIS PROBABILÍSTICO CON UN INTERVALO SERIAL DEPENDIENTE DE LA TEMPERATURA

Autor principal: Aldo Díaz Sepúlveda
Co-autores: Alejandro Díaz Sepúlveda

La declaración del término de un brote es una decisión sanitaria que debe equilibrar el riesgo de reaparición de casos con la necesidad de evitar la prolongación innecesaria de las medidas de control, y despliegue de recursos. En dengue, el criterio operacional habitual de 28 días sin nuevos casos se basa en dos períodos máximos de incubación (14 días utilizados por la Organización Mundial de la Salud); sin embargo, este enfoque esta pensado en enfermedades de transmisión directa y no considera plenamente la transmisión humano–vector–humano, que incorpora los períodos de incubación extrínseca e intrínseca y cuya duración puede variar según las condiciones ambientales. Rapa Nui constituye un escenario relevante para evaluar esta problemática, debido a la presencia de Aedes aegypti y de brotes recurrentes de dengue. En este contexto, resulta pertinente desarrollar un criterio objetivo, basado en datos epidemiológicos, entomológicos y ambientales nacionales, además de la utilización de metodologías de determinación probabilísticas, que permita estimar el riesgo residual de transmisión y determinar el período de observación requerido para declarar el término de un brote. El objetivo de este trabajo fue estimar, para los brotes de dengue ocurridos en Rapa Nui entre 2016 y 2021, el número de días tras el último caso confirmado en que la probabilidad de observar casos adicionales desciende bajo umbrales convencionales, utilizando un intervalo serial que incorpora explícitamente la fase vectorial y la temperatura local diaria, y comparar ese resultado con los criterios fijos de uso habitual. Se identificaron tres brotes (2016, 2018 y 2019; n = 35, 19 y 25), con intervalo serial medio de 30,6–40,6 días. A los 28 días la probabilidad de casos adicionales fue de 0,67, 0,87 y 0,92; a los 45 días, de 0,26, 0,22 y 0,58. El umbral de 5 % se alcanzó a los 64, 55 y 75 días. En los tres brotes de dengue analizados en Rapa Nui, el criterio de los dos períodos de incubación, equivalente a 28 días, habría declarado el término cuando la probabilidad de observar al menos un caso adicional era de 0,67 a 0,92. El criterio del ECDC, de 45 días, la reducía a 0,22–0,58 sin alcanzar el umbral convencional de 5 %, que requirió entre 55 y 78 días. La ventana necesaria estuvo determinada principalmente por la temperatura al momento del último caso. Estos resultados respaldan la conveniencia de sustituir los criterios fijos por uno estacional o, preferentemente, por un cálculo probabilístico explícito que incorpore la fase vectorial, y de incorporar la corrección por subnotificación antes de su aplicación operativa.

Folio 163

DIAGNÓSTICO EPIDEMIOLÓGICO DE LA SÍFILIS EN EL SERVICIO DE SALUD CONCEPCIÓN, 2017–2024

Autor principal: Nicole Jeannette Vargas Rojas
Co-autores: Almendra Belen Palma Gonzalez; Camila Ignacia Arellano Celedon; Martin Ignacio Pulido Gutierrez; Natalia Andrea Soza Navarro; Diego Alonso Neira Castillo; Daniela Paola Montesinos Abarca

La sífilis es una infección de transmisión sexual (ITS) de notificación obligatoria que ha mostrado un resurgimiento sostenido a nivel mundial, regional y nacional. En Chile es la ITS más notificada y, entre 2017 y 2021, representó cerca del 46,7% de las ITS notificadas. Conocer su comportamiento a nivel local resulta clave para orientar las estrategias de prevención y control. Describir el comportamiento epidemiológico de la sífilis, según persona, lugar y tiempo, en la población bajo la jurisdicción del Servicio de Salud Concepción (SSC) entre 2017 y 2024. Específicamente: caracterizar los casos según sexo, grupo etario y nacionalidad; comparar la evolución de las tasas de incidencia del SSC con las regionales (Biobío) y nacionales; describir la distribución de las tasas por comuna; y describir la distribución de los casos según etapa clínica al momento de la notificación. Estudio observacional, descriptivo, ecológico y retrospectivo de tendencia temporal, con fuentes secundarias. Se analizaron los casos notificados de sífilis (CIE-10: A50–A53.9) residentes en ocho comunas del SSC (Concepción, Coronel, Chiguayante, Florida, Hualqui, Lota, San Pedro de la Paz y Santa Juana) entre el 1 de enero de 2017 y el 31 de diciembre de 2024, obtenidos de la base de datos de Enfermedades de Notificación Obligatoria (ENO) del Ministerio de Salud de Chile (datos al 18 de diciembre de 2024). Se depuraron las notificaciones duplicadas. Las tasas de incidencia por 100.000 habitantes se calcularon con las proyecciones de población comunal del Instituto Nacional de Estadísticas (base Censo 2017). Se realizó un análisis descriptivo de frecuencias, proporciones y tasas, sin pruebas inferenciales. Se utilizaron datos secundarios anonimizados. Se registraron 2.443 casos. Hubo predominio del sexo masculino en todos los grupos etarios, y el grupo de 25 a 34 años concentró el mayor número de casos en ambos sexos. Según nacionalidad, el 73,2% de los casos fue chileno, el 7,7% extranjero y en el 19,1% la nacionalidad fue desconocida. La tasa del SSC fue de 24,6 por 100.000 habitantes en 2019 (valor mínimo del período), aumentó desde entonces hasta un máximo de 61,5 en 2023 y descendió a 53,4 en 2024. Desde 2020 se mantuvo por sobre las tasas regional y nacional (con una diferencia mínima en 2020). En 2023 la tasa del SSC superó a la regional (51,3) y a la nacional (49,3), y en 2024 (53,4) superó a la regional (45,8) y a la nacional (49,8). La tasa promedio anual de Concepción (74,5 por 100.000) fue sustancialmente superior a la del resto de las comunas, que fluctuó entre 13,5 (Santa Juana) y 32,9 (Chiguayante); San Pedro de la Paz no registró casos en 2017. La sífilis precoz (A51) fue la etapa predominante durante todo el período (entre 54% y 70% de los casos por año); la proporción de sífilis tardía (A52) fue mayor en 2024 (30%, frente a 16%–24% entre 2017 y 2023). No se registraron casos de sífilis congénita (A50) en 2017 ni en 2023. La sífilis constituye un problema de salud pública creciente en el SSC, con predominio masculino, concentración en adultos jóvenes y tasas superiores a las nacionales desde 2020. El aumento de la proporción de formas tardías hacia el final del período y las menores tasas en algunas comunas (Santa Juana, Florida y Lota) sugieren posibles brechas en la detección oportuna y en la notificación, que requieren fortalecer el tamizaje y la vigilancia. Por su diseño descriptivo y el uso de datos de notificación, los hallazgos no permiten establecer relaciones causales; la alta proporción de nacionalidad desconocida (19,1%) limita la interpretación de esa variable.

Folio 171

SELECCIÓN DE CEPAS BACTERIANAS CON POTENCIAL BIOCONTROLADOR FRENTE A PATÓGENOS DE IMPORTANCIA ZOONÓTICA EN PRODUCCIÓN AVÍCOLA: UN ENFOQUE ONE HEALTH

Autor principal: Javiera Godoy Herrera
Co-autores: José Miguel Vidal Araya; Carlos Carrasco Pérez; Carlos Barrientos Donoso; Natalia Sánchez Leiva; Belén Huerta Lorenzo; Pamela Ruiz Merino

La avicultura ocupa un rol central en la seguridad alimentaria global; en Chile, la industria produce anualmente cerca de 715.000 toneladas de carne de pollo y 348 millones de huevos. Patógenos bacterianos zoonóticos, entre ellos Escherichia coli, Salmonella typhimurium y Listeria monocytogenes, comprometen la sanidad y el rendimiento productivo de las aves, además de representar un riesgo para la inocuidad alimentaria. En el marco de un enfoque One Health, el uso de probióticos autóctonos surge como estrategia de biocontrol frente a patógenos de interés en Salud Pública. Identificar, mediante ensayos in vitro a 41 °C, aislados bacterianos autóctonos provenientes de un sistema productivo de gallinas ponedoras que exhiban actividad antagonista frente a E. coli, S. typhimurium y L. monocytogenes, y determinar la identidad molecular de aquellos con potencial probiótico. El estudio se llevó a cabo en un plantel avícola ubicado en Coronel, región del Biobío, sobre 50 gallinas ponedora. Las muestras se obtuvieron de hisopado cloacal, heces, suelo, superficies, agua de bebida, cama, baños de tierra y alimento, los cuales se conservaron a 4 °C. Las muestras se homogeneizaron, diluyeron seriadamente y sembraron en agar MRS (36 °C, 24 a 48 horas, en aerobiosis); las colonias se purificaron y conservaron a −80 °C. Para evaluar la capacidad antagonista se aplicó la técnica del bloque de agar: cada aislado, reactivado en caldo MRS a 41 °C, se enfrentó a un tapiz de las cepas indicadoras sembradas en agar TSA e incubadas a la misma temperatura, midiendo el diámetro total de inhibición (promedio de tres repeticiones; se consideró positivo cuando el halo excedía en 1 mm o más el diámetro del bloque). Como controles positivos se emplearon cefotaxima, amoxicilina y amoxicilina más ácido clavulánico, y como control negativo, agar TSA enfrentado a agar MRS sin inocular. La identificación de los aislados con actividad se realizó por secuenciación parcial del gen 16S rRNA. Del total de siete matrices muestreadas se obtuvieron, purificaron y criopreservaron 55 aislados. Los controles positivos produjeron halos de 32 mm frente a S. typhimurium, 20 mm frente a E. coli y 35 mm frente a L. monocytogenes, mientras que el control negativo no generó inhibición. Del cepario, siete aislados (12,7 %) resultaron antagonistas frente a al menos uno de los patógenos evaluados (los valores por matriz y microorganismo se detallan en la Tabla 1); esta actividad se concentró en muestras fecales, agua de bebida y superficies, sin registrarse aislados activos provenientes de suelo, baños de tierra, cama o alimento. El aislado F3, de origen fecal, fue el único con actividad frente a las tres cepas indicadoras y alcanzó el mayor halo del estudio frente a L. monocytogenes (20 mm). Mediante secuenciación parcial del 16S rRNA, F3 y SU1 resultaron compatibles con Ligilactobacillus salivarius (100 % de identidad en 632 pb con el cebador 27F y 99,6 % en 530 pb con 1492R), mientras que F2 y A2 se asociaron a Cupriavidus sp. (100 % de identidad en 227 pb con 1492R; en A2 solo se dispuso de la lectura reversa, lo que restringe su asignación taxonómica). Dado que Cupriavidus sp. corresponde a una bacteria ambiental gram negativa, ajena al grupo de las bacterias ácido-lácticas, su presencia en agar MRS indica que este medio no ejerció una selección completa. Por tratarse de secuencias parciales, todas las identificaciones deben considerarse presuntivas. El ensayo de antagonismo realizado a 41 °C permitió detectar siete aislados (12,7 % del total recuperado) con capacidad inhibitoria frente a los patógenos zoonóticos estudiados. Los aislados F3 y SU1, compatibles con Ligilactobacillus salivarius, emergen como los candidatos de mayor interés para profundizar su caracterización probiótica, en tanto que la detección de Cupriavidus sp. en F2 y A2 constituye un hallazgo que requiere mayor estudio. El control de L. monocytogenes en la cadena alimentaria sigue siendo un desafío por su persistencia ambiental; incorporar antagonistas autóctonos desde la producción primaria aporta una estrategia complementaria, en línea con el enfoque One Health y las estrategias de biocontrol avícola.

Folio 177

TOXOPLASMOSIS EN EQUINOS DE TRABAJO DE LA COMUNA DE PADRE LAS CASAS, REGIÓN DE LA ARAUCANÍA: RELEVANCIA COMO RESERVORIO ZOONÓTICO

Autor principal: Daniela Tapia Escárate
Co-autores: Camilo Larrazabal Reyes; Oscar Alocilla Velásquez; Christian Tuemmers Apablaza; Juan Sanhueza Frigolett

La toxoplasmosis es una enfermedad zoonótica cuyo agente etiológico es Toxoplasma gondii, un protozoario perteneciente al phylum Apicomplexa, familia Sarcocystidae (Dubey, 2021). Presenta un ciclo indirecto, en el que el hospedero definitivo pertenece a la familia Felidae, que incluye al gato doméstico, mientras que es capaz de infectar como hospedero intermediario a un amplio rango de especies incluido el ser humano, en el cual puede desarrollar consecuencias graves, particularmente en mujeres embarazadas (por transmisión congénita) y en pacientes inmunocomprometidos. La infección ocurre principalmente por ingestión de ooquistes en agua o alimentos contaminados, consumo de carne con quistes tisulares, y transmisión transplacentaria (Montoya and Liesenfeld, 2004). En Chile, la seroprevalencia de IgG anti-T. gondii en la población general se ha reportado en un 36,9%, cifra que aumenta progresivamente de norte a sur (Mimica et al., 2015) sin que exista un programa de tamizaje universal en el embarazo ni un sistema de vigilancia epidemiológica robusto (Fernández and Torres, 2025). A nivel mundial, se ha reportado infección por T. gondii en múltiples especies, incluyendo a los equinos, que constituyen una fuente de infección para el ser humano a través del consumo de carne insuficientemente cocida, lo que se confirma con un brote humano asociado a este alimento en Francia (Pomares et al., 2011). Este reporte es de relevancia en el contexto nacional dado el consumo de carne equina en la Región de La Araucanía. A nivel global, una revisión sistemática y metaanálisis estimó un 15,0% de seroprevalencia en équidos (IC 95%: 14,0–15,0%), con variación según especie (caballos 15,8%, asnos 23,4%, mulas 16,8%) y región geográfica, y con un aumento de la prevalencia asociado a la edad (Ye et al., 2025). De forma similar, un estudio en Argelia reportó una seroprevalencia elevada en caballos (43,07% por ELISA), significativamente mayor en animales de mayor edad, en hembras y en caballos mantenidos en predios rurales (por IFAT) (Ouslimani et al., 2019). En dicho estudio, el ELISA mostro, en comparación con IFAT (prueba de referencia), una sensibilidad relativa de 100% y una especificidad relativa de 75% (Ouslimani et al., 2019). Por otra parte, se reconoce que la toxoplasmosis tiende a ser más prevalente en zonas de clima templado y húmedo, condiciones que favorecen la supervivencia ambiental de los ooquistes (Hamidi et al., 2024). El objetivo de este trabajo fue estimar la prevalencia verdadera de toxoplasmosis en caballos de trabajo pertenecientes a la comuna de Padre Las Casas, Región de La Araucanía, y su asociación con la edad de los animales, en el contexto de su potencial rol como reservorio zoonótico para la salud humana. Se realizó un estudio transversal en el que se tomaron muestras de sangre a 93 equinos de trabajo en 14 comunidades mapuche para evaluar la presencia de anticuerpos mediante el test comercial de ELISA ID Screen® Toxoplasmosis Indirect Multi-species, ID Vet. Para estimar la prevalencia verdadera de anticuerpos contra T. gondii se utilizó un modelo Bayesiano adaptado de Branscum et al., 2004. (Liyanage et al., 2021). La asociación entre seropositividad y edad se evaluó mediante un modelo lineal generalizado mixto con distribución binomial y función de enlace logit. De los 93 equinos muestreados, 52 fueron positivos y 41 negativos, con una prevalencia aparente de 55,9% (95% IC 45,2%-66,2%). La prevalencia verdadera fue estimada en un 40,9% (95% intervalo de credibilidad (ICr) 23,2%-57,7%). La prevalencia a nivel de comunidades (al menos un equino positivo) fue estimada en 90.0% (95% ICr 80,0%-96,2%) La alta seroprevalencia encontrada en equinos de trabajo de la Región de La Araucanía, sumada a la ausencia de vigilancia epidemiológica sistemática de la toxoplasmosis humana en Chile, plantea la necesidad de caracterizar el rol de esta especie como reservorio zoonótico, particularmente en relación con el consumo de carne equina común en la región de la Araucanía y el fortalecimiento de la vigilancia epidemiológica integrada de esta zoonosis desde una perspectiva de Una Salud.

Folio 214

ENFERMEDAD DE CHAGAS POST-CONTROL VECTORIAL COMO DESAFÍO ONE HEALTH EN CHILE: MORTALIDAD ESPECÍFICA, RIESGOS COMPETITIVOS Y CARGA DE ENFERMEDAD

Autor principal: Franco Fernández Guardiola
Co-autores: Eduardo Undurraga Fourcade; Diego Sandoval Vargas; Mauricio Canals Lambarri; Kasim Allel Henríquez

La enfermedad de Chagas es una zoonosis desatendida que vincula ecología vectorial, reservorios, transmisión congénita, migración y desenlaces sanitarios de largo plazo. Chile interrumpió la transmisión vectorial domiciliaria; sin embargo, el riesgo por vectores silvestres, las cohortes envejecidas, el diagnóstico tardío y el subregistro muestran que los desafíos One Health persisten después del control vectorial. En este escenario, la carga de enfermedad no depende únicamente de nuevas infecciones, sino también de la progresión crónica, la discapacidad, la mortalidad específica y la continuidad del cuidado. Evaluar la mortalidad específica por enfermedad de Chagas y su carga de enfermedad en Chile durante 2007–2021, incorporando un enfoque de riesgos competitivos y analizando factores demográficos, clínicos y asistenciales asociados a muerte específica por Chagas en un escenario post-control vectorial. Se realizó un estudio retrospectivo nacional de casos confirmados y notificados de enfermedad de Chagas en Chile entre 2007 y 2021, vinculados con registros de mortalidad y egresos hospitalarios. La muerte específica por Chagas fue el desenlace principal, considerando la muerte por otras causas como evento competidor. Se estimaron funciones de incidencia acumulada, se aplicó la prueba de Gray y se ajustaron modelos de Fine–Gray para estimar subhazard ratios. Complementariamente, se utilizaron modelos de Cox causa-específica, incorporando la hospitalización como marcador de deterioro clínico. La carga de enfermedad se estimó mediante años de vida perdidos, años vividos con discapacidad y años de vida ajustados por discapacidad. Se incluyeron 17.508 personas con enfermedad de Chagas confirmada. Durante el seguimiento, 261 personas murieron por Chagas y 1.021 por otras causas. La incidencia acumulada de muerte específica por Chagas a 10 años fue mayor en hombres, aumentó marcadamente con la edad y alcanzó 4,80% en personas de 65–74 años y 8,89% en personas de 75 años o más. También fue más elevada en las formas digestivas y cardíacas crónicas, con diferencias significativas en el análisis de riesgos competitivos. En los modelos Fine–Gray ajustados, la mortalidad específica por Chagas se asoció con cada incremento de 10 años de edad, con el sexo masculino, con la forma cardíaca crónica, con la forma digestiva crónica y con el compromiso de otros órganos. En los modelos de Cox causa-específica, la hospitalización recurrente mostró el gradiente más marcado: tres o más hospitalizaciones se asociaron con un riesgo muy elevado de muerte específica por Chagas, lo que sugiere que la hospitalización repetida funciona como un marcador pragmático de deterioro clínico avanzado. La cohorte acumuló 9.869,5 DALY, compuestos por 4.324,0 años de vida perdidos por mortalidad prematura y 5.545,5 años vividos con discapacidad. La discapacidad representó la mayor proporción de la carga total, lo que indica que el impacto de Chagas en Chile no se expresa solo en muertes, sino también en la progresión crónica, las secuelas cardíacas o digestivas y la pérdida sostenida de salud funcional en las personas que sobreviven a la enfermedad. En Chile, la enfermedad de Chagas en etapa post-control vectorial persiste como un problema One Health, sostenido por exposición ecológica residual, transmisión congénita, migración, envejecimiento, diagnóstico tardío y fragmentación del cuidado. Aunque la muerte específica por Chagas fue poco frecuente en términos absolutos, se concentró en grupos clínicamente reconocibles: personas mayores, hombres, formas cardíacas o digestivas crónicas y pacientes con hospitalizaciones recurrentes. Estos hallazgos apoyan una vigilancia más allá del vector, integrando datos administrativos enlazados, estratificación de riesgo, seguimiento hospitalario y continuidad clínica longitudinal. El marco propuesto es transferible a otros contextos donde el éxito del control de la transmisión deja expuesta una carga crónica oculta.

Folio 247

RENDIMIENTO DEL SEGUNDO PPD Y VIRAJE TUBERCULÍNICO EN CONTACTOS PEDIÁTRICOS DE TUBERCULOSIS

Autor principal: Soledad Santibañez Palma
Co-autores: Jocelyn Codero Silva; Paula Leal Aranda; Lilian Rubilar Olivares

El estudio de contactos constituye una estrategia fundamental para la prevención y control de la tuberculosis (TB) en población pediátrica. En contactos con prueba de tuberculina (PPD) inicial no reactiva, la repetición del examen permite identificar infecciones recientes que pueden no ser detectables durante el período de ventana inmunológica. Sin embargo, existe información limitada respecto del rendimiento del segundo PPD y de las características asociadas a su positivización en población pediátrica. Evaluar el rendimiento del segundo PPD para detectar nueva reactividad y viraje tuberculínico en contactos pediátricos de tuberculosis, e identificar características asociadas a la positivización de la segunda prueba. Estudio observacional retrospectivo de niños y adolescentes evaluados como contactos de TB en un centro pediátrico de referencia entre 2022 y 2026. A partir de una base de 586 registros, se seleccionaron aquellos con PPD inicial <10 mm y segundo PPD interpretable. Se analizaron edad, sexo, nacionalidad, tipo de exposición al caso índice y resultados de ambos PPD. Se consideró nueva reactividad un segundo PPD ≥10 mm y viraje tuberculínico un aumento ≥6 mm respecto del PPD inicial, con lectura final >10 mm. Se realizó estadística descriptiva y comparación entre pacientes que positivizaron y aquellos que permanecieron con PPD <10 mm. Se calcularon odds ratio (OR) con intervalos de confianza de 95% (IC95%) y el número necesario a estudiar (NNE) para detectar un caso adicional. De los 586 contactos registrados, 526 (89,8%) contaban con PPD inicial documentado. Para el análisis seriado se incluyeron 290 contactos con PPD inicial <10 mm y segundo PPD interpretable. De ellos, 22 (7,6%; IC95% 5,1–11,2%) presentaron un segundo PPD ≥10 mm, equivalente a un NNE de 14 contactos para detectar una nueva reactividad. Diez pacientes (3,4%) cumplieron criterio de viraje tuberculínico, correspondiente a un NNE de 29. La nueva reactividad fue significativamente mayor entre contactos intradomiciliarios que extradomiciliarios: 13/105 (12,4%) versus 9/185 (4,9%), respectivamente (OR 2,76; IC95% 1,14–6,71; p=0,035). Esto correspondió a un NNE de 9 contactos intradomiciliarios, comparado con 21 entre los extradomiciliarios. Los pacientes que positivizaron presentaron una mediana de edad de 11 años (RIC 8–13), comparado con 8 años (RIC 7–11) entre quienes permanecieron negativos, sin alcanzar significación estadística (p=0,153). Tampoco se observaron diferencias según sexo masculino (59,1% vs 53,7%; p=0,663). La proporción de pacientes de nacionalidad no chilena fue mayor entre quienes positivizaron (27,3% vs 12,7%), aunque sin significación estadística (p=0,098). El PPD inicial fue significativamente mayor entre quienes posteriormente positivizaron, con una mediana de 5,5 mm (RIC 3,25–7), comparado con 0 mm (RIC 0–0) en quienes permanecieron negativos (p<0,001). La positividad del segundo PPD aumentó progresivamente según la magnitud del PPD inicial: 4/210 (1,9%) entre aquellos con PPD inicial de 0 mm, 4/47 (8,5%) con PPD de 1–4 mm y 14/33 (42,4%) entre aquellos con PPD inicial de 5–9 mm (p<0,001). En contactos pediátricos inicialmente no reactivos, la repetición del PPD permitió identificar nueva reactividad en 7,6% y viraje tuberculínico en 3,4%. Por cada 14 contactos estudiados con un segundo PPD se detectó un nuevo caso reactivo, rendimiento que aumentó a aproximadamente uno por cada nueve contactos con exposición intradomiciliaria. La exposición intradomiciliaria y una mayor induración en el PPD inicial se asociaron con mayor probabilidad de positivización posterior. Estos hallazgos respaldan la importancia de completar el estudio tuberculinico seriado, particularmente en contactos intradomiciliarios, para evitar oportunidades perdidas en la identificacion de infeccion tuberculosa reciente.

Folio 255

VACUNACIÓN INTRAHOSPITALARIA EN PEDIATRÍA: RENDIMIENTO, OPORTUNIDAD Y BRECHAS DE IMPLEMENTACIÓN EN UN HOSPITAL DE ALTA COMPLEJIDAD

Autor principal: Paula Leal Aranda
Co-autores: Daniela Mella Acevedo; Rodolfo Villena Martinez

Aunque las estrategias de vacunación se desarrollan principalmente en atención primaria, la hospitalización constituye una oportunidad para identificar y corregir brechas de inmunización, especialmente en niños con esquemas incompletos, enfermedades crónicas, indicaciones especiales o elegibles para campañas. Sin embargo, existe escasa evidencia nacional sobre el desempeño de programas de vacunación intrahospitalaria pediátrica. Describir el rendimiento de un programa de inmunización intrahospitalaria en un hospital pediátrico de alta complejidad, evaluando cumplimiento, oportunidad, causas de no vacunación y ocurrencia de ESAVI serios. Estudio observacional, descriptivo y retrospectivo realizado en un hospital pediátrico de alta complejidad de Santiago, Chile. Se incluyeron todas las indicaciones de vacunación gestionadas por el programa entre enero de 2024 y julio de 2026. Se analizaron sexo, tipo de vacunación (puesta al día, campañas, especial y postexposición), unidad de origen, resolución de la indicación y tiempo hasta la vacunación. Además, se revisaron los reportes de eventos supuestamente atribuibles a vacunación o inmunización (ESAVI) serios asociados a las vacunas administradas durante la hospitalización. Las variables categóricas se describieron mediante frecuencias y porcentajes; las continuas, mediante mediana y rango intercuartílico (RIC) o media y desviación estándar, según correspondiera. Se analizaron 779 interconsultas correspondientes a 577 pacientes; 63,4% eran de sexo masculino. Se concretaron 621 indicaciones (79,7%). La mediana entre la indicación y la vacunación fue de 0 días (RIC: 0–1); 59,3% se realizó el mismo día y 78,4% dentro de las primeras 24 horas. Las indicaciones correspondieron a puesta al día de vacunas programáticas (58,5%), campañas (27,0%), vacunación especial (11,0%) y profilaxis postexposición (3,5%). El 75,0% se originó en servicios médico-quirúrgicos, 18,3% en UPC y 6,0% en Oncología. De las 158 indicaciones no realizadas, 135 (85,4%) se debieron a falta de disponibilidad de recurso humano y 23 (14,6%) a condiciones clínicas que contraindicaron temporalmente la vacunación. El cumplimiento varió significativamente entre los años: 73,9% en 2024, 83,6% en 2025 y 80,4% entre enero y julio de 2026 ($p=0,026$). Las indicaciones asociadas a campañas aumentaron de 15,1% en 2024 a 30,6% en 2025 y 32,5% en 2026 ($p<0,001$). No se observaron diferencias significativas en el cumplimiento según sexo, tipo de vacunación o unidad de origen. No se registraron reportes de ESAVI serios durante el período estudiado. El programa permitió concretar cerca de ocho de cada diez indicaciones, con vacunación mayoritariamente el mismo día o dentro de las primeras 24 horas. La principal causa de no cumplimiento fue la falta de disponibilidad de recurso humano, identificando una brecha operativa potencialmente modificable. La vacunación intrahospitalaria constituye una estrategia factible para recuperar esquemas atrasados, administrar vacunas de campaña o especiales y disminuir oportunidades perdidas de inmunización en población pediátrica de mayor complejidad. La ausencia de reportes de ESAVI serios durante el período aporta información favorable respecto de su implementación. Estos hallazgos respaldan el fortalecimiento de programas de inmunización intrahospitalaria en hospitales pediátricos.

Folio 257

MODELAMIENTO ESPACIAL DEL RIESGO DE CONTAGIO ZOONÓTICO DE HANTAVIRUS ANDES A ALTA RESOLUCIÓN ESPACIAL EN LA ZONA CENTRO-SUR DE CHILE

Autor principal: Ismael Bravo Rodríguez
Co-autores: Eduardo Undurraga Fourcade; María Paz Errázuriz Ortiz; Cecilia Vial Cox; Pablo Vial Claro

El virus Andes (ANDV) es el principal agente etiológico del síndrome cardiopulmonar por hantavirus (HCPS) en Chile. Su reservorio natural es el roedor Oligoryzomys longicaudatus, que mantiene una infección crónica y elimina el virus a través de sus excretas. La transmisión zoonótica ocurre principalmente por inhalación de aerosoles contaminados. Aunque la incidencia nacional se mantiene relativamente estable, existe una marcada heterogeneidad regional y comunal, asociada a factores ambientales y territoriales que condicionan la ecología del reservorio y el contacto con las personas. El estudio epidemiológico permite determinar la ubicación del posible sitio de contagio. Integrar esta información con covariables ambientales permitirá modelar el riesgo de contagio a mayor resolución espacial. Modelar la distribución espacial del riesgo de contagio zoonótico por ANDV, a resolución de 1×1 km en el centro-sur de Chile, mediante covariables ambientales estáticas, para identificar zonas de mayor riesgo. Se utilizó una cohorte histórica de 79 individuos infectados con ANDV, confirmados entre 2016 y 2026 por el Programa Hantavirus y Zoonosis, con ubicación probable del contagio y antecedentes para estimar su fecha. Para los casos sin fecha explícita, esta se estimó mediante un modelo bayesiano del período de incubación (Normal-Inversa Gamma), incluyendo transmisión ambiental e interpersonal, calibrado mediante empirical Bayes a partir de 22 casos con ambas fechas conocidas. De los 79 casos disponibles, 6 correspondieron a transmisión interpersonal y fueron excluidos; entre los 73 casos de transmisión ambiental, 67 lograron ser geocodificados mediante la API de Google y clasificados según confianza geográfica. El dominio se discretizó en 257.751 celdas de 1×1 km, excluyendo zonas marinas y superficies continentales de agua, hielo y nieve, e incorporando elevación, pendiente y cobertura de suelo (Fig. 1.A-D). El riesgo se modeló con un GAM binomial negativo, enlace log y un spline bidimensional de las coordenadas para la estructura espacial residual. Se evaluaron distintas combinaciones de covariables y se seleccionó el modelo final según su ajuste, estimando riesgos relativos (RR) para cada variable. El modelo bayesiano de incubación, calibrado con los 22 casos con ambas fechas (mediana observada: 18 días; rango: 5–39), estimó una mediana posterior de 17,2 días; las fechas faltantes se imputaron estocásticamente desde la predictiva posterior (Fig. 2.A). El modelo espacial explicó 21,4% de la variabilidad observada. Elevación (RR=0,997/m), pendiente (RR=0,881/°), bosque (RR=0,124) y agrícola (RR=0,022) se asociaron a menor riesgo (IC95%<1; Fig. 2.B). La estructura espacial residual mostró un patrón sistemático de este a oeste no explicado por las covariables incluidas, sugiriendo determinantes ambientales/ecológicos adicionales (Fig. 2.C). El modelo produjo un mapa continuo de riesgo zoonótico por ANDV a resolución de 1×1 km para la zona centro-sur de Chile (Fig. 1.E). Este análisis es una primera caracterización espacial del riesgo zoonótico por ANDV en la zona centro-sur de Chile. La reconstrucción probabilística de las fechas y el análisis espacial aportan a la vigilancia epidemiológica: el primero incorpora la incertidumbre temporal asociada a los contagios, y el segundo identifica zonas de mayor riesgo ambiental. El riesgo se concentra en áreas de baja elevación y pendiente, con menor cobertura agrícola y boscosa, compatible con interfaz urbano-rural y vegetación no arbórea. La persistencia de estructura espacial residual sugiere la existencia de factores ambientales o ecológicos adicionales, y es la base para un futuro modelo espacio-temporal que incluya temperatura, humedad, incendios, NDVI, límites urbanos, ENSO y el Catastro CONAF. Este último permitirá una mejor caracterización vegetación, incluyendo el florecimiento de la quila. Asimismo, se evaluarán modelos regionales, dado que reservorio, interacción humano-ambiente y relación covariable-riesgo pueden variar territorialmente, por lo que una estructura espacial única entre Valparaíso y Aysén podría no capturar esta heterogeneidad.

Folio 276

INDICADORES DEL ITINERARIO CLÍNICO-ASISTENCIAL EN UNA SERIE DE CASOS DE HANTAVIROSIS DEL SUR DE CHILE, 2018–2025

Autor principal: Fernando Baez Maraboli
Co-autores: Judith Muñoz Sandoval

La hantavirosis es una zoonosis viral grave que puede presentar una evolución clínica rápidamente progresiva y elevada letalidad. En Chile, la enfermedad se concentra principalmente en zonas rurales del centro y sur del país, donde la exposición a la saliva, orina o fecas del roedor Oligoryzomys longicaudatus infectado constituye un importante factor de riesgo. La oportunidad de sospecha, notificación, hospitalización y confirmación diagnóstica resulta relevante para el manejo de los casos. El itinerario clínico-asistencial permite caracterizar temporalmente el recorrido de los pacientes desde el inicio de síntomas hasta las principales etapas de atención y vigilancia epidemiológica. La caracterización cuantitativa de estos intervalos puede contribuir a identificar oportunidades de mejora en la detección y atención oportuna. Definir y caracterizar los indicadores cuantitativos del itinerario clínico-asistencial de una serie de casos de hantavirosis del sur de Chile durante el período 2018–2025. Estudio observacional, descriptivo y retrospectivo, basado en registros clínico-epidemiológicos oficiales de casos de hantavirosis ocurridos entre 2018 y 2025. Se incluyeron 35 casos, todos con antecedente de contagio en el sur de Chile, 34 de ellos correspondientes a La Araucanía y uno a otra región del sur del país. Se analizaron ocho indicadores: 1) tiempo desde el inicio de síntomas hasta la primera consulta; 2) desde la primera consulta hasta la notificación; 3) desde la notificación hasta la hospitalización; 4) desde el inicio de síntomas hasta la hospitalización; 5) desde la notificación hasta la confirmación diagnóstica; 6) duración de la hospitalización; 7) tiempo desde el inicio de síntomas hasta el fallecimiento, cuando correspondió; y 8) número de consultas médicas hasta la notificación de la sospecha. Se calcularon medidas de tendencia central y dispersión. En los 35 casos analizados, el tiempo desde el inicio de síntomas hasta la primera consulta presentó una media de 2,4 días y mediana de 2 días (rango: 0–7; RIC: 1–4). El intervalo entre la primera consulta y la notificación presentó una media de 2,6 días y mediana de 3 días (rango: 0–7; RIC: 1–4). El tiempo entre la notificación y la hospitalización presentó una media de −0,2 días y mediana de 0 día (rango: −4–2; RIC: −1–0), observándose casos hospitalizados antes de la notificación. Desde el inicio de síntomas hasta la hospitalización transcurrieron, en promedio, 4,7 días, con mediana de 5 días (rango: 1–10; RIC: 3–6). El tiempo desde la notificación hasta la confirmación diagnóstica presentó una media de 1,3 días y mediana de 1 día (rango: 0–6; RIC: 1–2). La duración de la hospitalización presentó una media de 18,4 días y mediana de 11,5 días (rango: 7–52; RIC: 9–20). En los casos fallecidos de la serie (n=9), el tiempo desde el inicio de síntomas hasta el fallecimiento presentó una media de 10,8 días y mediana de 9 días (rango: 3–37; RIC: 6,5–9,5). Finalmente, el número de consultas médicas hasta la notificación presentó una media de 2,6 consultas y mediana de 3 consultas (rango: 1–4; RIC: 2–3). El análisis del itinerario clínico-asistencial evidencia intervalos relevantes entre el inicio de síntomas, la primera consulta y la notificación de la sospecha de hantavirosis. La mediana de 3 consultas hasta la notificación y de 5 días desde el inicio de síntomas hasta la hospitalización constituyen indicadores relevantes para evaluar oportunidades de fortalecimiento de la sospecha clínica y detección oportuna. Una vez establecida la sospecha, el intervalo entre notificación y confirmación diagnóstica fue reducido, con una mediana de 1 día. El seguimiento sistemático de estos indicadores puede contribuir a identificar brechas en el recorrido asistencial y orientar estrategias destinadas a favorecer el reconocimiento, notificación y manejo oportuno de los casos de hantavirosis en el país.

Folio 278

PREVALENCIA Y DISTRIBUCIÓN DE GENOTIPOS DEL VIRUS DEL PAPILOMA HUMANO EN MUJERES DE LA REGIÓN DE MAGALLANES Y ANTÁRTICA CHILENA

Autor principal: Karin Patricia Hueicha Mansilla
Co-autores: Danilo Francisco Ulloa Villarroel; Gustavo Alberto Uribe Oliva; Soledad Paz Barria Perez

El virus papiloma humano de alto riesgo (VPH-AR) constituye la principal causa etiológica del cáncer de cuello uterino, siendo las infecciones persistentes, particularmente por VPH16, las que presentan mayor riesgo de progresión a lesiones precancerosas y cáncer. La infección por VPH es la infección de transmisión sexual más frecuente a nivel mundial, su prevalencia y distribución de genotipos varían según la población y región geográfica. En Chile, se ha evidenciado la presencia de VPH-AR incluso en mujeres con citología cervical negativa, destacando la importancia de su detección temprana. La coinfección por múltiples genotipos es frecuente y su impacto clínico continúa siendo motivo de estudio. Si bien existe evidencia de una mayor asociación con lesiones cervicales de alto grado, los resultados son controversiales. Por ello, caracterizar la distribución de genotipos y los patrones de mono y coinfección resulta relevante para comprender la epidemiología local y contribuir al desarrollo de estrategias de prevención y control adaptadas a cada población. Analizar la prevalencia de infección por VPH-AR, la distribución de genotipos y los patrones de infección en mujeres de la Región de Magallanes y de la Antártica Chilena. Como objetivos específicos, se buscó describir los genotipos detectados, la presencia de coinfecciones y las interacciones más frecuentes entre genotipos Muestras: Se analizaron cepillados cervicales de mujeres con útero, no vacunadas contra VPH, obtenidos en centros de atención primaria y hospitales de la Región de Magallanes y de la Antártica Chilena, utilizando cepillo Cervex-Brush® y medio CellPreserv®. Las muestras fueron procesadas en el Laboratorio del Hospital Clínico Magallanes. Extracción y genotipificación: El ADN fue purificado mediante el sistema Maelstrom™ 4810 utilizando el kit TANBead® Nucleic Acid Extraction Kit. La detección y genotipificación de 14 VPHAR (16, 18, 31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66 y 68) se realizó mediante PCR multiplex en tiempo real con Allplex™ II HPV HR Detection en equipo CFX96™(-Bio-Rad). Análisis de resultados: Los resultados fueron interpretados mediante SeegeneViewer v3.0 y clasificados como detectados o no detectados, registrándose además la carga viral semicuantitativa (+, ++, +++). El análisis estadístico se realizó en Stata v16.0. La prevalencia de infección por VPH de alto riesgo en esta cohorte fue de 18,04%. Se identificaron 211 detecciones correspondientes a 14 genotipos de alto riesgo, siendo VPH16 el más frecuente (12,3%), seguido por los genotipos VPH39 y VPH59 (9,9% cada uno). (Tabla 1) La infección por un único genotipo constituyó el patrón predominante, observándose en el 78,7% de las mujeres con VPH detectado. La positividad para VPHAR fue significativamente mayor en el grupo de 25 a 34 años en comparación con los grupos de mayor edad ($p = 0,002$). Así como también la detección de coinfecciones con dos o más genotipos, fue más frecuente en este grupo etario. (Tabla 2) No se observaron diferencias estadísticamente significativas en la positividad para VPH según la nacionalidad de las pacientes de la cohorte, chilenas y extranjeras ($p = 0,182$). VPH16 fue más frecuente en coinfecciones que en monoinfecciones ($p = 0,020$), mientras que VPH68 presentó la mayor proporción de coinfección (61,1%) El análisis de 909 muestras evidenció una prevalencia de VPHAR de 18,04% en la Región de Magallanes y de la Antártica Chilena, con mayor frecuencia de infección en mujeres de 25 a 34 años. Las infecciones por un único genotipo fueron predominantes (78,7%), destacando VPH16 como el genotipo más frecuente, seguido de VPH39 y VPH59. VPH16 presentó una mayor frecuencia en coinfecciones que en monoinfecciones (28,6% vs. 12,4%), mientras que VPH68 mostró la mayor proporción de detección en coinfección (61,1%). No se observaron diferencias significativas en la positividad según nacionalidad. Estos resultados constituyen una primera caracterización regional de la circulación de VPHAR y sus patrones de infección, aportando evidencia local relevante para fortalecer las estrategias de tamizaje, vigilancia y prevención del cáncer cervicouterino.

Folio 1

FRACASO TERAPÉUTICO DE PACIENTES HOSPITALIZADOS CON HIPOALBUMINEMIA QUE RECIBEN ERTAPENEM EN DOSIS ESTÁNDAR O AJUSTADA DURANTE EL AÑO 2025 EN EL HOSPITAL Y CRS EL PINO

Autor principal: José Luis Valderrama Cortés
Co-autores: Marcelo Urtubia Evert; Valentina Marcela Valdivieso Cantillana

Ertapenem es un carbapenémico de amplio espectro con una elevada unión a proteínas plasmáticas, siendo especialmente afín a la albúmina. Frente a la hipoalbuminemia, prevalente en pacientes hospitalizados, la evidencia propone realizar ajustes de dosis para compensar los cambios farmacocinéticos. Dicha estrategia busca mitigar el incremento de la fracción libre y optimizar la exposición sistémica al fármaco, evitando de esta forma la ineficacia terapéutica. Evaluar el fracaso terapéutico de pacientes hospitalizados con hipoalbuminemia que reciben ertapenem en dosis estándar o ajustada durante el año 2025 en el Hospital El Pino. Describir sus características clínicas y demográficas, comparar los resultados clínicos de acuerdo con la dosis administrada e identificar variables que se correlacionen al fracaso terapéutico. Estudio observacional descriptivo, transversal y retrospectivo, basado en datos obtenidos a través de la base de datos institucional del Programa de Optimización en el uso de Antimicrobianos (PROA). Los criterios de inclusión comprenden pacientes ≥ 18 años, con administración de ertapenem y nivel de albúmina sérica < 3.5 g/dL. Los criterios de exclusión incluyen variables clínicas no recuperables, microorganismos resistentes, alergia a β-lactámicos, exposición insuficiente (< 48 h) y poblaciones especiales. Estos datos fueron analizados estadísticamente utilizando pruebas no paramétricas de acuerdo con el tipo de variable. Se consideró un nivel de significancia con $p < 0,05$. Del total de 66 pacientes incluidos, el 74,2% alcanzó una respuesta clínica favorable, mientras que el 25,8% presentó fracaso terapéutico, definido como necesidad de escalada antimicrobiana o muerte hospitalaria. Al analizar los componentes del fracaso, la escalada antimicrobiana fue la causa predominante (58,8%), seguida de mortalidad (29,4%) y la combinación de ambas (11,8%). Al comparar estos componentes entre los esquemas de dosis estándar y ajustada, no se observaron diferencias estadísticamente significativas en ninguna de las variables (mortalidad: p=0,79; escalada antimicrobiana: p=0,63; ambas: p=0,27), aunque se apreció una mayor proporción numérica de fracaso en el grupo de dosis estándar. Por su parte, los pacientes con dosis ajustada presentaron una duración significativamente mayor del tratamiento con ertapenem, atribuible a su mayor complejidad clínica, particularmente por diagnósticos de manejo quirúrgico e infecciones abdominales complicadas. Respecto a la seguridad del tratamiento, 8 pacientes (12,1%) presentaron reacciones adversas, siendo las deposiciones pastosas el efecto más frecuente, y registrándose dos casos de síntomas compatibles con delirium. La distribución por esquema de dosificación mostró una mayor incidencia de reacciones adversas en el grupo de dosis ajustada (21,4% vs 5,3% en dosis estándar), diferencia que resultó estadísticamente significativa (OR 0,2; IC 95%: 0,04–0,9; NNT 2,7; p=0,047). En el análisis multivariable, ninguna variable se asoció de forma independiente al fracaso terapéutico, y el modelo global mostró una capacidad discriminativa aceptable (AUC curva ROC: 0,72; IC 95%: 0,57–0,88; p=0,01). En conjunto, estos hallazgos sugieren que el fracaso terapéutico es un resultado multifactorial, influenciado por variables fisiopatológicas propias del paciente más que por el esquema de dosificación empleado. Estos hallazgos aportan evidencia local sobre el uso de ertapenem en pacientes hospitalizados con hipoalbuminemia, y sugieren la necesidad de optimizar la dosificación de acuerdo con las características de cada paciente, además de considerar el nivel de albúmina sérica como un parámetro crítico a monitorear.

Folio 19

FRACASO TERAPÉUTICO EN PACIENTES HOSPITALIZADOS CON HIPOALBUMINEMIA TRATADOS CON CEFTRIAXONA EN DOSIS ESTÁNDAR VERSUS DOSIS AJUSTADA: ESTUDIO DE COHORTES RETROSPECTIVAS

Autor principal: Marcelo Urtubia Evert
Co-autores: José Valderrama Cortés; Enzo Puentes Apablaza

La hipoalbuminemia es frecuente en el paciente hospitalizado y altera la farmacocinética de los fármacos con alta unión a proteínas plasmáticas. La ceftriaxona, ampliamente utilizada en infecciones adquiridas en la comunidad, presenta una unión a albúmina elevada y saturable: en hipoalbuminemia aumentan su fracción libre, volumen de distribución y aclaramiento renal, reduciendo la exposición efectiva y el tiempo sobre la CIM, parámetro PK/PD determinante de su eficacia. No existe consenso sobre la necesidad de ajustar su dosis en este subgrupo y la evidencia en pacientes no críticos es limitada. Comparar el fracaso terapéutico entre pacientes hospitalizados con hipoalbuminemia tratados con ceftriaxona en dosis estándar o ajustada, y explorar las variables asociadas a dicho desenlace. Estudio observacional analítico de cohortes retrospectivas en adultos hospitalizados en un hospital de alta complejidad entre enero y agosto de 2025. Desde el registro institucional del Programa de Optimización de Antimicrobianos se identificaron 1105 episodios; tras aplicar criterios de inclusión (mayores de 18 años, hipoalbuminemia, ceftriaxona por más de 48 h) y exclusión (resistencia a ceftriaxona, infección polimicrobiana, alergia a cefalosporinas, neutropenia, embarazo) se incluyeron 124 pacientes únicos. Se comparó dosis estándar (2 g/día) versus ajustada (>2 g/día). El desenlace primario fue el fracaso terapéutico, compuesto de escalamiento antimicrobiano y/o mortalidad intrahospitalaria; los secundarios, estancia hospitalaria, duración de la terapia antimicrobiana y de ceftriaxona, y tiempo hasta resolución clínica. Variables continuas: mediana (RIC) y U de Mann-Whitney; categóricas: chi-cuadrado o test exacto de Fisher ($p<0,05$). Se efectuaron análisis de sensibilidad (cirugía, albúmina <3,0 y <2,5 g/dL) y exploratorio de subgrupos con OR (IC95%). Estudio aprobado por el Comité Ético Científico. Mediana de edad 67 años (RIC 52,3-77,0), 50,8% mujeres, albúmina 2,8 g/dL (RIC 2,4-3,1), 32,3% hipoalbuminemia severa, Charlson 4 y 12,1% aclaramiento renal aumentado (ARC). Focos predominantes: respiratorio (27,4%), pie diabético (25,0%) y urinario (24,2%); el 79,0% recibió terapia empírica y el 79,0% no tuvo aislamiento microbiológico (Escherichia coli, 16,9%). El 73,4% recibió dosis estándar y el 26,6% ajustada; este último grupo con menor albuminemia (2,3 vs 2,9 g/dL) y más hipoalbuminemia severa (60,6% vs 21,9%; ambos $p<0,0001$). El fracaso terapéutico ocurrió en 6/91 (6,6%) con dosis estándar y 1/33 (3,0%) con ajustada ($p=0,674$); el escalamiento se registró solo en el grupo estándar (6,6% vs 0%; $p=0,131$) y el único fallecimiento en el ajustado ($p=0,095$). No hubo diferencias en estancia hospitalaria ($p=0,807$) ni en tiempo hasta resolución clínica ($p=0,769$); la duración de ceftriaxona fue mayor con dosis ajustada (211,1 vs 142,9 h; $p=0,0008$), diferencia atribuible a los quirúrgicos (Tabla 1). Los análisis de sensibilidad mantuvieron la ausencia de diferencias, con proporciones menores de fracaso bajo dosis ajustada en albúmina <3,0 g/dL (3,1% vs 12,8%; $p=0,244$) y <2,5 g/dL (5,0% vs 20,0%; $p=0,342$). En el análisis exploratorio, la hipoalbuminemia severa (OR 5,9; IC95% 1,2-30,1; $p=0,035$) y el ARC (OR 12,8; IC95% 2,5-65,0; $p=0,004$) se asociaron significativamente a fracaso, no así TFG <45 mL/min ni obesidad mórbida (Tabla 2). Los pacientes con fracaso presentaron albúmina 2,4 g/dL, 71,4% hipoalbuminemia severa, TFG 131 mL/min y 57,1% ARC, pese a baja comorbilidad (Charlson 1). La dosis ajustada no se asoció a una reducción significativa del fracaso terapéutico, hallazgo consistente en los análisis de sensibilidad, aunque con una tendencia favorable limitada por el escaso número de eventos. La hipoalbuminemia severa y el ARC sí se asociaron significativamente a fracaso, lo que apoya que las alteraciones farmacocinéticas del huésped, más que el esquema de dosificación aislado, condicionan la exposición efectiva de ceftriaxona. Estos resultados permiten reconocer un fenotipo de riesgo (albúmina <2,5 g/dL con ARC) en el que resulta razonable priorizar la optimización PK/PD dentro de los programas de optimización de antimicrobianos, y respaldan estudios prospectivos con monitorización de concentraciones plasmáticas.

Folio 173

EVALUACIÓN EXTERNA DEL DESEMPEÑO PREDICTIVO A PRIORI DE MODELOS FARMACOCINÉTICOS POBLACIONALES DE MEROPENEM Y EFECTO DE LA ACTUALIZACIÓN BAYESIANA

Autor principal: Carlos Gallo Cancino
Co-autores: Claudio Gonzalez Muñoz; Ruth Rosales Chacon; Nicolas Acevedo Bastias; Macarena Cabero Tello; Nadia Curilen Valenzuela; Claudia Monterrosa Monterrosa

Meropenem es un carbapenémico de amplio espectro utilizado en pacientes críticos para infecciones graves (1). La enfermedad crítica se asocia a alteraciones farmacocinéticas, incluidos cambios en el volumen de distribución y aclaramiento renal, generando alta variabilidad interindividual y dificultando la predicción de la exposición con esquemas convencionales (2). Diversos modelos farmacocinéticos poblacionales de meropenem han sido desarrollados para estimar concentraciones y apoyar la individualización de dosis; sin embargo, su desempeño puede variar al aplicarse en poblaciones distintas de aquellas en que fueron desarrollados, por lo que se recomienda evaluarlos en la población objetivo antes de su implementación clínica (1,3). La incorporación de concentraciones plasmáticas mediante estimación bayesiana permite obtener parámetros farmacocinéticos individuales y constituye un componente central del model-informed personalized dosing (MIPD) (3). Evaluar y comparar el desempeño predictivo de modelos farmacocinéticos poblacionales de meropenem en una cohorte propia de pacientes críticos, tanto mediante predicciones poblacionales a priori como mediante predicciones individuales a posteriori obtenidas tras estimación bayesiana Estudio observacional retrospectivo en pacientes adultos críticos con monitorización plasmática de meropenem. Se recopilaron concentraciones plasmáticas, variables demográficas y clínicas requeridas por cada modelo. Se evaluaron cinco modelos publicados: Li 2006, Doh 2010, Muro 2011, Ehmann 2019 y Gijsen 2022 (4–8), implementados en Monolix manteniendo fijos su estructura, parámetros poblacionales y relaciones de covariables, sin reestimación con la cohorte local. Para cada observación se obtuvo una predicción poblacional a priori, utilizando el modelo y covariables del paciente, y una predicción individual a posteriori mediante estimación bayesiana incorporando sus concentraciones plasmáticas. El desempeño se evaluó en las mismas 93 concentraciones mediante error medio (ME; predicho–observado), error porcentual medio (MPE; sesgo relativo), error porcentual absoluto medio (MAPE; error relativo) y raíz del error cuadrático medio (RMSE; error absoluto). Se incluyeron 50 pacientes críticos, 68% hombres, con peso mediano de 75 kg y aclaramiento de creatinina mediano de 111,8 mL/min. Se analizaron 93 concentraciones plasmáticas de meropenem, con una mediana de 1 concentración por paciente (rango: 1–9). En las predicciones poblacionales a priori, el error medio fue negativo en los cinco modelos (−34,78 a −23,82 mg/L), mientras que el MPE varió entre −68,26% y 30,03%. El MAPE osciló entre 56,53% y 115,58% y el RMSE entre 46,18 y 52,99 mg/L. Entre los modelos publicados evaluados, Muro 2011 presentó simultáneamente el menor MAPE (56,53%) y RMSE (46,18 mg/L) a priori. Tras la actualización bayesiana, todos los modelos mostraron una reducción del error de ajuste individual, con MAPE entre 26,38% y 33,20% y RMSE entre 17,29 y 24,33 mg/L. Doh 2010 presentó el menor MAPE (26,38%) y un RMSE de 17,74 mg/L, cercano al mínimo observado con Li 2006 (17,29 mg/L), mientras que Ehmann 2019 presentó el MPE más próximo a cero (0,69%). Los cinco modelos mostraron desempeño poblacional a priori limitado, por lo que ninguno demostró resultados suficientes para sustentar su uso clínico como único fundamento para predecir concentraciones de meropenem sin monitorización plasmática. Muro 2011 presentó el mejor desempeño a priori, aunque con elevada magnitud del error. Tras la actualización bayesiana, todos mejoraron su ajuste individual, sin un modelo superior en todas las métricas. Ehmann 2019 presentó el menor sesgo porcentual y Doh 2010 el menor MAPE con RMSE cercano al mínimo, por lo que ambos son candidatos para evaluación predictiva adicional en nuestro centro. Su implementación clínica requerirá validación utilizando una concentración para la estimación bayesiana y otra concentración independiente para evaluar posteriormente la capacidad del modelo para predecir una concentración independiente no utilizada en el ajuste.

Folio 264

OPTIMIZACIÓN DE DOSIS DE AMPICILINA/SULBACTAM UTILIZANDO PARÁMETROS FARMACOCINÉTICOS Y FARMACODINÁMICOS EN UN HOSPITAL DE ALTA COMPLEJIDAD

Autor principal: Camila Moscoso Gutiérrez
Co-autores: Ruth Rosales Chacón; Claudio González Muñoz; Carlos Gallo Cancino

La optimización posológica de los β-lactámicos requiere integrar variabilidad farmacocinética, función renal y susceptibilidad microbiológica local. Las simulaciones basadas en modelos farmacocinéticos poblacionales (PopPK) permiten estimar la probabilidad de alcanzar objetivos farmacocinéticos/farmacodinámicos (PTA), mientras que la fracción acumulada de respuesta (CFR) integra la PTA con la distribución de concentraciones inhibitorias mínimas (CIM), permitiendo estimar el desempeño PK/PD esperado de un régimen frente a una población bacteriana. Evaluar mediante simulación de Monte Carlo el desempeño PK/PD de diferentes regímenes de ampicilina/sulbactam según función renal y determinar su CFR frente a Escherichia coli, Klebsiella pneumoniae y Proteus mirabilis utilizando la distribución institucional de CIM. Estudio de farmacometría in silico, basado en simulaciones de Monte Carlo a partir de un modelo poblacional previamente publicado, complementado con vigilancia microbiológica retrospectiva institucional. Se seleccionó el modelo PopPK bicompartimental de Soto et al., que caracteriza simultáneamente ampicilina y sulbactam e incorpora el aclaramiento de creatinina (CLcr) como covariable del clearance. Se realizaron simulaciones Monte Carlo para 1.000 individuos virtuales representativos de los escenarios clínicos de interés, incorporando la variabilidad interindividual del modelo en cuatro estratos de CLcr (60–90, 30–59, 15–29 y 5–14 mL/min), diferentes regímenes posológicos basados específicamente en ampicilina en tiempos de infusión de 1 y 3 horas. Se evaluaron objetivos de 60% y 100% fT>CIM. La CFR se calculó ponderando la PTA de cada CIM por su frecuencia relativa en aislados institucionales de E. coli (n=2.485), K. pneumoniae (n=1.654) y P. mirabilis (n=607) obtenidos durante 2025, correspondientes al primer aislado del paciente y de su tipo de cultivo. Se consideró óptima una CFR ≥90%. Debido al intervalo analítico del sistema automatizado, las categorías extremas de CIM fueron tratadas como datos censurados; el análisis principal asignó 4 mg/L a <4 mg/L y 32 mg/L a >16 mg/L. Se planificó un análisis de sensibilidad reasignando estas categorías a valores alternativos para evaluar la robustez de las estimaciones de CFR. La PTA disminuyó progresivamente con el aumento de la CIM y fue mayor con la infusión prolongada. En pacientes con CLcr 15–29 mL/min, para una CIM de 16 mg/L y objetivo de 60% fT>CIM, el esquema de 1,5 g cada 6 h alcanzó PTA de 99,5% y 100% con infusiones de 1 y 3 h, respectivamente, frente a 71,7% y 91,7% con 3 g cada 12 h. Para el objetivo más exigente de 100% fT>CIM, las PTA fueron 46,2% y 81,4% con 1,5 g cada 6 h, frente a 0,7% y 2,5% con 3 g cada 12 h. En pacientes con escenario de CLcr 5–14 mL/min, a igual CIM, 1,5 g cada 12 h alcanzó PTA de 84,5% y 95,6% para 60% fT>CIM y de 4,9% y 12,4% para 100% fT>CIM, con infusiones de 1 y 3 h, respectivamente; el esquema de 3 g cada 24 h presentó PTA ≤26,6% para 60% fT>CIM y prácticamente nula para 100% fT>CIM. La distribución local de CIM mostró una mayor proporción de aislados en la categoría superior censurada (>16 mg/L) para E. coli (25,4%) y K. pneumoniae (61,4%) que para P. mirabilis (4,9%). Al integrar las PTA con la distribución institucional de la CIM, ningún escenario alcanzó CFR ≥90% frente a E. coli o K. pneumoniae para 60% fT>CIM, mientras que P. mirabilis alcanzó este umbral en múltiples escenarios. Con 100% fT>CIM, la distribución local redujo marcadamente la CFR, alcanzándose el umbral ≥90% únicamente para P. mirabilis en escenarios seleccionados. La función renal, el esquema posológico y la duración de la infusión modificaron el desempeño PK/PD de ampicilina/sulbactam. La administración en intervalos más cortos y mediante infusión prolongada mejoró la PTA; sin embargo, la distribución local de CIM limitó la CFR frente a E. coli y especialmente K. pneumoniae. Estos resultados muestran que la optimización posológica puede mejorar la exposición farmacodinámica, pero no necesariamente compensar una distribución microbiológica local desfavorable. La incorporación de análisis de sensibilidad para CIM censuradas permitirá cuantificar la robustez de estas conclusiones.

Folio 67

IMPLEMENTACIÓN DE UN MODELO INSTITUCIONAL PARA LA PREVENCIÓN Y MANEJO OPORTUNO DE ENDOFTALMITIS POSTOPERATORIA

Autor principal: Denisse Contreras Silva
Co-autores: Mauricio Ruiz Fonseca; Victoria Herrera Alvarez

La endoftalmitis postoperatoria es una complicación infrecuente de la cirugía oftalmológica, pero puede ocasionar pérdida visual severa y, excepcionalmente, pérdida anatómica del ojo. Su vigilancia en los procesos de acreditación en salud se centra principalmente en la ocurrencia del evento; sin embargo, frente a síntomas sugerentes, el tiempo transcurrido hasta la evaluación especializada y el inicio del tratamiento constituye un aspecto relevante del proceso asistencial. En un centro oftalmológico de referencia nacional, que realiza aproximadamente 1.100 cirugías anuales, de las cuales un 70% corresponde a cirugía de catarata, durante 2025 se atendieron cuatro pacientes con endoftalmitis postoperatoria derivados desde otros centros asistenciales. En los cuatro habían transcurrido más de tres días entre el inicio de los síntomas y la administración del tratamiento intravítreo. Todos presentaron pérdida visual y uno evolucionó posteriormente a enucleación. Se identificó la necesidad de disminuir los tiempos de respuesta de acuerdo a la buena práctica internacional que no es aplicada en nuestro país, estableciéndose como objetivo institucional administrar el tratamiento intravítreo dentro de las primeras 24 horas desde el inicio de sintomatología sugerente. Evaluar los resultados visuales y la oportunidad de tratamiento tras la implementación de un protocolo institucional para el manejo precoz de pacientes derivados con sospecha de endoftalmitis postoperatoria. Secundariamente, describir los casos previos a la intervención y evaluar la incorporación del tiempo hasta el tratamiento intravítreo como indicador complementario a la vigilancia de la ocurrencia de endoftalmitis. Estudio observacional de tipo antes-después, considerando pacientes con endoftalmitis postoperatoria atendidos durante 2025 y entre enero y agosto de 2026. Se establecieron dos períodos: preintervención, correspondiente a 2025, y postintervención, entre enero y agosto de 2026. En los casos del período preintervención se revisó la evolución clínica, agudeza visual y tiempo transcurrido entre el inicio de los síntomas y la administración del tratamiento intravítreo. En enero de 2026 se implementó un protocolo de respuesta frente a sintomatología sugerente de endoftalmitis, con disponibilidad asistencial 24/7 y una caja de emergencia con medicamentos e insumos para iniciar el manejo independientemente del día u horario de consulta. El protocolo estandarizó la preparación bajo técnica aséptica de ceftazidima intravítrea 2 mg/0,1 mL y vancomicina intravítrea 1 mg/0,1 mL. Las variables analizadas fueron número de pacientes atendidos, tiempo hasta el tratamiento intravítreo, evolución de la agudeza visual y complicaciones graves. Durante 2025 se atendieron cuatro pacientes con endoftalmitis postoperatoria derivados desde otros centros asistenciales. En los cuatro, el tratamiento intravítreo se administró más de tres días después del inicio de los síntomas. Todos presentaron pérdida visual y uno evolucionó posteriormente a enucleación. En enero de 2026 se implementó el protocolo institucional, estableciéndose atención especializada 24/7 y disponibilidad permanente de una caja de emergencia para endoftalmitis. Entre enero y agosto de 2026 tuvimos 6 pacientes que consultaron o fueron derivados con sospecha de endoftalmitis. Todos recibieron inyección intravítrea dentro de las primeras 24 horas desde el inicio de los síntomas, con resultado de conservar su agudeza visual preoperatoria. La revisión de los casos atendidos durante 2025 permitió identificar una demora superior a tres días en el inicio del tratamiento intravítreo en los cuatro pacientes derivados con endoftalmitis postoperatoria. Todos presentaron pérdida visual y uno evolucionó a enucleación. La implementación de un protocolo de respuesta 24/7, junto con la disponibilidad permanente de una caja de emergencia para endoftalmitis, permitió establecer un circuito orientado a disminuir las demoras frente a la sospecha clínica y facilitar el acceso oportuno al tratamiento intravítreo. Esta experiencia plantea que la vigilancia de la endoftalmitis postoperatoria puede complementarse con indicadores de oportunidad de atención, particularmente el tiempo transcurrido desde el inicio de los síntomas hasta el tratamiento.

Folio 189

SEDACIÓN GUIADA POR NEUROMONITORIZACIÓN Y PREVENCIÓN DE NNAVMI EN PACIENTES CON AGITACIÓN PSICOMOTORA EN UPC ADULTO

Autor principal: Alejandro Astroza Agurto

La neumonía no asociada a ventilación mecánica invasiva (NNAVMI) es una complicación prevenible que prolonga la hospitalización. En pacientes con agitación psicomotora, la sedación insuficiente dificulta el control conductual, mientras que la sobre sedación puede favorecer depresión respiratoria, pérdida de reflejos protectores y micro aspiración. El objetivo fue evaluar la asociación entre una estrategia multimodal, orientada a mantener la sedación en rangos neurológicos de seguridad, y la frecuencia de NNAVMI en una unidad de paciente crítico adulto. Estudio observacional retrospectivo, unicéntrico y comparativo, realizado en la UPCA de Clínica Universidad de los Andes. Se analizaron 44 pacientes hospitalizados entre 2024 y junio de 2026 con diagnóstico de salud mental según CIE-10 y que cursaron con agitación psicomotora. Se compararon 15 pacientes del grupo control y 29 expuestos a una intervención que integró infusión controlada por objetivo de Propofol, neuromonitorización electroencefalográfica y un bundle de enfermería para prevenir micro aspiraciones (ángulo 30 grados, higiene bucal, aspiración de secreciones, alimentación asistida, entrenamiento cuidadores). El desenlace principal fue NNAVMI según criterios modificados CDC/NHSN. Las variables continuas se expresaron como mediana y rango intercuartílico (RIC) y se compararon mediante U de Mann-Whitney; las categóricas se compararon con prueba exacta de Fishe La NNAVMI se presentó en 4/15 pacientes del grupo control (26,7%) y en 0/29 del grupo intervención (0%), con una reducción absoluta observada de 26,7 puntos porcentuales (Fisher bilateral, p=0,010). Entre los pacientes neuro monitorizados, el índice de estado general de sedación PSI aumentó de 26,5 (RIC 23,8-29,0) a 36,0 (RIC 35,0-50,0; p=0,010); la frecuencia de borde espectral SEF derecho aumentó de 7,0 (RIC 6,8-7,0) a 13,0 Hz (RIC 11,0-14,0; p=0,006), y el SEF izquierdo de 6,5 (RIC 5,8-7,0) a 12,0 Hz (RIC 12,0-13,0; p=0,036). Los días de agitación y de TCI no mostraron diferencias significativas. Los estallidos de supresión disminuyeron de 75,0% a 11,1%, sin alcanzar significación estadística (p=0,203). Por año se registraron 4/17 casos en 2024, 0/19 en 2025 y 0/8 hasta junio de 2026. La estrategia multimodal se asoció con ausencia de NNAVMI en el grupo intervención y con valores de PSI y SEF significativamente superiores, compatibles con una sedación menos profunda y mejor posicionada dentro de los rangos neurológicos de seguridad definidos por el equipo médico y de enfermería. Mantener al paciente alejado de la sobre sedación, junto con TCI, neuromonitorización y cuidados preventivos de enfermería, puede contribuir a proteger la vía aérea y reducir el riesgo de micro aspiración. El diseño retrospectivo, el bajo número de eventos y la intervención multicomponente impiden establecer causalidad y justifican la realización de estudios prospectivos en UPCA.

Folio 197

TAMIZAJE DE PORTACIÓN NASAL DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS Y MANEJO PREVIO A CARDIOCIRUGÍAS PEDIÁTRICAS CON CIRCULACIÓN EXTRACORPÓREA: ESTUDIO DESCRIPTIVO, 2025

Autor principal: Mirta Acuña Ávila
Co-autores: Roxana Santana Sepúlveda; Tomás Pablos Aros

La portación nasal de Staphylococcus aureus es un factor de riesgo conocido de infección de herida operatoria en cirugía cardíaca con circulación extracorpórea (CEC). Su pesquisa preoperatoria permite indicar descolonización con mupirocina nasal, en un esquema de cinco días. La utilidad del tamizaje depende, entonces, no solo de que el estudio se realice, sino de que la muestra se tome de manera oportuna, con margen suficiente para conocer el resultado y completar la descolonización antes de operar. En nuestro centro no se había evaluado previamente este proceso Determinar el cumplimiento y la oportunidad del cultivo de tamizaje de portación nasal de Staphylococcus aureus en pacientes pediátricos sometidos a cirugía cardíaca con circulación extracorpórea durante el año 2025. Como objetivos secundarios, determinar la frecuencia de portación de S. aureus y su susceptibilidad a meticilina, y evaluar el manejo preoperatorio de los pacientes portadores. Estudio observacional, descriptivo y retrospectivo de los pacientes pediátricos con estudio de portación nasal sometidos a cirugía cardíaca con CEC en el Hospital de niños Roberto del Río entre el 01 de enero y el 31 de diciembre de 2025. Se revisaron los registros clínicos electrónicos, desde donde se obtuvieron las variables demográficas, estadía hospitalaria, tiempo de CEC, tratamiento de pacientes portadores y desarrollo posterior de infección de herida operatoria. De los registros de los cultivos nasales del laboratorio de microbiología se obtuvieron: unidad de procedencia, fecha de toma de la muestra y resultado del estudio de portación nasal, susceptibilidad a meticilina. Se definió como estudio oportuno el tomado entre 7 y 90 días antes de la cirugía. Para el análisis estadístico, las variables discretas o dicotómicas se describen como frecuencias y porcentajes, y las variables continuas en medias y desviación estándar (DE). La medida de incertidumbre se establecerá por medio de un intervalo de confianza del 95% (IC95%). La significancia estadística se establecerá por medio de un valor p menor a 0.05. Se realizaron 165 cirugías cardíacas con CEC en 162 pacientes. De ellas, 141 (85,5%) contaron con estudio de portación nasal; 85 (60,3%) correspondieron a pacientes de sexo masculino y 74 (52,5%) a menores de 1 año (Tabla N°1). La portación nasal de S. aureus fue positiva en 29 de las 141 cirugías estudiadas, con una prevalencia de 20,6% (IC95% 13,9-27,3), correspondientes a 28 pacientes. El fenotipo fue meticilino sensible (SAMS) en 27 casos (93,1%) y meticilino resistente (SAMR) en 2 (6,9%), ambos del mismo paciente, reintervenido a los 28 días (Tabla N°2). De los 29 portadores, 22 (75,9%) recibieron mupirocina, 14 de forma oportuna y 8 con inicio tardío y 7 (24,1%) no la recibieron. Por otra parte, 6 pacientes con cultivo negativo mantuvieron tratamiento, uno de ellos por 14 días. De las 165 cirugías, 65 (39,4%; IC95% 32,3-47,0) contaron con tamizaje oportuno (7 a 90 días antes de la cirugía), incluidos 14 de los 29 portadores (48,3%). Se registraron 8 infecciones de herida operatoria (4,8%; IC95% 2,5-9,3), ninguna causada por S. aureus. No se asociaron a portación nasal positiva (6,9% frente a 5,4%; p=0,67), pero sí a un tiempo de CEC mayor a 120 minutos (10,6% frente a 2,5%; p=0,043). La cobertura del tamizaje fue alta, pero solo cuatro de cada diez cirugías contaron con un estudio efectivo. El problema principal no es la antigüedad del cultivo, que afectó al 10% de los casos, sino su excesiva cercanía a la cirugía: casi un tercio de las muestras se tomó con dos días o menos de anticipación. Ademas, aun con resultado oportuno, menos de la mitad de los portadores inició la mupirocina a tiempo, de modo que la indicación de tratamiento no se traduce en descolonización efectiva. La brecha se concentra en el paciente ambulatorio, cuyo estudio depende de la coordinación previa al ingreso. La portación fue mayoritariamente meticilino sensible. Se propone solicitar el estudio al agendar la cirugía, con anticipación mínima de siete días y vigencia de 90 días, e iniciar la mupirocina apenas se informe un resultado positivo. El bajo número de eventos limita las comparaciones sobre infección de herida operatoria.

Folio 202

FACTORES CLÍNICOS Y ASISTENCIALES ASOCIADOS A INFECCIÓN DE CATÉTER VENOSO CENTRAL EN UNA UNIDAD DE CUIDADOS INTENSIVOS DE UN HOSPITAL PÚBLICO DE ÑUBLE, 2021-2023

Autor principal: Gabriel Ignacio Espinoza Albornoz
Co-autores: Simón Paolo Albornoz Guajardo; Benjamín Nicolás Grünewald Manríquez; Joaquín Guillermo Márquez Valdebenito; José Manuel León Pino

El catéter venoso central (CVC) es indispensable en el paciente crítico, pero las infecciones del torrente sanguíneo asociadas conllevan elevada morbimortalidad, estancia prolongada y costos asistenciales. Siendo prevenibles en gran medida con prácticas seguras, evaluar factores clínicos y asistenciales en una unidad de cuidados intensivos (UCI) de Ñuble aporta evidencia local para optimizar la vigilancia epidemiológica de IAAS y el manejo de dispositivos invasivos. Evaluar la asociación ajustada de factores clínicos y asistenciales con la infección de CVC en pacientes ingresados a una UCI de un hospital público de Ñuble durante 2021-2023. Estudio observacional, analítico, de cohorte retrospectiva con inclusión censal (análisis parcial del proyecto institucional 2021–2025). De 1.366 ingresos a UCI (2021–2023), se incluyeron 1.124 pacientes ≥15 años con CVC. La información provino de fichas clínicas, laboratorio microbiológico y vigilancia activa de IAAS. El desenlace fue la infección del torrente sanguíneo asociada a CVC según criterios normativos MINSAL (hemocultivo positivo y criterios clínicos de atribución). El seguimiento abarcó desde la inserción del CVC hasta la infección o censura (retiro, egreso o defunción), cuantificando exposiciones asistenciales estrictamente hasta ese hito. Se analizaron edad, comorbilidades basales (incluyendo cáncer), días de CVC y dispositivos concomitantes: catéter urinario permanente (CUP), catéter de hemodiálisis (CHD), nutrición parenteral total (NPTC) y ventilación mecánica (VM). Se realizaron análisis bivariados (Spearman y x2) y regresión logística binomial multivariable por casos completos en jamovi (excluyendo recambio de CVC por causalidad inversa), estimando odds ratios ajustados (ORa) e IC95%. Aspectos éticos: Estudio aprobado por el Comité Ético Científico del Hospital Clínico Herminda Martín, código CEC-HCHM 202502. La enmienda y la extensión de la excepción de consentimiento informado fueron aprobadas mediante ORD N.º 02, del 24/04/2026, con vigencia hasta abril de 2027. La matriz de Spearman constató correlación entre dispositivos, respaldando su modelación desagregada (Figura 1). Durante 2021-2023, 42 de 1.124 pacientes evaluables presentaron infección de CVC (3,74%). El modelo multivariable incluyó 1.123 pacientes y la totalidad de las 42 infecciones (un paciente excluido por dato faltante en comorbilidad basal, sin infección). En el análisis bivariado, no se evidenció asociación estadísticamente significativa para VM (x^2=0,320; gl=1; p=0,572; OR crudo 1,31; IC95% 0,51-3,39) ni para CUP (x^2=0,654; gl=1; p=0,419; OR crudo 1,79; IC95% 0,43-7,55). En la regresión multivariable se asociaron positiva e independientemente con la infección: la nutrición parenteral total (ORa 4,49; IC95% 1,33-15,18; p=0,016), el catéter de hemodiálisis (ORa 3,75; IC95% 1,48-9,50; p=0,005) y los días de permanencia de CVC (ORa 1,06 por día; IC95% 1,04-1,08; p<0,001) (Figura 2). El catéter urinario permanente (ORa 1,64; IC95% 0,32-8,36; p=0,550), la ventilación mecánica (ORa 0,67; IC95% 0,21-2,11; p=0,496), el antecedente de cáncer (ORa 2,87; IC95% 0,61-13,53; p=0,183) y el resto de las comorbilidades basales no mostraron asociación independiente tras el ajuste (todas p>0,05). Se registraron 2 infecciones entre 91 pacientes sin CUP y 40 entre 1.032 con CUP, así como 5 entre 168 pacientes sin VM y 37 entre 955 con VM, lo que exige cautela al interpretar estas estimaciones dada la asimetría muestral. La infección de CVC se vinculó primordialmente a factores asistenciales de alta manipulación intraluminal (nutrición parenteral y hemodiálisis) y a la duración acumulada del catéter, más que a comorbilidades basales. Se descarta un efecto protector de la ventilación mecánica, cuya asociación inversa previa obedecía a colinealidad con el conteo global de dispositivos. Estos hallazgos priorizan el manejo aséptico en líneas vasculares complejas y la auditoría diaria para el retiro oportuno del catéter. Las estimaciones deben interpretarse considerando el diseño retrospectivo y la amplitud de los intervalos atribuible al número de eventos observados (42 infecciones).

Folio 254

RENDIMIENTO DE UN PROGRAMA DE VIGILANCIA DE PORTACIÓN DE MICROORGANISMOS CON MECANISMOS DE RESISTENCIA EN PACIENTES PEDIÁTRICOS HOSPITALIZADOS: ¿ES POSIBLE OPTIMIZAR EL TAMIZAJE?

Autor principal: Paula Leal Aranda
Co-autores: Daniela Mella Acevedo; Maria Carolina Rivacoba Rojas; Brian Leon Osorio; Rodolfo Villena Martinez

La vigilancia de portación de agentes con resistencia antimicrobiana de importancia en salud pública (ARAISP) permite identificar pacientes colonizados y orientar medidas de prevención y control de infecciones. Sin embargo, el muestreo repetido de múltiples sitios genera carga asistencial y microbiológica. En pediatría existe escasa evidencia sobre el número óptimo de sitios anatómicos y la periodicidad del tamizaje. Evaluar el rendimiento de un programa de vigilancia de portación de ARAISP en pacientes pediátricos hospitalizados e identificar oportunidades para optimizar el número de sitios anatómicos y la periodicidad de los controles. Estudio observacional retrospectivo realizado en un hospital pediátrico de alta complejidad entre junio de 2021 y julio de 2026. Se incluyeron cultivos de vigilancia realizados según protocolo institucional en pacientes hospitalizados >5 días o trasladados desde otro establecimiento con hospitalización >48 horas. El protocolo contempló control mensual con muestras nasal, axilar, inguinal y rectal. Los portadores conocidos no continuaron vigilancia rutinaria, salvo evaluación de negativización. Se analizaron cultivos, pacientes y episodios de vigilancia, excluyendo duplicados exactos. Se definió ARAISP como detección de BLEE, enterococo resistente a vancomicina (ERV), Staphylococcus aureus resistente a meticilina (SAMR), microorganismos multirresistentes (MDR), extremadamente resistentes (XDR) o productores de carbapenemasas. Se evaluó la detección acumulada según número de controles y el rendimiento de combinaciones de sitios anatómicos, comparadas con el protocolo completo en episodios con cuatro sitios simultáneos. Se utilizaron x^2/Fisher y regresión logística multivariable; $p<0,05$. Análisis en Stata 15.1. Se analizaron 3.083 cultivos correspondientes a 564 pacientes y 1.045 episodios de vigilancia, tras excluir 595 duplicados. De los cultivos, 918 (29,8%) fueron positivos y 245 (7,9%) detectaron ARAISP. Un total de 98/564 pacientes presentó al menos un ARAISP (17,4%; IC95% 14,5–20,7). Los mecanismos más frecuentes fueron BLEE (43 pacientes), ERV (36), SAMR (25) y MDR (23); 8 pacientes presentaron XDR y 4 productores de carbapenemasas. La portación fue mayor en Unidad de Paciente Crítico que en Unidad Médico-Quirúrgica (23,8% vs 12,5%; p=0,004), asociación que persistió tras ajuste (OR 1,92; IC95% 1,18–3,11). El primer control identificó 64,3% de los pacientes con ARAISP; la detección acumulada aumentó a 82,7% con el segundo, 89,8% con el tercero y 96,9% con el cuarto, con escasa ganancia posterior. En episodios con cuatro sitios simultáneos, la muestra inguinal presentó el mayor rendimiento individual. La combinación nasal–inguinal–rectal detectó 86,7% de los episodios positivos y la combinación inguinal–rectal 67,6%. Reducir de cuatro a tres sitios implicó una pérdida de detección de 13,3% y utilizar solo dos sitios, de 32,4%. La detección de ARAISP se concentró en los primeros controles y los mecanismos de mayor impacto epidemiológico fueron infrecuentes. El cuarto tamizaje alcanzó 96,9% de detección acumulada, con escaso beneficio posterior. Aunque ninguna estrategia reducida igualó al protocolo de cuatro sitios, nasal–inguinal–rectal conservó 86,7% del rendimiento y fue claramente superior a las combinaciones de dos sitios. Estos hallazgos apoyan evaluar estrategias escalonadas con reducción selectiva a tres sitios, espaciamiento del tamizaje tras controles negativos consecutivos y vigilancia más intensiva en pacientes o unidades de mayor riesgo. Su validación prospectiva podría disminuir la carga asistencial y de laboratorio preservando un rendimiento diagnóstico adecuado.

Folio 52

CEFAZOLINA VERSUS PENICILINAS ANTIESTAFILOCÓCICAS PARA EL TRATAMIENTO DE LA BACTERIEMIA POR STAPHYLOCOCCUS AUREUS SUSCEPTIBLE A METICILINA: UNA REVISIÓN SISTEMÁTICA

Autor principal: Ignacio Andrés Benavides Cuevas
Co-autores: Florencia Karolina Espinoza Veloso; Sergio Mario Mella Montecinos

Cefazolina y penicilinas antiestafilocócicas se utilizan indistintamente en la práctica clínica para tratar la bacteriemia por Staphylococcus aureus susceptible a meticilina, sin embargo, persiste la incertidumbre respecto de sus diferencias comparativas en eficacia y seguridad. Se evaluó de forma sistemática la literatura sobre cefazolina intravenosa frente a penicilinas antiestafilocócicas intravenosas en adultos hospitalizados, determinando la mortalidad por cualquier causa a 30 y 90 días como desenlace principal, junto con el éxito terapéutico y los eventos adversos como desenlaces secundarios. Se realizó una búsqueda sistemática en PubMed, Embase y Web of Science hasta el 8 de abril de 2026. Se incluyeron ensayos clínicos aleatorizados (ECA) y estudios observacionales comparativos de terapia dirigida en adultos hospitalizados con bacteriemia confirmada. El riesgo de sesgo se evaluó mediante las herramientas RoB-2 y ROBINS-I, y la certeza de la evidencia mediante el marco GRADE. Debido a la heterogeneidad clínica y metodológica, se optó por una síntesis cualitativa y narrativa bajo las directrices SWiM, sin realizar metaanálisis. Se incluyeron 11 estudios (11.144 participantes o episodios): un ECA de no inferioridad y diez cohortes observacionales. En el ensayo clínico, la mortalidad a 90 días fue idéntica entre ambos brazos (8,2% vs. 8,2%) y la cefazolina demostró no inferioridad para el éxito terapéutico compuesto, reportando significativamente menos lesión renal aguda (0,7% vs. 11,7%; p=0,0002) y eventos adversos graves (15,1% vs. 27,4%; p=0,010). Las cohortes observacionales corroboraron de forma consistente esta eficacia comparable y favorecieron la seguridad renal y general de la cefazolina, aunque la fuerza de sus conclusiones de eficacia se ve limitada por presentar un riesgo de sesgo serio secundario a factores de confusión basales. La certeza global de la evidencia fue moderada para los desenlaces de eficacia a 90 días y de seguridad. La cefazolina demuestra una eficacia y supervivencia equivalentes a las penicilinas antiestafilocócicas para el tratamiento definitivo de la bacteriemia por SAMS en adultos, resultado que coincide con revisiones observacionales previas y respaldado externamente por el ensayo clínico SNAP (NEJM, 2026), publicado tras el cierre de la búsqueda. Además, presenta un perfil de seguridad renal y tolerancia biológica significativamente superior, reduciendo la lesión renal aguda y la suspensión de terapia por toxicidad. Como consideración derivada de la práctica clínica, la menor frecuencia de administración de cefazolina disminuye la carga diaria de sodio y el volumen hídrico intravenoso infundido. Esta reducción de fluidos constituye una ventaja práctica relevante para mitigar el riesgo de sobrecarga hídrica y complicaciones hemodinámicas en pacientes vulnerables, un beneficio potencial que amerita evaluación en futuras investigaciones dirigidas.

Folio 56

PERFIL CLÍNICO, MICROBIOLÓGICO Y DE RESISTENCIA EN PACIENTES HOSPITALIZADOS POR PIE DIABÉTICO: BASES PARA LA TERAPIA EMPÍRICA LOCAL

Autor principal: Fabián Alexander Yáñez Silva

La diabetes mellitus (DM) presenta en Chile una de las prevalencias más altas de Sudamérica, lo que se asocia a un aumento de complicaciones tardías como el pie diabético (PD). El manejo antibiótico empírico de la infección de pie diabético (IPD) suele sustentarse en literatura internacional, sin considerar la epidemiología microbiológica local, lo que limita la pertinencia de las decisiones terapéuticas actuales en el marco del programa de optimización del uso de antimicrobianos (PROA). Caracterizar el perfil clínico y microbiológico de pacientes hospitalizados con diagnóstico de PD, evaluando los microorganismos aislados, su susceptibilidad antimicrobiana y los desenlaces clínicos asociados durante la hospitalización. Estudio observacional retrospectivo que incluyó pacientes adultos hospitalizados entre 2022 y 2025 con diagnóstico de ingreso de PD, sometidos a intervención quirúrgica (aseo y/o amputación) con al menos un cultivo microbiológico positivo obtenido en el primer pabellón. Las variables demográficas se analizaron a nivel de paciente, y la presentación clínica, la severidad de la úlcera (Wagner), los antecedentes de riesgo y el perfil microbiológico a nivel de hospitalización. La identificación bacteriana y susceptibilidad se determinaron mediante VITEK MS/VITEK 2 según criterios CLSI. Se realizó estadística descriptiva y un análisis bivariado exploratorio (riesgo relativo con IC95%, chi-cuadrado/Fisher, Mann-Whitney), considerando significativo un valor $p<0,05$. De 346 pacientes evaluados, la cohorte final incluyó 210 pacientes (247 hospitalizaciones evaluables). La mediana de edad fue de 65 años [RIC 58-71], con predominio del sexo masculino (85,0%) y alta prevalencia de neuropatía diabética (77,1%) y enfermedad arterial oclusiva periférica (56,2%). La mayoría de los eventos ingresó con enfermedad avanzada (Wagner ≥III en 95,8%; osteomielitis en 71,2%). Se aislaron 358 cepas, con claro predominio de cocos Gram positivos (CGP, 64,8%) sobre bacilos Gram negativos (BGN, 30,2%). Staphylococcus aureus fue la especie más frecuente (25,7% del total de cepas), con 80% de sensibilidad a cloxacilina y 100% a vancomicina; Enterococcus faecalis presentó alta sensibilidad a ampicilina (95%) y vancomicina (98%). Entre los BGN, Escherichia coli fue el más frecuente (5,9%), con sensibilidad completa a carbapenémicos y cerca de un tercio de sus cepas confirmadas como productoras de BLEE; Pseudomonas aeruginosa mostró menor sensibilidad a piperacilina/tazobactam (60%) e imipenem (67%). El perfil microbiológico fue similar entre primeras hospitalizaciones y rehospitalizaciones, con predominio de infecciones monomicrobianas por Gram positivos en ambos grupos (Figura 2). El uso previo de antibióticos se asoció significativamente a mayor frecuencia de eventos con BGN (RR 1,36; IC95% 1,11-1,67; p=0,004; Figura 1). Además, la amputación previa se asoció a mayor frecuencia de S. aureus resistente a meticilina (RR 6,74; p=0,002) y menor frecuencia de Streptococcus agalactiae (RR 0,25; $p<0,001$), mientras que la hospitalización previa se asoció a mayor frecuencia de Pseudomonas aeruginosa (RR 3,0; IC95% 1,13-8,0; p=0,021). La mortalidad intrahospitalaria fue baja (2,0%), con una elevada tasa de amputación global (80,2%, mayoritariamente menor) y un 21,0% de reingreso hospitalario al año. La IPD en este centro se caracteriza por un predominio basal y estable de infecciones monomicrobianas por Gram positivos, lo que respalda cloxacilina como terapia empírica inicial, aunque la elevada frecuencia de Enterococcus faecalis limita el uso de cefalosporinas como alternativa. La ampliación de cobertura hacia BGN o patógenos de resistencia específica no debería sustentarse en un único antecedente aislado, sino en la integración de múltiples factores clínicos como la severidad de la lesión y el uso previo de antibióticos, hospitalización o amputación. Este trabajo constituye la primera caracterización microbiológica local de la IPD en el centro, y sienta las bases para ajustar la terapia empírica al perfil de resistencia institucional.

Folio 104

CARACTERIZACIÓN Y FACTORES ASOCIADOS A MORTALIDAD EN ADULTOS CON BACTERIEMIA POR STAPHYLOCOCCUS AUREUS EN EL HOSPITAL DE PUERTO MONTT

Autor principal: Cristian Andrés Acevedo Herrera
Co-autores: Krikor Koury; Loreto Araya Schulze; Lilibeth Laurens; Raúl Riquelme Oyarzún; María Luisa Rioseco Zorn

Staphylococcus aureus (SA) es uno de los principales microorganismos aislados en hemocultivos (HC). La bacteriemia por SA (BSA) combina alta letalidad con focos secundarios frecuentes que prolongan el tratamiento y condicionan el pronóstico. En Chile la información prospectiva sobre esta entidad en hospitales públicos de regiones es escasa. Caracterizar el perfil demográfico, social, clínico, microbiológico y evolutivo de los adultos con BSA e identificar los factores asociados a mortalidad intrahospitalaria. Estudio observacional prospectivo en pacientes ≥18 años ingresados a un hospital público de alta complejidad del sur de Chile entre el 1 de mayo de 2024 y el 31 de octubre de 2025, con aislamiento de SA en uno o más HC. Con consentimiento informado se registraron variables demográficas, sociales (previsión, escolaridad, caso social), comorbilidades (índice de Charlson), datos microbiológicos, terapéuticos, complicaciones y evolución. Bacteriemia nosocomial: HC tomado ≥48 horas tras el ingreso; mortalidad precoz: antes de 72 horas desde la toma del HC. Análisis con t de Student o U de Mann-Whitney y prueba exacta de Fisher; OR con IC95%; significativo p<0,05. Protocolo aprobado por el Comité de Ética del Servicio de Salud. Se analizaron 100 pacientes: edad 63 ± 14 años (27–91), 61% hombres, 31% rurales. El 81% era FONASA A-B o sin previsión, 50% tenía escolaridad básica o inferior (11% analfabetos) y 12% eran casos sociales. El 47% había estado hospitalizado en el último año. Índice de Charlson 5,2 ± 2,8; el 98% tenía al menos una comorbilidad: diabetes 57%, cardiopatía 55% (valvular en 20), enfermedad renal crónica 42% (28 en hemodiálisis, 23 con catéter), enfermedad neurológica 24%, pulmonar crónica 17% y daño hepático crónico 14%. Virus respiratorio en los 7 días previos en 5%. El 42% fueron nosocomiales, con 19,6 ± 27,4 días de hospitalización previa; en los 58 comunitarios los síntomas precedieron al ingreso en 4 ± 4,2 días. Nueve casos fueron SAMR. Puerta de entrada: dispositivo vascular 35%, cutánea 34%, respiratoria 10%, urinaria 6%, desconocida 15%. Presentaron neumonía 33% (bilateral 19, absceso pulmonar 10), compromiso osteoarticular 17%, endocarditis por ecocardiografía 15%, abscesos hepáticos o esplénicos 4%, compromiso de LCR 3% y peritonitis 2%. Sepsis 68%, shock 42%, SDRA 20%; ingresaron a UCI 29% y requirieron ventilación mecánica invasiva (VMI) 29%. Estadía 36 ± 35 días (1–200). Fallecieron 32, en 27 atribuible a la BSA. Diez cumplieron mortalidad precoz, sin correlación con edad, sexo ni comorbilidades, pero más frecuente en nosocomiales (OR 6,22; IC95% 1,2–32). Se asociaron a mortalidad (p≤0,05): shock (OR 40,9; IC95% 10,8–155), daño hepático crónico (19,8; 4,1–96), SDRA (8,03; 2,7–23,9), baja escolaridad (4,8; 1,9–12,4), alcoholismo y caso social (3,5; 1,0–12,2), VMI (3,4; 1,4–8,4), bacteriemia nosocomial (2,9; 1,2–6,8) e ingreso a UCI (2,6; 1,1–6,2). Los fallecidos tuvieron mayor Charlson (6,1 ± 2,9 vs 4,8 ± 2,7; p=0,027). La mortalidad en SAMR fue mayor que en SAMS (44,4% vs 30,8%), sin significación. No se asociaron edad, ruralidad, previsión, comorbilidades individuales salvo hepatopatía, tabaquismo ni dispositivos. En el multivariado persistieron la baja escolaridad (OR 3,5; IC95% 1,2–10,3; p=0,022) y el índice de Charlson (1,1; 1,0–1,3; p=0,045). En este centro de alta complejidad la BSA afectó a una población añosa, socialmente vulnerable y con múltiples patologías concomitantes. La prevalencia de SAMR fue baja y predominaron las puertas de entrada vascular y cutánea. Un número importante de casos fue nosocomial y de ellos el 38% se asoció a accesos vasculares centrales. Un tercio falleció, en la mayoría por la bacteriemia. Tras el ajuste, los factores independientes de mortalidad fueron la baja escolaridad y la carga de comorbilidad. El abordaje de los determinantes sociales de la salud y la prevención de infecciones asociadas a dispositivos pueden contribuir a disminuir la morbimortalidad de la BSA.

Folio 120

EXPRESIÓN CLÍNICA DE INFECCIÓN POR STAPHYLOCOCCUS AUREUS METICILINO RESISTENTE ADQUIRIDO EN LA COMUNIDAD EN POBLACIÓN PEDIÁTRICA DEL HOSPITAL PADRE HURTADO ENTRE 2023 Y 2025

Autor principal: Antonia Raquel Velasquez Dueñas
Co-autores: María Constanza Fernández Morandé; María Esperanza Saieg Viguera; Claudia Castillo; Pamela Rojas Soto; Pablo Vial Claro

Staphylococcus aureus meticilino resistente adquirido en la comunidad (SAMR-AC) constituye un patógeno relevante en pediatría, principalmente asociado a infecciones de piel y partes blandas (IPPB), aunque puede producir infecciones invasivas graves. La vigilancia epidemiológica local es fundamental para orientar el tratamiento antimicrobiano empírico y las estrategias de manejo. Caracterizar la expresión clínica de las infecciones por SAMR-AC en población pediátrica hospitalizada entre enero de 2023 y octubre de 2025. Secundariamente, describir características epidemiológicas, presentación clínica, tratamiento antimicrobiano y evolución hospitalaria. Estudio descriptivo, observacional y retrospectivo basado en datos del laboratorio de microbiología y fichas clínicas. De 2.341 cultivos positivos para S. aureus, 336 correspondieron a menores de 18 años. Tras excluir 109 cultivos repetidos en un mismo episodio, se obtuvieron 227 cultivos únicos, de los cuales 74 presentaron resistencia a oxacilina. Cuarenta y seis se asociaron a hospitalización; uno tenía registro clínico incompleto, por lo que el análisis final incluyó 45 casos (Figura 1). Se calcularon frecuencias, porcentajes y medidas descriptivas. El estudio contó con la aprobación del comité de ética institucional. De los 45 casos analizados, 24 (53,3%) correspondieron a sexo femenino. El grupo de 10 a <18 años fue el más frecuente (21; 46,7%), seguido de los menores de 2 años (13; 28,9%). La principal indicación de hospitalización fue la necesidad de tratamiento antimicrobiano endovenoso (20; 44,4%), seguida de aseo o drenaje quirúrgico (7; 15,6%) y fracaso de tratamiento oral previo (7; 15,6%). Las IPPB fueron la presentación predominante (34; 75,5%); el absceso cutáneo fue la manifestación más frecuente (14; 41,2% de las IPPB), seguido de celulitis aislada (8) y celulitis asociada a absceso (3). Las extremidades inferiores fueron la localización anatómica más frecuente de las IPPB (16 casos). Se registraron además 4 infecciones respiratorias y 2 infecciones del sistema nervioso central (Figura 2). El tratamiento empírico más utilizado fue clindamicina (13; 28,8%), seguido de cefazolina (10; 22,2%). Tras disponer de susceptibilidad antimicrobiana, cotrimoxazol fue el tratamiento definitivo más frecuente (30; 66,7%), seguido de vancomicina (6; 13,3%). La mediana de estadía hospitalaria fue 6 días. Cinco pacientes presentaron infección grave o invasiva; cuatro requirieron cuidados intensivos, cuatro procedimientos quirúrgicos para control de foco y tres presentaron hemocultivos positivos. Las complicaciones incluyeron shock séptico, trombosis del seno cavernoso, meningitis, empiema subdural y mediastinitis. La mediana de hospitalización de los casos graves fue 19 días. No se registraron fallecimientos. En esta cohorte, las infecciones por SAMR-AC afectaron principalmente a adolescentes y se manifestaron predominantemente como IPPB, especialmente abscesos y lesiones de extremidades inferiores. La heterogeneidad del tratamiento empírico contrastó con el predominio de cotrimoxazol como terapia definitiva. Aunque la mayoría presentó evolución favorable, se observaron infecciones invasivas con complicaciones graves y necesidad frecuente de cuidados intensivos y control quirúrgico de foco. Estos hallazgos respaldan la vigilancia epidemiológica local y el desarrollo de protocolos institucionales para optimizar el tratamiento antimicrobiano.

Folio 126

CARACTERÍSTICAS CLÍNICAS Y MICROBIOLÓGICAS DE BACTERIEMIAS POR STAPHYLOCOCCUS AUREUS EN UN HOSPITAL PEDIÁTRICO DE ALTA COMPLEJIDAD

Autor principal: Paula Chacón
Co-autores: María Ignacia Schirmer; Dona Nurit Benadof Fuentes; Mirta Isabel Acuña Ávila

Staphylococcus aureus es un agente frecuente de infecciones en pediatría y una causa importante de bacteriemia, con tasas de complicaciones y mortalidad no despreciables. En la población pediátrica, la evidencia es limitada; hasta un tercio de los casos ocurren en niños previamente sanos. En Latinoamérica existen reportes pediátricos que relacionan la mayor gravedad en la evolución del cuadro con bacteriemia persistente, resistencia a la meticilina y focos secundarios. En Chile hay escasa literatura sobre infecciones por S. aureus en población pediátrica. Describir las características demográficas, clínicas y microbiológicas de los casos pediátricos que presentaron bacteriemia por S. aureus atendidos en el Hospital Roberto del Río entre los años 2016 y 2019. Estudio observacional, retrospectivo de pacientes menores de 15 años que presentaron bacteriemia confirmada por S. aureus entre enero de 2016 y diciembre de 2019. Se analizaron edad, sexo, inmunocompromiso, presencia de catéter venoso central (CVC), hospitalización previa, comorbilidades, susceptibilidad a la meticilina, foco, duración de la positividad de los cultivos y desenlace. Las variables categóricas se resumieron en frecuencias y porcentajes y las continuas en mediana y rango. Cuenta con la autorización del Comité de Ética del Servicio de Salud Metropolitano Norte. Se detectaron 100 casos de bacteriemia con una mediana de edad de 25 meses (0–178); 42% fueron <1 año y 65% < 5 años. Predominó el sexo masculino (68%), 53% tenía comorbilidades, de los cuales 15 tenían inmunocompromiso y 4 tenían cardiopatía congénita. 35% fue usuario de CVC. 25% de los casos tenían antecedentes de hospitalización en los últimos 12 meses. El 92% de los aislamientos correspondió a SAMS. Respecto al foco primario, al ingreso, en un 82% no se documentó el foco, un 13% piel y partes blandas, un 3% foco osteoarticular, 1% foco pulmonar y 1% foco ocular. La duración registrada de positividad de los cultivos tuvo una mediana de 3 días (1–17). Si lo analizamos según la susceptibilidad a la meticilina, fueron 3 días para SAMS y 4 días para SAMR. Del total de bacteriemias, 36% tuvieron positividad por más de 3 días; entre ellos, 21 no presentaron foco secundario documentado, 7 foco osteoarticular y 1 mediastino. Solo 1 caso con antecedente de cardiopatía compleja tuvo como foco secundario endocarditis. Se observó una letalidad del 2%; uno de ellos se asoció al diagnóstico de neumonía con antecedente de displasia broncopulmonar, y el segundo sin comorbilidades, sin foco primario, pero con foco secundario en el mediastino. Ambos fueron SAMS, con un tiempo de persistencia de la positividad del hemocultivo de 7 y 1 días, respectivamente. En nuestro estudio se observó que se conserva una alta sensibilidad a meticilina en S. aureus aislados de bacteriemias (90%). La mayoría de los afectados fueron lactantes varones; la mitad de los pacientes presentaba comorbilidades. Más de un tercio era portador de CVC y una cuarta parte tenía hospitalización reciente. Hubo una leve disminución de la mediana de duración de las bacteriemias entre las causadas por SAMS y SAMR, siendo menor en 1 día para SAMS (3 días) que para SAMR (4 días). Estos resultados nos permiten sostener en nuestro centro el inicio empírico de cloxacilina frente a la sospecha de una bacteriemia por S. aureus y considerar como posible primer foco, el óseo, y realizar la búsqueda de endocarditis sólo en aquellos pacientes con factores de riesgo, ya que se observó una muy baja frecuencia de endocarditis (1%), concordante con la literatura internacional. A futuro, el desafío es buscar los factores de riesgo asociados a una evolución tórpida de una bacteriemia por este microorganismo.

Folio 133

EVALUACIÓN DEL MANEJO TERAPÉUTICO DE LOS ABSCESOS RENALES Y PERIRRENALES EN ADULTOS HOSPITALIZADOS: ESTUDIO RETROSPECTIVO DE CUATRO AÑOS

Autor principal: Cristian Antonio Orellana Chea

Los abscesos renales y perirrenales son complicaciones infrecuentes de las infecciones urinarias, cuyo manejo combina tratamiento antimicrobiano y, en casos seleccionados, procedimientos de control del foco. Aunque el tamaño de la colección orienta la necesidad de intervención, la evidencia que sustenta la duración del tratamiento antimicrobiano proviene principalmente de estudios retrospectivos y no establece si esta debe variar según el tamaño del absceso o la realización de procedimientos de control del foco. Evaluar el manejo terapéutico y la duración del tratamiento antimicrobiano según el tamaño del absceso en adultos hospitalizados con abscesos renales o perirrenales Estudio observacional retrospectivo, descriptivo y analítico, realizado en un hospital público de Santiago entre enero de 2021 y diciembre de 2024. Se revisaron los registros clínicos de pacientes ≥18 años con absceso renal o perirrenal de probable origen pielonefrítico, tamaño cuantificado, al menos un urocultivo y registro completo del tratamiento antimicrobiano. Los abscesos se clasificaron como pequeños (<3 cm), medianos (3–5 cm) o grandes (>5 cm). Se recopilaron características clínicas y microbiológicas, tratamiento inicial, modificaciones terapéuticas, procedimientos de control del foco y duración antimicrobiana. Las variables categóricas se expresaron como frecuencia y porcentaje, y las continuas como mediana y rango intercuartílico. La normalidad de la duración se evaluó mediante Shapiro-Wilk y su distribución entre los tres tamaños se comparó con Kruskal-Wallis, seguido de la prueba post hoc de Dunn con ajuste de Holm. Se consideró significativo un valor p<0,05. De 61 casos identificados, 47 cumplieron los criterios de selección. La mediana de edad fue 58 años (RIC 49–66); 42 pacientes fueron mujeres (89,4%) y 33 casos (70,2%) presentaban diabetes mellitus como diagnóstico concomitante predominante. Los abscesos se clasificaron como pequeños en 30 pacientes (63,8%), medianos en 14 (29,8%) y grandes en 3 (6,4%). El urocultivo fue positivo en 33 casos (70,2%), con predominio de Escherichia coli (66,7%). La monoterapia inicial con betalactámicos se utilizó en 35 pacientes (74,5%); 29 de ellos modificaron el esquema (61,7%) y 22 de ellos cambiaron a tratamiento oral. El manejo según tamaño se presenta en la Tabla 1. La mediana global de duración fue 21 días (RIC 14–26). La duración difirió entre los tres tamaños (Kruskal-Wallis, p=0,014), sin observarse un incremento progresivo: los abscesos medianos presentaron la mayor mediana y recibieron 7,5 días más de tratamiento que los pequeños (26,5 frente a 19 días; Dunn-Holm, p ajustado=0,011). Los abscesos grandes tuvieron una mediana de 21 días, resultado exclusivamente descriptivo por incluir tres casos (Figura 1). El manejo terapéutico se basó principalmente en betalactámicos, con modificaciones frecuentes del esquema inicial. La duración antimicrobiana varió según el tamaño del absceso y fue mayor en los abscesos medianos que en los pequeños. Sin embargo, el diseño observacional y el reducido número de abscesos grandes y procedimientos de control del foco impiden establecer una duración óptima o determinar el efecto de la intervención sobre esta. Estos resultados respaldan la necesidad de estandarizar criterios de seguimiento y finalización del tratamiento, y de realizar estudios prospectivos que evalúen la duración según tamaño y control del foco.

Folio 211

EPIDEMIOLOGÍA DE LOS FENOTIPOS DE TUBERCULOSIS RESISTENTE A FÁRMACOS EN CHILE: ESTUDIO NACIONAL BASADO EN REGISTROS, 2015-2025

Autor principal: José Daniel Conejeros Pavez
Co-autores: Salvador Vargas-García; Kasim Allel; Escobar Nadia; María Elvira Balcells; Eduardo A. Undurraga

La tuberculosis (TB) es una de las principales causas de muerte por un agente infeccioso, y la resistencia a fármacos es un obstáculo central para su control. En 2024 se estimaron 390.000 casos de TB resistente a rifampicina o multirresistente y 150.000 muertes en el mundo, con aumento en las Américas desde el año 2020. La vigilancia se ha centrado en la rifampicina, lo que puede subrepresentar la resistencia a isoniazida, el fenotipo más frecuente en el mundo y asociado a fracaso, recaída y multirresistencia posterior. Además, el indicador compuesto de resistencia a rifampicina y multirresistencia supone una misma población de riesgo, supuesto no examinado en países de baja carga y alta migración. Chile universalizó el Xpert MTB/RIF Ultra y dispone del módulo Xpert XDR, que perfila isoniazida al diagnóstico. La resistencia a isoniazida se detecta y reporta, pero la resistencia a rifampicina sigue siendo el indicador programático, estable en torno al 2% desde 2018 sobre una incidencia en aumento. Caracterizar qué perfiles aparecen, en quiénes y con qué consecuencias es condición previa para decidir dónde intervenir. El objetivo de este estudio es caracterizar la TB resistente a isoniazida (TB-HR), a rifampicina (TB-RR) y multirresistente (TB-MDR) en Chile entre 2015 y 2025 según magnitud, tendencia, determinantes, estructura de factores de riesgo y desenlaces de tratamiento, con la TB sensible como comparador, y evaluar si constituyen una población epidemiológica homogénea. Se utiliza el registro poblacional 31.240 notificaciones del Programa Nacional de Control y Eliminación de la TB entre 2015 y 2025. Los perfiles siguieron la nomenclatura de la OMS, con la TB sensible (TB-S) como referencia. Se excluyeron 47 casos de perfiles con n insuficiente, quedando 31.193. Tasas y tendencia se estimaron con modelos de Poisson sobre casos nuevos y proyecciones de población del INE. Los determinantes se estimaron con regresiones logísticas de cada perfil contra TB-S, ajustadas por sexo, edad, nacionalidad, diez factores de riesgo clínico-sociales y efectos fijos de año y macrozona. La co-ocurrencia de factores se examinó con redes y matrices bajo ocho medidas y detección de comunidades. Los desenlaces se modelaron con regresión de Cox, tratando el traslado a segunda línea como censura administrativa. Se identificaron 527 casos TB-HR, 220 TB-RR y 251 TB-MDR. La TB-HR superó a los otros dos sumados y su incidencia aumentó de 0,18 a 0,31 por 100.000 (+5,3% anual; p<0,001), mientras TB-RR y TB-MDR se mantuvieron bajo 0,16 sin tendencia significativa. En las redes, ser extranjero fue el nodo más central en los tres fenotipos, y el conglomerado de alcoholismo, drogas y situación de calle se integró con privación de libertad solo en TB-MDR. La nacionalidad peruana elevó el riesgo con intensidad dispar, OR (IC95%) 2,63 (1,98-3,49) en TB-HR, 2,84 (1,94-4,16) en TB-RR y 5,64 (4,04-7,88) en TB-MDR. Ser mujer redujo el riesgo de TB-RR (0,65; 0,46-0,89) y lo aumentó en TB-MDR (1,47; 1,13-1,91). El VIH se asoció con TB-RR (2,81; 2,01-3,93) y TB-MDR (1,64; 1,13-2,38), y la situación de calle solo con TB-HR (1,73; 1,20-2,48). Los tres fenotipos lograron éxito terapéutico con menor probabilidad que TB-S, HR 0,56 (0,41-0,76), 0,28 (0,14-0,54) y 0,27 (0,13-0,54), sin asociación con mortalidad ni abandono. La muerte se asoció a edad ≥60 años (HR 13,71; 4,40-42,78), VIH (3,15; 2,55-3,89) y situación de calle (1,76; 1,37-2,28), y el abandono a consumo de drogas (2,38; 1,89-2,99) y situación de calle (2,56; 2,01-3,25). La TB-resistente no constituye un bloque homogéneo, sino que emergen al menos tres poblaciones distintas en sexo, migración, comorbilidad y territorio, lo que cuestiona los indicadores que fusionan resistencia a rifampicina y multirresistencia. La TB-HR es el fenotipo más frecuente y el único con tendencia creciente significativa; el país tiene capacidad para detectarla, pero requiere incorporarla como indicador programático propio. El perfil determina la curación, pero la muerte y el abandono dependen de la vulnerabilidad social, la edad y, en la muerte, el VIH, por lo que la respuesta debe combinar el esquema específico para TB-HR con intervenciones sociales dirigidas.

Folio 237

FIEBRE SIN FOCO EN PEDIATRÍA: ¿EN QUÉ ESTAMOS EN CHILE?

Autor principal: Daniel Cortés Guerra
Co-autores: Daniela Martínez Rozas; Stephania Passalacqua Hidalgo; María Eugenia Castro Moraga

Fiebre sin foco se considera ante un lactante con fiebre que tras anamnesis y examen físico no se logra precisar causa. Es un problema relevante, asociado al consumo de antimicrobianos y hospitalizaciones. Se han desarrollado guías de estratificación de riesgo que definen grupos etarios, tipo de estudio requerido y recomendación de conductas terapéuticas por diversos grupos o sociedades, las cuales varían esencialmente en las agrupaciones etarias y laboratorio a realizar. Esto último permite definir conductas de evaluación y manejo, concentrándose en descartar infección bacteriana invasora o infección bacteriana severa. Explorar estado actual del arte de fiebre sin foco en lactantes en Chile Estudio descriptivo, transversal, basado en aplicación de encuesta no incentivada y voluntaria desarrollada por los investigadores para los objetivos planteados, dirigida a médicos de referencia en pediatría de los principales hospitales públicos de cada región de Chile, indagando aspectos organizacionales, recursos de laboratorio y humanos. Se obtuvo respuesta de 31 centros, pertenecientes a las 16 regiones del país. En 22 de éstos (70%) existe infectólogo pediátrico y sólo un tercio (11) cuenta con guía clínica de fiebre sin foco. La mayoría considera lactantes menores de 90 días para análisis, sólo 1 incorpora menores de 60 días. Para neonatos todos recomiendan hospitalizar, punción lumbar y uso de antimicrobianos. En lactantes menores de 90 días, 24 centros (77%) hospitalizan solo con alto riesgo, 5 (16%) indican siempre punción lumbar. Todos cuentan con hemocultivos automatizados, cultivo convencional líquido cefalo-raquídeo (LCR), hemograma y proteína C reactiva, con 26 (84%) contando además con procalcitonina. Existe alta disponibilidad de estudio biología molecular para virus y LCR, en 87% de los centros. La mitad de los encuestados (15) contempla estrategia decisión compartida (shared) para hospitalizar válida para nuestro país, planteando de manera unánime la necesidad de consenso nacional respecto al tema por expertos. En centros de Chile que atienden lactantes con fiebre sin foco existe mayoritariamente recomendación de clasificar neonatos como menores 28 días y lactantes menores entre 29 a 90 días. Se constata adecuada disponibilidad de laboratorio acorde a estándares internacionales. Destaca la falta de guía clínica en la materia en múltiples centros, planteándose necesidad de consenso nacional en forma transversal.

Folio 248

AUMENTO DE LA GRAVEDAD CLÍNICA DE LAS INFECCIONES POR STREPTOCOCCUS PYOGENES EN NIÑOS HOSPITALIZADOS EN CHILE DURANTE 2024–2025: UN ESTUDIO DE COHORTE NO CONCURRENTE

Autor principal: Andrea Alarcon Matheus
Co-autores: Gonzalo Alarcón Andrade; Katia Abarca Villaseca; María Prat Vial; Gonzalo Valenzuela Galaz

En los últimos años se ha observado un aumento de las infecciones por Streptococcus pyogenes (SGA) a nivel internacional, junto con cambios en su epidemiología molecular, como la expansión del linaje M1UK. En Chile, el Instituto de Salud Pública y el Ministerio de Salud reportaron un marcado incremento durante 2024, mientras que estudios de vigilancia molecular identificaron la circulación del linaje M1UK. Sin embargo, no está claro si este aumento se asoció a mayor gravedad en la población pediátrica. Comparar las características clínicas y desenlaces de gravedad de pacientes pediátricos hospitalizados por infección por SGA durante 2024–2025 respecto de años previos en Chile. Estudio de cohorte no concurrente, realizado en dos centros terciarios de Santiago, que incluyó pacientes menores de 18 años hospitalizados por infección por SGA entre 2016 y 2025. Mediante revisión retrospectiva de fichas clínicas, se recolectaron variables clínicas, epidemiológicas y microbiológicas. Los episodios se clasificaron como enfermedad invasora confirmada, invasora probable o no invasora mediante criterios estandarizados. Se definieron dos períodos epidemiológicos: 2016–2023 y 2024–2025, considerando el marcado aumento de las infecciones por SGA documentado en Chile en 2024. Para el análisis bivariado se utilizaron x^2 de Pearson, test exacto de Fisher y Wilcoxon, según correspondiera. Se realizaron modelos de regresión logística para evaluar la asociación entre el período epidemiológico y los desenlaces de gravedad dicotómicos, reportando razones de chance (OR) crudos y ajustados, con sus intervalos de confianza al 95% (IC 95%). Para los desenlaces numéricos, se realizaron modelos de regresión binomial negativa, reportando razones de tasas de incidencia (IRR) crudos y ajustados, con sus IC 95%. Por cada desenlace se realizaron ocho modelos, manteniendo edad, sexo y período epidemiológico, e incorporando alternativamente comorbilidades y antecedentes de vacunación contra influenza y varicela, a manera de análisis de sensibilidad. Se consideró significativo $p<0,05$. El estudio fue aprobado por los Comités Ético-Científicos de ambos centros. Se incluyeron 174 pacientes, 91 (52,3%) hospitalizados en 2016–2023 y 83 (47,7%) en 2024–2025. Del total, 58 (33,3%) presentaron enfermedad invasora, 46 (79,3%) confirmada, y 116 (66,7%) enfermedad no invasora. La proporción de enfermedad invasora (30,8% vs 36,1%; p=0,452) y su distribución entre confirmada y probable fueron similares entre períodos. La mediana de edad fue 7,18 años (RIC 3,66–11,32), sin diferencias en edad, sexo ni estado nutricional. Las comorbilidades fueron más frecuentes en 2024–2025 (56,6% vs 26,4%; p<0,001), al igual que hipotensión (27,7% vs 12,1%; p=0,009), sepsis (28,9% vs 13,2%; p=0,011), síndrome de shock tóxico estreptocócico (STSS) (25,3% vs 11,0%; p=0,014), celulitis (36,1% vs 17,6%; p=0,006) y manifestaciones pulmonares (27,7% vs 14,3%; p=0,029). También fueron mayores la duración del tratamiento antibiótico intravenoso [7 (RIC 5–12) vs 4 días (RIC 2–9); p=0,001], el uso de inmunoglobulina intravenosa (27,7% vs 11,0%; p=0,005), el requerimiento de ventilación mecánica invasiva (VMI) (24,1% vs 7,7%; p=0,003) y la duración de la hospitalización [6 (RIC 4–14) vs 4 días (RIC 2–9); p=0,002]. No hubo diferencias en ingreso a UCI, cirugía ni mortalidad intrahospitalaria, con 2 fallecimientos (1,15%): 1 en cada período (1,10% vs 1,20%; p=1,000). En el análisis multivariable ajustado por edad y sexo, 2024–2025 se asoció con sepsis (aOR 2,63; IC 95% 1,21–5,75), STSS (aOR 2,73; IC 95% 1,19–6,31), VMI (aOR 3,93; IC 95% 1,54–10,01), hospitalización >5 días (aOR 2,11; IC 95% 1,14–3,89) y mayor duración de hospitalización (aIRR 1,48; IC 95% 1,11–1,97). Durante 2024–2025, los niños hospitalizados por infección por SGA en dos centros de Chile presentaron mayor gravedad respecto del período 2016–2023, sin un aumento concomitante en la proporción de enfermedad invasora. Estos hallazgos sugieren un cambio reciente en la expresión clínica de la enfermedad, probablemente asociado a cambios en los linajes circulantes, fundamentando la necesidad de integrar la caracterización molecular en la vigilancia epidemiológica.

Folio 253

CARACTERIZACIÓN CLÍNICA Y FACTORES RELACIONADOS A MUERTE POR INFECCIÓN POR CLOSTRIDIOIDES DIFFICILE EN PACIENTES ONCOHEMATOLÓGICOS: EXPERIENCIA DE UN CENTRO HOSPITALARIO EN CHILE

Autor principal: Valeria Peña
Co-autores: Cristian Trejos; Rodrigo Mendoza; Maria Fernanda Yarad; Javier Tinoco; Paulo Charpentier; Carolina Galindo; Ivonne Flores; Diego Olea; Catalina Morales; Danae Palma; Nicolas Ramos; Andres Soto

La infección por C. difficile (ICD) corresponde a una de las causas más relevantes de diarrea nosocomial, especialmente en pacientes con exposición previa a antimicrobianos (ATM). En Chile, no existen estudios que analicen la epidemiología de esta infección, específicamente en poblaciones de inmunocomprometidos oncohematológicos. Determinar las características clínicas de los pacientes con ICD atendidos en un centro oncológico en Chile. Estudio observacional, tipo cohorte retrospectiva, realizado en FALP. La selección de casos se realizó mediante la pesquisa de estudios de toxina A/B por inmunocromatografía, panel molecular gastrointestinal y/o PCR C. difficile positivos para dicho agente, desde los registros del Laboratorio de Microbiología, entre 01/01/2014 y 31/08/2026. Todos los casos fueron evaluados por Infectología. Desde la ficha clínica de cada paciente, se recopiló información sobre variables epidemiológicas, clínicas, microbiológicas, terapéuticas, y se ingresaron a REDCap. Se definió la gravedad de los episodios de ICD según criterios IDSA/SHEA y ECIL-10. Los resultados se expresaron en frecuencias absolutas y porcentajes para las variables cualitativas, y en medianas y rangos intercuartiles (RIC) para las continuas. Se utilizaron pruebas de chi-cuadrado y test de Fisher según correspondió, y U de Mann-Whitney para establecer diferencias entre casos fallecidos y no, entre las variables categóricas y cuantitativas, respectivamente. Se realizó un análisis multivariado por regresión logística, para establecer factores relacionados a muerte. Se utilizó software Stata SE v.19. En el período señalado, se identificaron 63 pacientes con ICD. La mediana de edad fue de 61 años (RIC 47 – 68). 54% fueron mujeres. Del total de los episodios, 29,9% correspondió a cuadros graves y 6,0% a episodios fulminantes/complicados. 14,3% cursó con recurrencias posteriores. 73,0% tenía un cáncer sólido de base, siendo las neoplasias más frecuentes cáncer colorrectal (30,2%), leucemia mieloide aguda (17,5%) y cáncer de mama (7,9%). Sólo un 7,94% tenía un trasplante de progenitores hematopoyéticos. La mediana de leucocitos fue 7,4 × 10^3/µL (RIC 3,47-11,48), con un 26,1% de leucopenia. La mediana de creatinina fue 0,93 mg/dL (RIC 0,75-1,13) y de albúmina 3,3 gr/dL (RIC 3,0-3,7). 82,0% tenía uso previo de ATM, principalmente carbapenémicos (42,9%) y cefalosporinas (36,5%). En los últimos 90 días previos, un 65,2% había recibido quimioterapia (QT), 27,5% corticoides, 47,5% tenían una cirugía y 42% tenía antecedente de estadía en UPC. 58,0% eran usuarios de inhibidores de la bomba de protones (IBP). 18,8% requirió nutrición parenteral. Todos los casos fueron tratados con vancomicina oral, y un 34% recibió terapia asociada con metronidazol. Sólo 3 pacientes recibieron además vancomicina en enema y dos tigeciclina, por íleo y/o gravedad clínica. La mortalidad a 30 días fue de 11,1% y a 90 días 15,6%. La mortalidad fue significativamente mayor en relación a la ocurrencia de un episodio fulminante (p=0,017), al uso de IBP (p=0,038), al ingreso a previo a UPC (p=0,049), a la presencia de hipoalbuminemia (p=0,004) y a neoplasias sólidas (p=0,029). En el análisis multivariado, los factores asociados a muerte fueron presentar un episodio grave/fulminante OR 4,70 [IC 95% 1,23-14,16, p =0,022] e hipoalbuminemia OR 0,08 [IC 95% 0,01-0,49, p=0,006]. En esta serie, la ICD se presentó principalmente en personas mayores y relacionada a tumores sólidos, con una alta frecuencia de uso previo de ATM y con una mortalidad a 90 días similar a lo publicado en otros estudios. El uso previo de QT e IBP fueron prevalentes, así como el

antecedente de cirugía reciente. Se encontró una frecuencia cercana a 30% de episodios graves, mayor respecto a lo reportado en otras series, a pesar de la baja frecuencia de leucocitosis o falla renal como criterios de gravedad, lo que refleja la necesidad de utilizar escalas pronósticas adaptadas a la población oncohematológica. La mortalidad estuvo relacionada predominantemente a la ocurrencia de episodios fulminantes y a la presencia de hipoalbuminemia.

Folio 269

IMPACTO PROLONGADO DE LA PANDEMIA DE COVID-19 SOBRE LOS DESENLACES DE LA TUBERCULOSIS EN CHILE, 2015–2025: ANÁLISIS NACIONAL MULTINIVEL Y DE SERIES TEMPORALES INTERRUMPIDAS

Autor principal: Salvador Vargas García
Co-autores: Nadia Escobar Salinas; Eduardo Andrés Undurraga Fourcade; María Elvira Balcells Marty

El COVID-19 interrumpió el diagnóstico y la atención de la tuberculosis (TB) a escala mundial, pero aún persiste la incertidumbre respecto a si sus efectos sobre los desenlaces de esta enfermedad fueron transitorios o se prolongaron más allá de la fase aguda de la emergencia sanitaria. Dado que el éxito del tratamiento de la TB depende de una pesquisa precoz y de un tratamiento estrechamente supervisado durante meses, las alteraciones en el seguimiento y en la prestación de servicios —sumadas al deterioro de las condiciones socioeconómicas— pudieron afectar su curso durante y después de la pandemia. El objetivo fue evaluar el impacto de la pandemia de COVID-19 en los desenlaces desfavorables del tratamiento de la TB en Chile entre 2015 y 2025, considerando factores individuales y cambios en la trayectoria temporal antes y después del inicio de la pandemia (marzo de 2020). Estudio retrospectivo nacional basado en registros del Programa de Control y Eliminación de la Tuberculosis. Se incluyeron casos notificados entre enero de 2015 y diciembre de 2025. El resultado de interés fue el desenlace desfavorable del tratamiento (fracaso, recaída, muerte, abandono, no inicio del tratamiento o resistencia adquirida). Se estimaron modelos de regresión logística multinivel con intercepto aleatorio por comuna, ajustados por características demográficas, clínicas y sociales. Enero de 2015 a febrero de 2020 fue el periodo de referencia, y se estimaron efectos para marzo a diciembre de 2020 y para cada año entre 2021 y 2025. Se analizó una serie temporal mensual interrumpida , con marzo de 2020 como interrupción principal, con ajuste por mes calendario y errores estándar de Newey–West con 12 rezagos. Además, se evaluaron posibles cambios de trayectoria para 2025. Se incluyeron 30.338 adultos con TB (≥15 años). 4.748 (15,65%) presentaron un desenlace desfavorable. Antes de la pandemia, el 13,69% de los pacientes presentó un desenlace desfavorable, que aumentó al 17,31% tras su inicio. También aumentaron las proporciones de personas extranjeras (del 19,92% al 28,83%), en situación de calle (del 4,09% al 5,39%) y de usuarios de drogas (del 9,69% al 15,07%). En el modelo logístico multinivel, el período posterior a marzo de 2020 se asoció con una mayor probabilidad de desenlace desfavorable (aOR 1,27; IC 95% 1,19–1,36). Las asociaciones de mayor magnitud se observaron para TB resistente a fármacos (aOR 2,76; 2,39–3,19), situación de calle (aOR 2,45; 2,15–2,78), coinfección por VIH (aOR 2,02; 1,82–2,23), uso de drogas (aOR 1,89; 1,71–2,09) y TB pulmonar (aOR 1,63; 1,48–1,80). La serie temporal mostró una tendencia prepandémica estable (+0,02 puntos porcentuales [pp]/año; IC95% −0,52 a 0,56), sin evidencia estadísticamente significativa de una interrupción inmediata en marzo de 2020 (+1,37 pp; −0,58 a 3,33). Sin embargo, entre marzo de 2020 y diciembre de 2024, la proporción de desenlaces desfavorables aumentó en +1,22 pp/año (0,90-1,55). En enero de 2025 se observó una reducción inmediata de −5,00 pp (−6,71 a −3,28); durante 2025, la pendiente fue de −1,56 pp/año (−4,16 a 1,05). Estos resultados son consistentes con un deterioro progresivo y acumulativo de los desenlaces del tratamiento durante el período 2020-2024. Solo a partir de 2025 se observó una reducción de nivel respecto de la trayectoria previa, aunque aún no hay evidencia suficiente para establecer una tendencia descendente sostenida. Los resultados sugieren que el impacto asociado al período posterior al inicio de la pandemia se manifestó en un deterioro progresivo y persistente de los desenlaces desfavorables del tratamiento de la TB durante varios años. Otros factores independientes fueron: TB resistente a fármacos, coinfección por VIH y condiciones de vulnerabilidad social. La reducción de nivel observada en 2025 podría reflejar una modificación de la trayectoria observada entre 2020 y 2024, aunque será necesario un seguimiento adicional para determinar si se trata de un cambio sostenido en el tiempo. Estos resultados refuerzan la necesidad de mantener la continuidad del tratamiento durante períodos de disrupción sanitaria y de focalizar las intervenciones en los grupos con mayor vulnerabilidad clínica y social.

Folio 24

NEUROINVASIÓN Y CONSECUENCIAS A LARGO PLAZO DE LA INFECCIÓN POR EL VIRUS DEL NILO OCCIDENTAL EN UN MODELO MURINO

Autor principal: Sofía Robbiano Muñoz
Co-autores: Mazarine Gerardy; Alessandro Lorusso; Tetyana Petrova; Laurent Gillet; Daniel Desmecht; Tomás Casanova; Mutien Garigliany

El virus del Nilo Occidental (VNO) es un Orthoflavivirus neurotrópico capaz de producir meningitis, encefalitis y mielitis en seres humanos, y los pacientes que sobreviven a la enfermedad neuroinvasiva pueden presentar alteraciones neurológicas, motoras y cognitivas que persisten luego de la fase aguda (Hart et al., 2014). El patógeno es trasmitido por vectores artrópodos, comúnmente por mosquitos (esp. género Culex). En este contexto, Chile podría enfrentar un riesgo creciente respecto de la introducción y establecimiento del VNO, dado que el cambio climático, globalización y migración humana y animal, aumentarían la idoneidad ambiental y la distribución potencial de mosquitos vectores competentes, particularmente de Culex pipiens, favoreciendo su expansión hacia zonas previamente categorizadas como no adecuadas y elevando la posibilidad de transmisión local ante una eventual introducción del virus (Figueroa et al., 2015). La cepa NY99, perteneciente al linaje 1, presenta un fenotipo altamente neuroinvasivo y letal en modelos murinos, por lo que se utiliza como cepa virulenta de referencia en estudios experimentales de patogénesis del WNV (Kumar et al., 2014). Sin embargo, la relación entre la gravedad de la infección aguda, la recuperación funcional, conductual y la persistencia de lesiones en el sistema nervioso central todavía requieren una caracterización longitudinal más completa (Weatherhead et al., 2015). Caracterizar la evaluación clínica, conductual y neuropatológica de la infección por la cepa WNV-NY99 (NY99) durante la fase aguda y a largo plazo en un modelo murino. Ratones C57BL/6J de seis semanas fueron inoculados vía subcutánea en la almohadilla plantar. Se incluyeron animales control no infectados. Durante la fase aguda, los animales fueron evaluados diariamente mediante seguimiento de la sobrevivencia, peso corporal, signos clínicos y neurológicos, durante 14 días posterior a la infección (dpi). Una subcohorte fue monitorizada mediante Videotracking, método no invasivo y que no requiere de la manipulación de los animales. La evaluación se realizó durante 10 dpi para evaluar variables relacionadas con locomoción, actividad, tiempo en comedero y bebedero, interacción social y utilización del refugio. Los animales sobrevivientes fueron evaluados nuevamente a los 30 dpi. Los resultados fueron normalizados respecto del grupo control correspondiente. Finalmente, se realizó la descripción de sus lesiones encefálicas mediante tinción con H&E para identificar lesiones inflamatorias persistentes, concentración de ARN viral. La infección por NY99 produjo una enfermedad aguda de gravedad intermedia/alta, caracterizada por la pérdida de peso, disminución de la actividad y aparición progresiva de signos clínicos y neurológicos. La mortalidad alcanzó el 60% durante la fase aguda. El peso corporal disminuyó aproximadamente un 10% a los 8 dpi. Los animales sobrevivientes presentaron posteriormente una recuperación progresiva, alcanzando valores cercanos al peso inicial hacia el día 14. El monitoreo automatizado evidenció alteraciones variables relacionadas con la locomoción, la actividad, el tiempo en comedero y bebedero, la interacción social y la utilización del refugio durante la fase aguda. Aun cuando los animales sobrevivientes no presentaron alteraciones clínicas evidentes durante la observación directa y manipulación, el Videotracking evidenció modificaciones conductuales concretas detectables a los 30 dpi. El estudio histopatológico evidenció lesiones inflamatorias, incluyendo meningitis, infiltración inflamatoria perivascular, satelitosis y neuronofagia. Además, mediante RT-qPCR se detectó ARN viral en tejido cerebral. Este virus zoonótico emergente produjo una enfermedad neurológica aguda caracterizada por pérdida de peso, alteraciones conductuales y una elevada mortalidad. En los animales sobrevivientes, la recuperación clínica progresiva coexistió con alteraciones conductuales y lesiones encefálicas. Estos resultados indican que la infección por NY99 puede generar consecuencias neurológicas persistentes y respaldan el uso de evaluaciones longitudinales que integren parámetros clínicos, conductuales y neuropatológicos para estudiar secuelas posteriores a la infección por el VNO.

Folio 60

ESTATUS VACUNAL DE NIÑOS AL DIAGNOSTICO DE CANCER

Autor principal: Romina Valenzuela Cortes
Co-autores: Montserrat Rios Ortega; Beatriz Silva Vargas; Josefina Rodriguez Carrasco; Maria Elena Santolaya De Pablo

Los niños con cáncer presentan mayor riesgo de complicaciones infecciosas, especialmente durante el tratamiento oncológico. Conocer su estatus vacunal al diagnóstico permite identificar brechas de inmunización y planificar el seguimiento. En Chile no se dispone de registros nacionales que describan esta situación. Describir el estatus vacunal en relación a las coberturas, en niños con cáncer al momento del diagnóstico, según el calendario nacional de inmunizaciones vigente para su edad y año de nacimiento y vacunas de campaña en centros de la red PINDA en Chile, comparando con las coberturas nacionales. Estudio descriptivo, prospectivo y multicéntrico, realizado entre agosto de 2025 y junio de 2026 en diez hospitales de la red PINDA, en el marco del estudio FONDECYT 1251720. Se incluyeron pacientes menores de 18 años con diagnóstico de cáncer y registro de vacunación disponible. Se obtuvo consentimiento informado y asentimiento en mayores de 12 años, con aprobación de los comités de ética correspondientes. Un infectólogo pediatra clasificó el esquema PNI como completo o incompleto según edad, año de nacimiento y calendario vigente. Para influenza se evaluó el registro de vacunación entre quienes tenían indicación por edad. Se utilizaron coberturas nacionales de 2025 como referencia descriptiva. Las variables se resumieron mediante frecuencias, porcentajes y mediana con rango intercuartílico (RIC). Se enrolaron 124 pacientes y se excluyeron 11 sin información vacunal disponible. En los 113 evaluados, la mediana de edad fue de 7 años (RIC: 3-10) y el 58,4% era de sexo masculino. El 84,1% (95/113) tenía un esquema PNI completo. De los 103 pacientes con indicación de vacuna contra influenza, el 76,7% (79/103) contaba con registro de vacunación y el 23,3% (24/103) no. El cumplimiento del PNI fue de 83,3% en menores de un año; 100% entre 12 y 17 meses; 86% entre 18 meses y 6 años; 71,4% entre 7 y 9 años; 88% entre 10 y 13 años, y 100% en mayores de 13 años. Los porcentajes fueron numéricamente menores que los indicadores nacionales seleccionados en menores de un año, entre 18 meses y 6 años y entre 7 y 9 años. Estas comparaciones son referenciales, pues contrastan esquemas completos con coberturas de vacunas y dosis específicas. Para influenza, la cobertura fue de 68% entre 6 meses y 5 años y de 85,7% entre 6 y 10 años. Según escolaridad del cuidador, el cumplimiento del PNI fue de 89,6% con educación media, 88,2% con educación superior y 71,4% con educación básica; el reducido tamaño de este último grupo limita su interpretación. Aproximadamente uno de cada seis niños presentó un esquema PNI incompleto al diagnóstico de cáncer y casi uno de cada cuatro con indicación de vacuna contra influenza carecía de registro de vacunación. Estos hallazgos respaldan la revisión sistemática del estatus vacunal al diagnóstico y la coordinación entre oncología, infectología y los equipos de vacunación para planificar el seguimiento según la situación clínica. El tamaño muestral, la exclusión de pacientes sin registros y las diferencias entre los indicadores comparados limitan la generalización. Se requiere caracterizar las dosis pendientes y las causas del incumplimiento.

Folio 161

ETIOLOGÍA, PERFIL MICROBIOLÓGICO Y DESENLACES DE LA BACTERIEMIA EN PACIENTES CON NEUTROPENIA FEBRIL: COHORTE MULTICÉNTRICA DE LA RED KERALTY (COLOMBIA), 2022–2026

Autor principal: Claudia Patricia Cañadas-Aragón
Co-autores: Jose Millán Oñate-Gutierrez; Lina Marcela Sandoval-Moreno; Carlos Arturo Alvarez-Moreno

La bacteriemia es la complicación infecciosa más grave de la neutropenia febril (NF) en pacientes onco-hematológicos y una causa principal de mortalidad. Su epidemiología microbiológica es dinámica y varía entre regiones, con un resurgimiento global de los bacilos gramnegativos y de la resistencia antimicrobiana que condiciona la elección del tratamiento empírico. En el contexto iberoamericano la información multicéntrica es escasa, lo que limita la actualización de las guías locales de manejo empírico. Describir la etiología, la distribución por tipo de tinción de Gram y los desenlaces clínicos de los episodios de bacteriemia en pacientes con NF atendidos en cuatro sedes de la Red Keralty. Estudio observacional analítico de cohorte retrospectiva multicéntrica. Se incluyeron episodios de bacteriemia confirmada por hemocultivo en pacientes adultos con neutropenia (recuento absoluto de neutrófilos documentado) atendidos entre 2022 y 2026 en cuatro sedes (CUC, Sebastián, CRS y CPED). Se construyó una base consolidada que enlazó los registros de laboratorio de neutrófilos con los datos microbiológicos (WHONET) de los hemocultivos. Se registraron variables demográficas, microorganismo aislado, escalas de severidad y desenlaces. El desenlace primario fue la mortalidad intrahospitalaria. Las variables cualitativas se expresan como frecuencias y las cuantitativas como mediana con rango intercuartílico (RIC). La comparación de mortalidad entre grupos se realizó con la prueba de chi-cuadrado. Se analizaron 567 episodios de bacteriemia. La edad mediana fue 60,5 años (rango 19–94) y el 51,1% fueron hombres. La distribución por sede fue CUC 68,8%, Sebastián 20,3%, CRS 5,5% y CPED 5,5%. Predominaron los bacilos gramnegativos (75,7%), seguidos de los cocos grampositivos (21,5%), hongos (1,4%) y anaerobios (1,4%). Las enterobacterales representaron el 62,6% de los aislamientos. Los microorganismos más frecuentes fueron Escherichia coli (28,2%), Klebsiella pneumoniae (26,8%), Pseudomonas aeruginosa (8,1%), Staphylococcus aureus (6,7%) y Staphylococcus epidermidis (6,2%); los no fermentadores sumaron 11,3%. La mediana de estancia hospitalaria fue de 20 días (RIC 9–34). La mortalidad intrahospitalaria global fue del 31,2% (177/567) y la mortalidad temprana a 14 días del 19,2%. La mortalidad fue significativamente mayor en las bacteriemias por gramnegativos que por grampositivos (34,9% frente a 16,9%; p<0,001). En esta cohorte multicéntrica iberoamericana la bacteriemia en NF fue predominantemente por bacilos gramnegativos, con E. coli y K. pneumoniae como agentes dominantes y una elevada mortalidad intrahospitalaria, mayor en los episodios por gramnegativos. Estos hallazgos respaldan una cobertura empírica antipseudomónica dirigida a gramnegativos y refuerzan la necesidad de vigilancia local continua de la etiología y la resistencia para optimizar el tratamiento empírico.

Folio 192

PERFIL MICROBIOLÓGICO E IMPACTO CLÍNICO DE LOS CULTIVOS DE LÍQUIDO DE TRANSPORTE Y DE PERFUSIÓN DEL INJERTO HEPÁTICO EN UN PROGRAMA DE TRASPLANTE CON HOPE/D-HOPE

Autor principal: Cristobal Levet
Co-autores: Daniel Garcia; Valeria Galaz; Camila Olivares; Julio Benitez; María Acuña; María Iturrieta; Jose Morales; Karol Villalobos; Alejandro Brañes; Edmundo Martínez; Rodrigo Wolff; Blanca Norero; Cristian Diaz; Erwin Buckel; Rolando Rebolledo

La contaminación del líquido de transporte (LT) y del líquido de perfusión (LP) del injerto hepático es una posible fuente de infección derivada del donante. Los cultivos positivos son frecuentes (37% en un metaanálisis), pero predominan microorganismos de baja virulencia y no está claro si conviene cultivarlos de rutina ni qué hacer con un resultado positivo. No hay evidencia chilena publicada, menos aún con perfusión hipotérmica oxigenada (HOPE/D-HOPE), que agrega una etapa más de manipulación del injerto. Describir los microorganismos aislados en LT y LP de injertos hepáticos sometidos a HOPE/D-HOPE y evaluar su asociación con infección y mortalidad a 90 días. Estudio observacional retrospectivo de todos los trasplantes hepáticos de un hospital público de Santiago entre octubre de 2022 y agosto de 2025. Los injertos provinieron de donantes en muerte encefálica y recibieron HOPE o D-HOPE. Se tomó una muestra de 5 a 10 mL del LT al abrir el contenedor y otra del LP una vez conectado el circuito, ambas en frascos de hemocultivo. Antes del análisis se definió una lista de patógenos: Enterobacterales, Pseudomonas spp., S. maltophilia, Acinetobacter spp., S. aureus, S. lugdunensis, Enterococcus spp., estreptococos betahemolíticos, S. pneumoniae, grupo viridans, Neisseria spp. y cualquier hongo. Se consideró infección el inicio de tratamiento antimicrobiano no profiláctico. Desenlace primario: positividad de los cultivos. Secundarios: infección y mortalidad a 90 días. Los riesgos relativos (RR) se estimaron con regresión de Poisson modificada con varianza robusta. En el subgrupo con patógeno la mortalidad se analizó con regresión logística penalizada de Firth por el bajo número de eventos. Aprobado por comité de ética. Hubo cultivo de LT en 133 trasplantes y de LP en 139 (ambos en 111). El LT fue positivo en 64 (48,1%) y el LP en 45 (32,4%), 23 en ambos. Se identificaron 157 aislados (88 en LT y 69 en LP). Predominaron los estafilococos coagulasa negativa con 98 (62,4%), seguidos de Streptococcus spp. (12), Enterococcus faecium (9), Candida albicans (6), E. faecalis (4), Acinetobacter lwoffii (4), S. aureus (3) y otros (Tabla 1). Se aisló un patógeno de la lista en 15 de 133 LT (11,3%) y 17 de 139 LP (12,2%). Las características de donantes y receptores fueron similares entre cultivo positivo y negativo. Un cultivo positivo por cualquier microorganismo no se asoció a infección (LT: RR 0,86, IC95% 0,67-1,10. LP: RR 1,15, IC95% 0,90-1,47) ni a mortalidad (LT: 11,3% vs 8,8%, RR 1,28, IC95% 0,45-3,60. LP: 20,5% vs 9,7%, RR 2,11, IC95% 0,90-4,95). Los RR ajustados fueron concordantes (Tabla 2). Al analizar solo cultivos con patógeno, un LT positivo se asoció a mayor mortalidad (4 de 14, 28,6% vs 9 de 116, 7,8%, RR 3,68, IC95% 1,30-10,41, p=0,035). La asociación se mantuvo al ajustar por edad y MELD (OR 5,73, IC95% 1,35-24,40) y se atenuó al agregar complicaciones Clavien-Dindo ≥3b (OR 2,87, IC95% 0,61-13,47). El LP con patógeno no se asoció a infección ni mortalidad. En 7 de 86 trasplantes con cultivo positivo (8,1%) hubo infección por el mismo microorganismo del líquido: K. pneumoniae BLEE, C. albicans, Pichia kudriavzevii, una colangitis y tres bacteriemias por E. faecium. En este programa los cultivos de LT y LP resultan positivos con frecuencia y en su mayoría corresponden a flora cutánea de baja virulencia. Un cultivo positivo por sí solo no predijo infección ni mortalidad precoz, aunque el tamaño de la muestra no permite descartar un efecto moderado, sobre todo en el caso del LP. Cuando se aisló un patógeno verdadero en el LT se identificó un grupo pequeño de pacientes con mayor mortalidad. Esta señal se atenúa al considerar la gravedad postoperatoria y, con solo cuatro muertes, debe tomarse como generadora de hipótesis. Los resultados apoyan un manejo selectivo guiado por infectología, según el microorganismo aislado y su concordancia entre ambos líquidos, en vez de tratar de manera refleja todo cultivo positivo. Esta es la primera serie chilena sobre el tema y se necesita un estudio prospectivo para definir el valor real del cultivo rutinario de estos líquidos.

Folio 200

CARACTERISTICAS CLINICAS Y MICROBIOLOGICAS CON RESULTADOS EN NEUTROPENIA FEBRIL DE ALTO RIESGO DE UN INSTITUTO ONCOLÓGICO EN CHILE 2024-2026

Autor principal: Javier Frank Tinoco Cahuana
Co-autores: Andrés Fernando Soto Silva; Paulo Eduardo Charpentier Videla; Carolina Ester Galindo Contador; Ivonne Alejandra Flores Henríquez; Nicolás Antonio Ramos Carbo; Danae Karine Palma Durán; Diego Pablo Olea Melo; Catalina Ignacia Morales Pacheco; Cristian Andrés Trejos Pino; María Fernanda Yarad Auad; Francisca Isabel Sánchez Jorquera; Carolina Antoniett Selman Bravo

La neutropenia febril de alto riesgo (NFAR) es una de las complicaciones asociadas a la quimioterapia (QT) de mayor impacto en pacientes oncológicos. En Fundación Arturo López Pérez (FALP), una alta proporción de pacientes recibe estas terapias, lo que hace fundamental contar con una vigilancia estrecha, manejo protocolizado y evaluación de resultados clínicos de estos cuadros en la institución. Describir las características clínicas, información microbiológica y principales desenlaces de los episodios de NFAR en FALP. Se realizó un estudio de cohorte retrospectivo que incluyó episodios de NFAR en pacientes adultos, definidos por un episodio de fiebre (T° ≥37,5°C) junto a un RAN <500 células/mm³ y/o alguna condición clínica de severidad, desde Marzo 2024 hasta Marzo 2026. Fueron incluidos episodios bajo vigilancia por equipos de Farmacia Clínica e Infectología y la fuente primaria de datos fue el formulario institucional de REDCap de NFAR basado en revisión de fichas clínicas. Se analizó 202 episodios de NFAR en 143 pacientes, la mediana de edad fue 51 años (rango 17 a 86), 80,2% (162) con cáncer hematológico y 19,8% (40) con tumores sólidos, los scores MASCC y CISNE los reconocieron como de alto riesgo en un 31,2% y 66,8% de los casos respectivamente, siendo nuestros episodios distinguidos por condiciones médicas significativas en un 18,8%, duración de neutropenia ≥7 días en 23,8% y una alta frecuencia de neutropenia profunda (<100 células/mm³) en 97,5%. En pacientes hematológicos, los diagnósticos más frecuentes fueron leucemia mieloide aguda (LMA) con 45,1% (73), leucemia linfática aguda (LLA) con 22,2% (36) y linfoma no Hodgkin con 21,6% (35). Las QT más asociadas a NFAR fueron HiperCVAD fases 1 o 2 (16,8%), FLAG-Ida (15,3%) y venetoclax-azacitidina (7,4%), siendo un 35,1% de los casos en fase de inducción. En tumores sólidos, los más frecuentes fueron sarcomas con 27,5% (11), cáncer digestivo con 20% (8) y testicular con 17,9% (7). Los días promedio desde inicio de neutropenia hasta diagnóstico de NFAR fueron 5,6 (rango 0 a 116), con duración media de neutropenia de 12,4 días y RAN promedio al diagnóstico de NFAR de 24,7 células/mm³. Dentro del estudio microbiológico, una etiología bacteriana fue diagnosticada con HCs (+) en 33,2% (67) de los episodios, con infecciones virales en 9,4% (19) e infecciones fúngicas invasoras en 2,5% (5) del total. En agentes bacterianos, un 51,8% (44) del total de aislamientos (85) corresponden a CGP, siendo los más frecuentes Staphylococcus coagulasa negativa (STCN) con 29,4% (25) y Streptococcus spp. con 16,5% (14), por otra parte un 47,1% (40) fueron BGN con E. coli en 23,5% (20) y K. pneumoniae en 5,9% (5), con 47,5% de los aislamientos productores de BLEE y 10% con carbapenemasas tipo NDM, en este grupo. A su vez, 49,5% (100) de los episodios fueron sólo clínicamente reconocibles, con focos gastrointestinal (45%), respiratorio (15,8%), oral (14,4%) y piel/partes blandas (11,4%) dentro de los más frecuentes considerando todos los episodios y un 13,9% (28) fueron finalmente clasificados como foco desconocido. En cuanto a resultados clínicos, la duración media de hospitalización fue 30,2 días (rango 2 a 149), un 17,8% (36) de los casos requirieron ingreso a UPC y un 6,4% (13) fallece producto de la NFAR. Los cuadros de NFAR se presentan mayormente en pacientes hematológicos, cuyo riesgo es mejor reconocido por el score CISNE, con una alta frecuencia de neutropenia profunda y prolongada. Los aislamientos fueron ligeramente en su mayoría por CGP, aunque el rol patógeno en el caso de STCN es siempre discutible y destaca la alta proporción de agentes productores de BLEE y carbapenemasas en BGN. Respecto a resultados clínicos, la mortalidad es baja y comparable a los centros de mayor experiencia en el manejo de estos pacientes.

Folio 236

RELEVANCIA CLÍNICA DEL ANÁLISIS MICROBIOLÓGICO DEL LÍQUIDO DE PRESERVACIÓN EN TRASPLANTES DE ÓRGANO SÓLIDO: EXPERIENCIA EN UN CENTRO CHILENO DE ALTA COMPLEJIDAD

Autor principal: Juan Diego Ortega Quintana
Co-autores: Jazmín Idárraga Guerrero; Fernanda Schoenfeldt Trujillo; Anny Gálvez Romero; Yenifer Hurtado Castillo; Gabriel Arratia Leiva; Patricia García Cañete; Carolina Núñez Palma; Patricio Ross Pérez

El trasplante de órganos sólidos (TOS) es el tratamiento de elección para mejorar la sobrevida en pacientes con insuficiencia orgánica terminal. Las infecciones post TOS constituyen una causa importante de morbimortalidad. El impacto de la positividad del cultivo del líquido de preservación (LP) del órgano donante no está claro, por lo que la utilidad de su tamizaje rutinario y de la profilaxis antimicrobiana dirigida aún no está dilucidada. Este estudio busca generar evidencia local sobre la tasa de infecciones post TOS causadas por microorganismos aislados en el LP, para orientar la necesidad de profilaxis dirigida mediante la estratificación del riesgo según el agente patógeno identificado. Determinar la frecuencia de cultivos de LP positivos en cirugías de trasplante de órgano sólido, caracterizar microbiología según riesgo e identificar la incidencia de infecciones producidas por el mismo agente dentro de los 180 días post-trasplante. Se realizó una cohorte retrospectiva de receptores de TOS con donante cadáver, red UC-CHRISTUS, octubre 2017 – mayo 2026. Se incluyó los cultivos de LP tomados en pabellón previo al trasplante. Los datos demográficos, comorbilidades (índice de Charlson) y de hospitalización fueron obtenidos del registro clínico electrónico. Los agentes fueron clasificados en alto riesgo (Enterobacterales, bacilos gramnegativos no fermentadores, S. aureus, Enterococcus spp. y Candida spp.) y bajo riesgo (Staphylococcus coagulasa negativo, Streptococcus del grupo viridans, Corynebacterium y otros). El desenlace principal fue infección por el mismo agente aislado en el LP dentro de 180 días post TOS. Las variables continuas se compararon con la prueba de Mann-Whitney y las categóricas con la prueba exacta de Fisher. La incidencia de infección se comparó entre tres categorías de agente aislado mediante la prueba exacta de Fisher-Freeman-Halton. De un total de 527 TOS con donante cadáver en el período se realizó cultivo de LP en 318 (60%): 198 hepáticos, 94 renales, 22 cardíacos, 4 combinados. De ellos 300 pacientes con información clínica completa constituyen la cohorte. La mediana de edad fue 56 años (RIC 40–63); 45% mujeres; 9% pediátricos; Charlson 3 (RIC 2–4); 39% ingresó de urgencia. En las comorbilidades destacan daño hepático moderado-grave 50%, enfermedad renal crónica 33%, diabetes 25%, cáncer 14%. Los receptores con cultivo positivo y negativo eran comparables en todas las variables basales. El cultivo fue positivo en 40/300 (13.3%), sin diferencias por órgano: hígado 12,2%, riñón 14.8%, corazón 14.3%. Entre ellos, 26/40 (65%) eran agentes de alto riesgo y 11/40 (28%) fueron polimicrobianos. Los agentes más frecuentes fueron Enterobacterales (12), Staphylococcus coagulasa negativos (11), Enterococcus spp. (7), Candida spp (5), S. aureus (4), BGN no fermentadores (2). Hubo infección por el mismo agente dentro de 180 días en 6 receptores (15% de los positivos), con incidencia creciente según el agente: bacteriano de bajo riesgo 0% (0/14), bacteriano de alto riesgo 14% (3/21) y Candida spp. 60% (3/5); p=0,015. Hubo 2 aneurismas infecciosos del injerto, 2 infecciones urinarias, 1 bacteriemia y 1 absceso intraabdominal. Dos receptores fallecieron, uno perdió el injerto y uno presentó rechazo agudo. Los aislamientos de alto riesgo recibieron profilaxis dirigida con mediana de 7 días (RIC 7-13 días). Los 2 líquidos de preservación positivos para Candida spp. en receptores de trasplante renal desarrollaron aneurismas infecciosos, frente a 0 de 3 en hígado El cultivo de LP fue positivo en 13.3% de los TOS, de los que un 65% fueron agentes de alto riesgo. El riesgo de infección por el mismo agente sigue un gradiente según el microorganismo aislado, sin eventos en los LP con microorganismos de bajo riesgo. Candida spp. concentró el mayor riesgo, incluidas las únicas complicaciones vasculares del injerto, ambas en receptores renales. Estos hallazgos apoyan la indicación de profilaxis antimicrobiana en líquidos de alto riesgo, especialmente la profilaxis antifúngica dirigida y seguimiento estrecho ante el aislamiento de Candida, particularmente en trasplante renal.

Folio 260

PERFIL SEROLÓGICO Y ESTRATIFICACIÓN DE RIESGO INFECCIOSO DE RECEPTORES Y DONANTES DE TRASPLANTE DE ÓRGANOS SÓLIDOS PEDIÁTRICOS ENTRE 2022-2026

Autor principal: María Cecilia Vizcaya Altamirano
Co-autores: Sebastián Andrés Riquelme Vizcaya; Fernanda Catalina Valenzuela Palacios; Nicole Le Corre Pérez; Consuelo Schweinitz Núñez; Juan Cristóbal Gana Ansaldo; Daniel Springmüller Pinto

Introducción: El trasplante de órganos sólidos (TOS) es el tratamiento de elección para la falla orgánica terminal, mejorando significativamente la sobrevida y calidad de vida de los receptores (R) tanto adultos como pediátricos. La supervivencia ha aumentado de forma sostenida y la supervivencia promedio a 5 años es cercana al 80%. Sin embargo, las complicaciones infecciosas han adquirido una relevancia crítica—primarias o por reactivación latente— incrementan el riesgo de pérdida del injerto, morbilidad y mortalidad en los R. Representan el 14% de la mortalidad al primer año en trasplante cardíaco y el 4,1% a los cinco años en trasplante hepático. El riesgo de infección está condicionado por múltiples factores, entre ellos la estratificación de riesgo por estudio serológico pre trasplante en el donante (D) y el receptor (R), reconociendo susceptibles y estableciendo las precauciones que se deben tener con los pacientes para evitarlas. A pesar de su importancia clínica, en Chile existe limitada información sobre la seroprevalencia infecciosa en población pediátrica, dependiendo de registros internacionales o estudios antiguos en adultos, que no reflejan necesariamente la epidemiología local actual. Describir la seroprevalencia de agentes infecciosos (virus, bacterias y parásitos) en donantes y receptores pediátricos de TOS en el Hospital Clínico UC desde 2022 a septiembre 2026 y analizar su asociación con el riesgo infeccioso postrasplante según las combinaciones serológicas D/R y el tipo de trasplante. Estudio observacional, descriptivo y retrospectivo en el Hospital Clínico UC. Utilizando las bases de datos de pacientes TOS pediátricos desde 2022 a septiembre de 2026 se agrupó los datos de serologías pre trasplante de D y R para CMV, VEB, toxoplasma, VHS, VZV, Chagas, VIH, HTLV. A partir de esta información se clasificó a los pacientes según riesgo de infección. En el grupo de menores de 12 meses, se consideró la serología del R como posiblemente secundaria a traspaso de anticuerpos maternos, por lo que en caso de serología positiva y la infección latente no pudo ser confirmada, se considera el resultado como negativo en el R. Se utilizó estadística descriptiva con cálculo de la mediana y rangos intercuartiles y porcentajes. En el Hospital Clínico UC desde el año 2022 se han realizado 66 TOS pediátricos (25 hepáticos, 16 renales y 25 cardíacos). Para el análisis serológico, se incluyeron las 66 duplas D/R. con un número variable de duplas evaluables según la disponibilidad de cada determinación. La seroprevalencia de CMV fue de 64,6% en receptores y 81,8% en donantes, mientras que para VEB fue de 69,7% y 80,0%, respectivamente. Para los demás agentes, según receptores y donantes respectivamente, se observó 3,2% y 5,3% para Toxoplasma gondii; 37,1% y 68,0% para HSV-1; 4,9% y 4,1% para HSV-2; y 80,0% y 73,7% para VVZ. La combinación D+/R– (alto riesgo) estuvo presente en 29,6% para CMV, 27,3% para VEB, 3,7% para toxoplasmosis, 42,6% para HSV-1, 2,2% para HSV-2 y 14,3% para VVZ. La distribución de estas combinaciones mostró variación según el órgano trasplantado, destacando una mayor frecuencia de CMV D+/R– en trasplante renal, con 57,1%, en comparación con 23,8% en trasplante hepático y 15,8% en cardíaco. Un patrón similar se observó para VEB, con 46,2%, 22,7% y 20,0%, respectivamente. Existe una diferencia en distribución estadísticamente significativa de las combinaciones D+/R- según el órgano trasplantado ($p < 0,05$), con mayor frecuencia en trasplante renal, lo que no pudo ser comprobado para VEB. No se identificaron casos seropositivos en D y R para T. cruzi, HTLV I/II, VHC, VHB y Treponema pallidum. En esta cohorte de paciente se identificó una mayor seroprevalencia de CMV, VEB y HSV1 en donantes respecto a receptores, dejando cerca de un cuarto de los pacientes en el grupo de alto riesgo de reactivaciones para estos virus. Esta información es fundamental para programar los recursos requeridos en exámenes de laboratorio y medicamentos necesarios para el manejo, seguimiento y profilaxis de infecciones en pacientes trasplantados pediátricos en nuestro medio.

Folio 261

MUTACIONES DE RESISTENCIA EN UL97 EN INFECCIÓN POR CITOMEGALOVIRUS EN RECEPTORES DE TRASPLANTE: COHORTE DE UN CENTRO TERCIARIO

Autor principal: Andrea Salinas
Co-autores: Carolina Núñez; Gonzalo Valenzuela; Nicole Le Corre; Marcela Ferrés

La infección por citomegalovirus (CMV) sigue siendo una causa importante de morbilidad y mortalidad en receptores de trasplante de progenitores hematopoyéticos (TPH) y de órganos sólidos (TOS). Si bien la caracterización de la resistencia antiviral ha avanzado en los últimos años, los datos provenientes de centros latinoamericanos siguen siendo escasos. Caracterizar las características clínicas y virológicas de los receptores de trasplante sometidos a pruebas genotípicas de resistencia en UL97, y comparar los desenlaces entre los pacientes con y sin mutaciones asociadas a resistencia. Se realizó un estudio de cohorte retrospectivo y descriptivo que incluyó a receptores de TPH y TOS con CMV positivo y secuenciación genotípica de UL97 por técnica de Sanger, durante el período de julio de 2016 a septiembre de 2025. Los datos clínicos y virológicos se obtuvieron de registros electrónicos. Las variables categóricas se compararon mediante la prueba exacta de Fisher, y las variables continuas se analizaron con ANOVA, la prueba de Kruskal-Wallis y el análisis de sobrevida de Kaplan-Meier con la prueba de log-rank para el tiempo hasta la persistencia de la ADNemia por CMV.. Se definió como estadísticamente significativo $p < 0,05$. Se incluyeron treinta y un receptores de TPH o TOS, con un total de 33 muestras analizadas (31 de sangre, 2 de líquido cefalorraquídeo). Las características de los pacientes se resumen en la Tabla 1. Se identificaron mutaciones asociadas a resistencia en UL97 en 9 muestras (27,3%), variantes de significado incierto (VUS) en 5 (15,2%) y ausencia de mutaciones en 19 (57,6%). La mutación más frecuente fue L595S (n = 6, 50%), seguida de M460V (n = 2, 16,7%). Las mutaciones de resistencia se detallan en la Tabla 2. Los pacientes pediátricos presentaron una frecuencia significativamente mayor de mutaciones de resistencia en UL97 en comparación con los adultos (60% vs. 10%; $p < 0,001$). El tiempo hasta la clearence viral fue significativamente más prolongado en pacientes con VUS ($p = 0,014$) y con mutaciones asociadas a resistencia en UL97 ($p = 0,04$) en comparación con aquellos sin mutaciones detectadas. Se detectaron mutaciones de resistencia en UL97 en el 27,3% de las muestras de receptores de TPH y TOS sometidos a pruebas genotípicas, con una mayor prevalencia en pacientes pediátricos (60%). Estos hallazgos resaltan la necesidad de una vigilancia sistemática de la resistencia en los centros de trasplante latinoamericanos, donde este tipo de datos sigue siendo limitado.

Folio 266

SEROPREVALENCIA DE SARAMPIÓN EN PACIENTES PEDIÁTRICOS LUEGO DEL TRASPLANTE DE ÓRGANO SÓLIDO EN EL HOSPITAL CLÍNICO UC-CHRISTUS

Autor principal: Romina Tamara Meléndez Escobar
Co-autores: Monique Nicole Le Corre Pérez; Cecilia Vizcaya Altamirano; Fabián Gálvez Herrera; Ana María Contreras Toledo; María Belén Leyton Tapia; Daniel Springmuller Pinto; Consuelo Schweinitz Núñez; Juan Cristobal Gana Ansaldo; Marcela Ferrés Garrido

El sarampión es una de las infecciones más contagiosas conocidas y ha reemergido en las Américas, región que perdió su verificación de eliminación en 2025. Los receptores pediátricos de trasplante de órgano sólido (TOS) son especialmente vulnerables: la vacuna tres vírica (SRP) está contraindicada tras el trasplante y la inmunosupresión favorece la pérdida secundaria de anticuerpos. No existen datos chilenos en esta población. Determinar la seroprevalencia de IgG anti-sarampión en niños con TOS y ≥12 meses post-trasplante, y explorar factores asociados a seronegatividad. Estudio transversal descriptivo realizado en el Hospital Clínico UC-CHRISTUS. El protocolo fue aprobado por el Comité Ético Científico y el Comité Institucional de Bioseguridad del centro. Se incluyeron pacientes pediátricos receptores de trasplante hepático, renal o cardíaco entre 2014 y 2025, con seguimiento activo, plasma almacenado y consentimiento informado. La medición inicial se realizó mediante ELISA SERION: positiva ≥275 mUI/mL, indeterminada entre 200 y 274,9 mUI/mL y negativa <200 mUI/mL. Se estimaron proporciones con intervalos de confianza de Wilson de 95% y se utilizaron pruebas exactas y no paramétricas para las comparaciones. De 34 pacientes (13 hígado, 11 riñón, 10 corazón), 10 fueron seropositivos: seroprevalencia 29,4% (IC 95% 16,8–46,2), inferior a 50% (p=0,012). El 55,9% fue seronegativo y el 14,7% indeterminado. La seropositividad difirió por órgano: hígado 0/13, corazón 4/10, riñón 6/11 (p=0,04). Entre los previamente vacunados, los seronegativos habían sido trasplantados a menor edad (mediana 4,5 vs 12 años; p=0,013). La mayor edad se asoció de forma independiente con seropositividad. Más de dos tercios de los niños con TOS carecen de seroprotección frente al sarampión pese a la vacunación previa. Los resultados respaldan la actualización del calendario SRP pretrasplante, la monitorización serológica y la evaluación de revacunación en subgrupos seleccionados.

Folio 283

PROFILAXIS ANTIBACTERIAL RESTRICTIVA EN NEUTROPÉNICOS TRASPLANTADOS ALOGÉNICOS DE PROGENITORES HEMATOPOYÉTICOS Y SU IMPACTO SOBRE BACTEREMIAS POR MICROORGANISMOS RESISTENTES

Autor principal: Esteban Teneb Lobos
Co-autores: Diego Reyes Hales; Braulio Muñoz Montecinos; Gloria Moreno; Emilio Salinas Laval

La resistencia antimicrobiana es un problema de suma relevancia en la actualidad que afecta principalmente a las unidades con mayor consumo antimicrobiano, como hematología intensiva y trasplante. En este contexto, el año 2024 nuestro grupo protocolizó un cambio local en la estrategia profiláctica antibacterial para reducir el consumo de quinolonas durante el periodo de neutropenia pre-engraftement, migrando desde una profilaxis universal (levofloxacino 500 mg al día) a una profilaxis restrictiva, que excluye a los pacientes colonizados por agentes resistentes en cultivo de tamizaje, bajo la lógica de evitar inducir resistencia en un grupo a priori con mayor riesgo. En el presente trabajo se realizará un análisis comparativo de ambas estrategias profilácticas. Comparar los episodios de bacteremia por microorganismos resistentes entre los grupos con profilaxis universal y profilaxis restrictiva, mediante diferencias porcentuales, análisis de supervivencia y búsqueda de factores asociados. Como objetivo secundario se evaluó diferencias de mortalidad a 100 días o ingreso UCI en ambos grupos. Se realizó una cohorte retrospectiva que incluyó a todos los pacientes sometidos a trasplante alogénicos de progenitores hematopoyéticos realizados en Hospital Base Valdivia desde su inicio en el año 2022 hasta julio 2026. Se utilizó como fuente los registros electrónicos y en ficha en formato físico. Se recolectó datos demográficos, asociados a la enfermedad hematológica de base, asociados al trasplante y asociados a episodios de neutropenia febril, bacteremia y resistencia antimicrobiana. Se definió como bacteremia por agente resistente a todo hemocultivo positivo a Enterobacterales con beta lactamasa de espectro extendido, Bacilos gram negativos hiperproductores ampC, Enterobacterales resistentes a carbapenémicos, Pseudomonas multidrogorresistente , Acinetobacter baumanii resistente a carbapenémicos y Stenotrophomonas maltophilia. Además se incluyó bacteremia por Enterococcus resistente a vancomicina. Para el análisis se dividió la cohorte entre pacientes con estrategia de profilaxis universal (2022 – 2024) y estrategia de profilaxis restrictiva (2024 – 2026), y se comparó en múltiples aspectos, considerando factores basales y resultados. Se utilizó chi cuadrado o Fisher exacto para variables categóricas y U Mann-Whitney para variables continuas sin distribución normal. Se realizó una regresión logística univariada y posteriormente un modelo multivariado mediante stepwise backward elimination que consideró solo las variables con mayor asociación a bacteremia por agente resistente. Además, se realizó una regresión de Cox multivariada para ambos grupos con cálculo de Hazard Ratio. RESULTADOS: Se analizaron 79 pacientes, 38 con estrategia profiláctica universal (48%) y 41 con estrategia profiláctica restrictiva (51.8%). El grupo restrictivo tuvo significativa mayor media de edad (30.2 vs 40.1; p = 0.008) pero mejor Karnovsky. Las demás variables basales fueron comparables. La estrategia restrictiva logró reducir de manera significativa el uso de quinolonas profilácticas (100% vs 68.3%, p = 0.0001), sin aumentar la frecuencia de neutropenia febril (92.1% vs 92.7%). Se observó una tendencia a aumento de bacteremia por cualquier agente en grupo restrictivo (36.8% vs 53.7%, p = 0.134), pero con una fuerte tendencia a disminución de bacteremia por agentes resistentes (18.4% vs 4.9%, p = 0.08). La profilaxis universal se asoció a mayor hospitalización en UCI o mortalidad (10.5% vs 0%, p = 0.049). La regresión de Cox mostró una ligera tendencia a menor riesgo de bacteremia por agente resistente en grupo restrictivo (HR 0.3; 0.06 - 1.52, p= 0.149). La estrategia profiláctica restrictiva se asoció a menor consumo de quinolonas, con una fuerte tendencia a disminución de bacteremia por agente resistente y reducción significativa de bacteremia por Pseudomonas MDR, sin aumentar hospitalización en UCI ni mortalidad a 100 días. A su vez, el uso de quinolonas como profilaxis y el uso de antibióticos 30 días previo al ingreso se asociaron significativamente a un aumento de bacteremias por agentes resistentes. Estos resultados deben confirmarse en un estudio multicéntrico con mayor tamaño muestral.

Folio 288

ISAVUCONAZOL COMO PROFILAXIS ANTIFÚNGICA EN PACIENTES HEMATOLÓGICOS DE ALTO RIESGO: INCIDENCIA DE INFECCIÓN FÚNGICA INVASORA DE BRECHA Y SEGURIDAD (SERIE DE CASOS, 2025-2026)

Autor principal: Gentil Javier Caviedes Avendaño
Co-autores: Ismael Patricio Peso Soto; Liliana Judith Salazar García; Karina Gabriela Gutierrez de Villanueva

Las infecciones fúngicas invasoras (IFI) son causa relevante de morbimortalidad en pacientes hematológicos de alto riesgo (leucemias agudas en inducción, trasplante de progenitores hematopoyéticos, neutropenia profunda y prolongada), con mortalidad de hasta 30-40%. La profilaxis antifungica es una estrategia clave para disminuir la incidencia de IFI, siendo posaconazol y voriconazol la referencia, pero se limitan por interacciones, hepatotoxicidad, prolongación del QT y necesidad de monitorizar niveles. El isavuconazol, activo frente a Aspergillus y mucorales, tiene farmacocinética predecible, mejor tolerabilidad y menos interacciones, ventaja con terapias como venetoclax. Su uso profiláctico es off-label y con evidencia limitada (ECIL 2025, B-II). La preocupación por la IFI de brecha y la escasez de datos locales motivan describir nuestra experiencia. Principal: determinar la incidencia de infección fúngica invasora de brecha (probada o probable, criterios EORTC/MSGERC 2020) durante la profilaxis con isavuconazol en pacientes hematológicos de alto riesgo. Secundarios: describir la población y el patrón de uso del isavuconazol; evaluar su seguridad y tolerabilidad (suspensión por toxicidad, hepatotoxicidad, QTc e interacciones farmacológicas); y estimar la mortalidad global y la atribuible a IFI. Estudio observacional, descriptivo y retrospectivo (serie de casos) realizado en un centro. Se incluyeron todos los pacientes con enfermedad hematológica de alto riesgo que recibieron isavuconazol como profilaxis antifúngica primaria entre julio de 2025 y julio de 2026, identificados desde el registro de dispensación de farmacia; se excluyó su uso como tratamiento. El alto riesgo se definió por criterios ECIL y por la exposición ambiental durante obras intrahospitalarias cercanas a hematología. Desde la ficha clínica se registraron variables demográficas, enfermedad y fase hematológica, factores de riesgo (neutropenia <500/µL y su duración, corticoides), esquema de profilaxis, galactomanano sérico seriado y pruebas hepáticas. El desenlace primario fue la IFI de brecha -probada o probable según EORTC/MSGERC 2020- durante la profilaxis y hasta 7 días tras la última dosis, expresada por paciente y por 1.000 días-profilaxis. Desenlaces secundarios: seguridad (suspensión por toxicidad, hepatotoxicidad según CTCAE v5.0 y QTc), interacciones, uso de antifúngico empírico y mortalidad global y atribuible a IFI a 30 y 90 días. Se realizó un análisis descriptivo con IC95% exactos (Clopper-Pearson y Poisson). De 12 pacientes identificados, se excluyó 1 (uso tratamiento). Se incluyeron 11 (mediana de edad 46 años, rango 19-74; 8 hombres); el 45% (5/11) tenía ≥65 años. Diagnósticos: leucemia mieloide aguda 6, leucemia linfoblástica 3, leucemia mieloide crónica transformada 1 y aplasia medular 1; 4 recibían azacitidina-venetoclax y 7 tuvieron neutropenia profunda (<100/µL). Cuatro tuvieron 2 episodios de neutropenia (15 cursos). La mediana de exposición fue 43 días (rango 7–120; 648 días-profilaxis) y la de neutropenia 55 días (7–106). No se registró ninguna IFI de brecha probada o probable (0%, IC95% 0–28,5%; 0 por 1.000 días-profilaxis, IC95% 0–5,7); las 37 determinaciones de galactomanano sérico fueron negativas y, pese a 9 pacientes con neutropenia febril, ninguno requirió antifúngico empírico. No hubo suspensiones atribuibles solo a toxicidad; 2 pacientes presentaron alteración de pruebas hepáticas, 1 atribuida a isavuconazol (grado 1). Fallecieron 2 pacientes, ninguno por IFI. Cinco fueron trasladados, lo que limitó su seguimiento. En esta serie de pacientes hematológicos de alto riesgo, casi la mitad ≥65 años, no se observaron IFI de brecha durante la profilaxis con isavuconazol y la tolerabilidad fue buena, pese a neutropenias prolongadas y a un período de obras intrahospitalarias. Los resultados son consistentes con la evidencia prospectiva disponible y sugieren que el isavuconazol es una alternativa factible, especialmente ante interacciones con terapias dirigidas como venetoclax. El tamaño muestral, la ausencia de grupo control y la menor sensibilidad del galactomanano bajo profilaxis limitan estas conclusiones; se requieren estudios mayores.

Folio 135

CARACTERIZACIÓN CLÍNICA Y MICROBIOLÓGICA DE LOS PACIENTES ADULTOS CON FUNGEMIAS INGRESADOS EN UN CENTRO DE ATENCIÓN TERCIARIA DE ALTA COMPLEJIDAD

Autor principal: Nicolás Alejandro Peña Toro
Co-autores: Inés María Cerón Araya, Jimena Flores Rojas

Las fungemias constituyen una manifestación grave de infección fúngica invasora, siendo infrecuentes pero muy relevantes en el ámbito hospitalario, con una elevada mortalidad (>30-40%), asociado a un impacto considerable en la salud pública. En general, se presentan en pacientes con una alta carga de morbilidad, asociándose a la exposición a procedimientos invasivos, dispositivos intravasculares, antimicrobianos de amplio espectro, cirugía mayor, nutrición parenteral, insuficiencia renal, inmunosupresión y estadías prolongadas en UCI. Las fungemias producidas por Candida y otros géneros de levaduras relacionadas representan al cuarto microorganismo aislado en los hemocultivos. En Chile, un estudio prospectivo multicéntrico realizado entre 2013 y 2017 estimó la incidencia de las fungemias en 0,47 casos por cada 1.000 hospitalizaciones. Las especies predominantes fueron Candida albicans (39%), Candida parapsilosis (30%) y Candida glabrata (10%). El diagnóstico de estas infecciones es complejo. Sus manifestaciones clínicas son inespecíficas y los hemocultivos presentan una sensibilidad limitada. Los marcadores fúngicos como el β-D-glucano (BDG) pueden complementar el estudio diagnóstico, pero no reemplazan a la microbiología o el juicio clínico. La relevancia de un reconocimiento oportuno de las fungemias radica en que el retraso en el inicio de un tratamiento antifúngico adecuado se ha asociado con una mayor mortalidad. Caracterizar los aspectos clínicos y microbiológicos de los pacientes adultos con fungemia ingresados durante 2024 en un centro de atención terciaria de alta complejidad. Estudio observacional de cohorte retrospectiva, predominantemente descriptivo. Se incluyeron pacientes de >18 años hospitalizados en el Hospital Clínico UC CHRISTUS entre el 01/01 y el 31/12/2024, con un episodio de fungemia confirmado mediante hemocultivo; considerándose de origen intrahospitalario cuando resultó positivo después de 48 horas de su hospitalización. Se recopilaron características demográficas, comorbilidades, factores de riesgo, foco clínico, especies aisladas, susceptibilidad antifúngica, tratamiento y desenlaces. La carga de comorbilidad se evaluó mediante el índice de Charlson y la gravedad mediante el Pitt bacteremia score. La mortalidad se evaluó durante la hospitalización y a 14, 30, 60 y 90 días desde el primer hemocultivo positivo. Las variables continuas se describieron mediante mediana y RIC, y las categóricas mediante frecuencias y porcentajes. No se realizaron modelos multivariables ni ajustes por comparaciones múltiples debido al tamaño de la cohorte. Entre 426 pacientes adultos con infección del torrente sanguíneo durante 2024, de los cuales 25 (5,9%) presentaron un episodio de fungemia. La mediana de edad fue 69 años (RIC 59–77), 17 pacientes (68,0%) eran hombres y 15 (60,0%) presentaron fungemia intrahospitalaria. La mediana del índice de Charlson fue 6 (RIC 5–9) y 10 pacientes (40,0%) presentaban inmunosupresión. Los factores de riesgo más frecuentes fueron el uso de catéter venoso central y de antimicrobianos de amplio espectro, ambos presentes en 20 pacientes (80,0%). El foco intraabdominal representó un 32,0% de los casos, seguido por el asociado a catéter intravascular (24,0%) y la vía biliar (24,0%). 17 pacientes (68,0%) requirieron retiro de un dispositivo, drenaje u otra medida de control de foco. Candida albicans causó 7 episodios (28,0%) y las especies no-albicans fueron 18 (72,0%). La susceptibilidad a fluconazol estuvo disponible en 24 aislados: ninguno tuvo resistencia. Se realizaron 16 determinaciones de BDG en 13 pacientes; con una positividad de un 69,2%. 24 pacientes (96,0%) recibieron tratamiento antifúngico. Se obtuvieron hemocultivos de control en 17 pacientes y en todos se documentó aclaramiento microbiológico. La mortalidad por cualquier causa fue de 7/25 (28,0%) a 30 días y de 10/25 (40,0%) a 90 días. La cohorte estuvo compuesta principalmente por adultos mayores con alta carga de comorbilidad y exposición sanitaria. Predominaron las especies no-albicans y la mortalidad a 90 días alcanzó 40%. El tamaño muestral permite describir la experiencia institucional, pero no establecer asociaciones independientes ni descartar diferencias clínicamente relevantes entre subgrupos.

Folio 249

COLONIZACIÓN E INFECCIÓN POR CANDIDA AURIS EN PACIENTES GRANDES QUEMADOS: SERIE DE CASOS EN UN CENTRO DE REFERENCIA NACIONAL

Autor principal: Fabrizio Ignacio Alarcón Flores
Co-autores: Constanza Fernandez Mancilla; Eduardo Bravo Avila; Francisco Zamora Vargas; José Gregorio Martínez Bolívar

Candida auris se describió inicialmente en Japón en 2009. Desde entonces ha alcanzado diseminación global y se incluyó entre los patógenos fúngicos prioritarios. A diferencia de otras especies de Candida, oportunistas endógenos, C. auris puede transmitirse de forma directa entre pacientes o indirectamente a través de superficies, sosteniendo cadenas de transmisión hospitalarias y generando brotes en distintos escenarios, incluidas unidades de quemados, con una mortalidad asociada comparativamente mayor a la de otras especies. En Chile, el primer aislamiento fue reportado en 2019 pero la información específica en unidades de quemados es escasa, por lo que la caracterización de casos, sus factores de riesgo y su comportamiento clínico resulta indispensable. Describir las características clínicas, microbiológicas, el manejo terapéutico y los desenlaces clínicos de los casos de infección o colonización por C. auris de una unidad de pacientes grandes quemados en un hospital de referencia nacional durante 2023. Serie retrospectiva de casos de C. auris en la unidad de grandes quemados de un hospital de referencia. Se incluyeron pacientes con aislados de C. auris (método de identificación: MALDI-TOF) y se registraron datos demográficos, comorbilidades, sitio de aislamiento, clasificación como infección o colonización, tratamiento antifúngico, susceptibilidad antifúngica, evolución y mortalidad. El análisis fue descriptivo, utilizando medidas de tendencia central y frecuencias relativas. Se analizaron tres pacientes hospitalizados durante 2023 con aislamiento de C. auris, en contexto de colonización o infección. La mediana de edad fue 61 años, 2 hombres y 1 mujer. Dos casos correspondieron a colonización urinaria, mientras que uno correspondió a candidemia asociada a CVC. Los pacientes presentaron superficie corporal total quemada entre 30 y 55%, quemaduras tipo AB y AB-B y el mecanismo de quemadura fue por fuego en todos los casos. Todos presentaron hospitalización prolongada, uso de catéter venoso central y catéter urinario permanente y requirieron ventilación mecánica invasiva por una mediana de 1,5 meses. Los colonizados presentaron exposición a antimicrobianos de amplio espectro, incluyendo fluconazol, mientras que en el paciente con infección esta exposición fue más amplia, incluyendo fármacos de reserva como ceftazidima/avibactam, colistina, tigeciclina, imipenem/cilastatina y amikacina. Todos fueron intervenidos quirúrgicamente, con una media de 5,33 pabellones previos al aislamiento de C. auris (5 en el paciente infectado, 9 en el paciente colonizado sobreviviente y 2 en el paciente colonizado fallecido). Se documentaron infecciones bacterianas concomitantes: bacteriemia por Klebsiella pneumoniae BLEE/KPC en el paciente que desarrolló infección, y en los colonizados, bacteriemia asociada a CVC por Klebsiella oxytoca e infección de foco cutáneo por Enterococcus faecium resistente a vancomicina. El paciente con infección por C. auris recibió TRR. La mortalidad hospitalaria global de la serie fue 66,6% (2/3). La mortalidad a 30 días fue 33,3% (1/3), correspondiente a un paciente colonizado; el segundo fallecimiento (paciente infectado) ocurrió a los 67 días, aún hospitalizado. En cuanto a susceptibilidad antifúngica se observó resistencia a fluconazol con actividad variable a otros azoles, actividad reducida de anfotericina B y sensibilidad conservada a equinocandinas. Reportamos la primera serie nacional de casos de C. auris en pacientes grandes quemados, en la que la mayoría de los aislamientos correspondió a colonización. El perfil de susceptibilidad mostró resistencia a fluconazol, susceptibilidad conservada a equinocandinas y susceptibilidad reducida a anfotericina B. La elevada mortalidad observada debe interpretarse en el contexto de la gravedad clínica de esta población, la extensión de las quemaduras y la frecuente coexistencia de infecciones bacterianas por microorganismos multirresistentes. Estos hallazgos refuerzan la necesidad de implementar estrategias de vigilancia activa, medidas estrictas de prevención y control de infecciones, y una evaluación clínica oportuna que permita distinguir colonización de infección e indicar tratamiento antifúngico cuando corresponda.

Folio 34

IMPORTANCIA CLÍNICA DE LA CUANTIFICACIÓN DE UREAPLASMA UREALYTICUM Y MYCOPLASMA HOMINIS MEDIANTE PCR MULTIPLEX CUANTITATIVA EN TIEMPO REAL EN DOS HOSPITALES DEL SUR DE CHILE

Autor principal: Evelyn Mancilla Sierpe
Co-autores: Claudio Rodriguez Ruiz; Carolina Carvajal; Felipe Vargas Navarro

Ureaplasma urealyticum (UU) y Mycoplasma hominis (MH) son microorganismos de la familia Mycoplasmataceae, residentes habituales del tracto genitourinario. Su potencial patogénico es controvertido, ya que coexisten en personas asintomáticas y en cuadros clínicos relevantes. La cuantificación molecular permite diferenciar colonización de infección clínicamente significativa. Estudios han establecido puntos de corte (≥10 copias/µL) para definir relevancia en uretritis, endometritis, infertilidad y vaginosis bacteriana. El kit Allplex STI Essential Assay Q (Seegene) es una PCR multiplex en tiempo real que detecta simultáneamente Ureaplasma urealyticum (UU), Mycoplasma hominis (MH), Mycoplasma genitalium (MG), Neisseria gonorrhoeae (NG), Ureaplasma parvum (UP), Chlamydia trachomatis (CT) y Trichomonas vaginalis (TV) en múltiples tipos de muestras, y cuantifica exclusivamente UU y MH, permitiendo su interpretación clínica según puntos de corte establecidos. Objetivo general Evaluar la distribución cuantitativa de UU y MH en muestras genotirunarias en pacientes de dos hospitales del sur de Chile y discutir su significancia clínica en base a la bibliografía disponible. Objetivos específicos • Determinar frecuencia de detección de cada agente. • Cuantificar y categorizar las cargas de UU y MH según puntos de corte clínicos (≥10 cop/µL). • Caracterizar el perfil epidemiológico (sexo, edad, tipo de muestra, tipo de atención). • Analizar patrones de coinfección entre los patógenos detectados. • Relacionar los hallazgos con la literatura en infertilidad, uretritis y vaginosis bacteriana. Instituciones Hospital Base Osorno (HBO, n=49) y Hospital Hernán Henríquez Aravena, Temuco (HHHA, n=69). Kit diagnóstico Allplex STI Essential Assay Q (Seegene): PCR multiplex cuantitativa en tiempo real con control interno endógeno. Detecta UU, MH, NG, MG, UP, CT y TV en muestras uretrales, vaginales, endocervicales, rectales, orina y otras. Cuantifica UU y MH. Tipo de Analisis Análisis descriptivo. Cargas expresadas como copias/µL . Punto de corte clínico ≥10 copias/µL según bibliografía. De 118 muestras genitourinarias analizadas en dos hospitales del sur de Chile, Ureaplasma urealyticum (UU) fue el patógeno más frecuente (54,2%), seguido de Mycoplasma hominis (MH, 48,3%). La mayoría de las muestras positivas superó el punto de corte clínico (≥10 copias/µL): 68,8% para UU y 82,5% para MH, lo que indica una alta prevalencia de cargas clínicamente significativas más que colonización asintomática. Un 31,6% de las muestras presentó cargas superiores a 1.000 copias/µL, con valores extremos (>10.000 copias/µL) especialmente en MH. Además, el 48,7% de las muestras mostró coinfección por ≥2 patógenos, siendo MH+UP la combinación más frecuente. Los tipos de muestra predominantes fueron orina y secreción vaginal, en una población mayoritariamente femenina (78%), con edad promedio de 31 años y atención ambulatoria (76%). Estos resultados respaldan el valor clínico de la cuantificación molecular por PCR multiplex para diferenciar colonización de infección activa, y confirman la relevancia de UU y MH en uretritis, endometritis, infertilidad y vaginosis bacteriana. Ureaplasma urealyticum y Mycoplasma hominis fueron los microorganismos más frecuentes en esta cohorte (54,2% y 48,3%), con una alta proporción de cargas clínicamente significativas (68,8% y 82,5% sobre el punto de corte ≥10 copias/µL), lo que respalda su rol como agentes potencialmente patógenos más que como simples comensales. MH presentó además mayor frecuencia de cargas altas (>1.000 copias/µL en 31,6% de los casos), asociándose a un posible rol en infertilidad y endometritis. La elevada tasa de coinfección (48,7%, principalmente MH+UP) justifica el uso de paneles PCR multiplex por sobre pruebas de un solo agente. En conjunto, estos hallazgos respaldan la aplicación clínica de los puntos de corte cuantitativos establecidos y refuerzan la importancia de la cuantificación no solo la detección de UU y MH en el diagnóstico de infecciones genitourinarias, especialmente en población en edad reproductiva.

Folio 35

EVOLUCIÓN DE LA MORTALIDAD Y LAS CAUSAS DE MUERTE EN PERSONAS QUE VIVEN CON VIH DURANTE LA IMPLEMENTACIÓN DE LA TERAPIA ANTIRRETROVIRAL EN CHILE: UN ESTUDIO DE COHORTE, 2000–2025

Autor principal: Macarena Rosenblut Santolaya
Co-autores: Raul Quintanilla Letelier; Claudia Cortes Mondaca

La expansión de la terapia antirretroviral ha reducido las enfermedades oportunistas y prolongado la supervivencia de las personas que viven con VIH. Sin embargo, las personas que viven con VIH continúan presentando una expectativa de vida inferior a la población general. Los datos de mortalidad que existen en Chile pertenecen a quienes fallecen en etapa SIDA, no al total de personas que fallecen con esta enfermedad y mueren por otras causas no relacionadas al virus. No existe evidencia nacional que analice las causas de muerte de las personas que viven con VIH. Caracterizar las causas de muerte y evaluar sus tendencias temporales en una cohorte chilena de personas que vivían con VIH entre 2000 y 2025. Secundariamente, analizar su distribución según sexo y nacionalidad y describir el intervalo entre el diagnostico de VIH y el fallecimiento. Estudio observacional retrospectivo, descriptivo y con componente analítico, basado en datos anonimizados del proyecto Caribbean, Central and South America network for HIV epidemiology (CCASAnet) correspondientes a personas en seguimiento en el policlínico de Infectología del Hospital San Borja Arriarán. Las causas de muerte se clasificaron como relacionadas o no relacionadas con SIDA y posteriormente en nueve categorías mutuamente excluyentes. Las tendencias se evaluaron mediante regresiones logísticas binarias independientes, incorporando el año de fallecimiento como variable continua y expresando los resultados como odds ratios por año. Las asociaciones con sexo y nacionalidad se analizaron mediante chi-cuadrado. El intervalo entre ingreso y fallecimiento se resumió mediante mediana y rango intercuartílico y se comparó mediante la prueba U de Mann–Whitney. Entre 01/01/2000 y el 31/12/2025 ingresaron 7901 al estudio CCASAnet y se registraron 667 muertes. Las muertes definitorias de SIDA (31,78%) incluyen: infecciones oportunistas (14,69%), neoplasia asociada a SIDA (9,74%) y muertes relacionadas a SIDA no infecciosas ni oncológicas (7,34%), Las muertes no relacionadas a SIDA (64,91%) incluyen: infecciones no relacionadas a SIDA (25,78%), cáncer no definitorio de SIDA (13,49%), muertes cardiovasculares (8,69%), muertes violentas (6,59%), y otras causas de muerte (10,64%). Se observó una disminución en la proporción de muertes relacionadas a SIDA a lo largo del período estudiado, desde un 55,8% en 2000–2005 hasta un 16,8 % en 2021–2025. (OR por año = 0,91; IC 95%: 0,88–0,93; p < 0,001). La proporción de muertes relacionadas a SIDA no infecciosas ni oncológicas disminuyó desde 11,7% en 2000–2005 hasta 2,4% en 2021–2025 (OR por año = 0,89; IC 95%: 0,85–0,93; p < 0,001). Lo mismo ocurrió con las muertes por infecciones definitorias de SIDA, desde 26,0% hasta 8,0% (OR por año = 0,94; IC 95%: 0,91–0,97; p < 0,001), y por cánceres definitorios de SIDA, desde 18,2% hasta 6,4% (OR por año = 0,94; IC 95%: 0,91–0,98; p = 0,003). La proporción de muertes por cánceres no asociados a SIDA aumentó desde 2,6% (en 2000–2005 hasta 21,6% en 2021–2025 (OR por año = 1,09; IC 95%: 1,05–1,13; p < 0,001). Lo mismo ocurrió con las muertes cardiovasculares, desde 0% hasta 18,4% (OR por año = 1,10; IC 95%: 1,05–1,15; p < 0,001). No se observaron tendencias significativas en infecciones no asociadas a SIDA, muertes violentas u otras causas. En el quinquenio 2021- 2025, el 78% de quienes murieron por causas relacionadas con SIDA había ingresado a la cohorte con menos de 200 CD4, frente al 50% de quienes murieron por otras causas. La distribución de las causas no difirió según sexo (p = 0,055) ni nacionalidad (p = 0,157). El intervalo entre fecha de diagnóstico y muerte aumento desde una mediana de 2,28 años (RIC: 0,90–7,00) entre 2000 y 2005 hasta 12,79 años (RIC: 5,93–20,42) entre 2021 y 2025. Durante 26 años se observó una transición del perfil de mortalidad, caracterizada por la disminución de las muertes relacionadas con SIDA y el aumento proporcional de los cánceres no definitorios y las etiologías cardiovasculares. Estos resultados respaldan que se deben mantener los esfuerzos para el diagnóstico y tratamiento precoz del VIH e integrar la prevención cardiovascular, el tamizaje oncológico y la atención de salud mental en el control habitual.

Folio 39

PERSONAS PRIVADAS DE LIBERTAD VIVIENDO CON VIH: CARACTERIZACIÓN CLÍNICA EN UN HOSPITAL PÚBLICO DE CHILE

Autor principal: Izkia Siches Pastén
Co-autores: Raul Quintanilla Letelier; Claudia Cortes Moncada

Las personas privadas de libertad (PPL) constituyen una población vulnerable frente al VIH debido a factores individuales, estructurales y propios del sistema penitenciario. La continuidad de la atención de salud durante el encarcelamiento, los traslados y el retorno a la comunidad constituye un desafío relevante. En Chile existe información limitada sobre las características clínicas y evolución de las PPL que viven con VIH. Describir las características clínicas, epidemiológicas, terapéuticas y la evolución de las personas privadas de libertad viviendo con VIH atendidas en el Hospital Clínico San Borja Arriarán (HCSBA). Estudio observacional, descriptivo y retrospectivo. Se analizaron datos nacionales provenientes del informe 2025 del convenio entre el Ministerio de Salud y Gendarmería de Chile y datos locales obtenidos de la base CCASAnet de la Fundación Arriarán y Policlínico de Infectología del HCSBA. Se incluyeron PPL viviendo con VIH registradas entre 1994 y diciembre de 2025. Se analizaron variables sociodemográficas, clínicas, terapéuticas. Se identificaron 102 PPL viviendo con VIH. Todas eran de sexo masculino al nacimiento y 12 (11,8%) se identificaban como mujeres trans. La edad promedio de ingreso a controles médicos fue de 35 años. Al ingreso al policlínico, 46 (45%) se encontraban en etapa SIDA y 40 (39%) presentaban Linfocitos T CD4 <200 células/mm³. Noventa y siete pacientes (95%) recibieron terapia antirretroviral y 46 (45%) utilizaron más de un esquema terapéutico. Los factores psicosociales constituyeron la principal causa registrada de cambio de tratamiento (58,4%). Se documentó tuberculosis en 33 (32%), hepatitis B en 4 (3,9%) y hepatitis C en 1 (0,9%). Al último seguimiento, 24 (23%) permanecían en control, 18 (17%) se encontraban en abandono, 17 (16%) habían sido trasladados a otro centro y 43 (42%) habían fallecido. De las muertes, 18 (42%) estuvieron relacionadas con SIDA, 23 (54%) con causas no relacionadas con SIDA y 2 (4%) de causa indeterminada. Las PPL viviendo con VIH atendidas en el HCSBA presentaron una elevada frecuencia de enfermedad avanzada al ingreso, tuberculosis y mortalidad, incluida una proporción importante de muertes relacionadas con SIDA. A pesar de una alta cobertura de terapia antirretroviral, observamos un porcentaje alto de abandono a los controles médicos. Estos hallazgos refuerzan la necesidad de fortalecer la continuidad de la atención y la coordinación entre el sistema penitenciario y la red de salud, particularmente durante los traslados y el retorno a la comunidad, integrando además la prevención, diagnóstico y tratamiento de VIH, tuberculosis, hepatitis virales e ITS.

Folio 42

CABOTEGRAVIR + RILPIVIRINA INYECTABLE DE ACCIÓN PROLONGADA EN CHILE: EVALUACIÓN DE RESULTADOS VIROLÓGICOS, CALIDAD DE VIDA, SALUD MENTAL Y PERFIL METABÓLICO

Autor principal: Sofia Onetti
Co-autores: Alicia Sciaraffia Rubio; Rolando Campillay Molina; Rocío Tordecilla Fernández; Carla Bastías Sarmiento; Daniela Cereceda Oñate; Pablo Aranda Guerra; Victor Gomez Pino; Alejandro Afani Saud

El VIH afecta a cerca de 40,8 millones de personas en el mundo y a unas 91.000 en Chile, donde solo el 68% de quienes reciben terapia antirretroviral (TAR) mantiene supresión virológica [1,2]. La adherencia estricta a la TAR oral diaria sigue siendo una barrera relevante, especialmente ante estigma, comorbilidad psiquiátrica o dificultades logísticas [3]. Además, las personas con VIH presentan alta carga de salud mental (depresión ~31%, ansiedad ~29%) que afecta su calidad de vida [4]. Cabotegravir + rilpivirina de acción prolongada (CAB/RPV-LA), un inhibidor de la integrasa combinado con un inhibidor no nucleósido de la transcriptasa reversa en suspensión intramuscular bimensual, es el primer régimen inyectable completo para el VIH [5]. Fue aprobado por la FDA en enero de 2021 (mensual) y febrero de 2022 (bimensual), y registrado en Chile por el ISP en 2021 [6,7]. Está indicado en personas virológicamente suprimidas (ARN VIH-1 <50 copias/mL), sin historia de fracaso virológico ni resistencia conocida o sospechada a CAB o RPV [8]. Mantiene supresión en 87-100% de los casos, con perfil metabólico neutro, y mejora la satisfacción y la calidad de vida al eliminar la toma diaria [9,10,11]. En Latinoamérica solo está disponible en Chile y Argentina, y no existen datos de vida real en la región. Evaluar, en una cohorte chilena de vida real, la efectividad (mantención de la supresión virológica) y la retención de CAB/RPV-LA a las 24 y 48 semanas; y describir su impacto metabólico, la satisfacción con el tratamiento, la calidad de vida y los síntomas anímicos. Estudio observacional, prospectivo, longitudinal, no aleatorizado, con muestreo por conveniencia, en el Hospital Clínico de la Universidad de Chile. Se incluyeron personas con VIH que iniciaron CAB/RPV-LA, virológicamente suprimidas, sin fracaso previo ni resistencia a CAB/RPV. Desde la ficha clínica se obtuvieron datos demográficos, clínicos y de laboratorio (carga viral, CD4, perfil lipídico, glicemia, función hepática y renal) basales y en seguimiento. Mediante encuestas validadas en REDCap se evaluó satisfacción (HIVTSQ status y change [12]), calidad de vida (WHOQOL-HIV BREF [13]) y síntomas anímicos (PHQ-9 [14], GAD-7 [15]). El análisis fue descriptivo; los parámetros metabólicos basales vs seguimiento se compararon con t de Student pareada o Wilcoxon según normalidad (Shapiro-Wilk). Estudio exploratorio, con recolección de datos en curso. Se analizaron 19 pacientes con al menos un control post-switch (100% hombres; edad media 43,9 años; 89,5% chilenos; 9,4 años desde el diagnóstico); 73,7% sin comorbilidades médicas y 84,2% sin antecedentes de salud mental. La TAR previa más frecuente fue INSTI+2 NRTI (63,2%). Con una mediana de seguimiento de 11,3 meses (rango 3,3-15,0), la retención en tratamiento fue 100% y el 100% (16/16) mantuvo carga viral <50 copias/mL, sin caídas de CD4. No hubo cambios metabólicos significativos (perfil neutro) en lípidos, glicemia ni función hepática o renal; la creatinina mostró un descenso mínimo a las 24 semanas (-0,1 mg/dL) sin relevancia clínica. El evento adverso más frecuente fue el dolor en el sitio de inyección (hasta 87,5% en la encuesta dirigida), en general leve a moderado y autolimitado o en disminución; hubo un episodio de fiebre y una glomerulonefritis considerada no relacionada; ningún paciente suspendió por eventos adversos. La satisfacción fue muy alta (HIVTSQs 63,6/66) y el 100% mejoró tras el cambio (HIVTSQc +28,5). La calidad de vida fue buena en todos los dominios del WHOQOL-HIV BREF. Los síntomas anímicos post-switch fueron mínimos a leves, sin casos que requirieran derivación a salud mental (Tablas 1 y 2). En el primer estudio de vida real de CAB/RPV-LA en Latinoamérica, esta terapia mantuvo la supresión virológica y la retención en el 100% de los pacientes evaluables, con perfil metabólico neutro, buena tolerancia, alta satisfacción y buena calidad de vida. Estos resultados preliminares, exploratorios y con recolección en curso, apoyan la efectividad y seguridad de CAB/RPV-LA en el contexto chileno de vida real y aportan la primera evidencia regional.

Folio 50

ALCOHOL, DROGAS Y CONDUCTAS SEXUALES ASOCIADAS AL RIESGO DE ADQUISICIÓN DEL VIH EN ESTUDIANTES UNIVERSITARIOS DEL SUR DE CHILE

Autor principal: Claudia Esperanza Troncoso Muñoz
Co-autores: Claudia Beatriz Orellana Infente

La infección por VIH continúa constituyendo un problema relevante de salud pública, con especial preocupación por el aumento de casos en población joven. En este grupo, el consumo de alcohol y otras drogas puede coexistir con conductas sexuales que incrementan la vulnerabilidad frente a la adquisición del VIH, particularmente el uso inconsistente de preservativo, la multiplicidad de parejas sexuales y determinadas prácticas sexuales. La identificación de estos factores resulta fundamental para fortalecer estrategias de prevención combinada y contextualizada en población joven. Detectar conductas sexuales asociadas al riesgo de adquisición del VIH y determinar su relación con el consumo de alcohol y drogas en estudiantes universitarios de la Región de La Araucanía, Chile. Estudio cuantitativo, descriptivo, correlacional, de tipo transversal realizado durante el periodo 2023-2024, en estudiantes de primer a cuarto año de la Universidad Autónoma de Chile, sede Temuco, quienes firmaron voluntariamente el consentimiento informado. Se aplicó un cuestionario estructurado y validado por expertos de la Mesa de Trabajo VIH del Servicio de Salud Araucanía Sur, previamente aprobado por el comité ético científico de esta casa de estudios. El instrumento incluyó variables sociodemográficas, conocimientos sobre VIH y conductas sexuales asociadas a la adquisición de VIH. Se analizaron 418 cuestionarios válidos. La consistencia interna del instrumento alcanzó un α de Cronbach de 0,75 para el cuestionario completo, 0,67–0,75 para las subescalas. En la población sexualmente activa (n=337) se evaluó la asociación entre consumo de alcohol y/o drogas y conductas sexuales mediante prueba de x^2, considerando un nivel de significancia de 5%. De los 418 participantes, la edad promedio fue 22 años (rango, 17-39), un 72,3% (n= 307) inició su vida sexual a los 15 años o más, Los estudiantes reportaron conocer las vías de transmisión (promedio 77,1%, n= 322), factores de riesgo y medidas preventivas (promedio 94,4%, n=397). De las conductas, el 88,4% (n=298) usó preservativo, tan solo el 29,1% (n=98) lo hizo habitualmente. El 43,6% (n=147) aplicó fidelidad y 24,9% (n= 84) abstinencia sexual. Entre los jóvenes sexualmente activos (n=337), un 74,2% (n=250) consumía alcohol y 21,4% (n=72) cocaína u otras drogas ilícitas, principalmente cannabis (n=61, 18.1%) (Tabla N°1). Al indagar en este grupo, un 17,8% (n=60) señaló uso de sustancias para favorecer una mejor experiencia sexual (Tabla N°2); de ellos, solo 16,7% (n=10) hizo uso consistente de preservativo en los últimos 12 meses y 36,7% (n=22) refirió haber tenido tres o más parejas sexuales en similar período, También se observó frecuencia de sexo grupal en el 30% (n=18) y prácticas sexuales anales en el 18,3% (n=11). Al comparar con los no consumidores de sustancias, se evidenciaron diferencias significativas en estas 4 dimensiones ($p< 0,05$). En estudiantes universitarios, se reporta un buen nivel de conocimientos generales sobre transmisión de VIH y medidas preventivas. Este conocimiento es menos reflejado en la práctica para el uso de medidas de barrera y conductas protectoras, sin embargo, el consumo de alcohol y drogas se asocia significativamente con un conjunto de conductas sexuales que incrementan la vulnerabilidad frente a la adquisición del VIH, incluyendo menor uso consistente del preservativo, mayor número de parejas sexuales, sexo grupal y prácticas sexuales anales. Estos resultados evidencian que un adecuado nivel de conocimiento no necesariamente se traduce en conductas preventivas sostenidas. La prevención en población joven requiere estrategias integradas en contextos de mayor vulnerabilidad como son centros de reunión social y en espacios universitarios para lograr mejorar el alcance y receptividad por parte de estos grupos. Estas acciones deberían estar focalizadas en fomentar la autorregulación del consumo de sustancias, sensibilizar sobre los riesgos de adquisición del VIH asociados al consumo de alcohol, cannabis y otras sustancias, sumado al fortalecimiento de habilidades de negociación y autoeficacia sexual, incluido el uso correcto y consistente de métodos de barrera femenino y masculino y acceso oportuno a estrategias de prevención combinada.

Folio 77

EXPERIENCIA DE VIDA REAL EN TERAPIA ANTIRRETROVIRAL INYECTABLE DE LARGA ACCIÓN (CAB/RPV) EN EL HOSPITAL FRANCO RAVERA ZUNINO, MAY/2025–AGO/2026

Autor principal: Carla Muñoz Villarroel
Co-autores: Ana Maria Lagos Villagran; Sergio Ovando Vidal

El manejo de la infección por VIH ha evolucionado desde el objetivo de supervivencia hacia mejorar la calidad de vida de manera integral. A pesar de la alta eficacia de la terapia antirretroviral oral, persisten desafíos asociados a la adherencia diaria, el estigma social, la fatiga del tratamiento y las comorbilidades neuropsiquiátricas. El régimen de larga duración (Long-Acting, LA) compuesto por Cabotegravir y Rilpivirina (CAB+RPV), administrado por vía intramuscular bimensual, representa un cambio relevante al eliminar la dependencia de la dosificación oral diaria. En un hospital de alta complejidad con más de 1.500 pacientes activos, se identificaron pacientes con alta vulnerabilidad clínica y psicosocial, lo que impulsó la necesidad de incluir este fármaco como opción terapéutica. A pesar de la eficacia demostrada en los ensayos clínicos, el régimen CAB+RPV no está incluido en la canasta de medicamentos del sistema público, lo que limita significativamente el acceso para la mayoría de los pacientes. Describir la experiencia clínica, de seguridad y logística en la implementación inicial del régimen antirretroviral inyectable de larga duración (CAB+RPV) en una cohorte de pacientes viviendo con VIH bajo control activo en un hospital público de alta complejidad durante el periodo mayo 2025 a Agosto 2026. Estudio observacional, descriptivo y retrospectivo de una serie de casos en pacientes del Programa de VIH/SIDA que realizaron el cambio (switch) terapéutico a CAB+RPV inyectable. La selección de pacientes fue evaluada en Comité de farmacia/VIH. Los criterios de inclusión consideraron pacientes con supresión virológica en terapia oral y condiciones de salud y sociales (deterioro cognitivo, patología psiquiátrica severa, dependencia de terceros, polifarmacia o intolerancia gástrica). Se excluyeron pacientes con historial de falla virológica y coinfectados con virus de hepatitis B. El seguimiento evaluó variables demográficas, carga viral, recuento de linfocitos CD4 +, eventos adversos mediante farmacovigilancia y aspectos de gestión farmacoeconómica. En nuestra cohorte se incluyeron 5 pacientes (edad media: 46,4 años; rango: 29-56 años; 60% hombres, 40% mujeres) que iniciaron el tratamiento entre mayo y diciembre de 2025. En el seguimiento hasta agosto de 2026, 4 de los 5 pacientes (80%) mantuvieron supresión virológica (carga viral indetectable o < 50 copias/mL) y adecuado control inmunológico. Un paciente (Paciente 3) presentó indetectabilidad/baja viremia inicial (CV 61 copias/mL en marzo de 2026), pero rechazó continuar con el tratamiento inyectable en abril de 2026, por razones personales. En los pacientes que continuaron el seguimiento, se constataron cargas virales indetectables (LDL) en julio de 2026 para el Paciente 2 (CD4: 753 / 34,8%) y en agosto de 2026 para el Paciente 1 (CD4: 415 / 15,7%). Respecto a la seguridad, se registraron eventos adversos leves (dolor en el sitio de inyección) asociados a la primera administración en 2 de los 5 pacientes (40%: Pacientes 4 y 5), además de un evento leve reportado en la cuarta administración del Paciente 3. La implementación del esquema inyectable de larga acción de Cabotegravir/Rilpivirina representa una estrategia altamente efectiva, segura y factible dentro del sistema público de salud. Constituye una alternativa para resolver problemas de adherencia en pacientes seleccionados, garantizando la supresión virológica y mejorando significativamente la calidad de vida. Su incorporación en centros públicos es posible si se muestra la problemática a las autoridades correspondientes y permite identificar tempranamente a los pacientes con mayor riesgo, optimizando la gestión de los recursos y reduciendo los costos hospitalarios a largo plazo.

Folio 94

ESTRATEGIA DE IMPLEMENTACIÓN DE PROGRAMA PILOTO DE PESQUISA DE VPH EN ORINA EN LA REGIÓN DE ANTOFAGASTA: RESULTADOS PRELIMINARES DE DOS COMUNAS

Autor principal: Patricia Pozo Sanhueza
Co-autores: Muriel Ramírez Santana; Johonattan Pérez Bravo; Sheyla Guzmán Salas; Katherine Bugueño Villalón; Francisca Castillo Álvarez; Esteban Severino Arias; Javiera Acuña Barrera; Kely Órdenes González

El cáncer cervicouterino (CaCu) y las patologías asociadas al Virus del Papiloma Humano (VPH) representan un desafío crítico de salud pública en la Región de Antofagasta. En Chile, la prevalencia del VPH en mujeres alcanza el 16%, asociado a genotipos de alto riesgo oncogénico (VPH-AR). El tamizaje tradicional se basa en métodos invasivos (Papanicolaou/co-test) dirigidos exclusivamente a mujeres. Sin embargo, la infección en la población masculina —considerada portadora asintomática e implicada en la transmisión y en el desarrollo de cánceres anogenitales y de cabeza y cuello— no es monitoreada de forma rutinaria. La detección molecular de VPH en matriz de orina mediante autotoma surge como una alternativa sensible, no invasiva y de alta aceptabilidad para ampliar la cobertura poblacional en ambos sexos. En la etapa preliminar de este estudio se consideraron las comunas de Sierra Gorda y San Pedro de Atacama, comunas rurales con alta ocupación laboral y un gran porcentaje de población flotante, lo que las hace comunas de especial interés para la implementación de esta estrategia de monitoreo. Caracterizar sociodemográfica y clínico-conductualmente a los participantes (hombres y mujeres) en el proyecto estrategia de detección de VPH en orina de la región de Antofagasta, así como describir la frecuencia de detección de VPH y la distribución de genotipos según riesgo oncogénico y su relación con estrategia tradicional de tamizaje citológico (mujeres), en residentes de las comunas de Sierra Gorda y San Pedro de Atacama. Estudio transversal descriptivo en adultos de 18 a 65 años. Con el consentimiento informado previo, se aplicó una encuesta sociodemográfica y clínico-conductual. Se recolectaron 320 muestras de orina de residentes de Sierra Gorda y San Pedro de Atacama durante mayo y agosto de 2026. Las muestras fueron analizadas mediante diagnóstico molecular utilizando RT-qPCR con el ensayo Allplex™ HPV28 (Seegene), para la detección y genotipificación de VPH, clasificando las cepas según riesgo oncogénico. La información anonimizada se registró en una plataforma en línea cifrada. Los datos se analizaron en SPSS(v16), presentando cifras, estimando frecuencias relativas y utilizando tablas cruzadas. Los resultados se expresaron como tablas resumen para los datos recolectados. El cruce entre mujeres con el control preventivo del Papanicolau (PAP) y el diagnóstico molecular en orina mostró que, en la comuna de Sierra Gorda el 52 % de las mujeres encuestadas no se realizaba el PAP periódicamente, mientras que en San Pedro de Atacama fue del 41%. En ambas comunas, aquellas mujeres que no tenían su PAP al día y resultaron positivas en la prueba de orina, el 80,0% a 82,4% portaba genotipos de Alto Riesgo oncogénico. Esto demuestra que la estrategia de autotoma de orina es altamente efectiva para captar a la población femenina de mayor riesgo biológico que permanece fuera de los controles ginecológicos tradicionales (Tabla 1). En ambas comunas destacó la alta frecuencia de genotipos de las cepas VPH-16, -52, -39, -51 y -59 (figura 1). Sin considerar los genotipos VPH-16 y -18, se encontraron VPH-52 y 59 como más prevalentes en ambas comunas y VPH-39, -51 y -53 con alta frecuencia en la comuna de San Pedro de Atacama (figura 1). En hombres, la prevalencia viral fue del 31,0% en Sierra Gorda y del 35,0% en San Pedro de Atacama. En el 75% de los resultados se detectaron genotipos de Alto Riesgo oncogénico, identificándose además coinfecciones múltiples (dos o más cepas) en hasta un 37% de los hombres infectados en San Pedro de Atacama. La pesquisa de VPH en orina registró una positividad global de 34% a 44%, con un ~75% de cepas de alto riesgo oncogénico (predominando VPH-16, 52 y 51) y entre el 41% y el 52% mujeres sin PAP al día. Por otro lado, se detectó una prevalencia de VPH del 31.0% al 35.0% en la población masculina, identificándose que del 77.0% al 79.0% de los pacientes positivos portaban genotipos de alto riesgo oncogénico. Las tasas de infección de alto riesgo son comparables a las de las mujeres.

Folio 107

MUERTE EN PACIENTES CON HIV, DE PACIENTES QUE SE CONTROLABAN POR HIV EN HOSPITAL COQUIMBO, DURANTE AÑOS 2021-2025

Autor principal: Jaime Tapia Cortes
Co-autores: Javier Alvear Miranda; Marianella Lira Spinali; Carolina Fariña Morales; Natalia Huera Veas

La terapia antirretroviral ha modificado en forma considerable la sobrevida de los pacientes con HIV. En literatura internacional se ha observado un aumento del número de muertes no asociadas a HIV. Sin embargo, incluso con los estándares de tratamiento de los países desarrollados, existe todavía un exceso de mortalidad en relación con la población general Conocer la frecuencia y las características de las muertes de pacientes con HIV durante los años 2020-2025 en pacientes atendidos en el centra de atención integral del Hospital Coquimbo. Métodos: Se incluyeron en el análisis a los análisis a los pacientes que fallecieron entre 2020 y el 2025 que se controlan en nuestro centro. Los pacientes que se incluyeron fueron al menos evaluados en una oportunidad. La causa de muerte se obtiene de registros de la ficha clínica o del certificado de muerte en caso de fallecer fuera del hospital. Las causas de mortalidad se clasifican de acuerdo a: Infecciones asociadas a SIDA; Infecciones no asociadas a SIDA; Cáncer asociado a SIDA; Cáncer no asociado a SIDA; enfermedades cardiovasculares, Otras. Durante el periodo observado, fallecieron 88 pacientes, con un promedio de edad de 50 años, con un promedio de tiempo en control de 8 años, pero con una moda de un año. De los fallecidos de ellos el 62% son hombres. El tiempo promedio de TARV fue de 6 años. El mayor número de fallecidos se encuentran entro los 50 y 54 años. En relación al número de pacientes en TARV, la moda fue de cero años. (14 pacientes). De los fallecidos el 29% muere por infección asociada a VIH, el 19% de causa cardiovascular; 15% de alguna infección no asociada a VIH; y sólo el 4.4% por algún cáncer asociado a VIH. El promedio de CD4 al momento de fallecer es de 204 cel/mm3, y sólo 21% de los fallecidos se encontraban indetectables al momento de fallecer. 3 pacientes fallecen con CV sobre el límite de la detectabilidad, el promedio de detectabilidad fue de 650 mil copias. A pesar de los avances de la medicina y de los controles en nuestro país y nuestro medio. Lamentablemente las muertes que se produjeron en nuestro centro se mantienen asociadas a SIDA. Además el mayor número de muertes asociadas a enfermedad definitoria de SIDA ocurren dentro del primer año de inicio al control y tratamiento, lo que se asocia al gran número de pacientes que ingresan al control con una enfermedad avanzada. Es imprescindible mejorar el acceso al control de nuestros pacientes para que así podamos tener resultados similares a los países desarrollados en donde la enfermedad neoplásica no definitoria de SIDA es la mayor causa de mortalidad.

Folio 111

MANIFESTACIONES CLÍNICAS Y NEUROLÓGICAS DE LA INFECCIÓN POR HTLV-1 EN LA REGIÓN DEL ÑUBLE, CHILE, 2011–2025

Autor principal: Eduardo López Arcos
Co-autores: Valentina Aguayo Barrientos; Valentina Reyes Cabrera; Andrés Rodríguez Morales

Introducción: El virus linfotrópico de células T humanas tipo 1 (HTLV-1) es un retrovirus oncogénico asociado a diversas manifestaciones neurológicas y sistémicas, entre ellas la mielopatía asociada a HTLV-1/paraparesia espástica y la leucemia/linfoma de células T del adulto. Aunque la mayoría de las personas infectadas permanece asintomática, una proporción desarrolla enfermedad clínica tras un período prolongado de latencia. En Chile, la información epidemiológica sobre HTLV-1 es limitada, especialmente en regiones del sur consideradas de baja endemicidad, como Ñuble, donde existe escasa caracterización de sus manifestaciones clínicas. Objetivos: Describir las características clínicas, neurológicas, de laboratorio y epidemiológicas de pacientes con infección confirmada por HTLV-1 atendidos en el hospital clínico Herminda Martin de la Región de Ñuble durante un período de 15 años. Materiales y métodos: Estudio descriptivo retrospectivo que incluyó pacientes con infección por HTLV-1 confirmada por el Instituto de Salud Pública (ISP), atendidos en el Hospital Clínico Herminda Martín de Chillán entre 2011 y 2025, y con información de seguimiento clínico disponible. Se recopilaron antecedentes clínicos, neurológicos, de laboratorio y epidemiológicos a partir de los registros médicos. Las variables se analizaron mediante frecuencias absolutas y porcentajes, utilizando análisis por casos disponibles y considerando como denominador únicamente a los pacientes con evaluaciones disponibles para cada variable. Resultados: Se identificaron inicialmente 65 pacientes con infección confirmada por HTLV-1; tras excluir 13 por traslado a otro servicio de salud o información clínica insuficiente, se incluyeron 52 pacientes. Las manifestaciones sistémicas más frecuentes fueron las oculares, presentes en 17 de 41 pacientes evaluados (41,5%), seguidas por alteraciones de la médula espinal en 8 de 37 (21,6%) y manifestaciones cutáneas en 8 de 43 (18,6%). Entre los hallazgos neurológicos destacó la hiperreflexia en 9 de 43 pacientes (20,9%), seguida de paraparesia espástica en 7 (16,3%) y clonus en 1 (2,3%). Entre las alteraciones de laboratorio se observaron elevación de la velocidad de eritrosedimentación en 7 de 34 pacientes (20,6%), alteración de creatina quinasa total en 5 de 27 (19,0%), elevación de gamma-glutamil transferasa en 6 de 37 (16,0%) y anemia según hemoglobina en 4 de 26 (15,4%). Se documentó antecedente de exposición horizontal en 7 pacientes y antecedente compatible con transmisión vertical en 2. Conclusiones: La infección por HTLV-1 en esta cohorte de la región de Ñuble que es de baja endemicidad presentó manifestaciones clínicas diversas, con importante compromiso ocular, neurológico y cutáneo. La coexistencia de manifestaciones en distintos órganos evidencia el carácter multisistémico de la infección, estos hallazgos respaldan la necesidad de una evaluación clínica integral de las personas con HTLV-1 y de fortalecer su vigilancia epidemiológica en regiones donde su carga clínica y epidemiológica permanece insuficientemente caracterizada.

Folio 119

EPIDEMIOLOGÍA DESCRIPTIVA DE NEOPLASIAS EN PERSONAS QUE VIVEN CON VIH EN EL POLICLÍNICO DE INFECTOLOGÍA DEL HOSPITAL CLÍNICO SAN BORJA ARRIARÁN, CHILE: ANÁLISIS DE 25 AÑOS

Autor principal: Catherine Vera Araya
Co-autores: Claudia Cortes Moncada

El virus de inmunodeficiencia humana (VIH), es un lentivirus que causa inmunosupresión secundaria. La disminución progresiva de linfocitos TCD4, en personas viviendo con VIH (PVVIH) sin tratamiento, conduce al desarrollo de síndrome de inmunodeficiencia adquirida (SIDA). Según datos de ONUSIDA, desde el inicio de la epidemia al 2025, 83.5 millones de personas han adquirido VIH en el mundo y 43.2 millones han muerto por enfermedades asociadas a SIDA. Para el 2024, en Chile vivían 91.000 personas con VIH. Actualmente, entre las principales causas de muerte en las PVVIH se encuentran las enfermedades cardiovasculares, metabólicas y neoplasias. En Chile la información disponible sobre la carga de cáncer en PVVIH continúa siendo limitada, particularmente en relación con la evolución y distribución de las neoplasias definitorias y no definitorias de SIDA. Describir las características epidemiológicas y clínicas de los eventos neoplásicos registrados en PVVIH durante el período 2000–2024, caracterizando la distribución y evolución temporal de las neoplasias definitorias de SIDA (ADC) y no definitorias de SIDA (NADC). Estudio descriptivo retrospectivo de una cohorte de personas viviendo con VIH atendidas en el Policlínico de Infectología de un hospital público de alta complejidad de Santiago de Chile. Este estudio contó con la aprobación del Comité Ético Científico correspondiente. Se incluyeron pacientes mayores de 18 años con diagnóstico confirmado de infección por VIH y al menos una neoplasia diagnosticada entre 01 enero del año 2000 y 31 de diciembre del 2024, provenientes de una población fuente de 7.821 personas con VIH, se presentaron 454 eventos neoplásicos. La unidad de análisis correspondió a cada evento neoplásico. Se recopilaron datos sociodemográficos y clínicos, incluyendo edad, sexo, recuento de CD4, carga viral de VIH y tipo de neoplasia, clasificada como definitoria de SIDA (sarcoma de Kaposi, cáncer cervicouterino invasor y el linfoma de Hodgkin) o no definitoria de SIDA (todas las demás neoplasias). Para observar los cambios en el tiempo, el período de estudio fue fraccionado en cinco quinquenios. Los análisis, tablas y gráficos fueron realizados con Stata/BE 17.0. Se registraron 454 eventos de neoplasia que correspondían a 425 PVVIH, un 5,4% de la cohorte. La mayoría de los pacientes incluidos presentó una única neoplasia (93,9%). La mediana de la edad al momento del diagnóstico de neoplasia se sitúa en 37 años (RIC 20-47 años). De la muestra, el 90,3% correspondieron a hombres, 8,2% a mujeres y 1,5% a personas transgénero. Respecto al diagnóstico oncológico, 88,1% eventos contaban con diagnóstico histopatológico y 11,7% con diagnóstico probable. En relación con la extensión de la enfermedad; 57,7% fueron enfermedad localizada, 22,5% con metástasis a distancia y 19,2% con extensión desconocida (Tabla 1). Del total de neoplasias, 71,4% fueron neoplasias definitorias de SIDA mientras que 28,6% correspondieron a neoplasias no definitorias de SIDA. Dentro de las ADC, la neoplasia más frecuente fue sarcoma de Kaposi con 52,6%, seguido por linfoma no Hodgkin (16,5%). En cuanto a las NADC, las neoplasias más frecuentes fueron linfoma de Hodgkin (4,8%), cáncer anal (3,7%) y cáncer testicular (3,3%) (Tabla 2). Durante los 25 años analizados en este estudio, se observaron cambios importantes en la distribución de neoplasias en las PVVIH, caracterizados principalmente por una disminución de las ADC, acompañada de un aumento en el registro de las NADC. Aunque el sarcoma de Kaposi se mantuvo como la neoplasia más frecuente, su disminución en presentación se presentó en los dos primeros quinquenios analizados. Las ADC fueron más frecuentes en personas con VIH más jóvenes, con mayor inmunosupresión y menor frecuencia de supresión virológica que las NADC. Este estudio aporta una caracterización de la evolución de las neoplasias en PVVIH en Chile a lo largo de 25 años, permitiendo describir los cambios en la distribución de las distintas neoplasias observadas en relación con características epidemiológicas y clínicas, en el contexto de la expansión de la TAR, con el fin de contribuir a orientar las estrategias de prevención, y pesquisa oncológica de las PVVIH en Chile.

Folio 127

IMPACTO DE LA PANDEMIA DE COVID-19 EN EL PERFIL MIGRATORIO DE LA EPIDEMIA DE VIH EN EL NORTE DE CHILE: ANÁLISIS POR PERÍODOS PRE, INTRA Y POST-PANDEMIA

Autor principal: Olga Patricia Lopez Muñoz
Co-autores: Natalia Daphne Esquivel Esquivel; Carolina Vasquez Vivar; Ana Margarita Bustos Miranda

Introducción: La región de Tarapacá, zona fronteriza del extremo norte de Chile, presenta una de las mayores tasas de notificación de VIH del país: según EPIVIGILA (MINSAL), alcanzó 59,1 por 100.000 habitantes en 2025, casi el triple de la tasa nacional notificada (19,9), en un contexto en que la incidencia del país ha descendido. Iquique, su capital, es una ciudad cosmopolita —puerto mayor y zona franca— con intensa movilidad y diversidad poblacional, receptora de flujos migratorios crecientes desde países andinos y del Caribe. La pandemia de COVID-19 alteró la dinámica migratoria, con cierre de fronteras e ingreso por pasos no habilitados. Analizar cómo cambió la composición de las personas que viven con VIH (PVVIH) a través de los períodos pandémicos es clave para la planificación asistencial. Objetivo Describir los cambios en el volumen de ingresos, en la proporción de personas migrantes y en su composición por nacionalidad y perfil clínico-demográfico en el programa regional de VIH, comparando tres períodos: pre-pandemia (≤2019), intra-pandemia (2020–2021) y post-pandemia (2022–2025). Materiales Estudio descriptivo, retrospectivo, basado en el registro clínico del programa de VIH del Hospital Dr. Ernesto Torres Galdames (Iquique), único centro de atención de VIH de la región de Tarapacá durante el período de estudio, por lo que la cohorte representa a la práctica totalidad de la población regional en control. Se incluyeron todas las personas ingresadas hasta 2025, agrupadas por período según el año de ingreso; se excluyeron los falsos positivos y los ingresos de 2026, año en que el hospital de Alto Hospicio inició la atención de VIH en la región. Se analizaron nacionalidad, sexo, edad y recuento de CD4 basal. Los datos se analizaron de forma agregada y anonimizada. Resultados Se incluyeron 2.572 personas. Los ingresos anuales se multiplicaron por 2,3 (92/año pre-pandemia; 174/año intra-pandemia; 210/año post-pandemia), de forma concordante con las notificaciones regionales de EPIVIGILA (2021–2025), ambas con su máximo en 2025; este aumento no se atribuyó a un rezago en la notificación de casos de años previos, sino que reflejó un incremento real, verificado en el registro local. La proporción de personas migrantes entre los ingresos aumentó de 23% (pre) a 47% (intra) y 53% (post), superando el 50% desde 2021 (Figura 1); en el quinquenio 2021–2025 los migrantes fueron el 52,6% de los ingresos, muy por encima del 36% de casos notificados como migrantes a nivel nacional. La composición por nacionalidad se modificó (Tabla 1): la población boliviana se mantuvo como la principal y creció (36,4% → 36,2% → 51,6% de los migrantes), mientras la venezolana irrumpió desde el grupo “Otros” (10,9%) al tercer (16,6%) y luego al segundo lugar (21,7%); en paralelo, la peruana descendió (21,7% → 17,8% → 8,6%) y la colombiana salió del grupo principal. La población ingresada fue progresivamente más joven (mediana 44 → 38 → 34 años) y la enfermedad avanzada al ingreso (CD4 <200) disminuyó en el período post-pandemia (45% → 46% → 37%). Conclusiones La pandemia de COVID-19 marcó un punto de inflexión en la epidemia regional de VIH: coincidió con la duplicación de los ingresos y con que la migración pasara a ser mayoritaria entre los nuevos diagnósticos, con irrupción de la población venezolana, predominio boliviano creciente y una población más joven. La menor proporción de enfermedad avanzada post-pandemia sugiere un diagnóstico más temprano en la nueva población, hallazgo que merece confirmación. En una ciudad cosmopolita y fronteriza como Iquique, los programas de VIH deben adaptar de forma sostenida sus estrategias de tamizaje, vinculación y retención a esta transición migratoria.

Folio 128

DIAGNÓSTICO TARDÍO Y ENFERMEDAD AVANZADA POR VIH AL INGRESO ENUNA REGIÓN DEL NORTE DE CHILE: EVOLUCIÓN EN LOS PERÍODOS PRE, INTRA Y POST-PANDEMIA (N=1.728)

Autor principal: Olga Patricia Lopez Muñoz
Co-autores: Gentil Javier Caviedes Avendaño; Natalia Daphne Esquivel Esquivel; Milena Francisca Molina Naranjo

El diagnóstico tardío del VIH —ingreso al cuidado con CD4 <350 céls/µL— y la enfermedad avanzada (CD4 <200) se asocian a mayor mortalidad, peor respuesta al tratamiento y mayor transmisión. La pandemia de COVID-19 y el cambio en el perfil de las personas diagnosticadas pudieron modificar el grado de compromiso inmunológico al ingreso. Además, el norte del país concentra las mayores tasas de notificación de VIH, lo que hace especialmente relevante examinar si en esta zona predomina el diagnóstico tardío. Determinar la frecuencia de diagnóstico tardío y de enfermedad avanzada al ingreso, su evolución en los períodos pre-pandemia (≤2019), intra-pandemia (2020–2021) y post-pandemia (2022–2025), e identificar los subgrupos más afectados. Estudio descriptivo, retrospectivo, del registro clínico del programa de VIH del Hospital Dr. Ernesto Torres Galdames (Iquique), único centro de atención de VIH de la región de Tarapacá durante el período de estudio. Se incluyeron las personas con recuento de CD4 basal disponible ingresadas hasta 2025 (se excluyeron los falsos positivos y los ingresos de 2026, año en que el hospital de Alto Hospicio inició la atención de VIH en la región). Se clasificó el ingreso como diagnóstico tardío (CD4 <350) y enfermedad avanzada (CD4 <200), agrupando por período según el año de ingreso. El CD4 basal se mide al ingreso, por lo que no está sujeto al tiempo de seguimiento. Análisis agregado y anonimizado. De 2.572 personas, 1.728 (67%) contaban con CD4 basal (mediana 252 céls/µL). El 65,6% ingresó con diagnóstico tardío (CD4 <350) y el 42,0% con enfermedad avanzada (CD4 <200). El diagnóstico tardío se mantuvo persistentemente alto en los tres períodos (67% → 67% → 64%), pero la enfermedad avanzada disminuyó en el período post-pandemia (45% → 46% → 37%) y la mediana de CD4 mejoró (227 → 230 → 274 céls/µL) (Figura 1). El compromiso inmunológico fue mayor en personas chilenas que migrantes (CD4 <200: 47,9% vs 33,9%) y en personas de mayor edad (mediana 42 vs 35 años). Dos de cada tres personas ingresan tardíamente y cuatro de cada diez con enfermedad avanzada. Aunque la enfermedad avanzada disminuyó tras la pandemia —en paralelo a una población más joven y migrante—, el diagnóstico tardío persiste sin mejoría clara. Reforzar el tamizaje de VIH, especialmente en población de mayor edad y chilena, sigue siendo una prioridad no resuelta.

Folio 129

PERSONAS TRANS CON VIH COMO INDICADOR DE VULNERABILIDAD SOCIAL EN UNA REGIÓN DEL NORTE DE CHILE AÑOS 2006 - 2025: PRIMER REPORTE REGIONAL DE PERFIL CLÍNICO Y RETENCIÓN

Autor principal: Olga Patricia Lopez Muñoz
Co-autores: Carolina Alexandra Vasquez Vivar; Claudia Viviana Medina Palomera; Milena Francisca Molina Naranjo

Las personas trans constituyen una de las poblaciones más afectadas por el VIH a nivel global y enfrentan barreras estructurales de acceso y permanencia en el cuidado. La vigilancia nacional del VIH (EPIVIGILA) registra el sexo asignado al nacer y no captura la identidad de género, por lo que las personas trans permanecen invisibles en las estadísticas oficiales y no existen reportes regionales de esta población. La región de Tarapacá presenta, además, la mayor pobreza multidimensional del país (CASEN 2022: 23,8%) y la mayor incidencia de tuberculosis de Chile (46,8 por 100.000, cerca del triple del nivel nacional), determinante social ligado a la pobreza que sigue el mismo patrón de concentración territorial. En este escenario, la situación de las personas trans con VIH puede leerse como un indicador centinela de la vulnerabilidad social general de la región: al concentrar desventajas estructurales, su perfil clínico y su retención reflejan de forma amplificada las brechas del sistema, lo que hace especialmente relevante caracterizarlas. Describir el perfil sociodemográfico y clínico y los desenlaces en el programa de las personas trans con VIH de una cohorte regional del norte de Chile —primer reporte de esta población en la región— y valorar su utilidad como indicador de vulnerabilidad social. Estudio descriptivo, retrospectivo, del registro clínico del programa de VIH del Hospital Dr. Ernesto Torres Galdames (Iquique), único centro de atención de VIH de la región de Tarapacá durante el período de estudio. Se incluyeron las personas ingresadas hasta 2025 (se excluyeron los falsos positivos y los ingresos de 2026, año en que el hospital de Alto Hospicio inició la atención de VIH en la región). Se identificaron las personas registradas como trans y se analizaron edad, nacionalidad, CD4 basal, cobertura de tratamiento antirretroviral (TARV) y estado en el programa, comparando el abandono con el de la cohorte general. Análisis agregado y anonimizado. Se identificaron 72 personas trans (2,8% de la cohorte). La mediana de edad fue 37 años y el 40% era de origen migrante. La mediana de CD4 basal fue 232 céls/µL, con 47% de enfermedad avanzada (CD4 <200) al ingreso. El 89% se encontraba en TARV. En cuanto al estado en el programa, 58,3% permanecía en control activo, 18,1% había sido trasladado, 16,7% estaba en abandono y 6,9% había fallecido. La proporción de abandono casi duplicó la de la cohorte general (16,7% vs 9,2%) (Tabla 1). Este es el primer reporte de personas trans con VIH de la región de Tarapacá. Ingresan con inmunosupresión avanzada y presentan una brecha de retención relevante, con abandono que casi duplica al de la población general. Estos indicadores, en la región que lidera la pobreza multidimensional y la incidencia de tuberculosis del país, posicionan a las personas trans con VIH como un marcador sensible de la vulnerabilidad social general: donde el sistema falla para la población más vulnerable, anticipa dónde fallará para el resto. Su invisibilidad en la vigilancia nacional —que no registra la identidad de género— exige visibilizarlas en los sistemas de información y desplegar estrategias diferenciadas, con enfoque de género y culturalmente competentes, para mejorar la vinculación y la permanencia en el cuidado.

Folio 148

BAJO UN MODELO COMÚN DE ABASTECIMIENTO: VARIABILIDAD EN LA UTILIZACIÓN DE TERAPIA ANTIRRETROVIRAL Y ESTRUCTURA DEL GASTO ENTRE DOS CENTROS PÚBLICOS, 2023–2025

Autor principal: Claudia Vera Velásquez

Introducción: La terapia antirretroviral (TARV) es una parte relevante del gasto farmacéutico en la atención de PVVIH. La disponibilidad de múltiples esquemas permite individualizar el tratamiento, pero genera diferencias en los patrones de utilización y en su impacto presupuestario. Comparar dos centros públicos abastecidos mediante una gestión común, permite analizar estas diferencias bajo condiciones similares de acceso, arsenal y precios institucionales. Identificar dónde se producen estas diferencias y donde se concentra el gasto puede orientar estrategias de optimización que aumenten la capacidad de cobertura sin comprometer eficacia ni seguridad. Objetivos: Comparar la utilización de TARV y su impacto en el gasto entre dos centros públicos con gestión de abastecimiento común durante 2023–2025. Material y métodos: Estudio observacional, descriptivo, retrospectivo y bicéntrico, con cortes al 31 de diciembre de 2023, 2024 y 2025. Se incluyeron todas las personas activas en TARV. Los tratamientos se clasificaron con igual criterio institucional en primera línea/sin fracaso y rescate. Se estimaron frecuencias, proporciones, gasto mensual y costo promedio. Las proporciones intercentro se compararon mediante chi-cuadrado de Pearson y razones de prevalencia (RP) con IC95%. En primera línea se identificaron los esquemas de mayor utilización y contribución al gasto, y su concentración mediante Pareto. Los montos de gasto se analizaron descriptivamente. Como contexto clínico, se incorporó la distribución global de carga viral (CV) de diciembre de 2025, sin desagregación por categoría terapéutica. Resultados: Entre 2023 y 2025, la población conjunta aumentó de 5.740 a 6.387 personas (+11,3%), mientras el gasto mensual disminuyó 11,2% y el costo promedio por persona 20,2%. El crecimiento fue mayor en A que en B (+21,3% vs +1,2%). En 2025, CV<1.000 copias/mL se observó en 85,1% de A y 95,2% de B; CV>1.000 en 11,0% y 3,4%, respectivamente, con 4,0% y 1,4% sin información. La primera línea fue menos frecuente en A (2025: 88,8% vs 94,3%; RP 0,94; IC95% 0,93–0,96; p<0,001), mientras rescate fue mayor (9,0% vs 3,7%; RP 2,40; IC95% 1,94–2,98; p<0,001); todas las diferencias intercentro fueron significativas (p≤0,007). En 2025, rescate representó 23,7% del gasto total en A y 6,8% en B; su costo mensual por paciente fue 3,32 y 1,93 veces el de primera línea, respectivamente. A mostró mayor heterogeneidad de rescate, mientras en B 67,6% se concentró en TAF/FTC/BIC. En primera línea, el costo promedio mensual fue menor en A durante los tres años ($40.158 vs $63.611 en 2025). TLD fue el esquema más utilizado (69,3% en A; 48,4% en B), pero ABC/3TC/DTG fue el de mayor gasto. En A, tres esquemas concentraron 78,6% del gasto de primera línea con 24,5% de los pacientes; al agregar TLD, el acumulado alcanzó 89,4% del gasto y 93,8% de los pacientes. En B, tres esquemas concentraron 86,1% del gasto y 46,9% de los pacientes. Conclusiones: Bajo una gestión común de abastecimiento y precios, ambos centros mostraron diferencias relevantes en utilización de TARV y estructura del gasto. El crecimiento poblacional coexistió con una reducción del costo promedio, y pocos esquemas concentraron gran parte del presupuesto de primera línea. La principal divergencia se observó en rescate, con mayor utilización y peso presupuestario en A, y en la relación entre concentración del gasto y cobertura de pacientes. Los esquemas más utilizados en primera línea no fueron necesariamente los de mayor gasto. La diferencia global de CV y la mayor carga de rescate en A sugieren distinta complejidad clínica y justifican estudios futuros. Identificar tratamientos de alto costo permite focalizar revisiones clínicas individualizadas y considerar alternativas que reduzcan interacciones, toxicidad o costos y aumenten la barrera genética. Si se preserva la supresión virológica, esta optimización podría ampliar la capacidad de cobertura del presupuesto disponible, sin implicar sustitución automática ni asumir intercambiabilidad a partir de datos agregados.

Folio 150

RELACIÓN ENTRE LA COINFECCIÓN POR VIRUS DEL PAPILOMA HUMANO DE ALTO RIESGO Y OTRAS INFECCIONES DE TRANSMISIÓN SEXUAL EN MUJERES CHILENAS DE 35 A 45 AÑOS

Autor principal: Marjorie Morales Concha
Co-autores: Constanza Hidalgo Toledo; Maryori Montero

El cáncer cervicouterino constituye el tercer cáncer más frecuente en mujeres chilenas principalmente asociado a infección persistente por Virus del Papiloma Humano (VPH) . Se han demostrado que la coinfección entre el VPH y otras infecciones de transmisión sexual (ITS) puede favorecer la persistencia viral y aumentar el riesgo de progresión hacia lesiones cervicales precursoras de cáncer. Existe evidencia que en mujeres entre 30 y 45 años, la presencia concomitante de patógenos bacterianos y virales incrementa significativamente el riesgo de persistencia oncogénica y el desarrollo de alteraciones cervicales premalignas. Entre los microorganismos frecuentemente detectados en el tracto genitourinario femenino se encuentran Ureaplasma urealyticum (UU) y Mycoplasma hominis (MH). El potencial patogénico de estos agentes depende, en gran medida, de la carga bacteriana presente. Por esta razón, la detección de dichos microorganismos no necesariamente implica la existencia de una infección activa. Se ha establecido como criterio de referencia una carga superior a 10 copias/µL para diferenciar una colonización comensal de un potencial proceso infeccioso. Determinar la prevalencia del Virus del Papiloma Humano de alto riesgo (VPH-AR) y la frecuencia de co-detección con otros microorganismos del tracto genital en mujeres chilenas de 35 a 45 años analizadas en un laboratorio privado del centro-sur de Chile. Estudio observacional transversal realizado a partir de 8.301 muestras endocervicales procesadas durante 2025 en un laboratorio privado del centro-sur de Chile. Del total, 2.951 correspondieron a mujeres de 35 a 45 años. La detección de VPH-AR se realizó mediante Anyplex™ II HPV HR Detection. Para el análisis de co-detección se seleccionaron 80 muestras VPH-AR positivas de este grupo etario y se estudiaron mediante Allplex™ STI Essential Assay Q para detectar Ureaplasma urealyticum (UU), Mycoplasma hominis (MH), Neisseria gonorrhoeae (NG), Mycoplasma genitalium (MG), Ureaplasma parvum (UP), Chlamydia trachomatis (CT) y Trichomonas vaginalis (TV). Se registró además la carga bacteriana de UU y MH. Se definió infección múltiple por VPH como la detección de ≥2 genotipos. La asociación con la co-detección se evaluó mediante prueba exacta de Fisher y odds ratio (OR), considerando significativo $p<0,05$. De las 2.951 mujeres de 35 a 45 años, 932 fueron positivas para al menos un VPH-AR, 31,58%. Los genotipos más frecuentes fueron VPH-68 (122/2.951; 4,13%), VPH-16 (114/2.951; 3,86%), VPH-31 (85/2.951; 2,88%), VPH-58 (80/2.951; 2,71%) y VPH-39 (77/2.951; 2,61%). En las 80 mujeres VPH-AR positivas seleccionadas para el estudio de co-detección, 59 (73,75%) presentaron un único genotipo y 21 (26,25%) infección múltiple. En 55/80 (68,75%) se detectó al menos otro microorganismo genital. UP fue el más frecuente (61,25%), seguido de UU (11,25%), MH (10,00%) y MG (6,25%); CT y NG se detectaron en 1,25% cada uno y no se detectó TV. La co-detección fue significativamente mayor en mujeres con infección múltiple por VPH (20/21; 95,2%) que en aquellas con un único genotipo (35/59; 59,3%; Fisher $p\approx0,002$; $OR\approx13,7$). En mujeres chilenas de 35 a 45 años se observó una prevalencia de VPH-AR de 31,58%, con predominio de VPH-68 y VPH-16. Entre las mujeres VPH-AR positivas de 35-45 años estudiadas para otros microorganismos, se observó una elevada frecuencia de co-detección, principalmente de U. parvum. Los hallazgos sugieren una relación entre la multiplicidad de genotipos de VPH y las características del microambiente genital; sin embargo, el diseño no permite establecer causalidad. Para establecer relación con carga bacteriana es necesario contar con un n mayor. Estudios longitudinales que incorporen otras variables permitirán determinar la relevancia de estas co-detecciones en la persistencia del VPH y la progresión de lesiones cervicales.

Folio 184

VIH EN PACIENTES MAYORES: COMPARACIÓN DE LA RESPUESTA VIROLÓGICA, INMUNOLÓGICA Y CLÍNICA EN RELACIÓN CON PACIENTES MENORES DE 50 AÑOS EN UNA COHORTE DEL HOSPITAL REGIONAL DE TALCA

Autor principal: Carolina Díaz Medel
Co-autores: Renato Ocampo Avello; Carolina Chacón Fernández

La terapia antirretroviral (TAR) ha transformado la infección por VIH en una enfermedad crónica, dando origen a una población creciente de personas mayores que viven con esta condición. Este grupo presenta características inmunológicas y clínicas particulares, incluyendo diagnóstico frecuentemente tardío y mayor carga de comorbilidades, factores que podrían influir en evolución clínica y respuesta a tratamiento. Existe escasa evidencia nacional que compare los desenlaces clínicos, virológicos e inmunológicos según la edad al inicio de la TAR. Comparar la respuesta virológica, inmunológica y clínica que tienen las personas que viven con VIH según la edad de inicio de TAR (<50 años vs ≥ 50 años), en una cohorte de pacientes del Hospital Regional de Talca (HRT) entre los años 2018 y 2019, con seguimiento a los 24 meses. Estudio de cohorte retrospectiva que incluyó a todos los adultos con infección por VIH, vírgenes a TAR, que iniciaron controles y tratamiento en el HRT entre enero de 2018 y diciembre de 2019, con seguimiento ambulatorio durante 24 meses. Se compararon las características clínicas, inmunológicas y virológicas basales, así como, cambio de TAR, infecciones oportunistas (IO), respuesta virológica e inmunológica, hospitalizaciones y mortalidad según la edad al inicio de la TAR (<50 vs ≥ 50 años). Se incluyeron 204 pacientes; el 76% correspondió a hombres. El 90,7% tenía <50 años (mediana de edad: 30 años) y el 9,3% ≥50 años. Los pacientes ≥50 años presentaron una mayor carga de comorbilidades, especialmente diabetes mellitus tipo 2, enfermedad cardiovascular y multimorbilidad (p<0,001). Al diagnóstico, este grupo presentó con mayor frecuencia síntomas constitucionales e infecciones oportunistas, mientras que en los menores de 50 años predominó el diagnóstico mediante screening (p=0,027). No se observaron diferencias en el lugar del diagnóstico, mecanismo de transmisión ni presencia de infecciones de transmisión sexual concomitantes. Los pacientes ≥50 años presentaron con mayor frecuencia enfermedad avanzada (categoría CDC C) y un perfil inmunovirológico basal más desfavorable, caracterizado por menor recuento de linfocitos CD4, mayor carga viral basal y mayor proporción de CD4 <200 células/mm³ (p<0,05). Asimismo, las infecciones oportunistas al diagnóstico fueron más frecuentes en este grupo (OR 4,08; p=0,003). En relación a la supresión virológica, no se observaron diferencias significativas entre los grupos etarios a los 6 meses (OR≈1; p=0,659), 12 meses (OR≈1; p=0,454) y 24 meses (OR≈1; p=0,400). Del mismo modo, la supresión virológica sostenida tampoco difirió entre los grupos a los 6 meses (OR 1,05; p=0,927), 12 meses (OR 0,92; p=0,870) y 24 meses (OR 0,81; p=0,700). En cuanto a la recuperación inmunológica, los pacientes ≥50 años presentaron un menor recuento basal de linfocitos CD4 al inicio de la TAR. Durante el seguimiento, ambos grupos evidenciaron una recuperación inmunológica progresiva y una ganancia de CD4 comparable; sin embargo, los pacientes ≥50 años mantuvieron recuentos absolutos de CD4 significativamente inferiores al final del seguimiento. No se observaron diferencias en la incidencia de infecciones oportunistas durante el seguimiento, hospitalizaciones ni mortalidad (p>0,05). Los pacientes ≥50 años iniciaron la terapia antirretroviral con un perfil clínico e inmunovirológico más desfavorable, caracterizado por mayor frecuencia de enfermedad avanzada, menor recuento de CD4 y mayor carga viral basal. No obstante, la edad no se asoció con diferencias en la respuesta virológica, la recuperación inmunológica ni en los principales desenlaces clínicos a 24 meses. Similar a lo reportado en estudios internacionales. Estos resultados sugieren que el principal desafío en este grupo es el diagnóstico tardío más que una menor respuesta al tratamiento, reforzando la necesidad de estrategias de pesquisa precoz del VIH en personas mayores.

Folio 199

NEUROTOXOPLASMOSIS EN PACIENTES CON HIV EN EL HOSPITAL CLINICO VIEDMA DE LA CIUDAD DE COCHABAMBA – BOLIVIA

Autor principal: Maria Shirley Herbas Costas
Co-autores: Jhanneth Mamani Garabito; Tatiana Zanabria Linares

La neurotoxoplasmosis en pacientes con VIH es una infección oportunista grave que ocurre principalmente por la reactivación de quistes latentes cuando el sistema inmunitario está muy debilitado. La prevalencia de seropositividad a T. gondii en VIH a nivel mundial es del 35,8 %; las seroprevalencias más altas se reportan en países con recursos limitados (54,7 %) en comparación con los países de altos ingresos (26,3 %). En la ciudad de Cochabamba - Bolivia el laboratorio de investigaciones médicas de la Universidad Mayor de San Simón reporto una seroprevalencia del 40% en pacientes con HIV/SIDA. El Hospital Clínico Viedma es un hospital de referencia en el departamento de Cochabamba – Bolivia cuyo servicio de Infectología atiende pacientes con HIV/SIDA. El objetivo de este trabajo fue comparar el desempeño y la correlación de la detección molecular del genoma de T. gondii en LCR y el estado serológico (anticuerpos IgM y anticuerpos IgG) en pacientes diagnosticados con HIV/SIDA frente a controles sin HIV. Se realizo un estudio observacional, descriptivo, transversal y retrospectivo en el Hospital Clínico Viedma de la ciudad de Cochabamba – Bolivia durante el periodo comprendido entre enero de 2024 hasta agosto de 2026. A 48 muestras de LCR de pacientes HIV/SIDA (+) y a 17 muestras de LCR de pacientes HIV (-) se realizó la detección del genoma de T. gondii por la reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (RT-PCR). Además, a todos estos pacientes se les determino por Inmunoensayo quimioluminiscente (CLIA) anticuerpos de tipo IgM e IgG. La cohorte estuvo constituida por 65 pacientes, de los cuales 48 eran HIV positivos (73,8 %) y 17 HIV negativos (26,2 %). Respecto a los estudios moleculares, la RT-PCR para T. gondii fue detectable en 9 casos (13,8 %) y no detectable en 56 (86,2 %). En relación con los marcadores serológicos, se identificó positividad para IgM en 2 pacientes (3,1 %) y para IgG en 42 (64,6 %). En cuanto a la presentación clínica, el diagnóstico más frecuente fue la lesión ocupante de espacio (LOE) con 31 casos (47,7 %), seguida por el síndrome meníngeo con 22 (33,8 %), el síndrome convulsivo con 5 (7,7 %) y otros diagnósticos en 7 pacientes (10,8 %). Al evaluar las asociaciones entre ambos grupos, la única relación estadísticamente significativa se observó entre el diagnóstico clínico y el estado serológico de HIV+ (chi2 p = 0,003) Figura 1. Los pacientes HIV+ se concentraron principalmente en los diagnósticos de LOE (27/48; 56,3 %) y síndrome meníngeo (17/48; 35,4 %), mientras que los pacientes HIV negativos presentaron una distribución clínica más uniforme. Ninguna de las demás variables evaluadas (RT-PCR, IgM o IgG) mostró diferencias significativas según el estado de HIV, por lo que no constituyeron predictores independientes para esta condición. Por otra parte, los títulos de IgG correspondieron al único predictor significativo para la detección por RT-PCR (p = 0,023). Específicamente, por cada unidad de incremento en la IgG, la probabilidad de un resultado detectable por PCR aumentó un 12 %; los pacientes con PCR positiva presentaron, en promedio, 8,94 unidades más de IgG en comparación con los casos no detectables (p = 0,008) Tabla 1. En este estudio el 73.8% fueron pacientes HIV con 67.7% de hombres; no se encontraron diferencias significativas en los títulos de Ac. IgM e IgG; ni entre el RT-PCR del genoma de T. gondii entre HIV+ y HIV-. La única asociación significativa con HIV es el diagnóstico clínico. El diagnóstico molecular se correlaciona positivamente con Ac. IgM confirmando la coherencia biológica entre detección de ADN y respuesta serológica en ambos grupos. El Ac. IgG es predictor significativo de RT- PCR detectado. Este trabajo tiene una limitación importante que es el tamaño de la muestra; estos resultados deben interpretarse con cautela y requieren validación adicional aumentando el tamaño de la muestra. Sin embargo el uso de estas dos técnicas laboratoriales en pacientes con VIH/SIDA parece ser crucial en la práctica clínica ya que con los resultados se pueden abordar aspectos epidemiológicos, inmunológicos y microbiológicos para el diagnóstico y la toma de decisiones terapéuticas.

Folio 210

PREVALENCIA DE ALTERACIONES CITOLÓGICAS CERVICALES EN EL PAPANICOLAOU (PAP) EN MUJERES VIVIENDO CON VIH EN TARV. UNIDAD DE INFECTOLOGÍA DE UN HOSPITAL DE ALTA COMPLEJIDAD

Autor principal: Idaura July Gonzalez Sulbaran
Co-autores: Francisco Salvador Saguez; Pedro Usedo; Claudia Muñoz; Karina Ulloa

Las mujeres viviendo con VIH presentan mayor riesgo de infección persistente por virus del papiloma humano (VPH) y lesiones precancerosas de alto grado con una prevalencia de 1.90% y 51% para VPH de alto riesgo en América Latina y el Caribe. En Chile no hay datos publicados que describan este dato en esta población específica. Nuestro objetivo es Determinar la Prevalencia de alteraciones citológicas cervicales reportadas en el PAP de mujeres con VIH en TARV y describir las características epidemiológicas, inmunológicas, virológicas, tabaquismo, y resultados del test molecular de VPH Se realizó un estudio Observacional, descriptivo, retrospectivo, que incluyo 249 mujeres viviendo con VIH en TARV,en control en la Unidad de Infectología hasta diciembre del 2025.Se excluyeron menores de 20 años y aquellas que no tenían PAP disponible en sistema. Variables dependientes: Resultado de ultimo PAP registrado(normal/alterado) y tipo de alteración según clasificación de Bethesda 2014 y variables independientes: Edad, nacionalidad, recuento de CD4, carga viral, Resultado de test molecular de VPH, tabaquismo.Los datos fueron recolectados a través de Excel con una clave por paciente para resguardar datos confidenciales con acceso restringido. Se estudiaron 249 mujeres mayores de 20 años, 61% pertenecían al grupo de 30 a 49 años, 67.46% chilenas. 61% presentaban PAP realizado en los últimos 3 años. Se pesquisaron 8.4% mujeres con PAP alterado de las cuales 6.4% correspondían Lesión intraepitelial de bajo grado (LSIL), 1.6 % Lesión intraepitelial escamosa de alto grado (HSIL) y 0.4% células escamosas atípicas de significado incierto (ASCUS-US), CD4 menor a 200 células/mm y carga viral mayor a 50 copias de Arn/ml en 28.5%.Tamizaje de VPH disponible solo en el 28% ,12.85% (14) de estos fueron positivos para (genotipos 16 y 18) siendo los test VPH positivos asociados al mismo tiempo con algún tipo de displasia cervical en 33.3%, fumadoras 4.8% con PAP negativo y 41% VPH detectado Nuestros resultados evidencian valores cercanos de prevalencia para (HSLI) al comparar con en otros estudios de la región, además una brecha en el tamizaje periódico y la necesidad de la incorporación del test molecular de VPH en la evaluación de las mujeres con VIH.

Folio 222

COMORBILIDADES EN MUJERES VIVIENDO CON VIH EN TARV EN UN HOSPITAL DE TERCER NIVEL DEL NORTE DE CHILE

Autor principal: Idaura July Gonzalez Sulbaran
Co-autores: Francisco Salvador Saguez; Pedro Usedo; Claudia Muñoz; Karina Ulloa

El aumento de la expectativa de vida de las mujeres viviendo con VIH (MVIH), producto de la eficacia del tratamiento antirretroviral (TARV), ha favorecido un incremento de las enfermedades crónicas no transmisibles (ENT) y de la multimorbilidad, representando estas un grupo con características biológicas y sociales particulares. En Chile existe escasa evidencia sobre este tema en esta población específica. Caro-Vega et al. (2026) observaron una prevalencia de ENT de 67% en mujeres, en comparación con los hombres. Determinar la prevalencia global de comorbilidades y multimorbilidad en mujeres viviendo con VIH. Describir las comorbilidades más frecuentes, los datos demográficos y las características inmunovirológicas, el tabaquismo y TARV. Estudio descriptivo, observacional y retrospectivo, realizado en mujeres mayores de 20 años atendidas en un hospital de Chile, en TARV activo hasta diciembre de 2025. Se definió multimorbilidad como la presencia de ≥2 comorbilidades. Los datos se recolectaron a partir de fichas clínicas electrónicas y de un registro de Excel anonimizado. Se empleó estadística descriptiva, usando variables continuas (edad, último recuento de CD4, y carga viral) y categóricas (nacionalidad, multimorbilidad, comorbilidades, tabaquismo y TARV) Se incluyeron 290 mujeres, el 69,7% presentó al menos una comorbilidad y el 44,8% presentó multimorbilidad. Las comorbilidades más frecuentes fueron obesidad (26,2%), dislipidemia (23,4%), patologías psiquiátricas (20,3%), enfermedad ósea (19,3%), hipertensión arterial (15,9%), diabetes mellitus (7,6%), cáncer (2,8%), enfermedad renal crónica (2,4%) y otras comorbilidades (30%). La mediana de edad fue de 43 años (RIC: 34-51), y 81 mujeres tenían 50 años o más. En las menores de 50 años, la multimorbilidad fue de 32,5%, mientras que en las mayores de 50 años fue de 76,5% ($p < 0,001$). El 38,3% eran migrantes. El recuento de CD4 presentó una mediana de 456 células/µL (RIC: 315-677), el 78,3% presentó carga viral indetectable, el 8,6% eran fumadoras y el 59% recibía tenofovir como parte de su TARV Este estudio evidencia una alta carga de multimorbilidad en mujeres viviendo con VIH, en concordancia con lo señalado por Caro-Vega et al. (2026). Además, proporciona información epidemiológica que constituye una base para futuras investigaciones multicéntricas y para el diseño de intervenciones dirigidas a reducir la carga de enfermedades crónicas en esta población.

Folio 251

EFECTIVIDAD Y SEGURIDAD A 12 MESES DE ESQUEMAS BASADOS EN DOLUTEGRAVIR CON TENOFOVIR DISOPROXIL FUMARATO / ABACAVIR EN PACIENTES VIH DEL HOSPITAL REGIONAL DE TALCA

Autor principal: Sebastián Felipe Cerro Rocha
Co-autores: Renato Esteban Ocampo Avello; Carolina Alejandra Díaz Medel; Jorge Luis León Farfán; Jessica Marisol Rodríguez Cea; María Carolina Chacón Fernández

Esquemas basados en dolutegravir (DTG) asociado a tenofovir (ya sea alafenamida [TAF] o disoproxil fumarato [TDF]) más (emtricitabina [FTC] o lamivudina [3TC]) como esquemas basados en abacavir (ABC) asociado a lamivudina y dolutegravir se encuentran dentro de los esquemas de terapia antirretroviral (TAR) de primera línea. No existen datos publicados de resultados de estos esquemas, en la vida real, en pacientes chilenos. Evaluar la efectividad y seguridad de los tratamientos TDF/3TC o FTC/DTG y ABC/3TC/DTG en pacientes infectados por VIH, vírgenes a tratamiento, tratados en el Hospital Regional de Talca (HRT). Estudio de cohorte retrospectiva de pacientes VIH adultos, vírgenes a TAR, que iniciaron tratamiento TDF/3TC o FTC/DTG y ABC/3TC/DTG en el HRT entre enero de 2018 y diciembre de 2023, y que tuvieron seguimiento ambulatorio. Se revisó historia clínica y registros de laboratorio, extrayendo variables clínicas, carga viral (CV), recuento de linfocitos CD4 (LTCD4), creatininemia y tratamiento recibido, tanto en forma basal como a los 12 (±3) meses. Asimismo, se verificó cumplimiento de asistencia a controles y retiros de medicamentos. La cohorte final estuvo constituida por 361 pacientes. Del total, 56 pacientes (15,5%) iniciaron un esquema basado en TDF y 305 (84,5%) un esquema basado en ABC. Entre los primeros, 38 recibieron TDF/3TC/DTG y 18 TDF/FTC + DTG. En el grupo ABC, 302 recibieron ABC/3TC/DTG coformulado (Triumeq), 2 ABC/3TC + DTG y 1 recibió los fármacos por separado. Existieron diferencias descriptivas entre los grupos en algunas características basales. La edad promedio fue de 39 años en el grupo TDF y 34,5 años en el grupo ABC, con predominio masculino de 76,8% y 88,8%, respectivamente. Un total de 151 pacientes (41,8%) cumplía criterios de SIDA al momento de inicio de TAR. Al comparar según esquema inicial, el grupo TDF presentó una mayor proporción de pacientes en etapa clínica C (34% versus 22,7%) y SIDA (55,4% versus 39,3%). Asimismo, presentó un menor recuento basal mediano de CD4 (158 versus 258 células/mm³) y una mayor proporción de pacientes con CD4 <200 células/mm³ (53,6% versus 37,7%). La carga viral basal mediana fue de 129.500 copias/mL en el grupo TDF y 91.400 copias/mL en el grupo ABC. A los 12 meses, entre los pacientes con determinación de carga viral disponible, 84,5% presentó carga viral <40 copias/mL. La proporción de supresión virológica fue de 84,7% en el grupo TDF y 84,5% en el grupo ABC, sin diferencias estadísticamente significativas (x^2=0,357; p=0,55). Ambos grupos presentaron recuperación inmunológica: la mediana del incremento de CD4 fue de +163 células/µL en el grupo TDF y +202 células/µL en el grupo ABC (p=0,249). A los 12 meses, 87,6% de los pacientes del grupo TDF y 92,6% del grupo ABC mantenían su esquema inicial. El abandono de TAR ocurrió en 7,1% y 6,8%, respectivamente (p=0,660). Los cambios de tratamiento fueron infrecuentes. No existió un registro sistemático de eventos adversos. La mortalidad global a 12 meses fue de 1,7% (1,8% versus 1,6%; p=0,937). En esta cohorte, los esquemas basados en TDF + 3TC/FTC + DTG y ABC + 3TC + DTG mostraron una elevada efectividad virológica a los 12 meses, sin diferencias estadísticamente significativas en la proporción de pacientes que alcanzaron supresión viral, ambos esquemas se asociaron a recuperación inmunológica durante el seguimiento, evidenciada por el incremento del recuento de linfocitos CD4. La permanencia del tratamiento fue elevada y las tasas de abandono fueron bajas y similares entre ambos esquemas. Los eventos adversos registrados fueron infrecuentes y determinaron pocos cambios de tratamiento. Los resultados de este estudio apoyan el uso de TDF + 3TC/FTC + DTG y de ABC + 3TC + DTG, en la vida real, en pacientes VIH chilenos vírgenes a TAR.

Folio 252

CARACTERÍSTICAS DEMOGRÁFICAS Y CONTROL VIROLÓGICO DE PVVIH QUE SE ATIENDEN EN EL HOSPITAL SAN PABLO DE COQUIMBO

Autor principal: Marianella Lira Spinali
Co-autores: Natalia Huerta Veas; Jaime Tapia Cortes; Carolina Fariña Morales

La infección por VIH es una garantía explícita en salud (GES) incluyendo tanto su pesquisa, diagnóstico y tratamiento. En el sistema público, existen centros de referencia especializada para su tratamiento en todas las regiones del país, de las que el paciente puede "escoger" dónde atenderse al no ser un programa territorializado. En la región de Coquimbo se disponen de dos centros especializados, en las comunas con mayor densidad poblacional: La Serena y Coquimbo, en sus respectivos hospitales. En ellos se evalúa la adherencia al tratamiento antirretroviral (TARV) y el alcance de su éxito terapéutico. Cabe considerar que la región de Coquimbo es una de las que tiene mayor dispersión geográfica del país, lo que presenta un desafío para el sistema de salud en su conjunto. Describir las características epidemiológicas y control virológico de las personas seropositivas que se atienden en el Hospital San Pablo de Coquimbo al 31 de julio del año 2026. Estudio descriptivo transversal. Se consideran a todas las personas viviendo con VIH (PVVIH) en control en la Unidad de Infectología del Hospital San Pablo de Coquimbo hasta el 31 de julio del 2026. Se consideraron variables como: sexo asignado al nacer, nacionalidad, comuna de residencia, situación de tratamiento antirretroviral, tipo de esquema terapéutico y niveles de carga viral plasmática. A la fecha de corte, existían 1.564 PVVIH en control en el Hospital de Coquimbo. De ellas, el 79,6% son de sexo biológico hombre y el 20,4% mujeres. El 86% son personas de nacionalidad chilena, mientras que el grupo restante son originarias de países latinoamericanos, a excepción de 2 individuos ucranianos. Considerando la dispersión geográfica de la región, un 56,5% reside en la comuna de Coquimbo, seguido de un 18% provenientes de Ovalle y un 9,6% habitantes de La Serena. El resto del grupo reside en la provincia del Choapa (8,1%), de otras comunas del Limarí (4.3%), de otras comunas del Elqui (2%). Existen 15 personas que residen en otras regiones del país. un 97,3% se encontraba recibiendo TARV y un 2.1% fueron categorizadas en abandono, entiéndase como la aplicación completa del protocolo de rescate, sin éxito de revinculación (llamadas, carta certificada y visita domiciliaria). De ellas, un 52,6% se mantiene con el mismo esquema farmacológico desde su inicio y un 44% han tenido dos o más esquemas antirretrovirales en el tiempo que se han mantenido en control en el centro. Respecto al control virológico, un 65,3% logra cargas virales <20 copias/mL, seguido de un 20,4% de personas con cargas entre 20-200 copias/mL. Sólo un 11,4% registra cargas virales sobre mil copias. La Unidad de Infectología del Hospital San Pablo de Coquimbo mantiene bajo control a 1.564 PVVIH, con una alta tasa de cobertura de tratamiento antirretroviral (97,3%) y de ellas, un 85,7% se encuentran con una supresión virológica importante, reflejando una gestión clínica adecuada y efectiva. Esta información da cuenta de la importancia del trabajo mancomunado de un equipo multidisciplinario capaz de mantener los controles al día y rescates oportunos, logrando una identificación adecuada del grupo con carga viral activa y su abordaje personalizado.

Folio 282

PREVALENCIA DE INFECCIONES DE TRANSMISIÓN SEXUAL EN UNA COHORTE DE PACIENTES CON SCREENING PARA VIRUS PAPILOMA HUMANO DE ALTO RIESGO ONCOGÉNICO

Autor principal: Gustavo Uribe Oliva
Co-autores: Karin Hueicha Mansilla; Soledad Barria Perez; Magaly Barrientos Barria

Si bien el VPH es el agente causal necesario, aunque no suficiente, del cáncer cervicouterino; los genotipos 16, 18 y 45 concentran la mayor carga oncogénica . Su persistencia y progresión a lesiones premalignas dependen de cofactores del microambiente cervicovaginal. Entre las ITS bacterianas y parasitarias evaluadas, Mycoplasma y Ureaplasma son las más consistentemente asociadas a VPH, al alterar el epitelio cervical y sostener una inflamación crónica que favorece su persistencia. Determinar si los pacientes que se realizan tamizaje para genotipos de alto riesgo del Virus del Papiloma Humano (VPH) tienen una coinfección con otras Infecciones de Transmisión Sexual (ITS). Muestras: Se utilizaron 77 muestras de mujeres con útero, entre 35 y 45 años. que acuden a control ginecológico en atención primaria y hospitales de alta y baja complejidad de la Región de Magallanes y de la Antártica Chilena. Extracción del material genético: Este proceso se realizó utilizando el kit "TANBead® Nucleic Acid Extraction Kit -HPV DNA Auto Tube", con el sistema semiautomatizado "Maelstrom™ 4810", siguiendo el protocolo de funcionamiento indicado por el fabricante. Detección de HR-VPH: Para realizar la detección de los genotipos de VPH-AR se utilizó el kit de amplificación "Anyplex™ II HPV HR Detection", prueba de qPCR multiplex para entregar la identificación individual de 14 genotipos de VPH-AR (16 18 31 33 35 39 45 51 52 56 58 59 66 y 68) y proporcionar una semicuantificación expresada en cruces en caso de detección (+, ++ y +++) Detección de ITS: Los agentes ITS investigados en este estudio fueron: Neisseria gonorrhoeae (NG), Chlamydia trachomatis(CT), Mycoplasma genitalium (MG), Mycoplasma hominis (MH), Ureaplasma urealyticum(UU), Ureaplasma parvum(UP) y Trichomonas vaginalis (TV). Su identificación fue llevada a cabo utilizando el kit de qPCR multiplex "Allplex™ STI Essential Assay Q (MH, UU)" el cual permite la detección cualitativa de los patógenos mencionados y la cuantificación de UU y MH. Interpretación de los resultados. Los resultados de las corridas de qPCR realizadas en el termociclador "CFX-96 DX" se interpretaron mediante el software Seegene Viewer versión 3.0. Al clasificar la población según la presencia de VP-AR, en 48 muestras hubo detección para al menos un genotipo de VPH-AR (VPH+) y en 29 no se detectó ningún genotipo de VPH (VPH-). En el grupo VPH+ la prevalencia de ITS llegó al 75,0%, en comparación al 55,2% en el grupo VPH no detectado, si bien se observó una diferencia esta no presenta una significancia estadística. (p=0.084). En cuanto al perfil de patógenos identificados por grupo, desglosamos lo siguiente: En el grupo VPH+ los más prevalentes fueron UP con un 58.3%, con una muestra con carga mayor a 10^3 copias, y MH con un 39.6%, con 6 muestras con carga superior a 10^3 copias. Les siguieron UU con 31.2%, CT con un 6.2% y TV con un 2.1%. No se registró ningún caso de NG. En el grupo VPH-, la distribución estuvo encabezada de forma similar por UP con un 48.3% y MH con 20.7%, de esta última 1 muestra con carga superior a 10^3 copias, acompañados en menor cantidad por MG, CT y TV, donde se pesquisó un caso de cada agente. Se destaca la ausencia en este grupo de UU y NG. Los resultados indican que una carga viral elevada de HPV se correlaciona con una mayor tasa de coinfección, lo que refuerza la hipótesis de una vulnerabilidad biológica aumentada o un entorno inmunológico local comprometido en pacientes con alta replicación viral. El análisis del subgrupo portador de los genotipos con mayor potencial oncogénico (16, 18 y 45; n=12) reveló una prevalencia de ITS del 75%, idéntica al resto de la cohorte HPV+. Esto sugiere que el entorno microbiológico alterado es una característica transversal en la infección por AR-VPH, independientemente del genotipo específico. Existe una alta prevalencia de coinfección por ITS en pacientes VPH-AR (75%), observándose una tendencia hacia una mayor tasa de ITS en el grupo VPH positivo en comparación con el grupo VPH no detectado. La alta prevalencia de coinfecciones en pacientes VPH+ (75%) confirma que el virus no debe gestionarse como una entidad aislada, sino como parte de un ecosistema complejo donde géneros como Ureaplasma y Mycoplasma son predominantes.

Folio 125

EFECTO DEL USO PROGRAMÁTICO DE NIRSEVIMAB EN LACTANTES EN LAS HOSPITALIZACIONES PEDIÁTRICAS POR INFECCIÓN RESPIRATORIA BAJA Y VRS DEL SERVICIO DE SALUD METROPOLITANO NORTE

Autor principal: Laura Amelia Chuecas Jofré
Co-autores: Laura Andrea Gallardo Araya; Mirta Isabel Acuña Ávila

Las infecciones respiratorias bajas son una de las principales causas de muerte en menores de 5 años de edad. El virus respiratorio sincicial (VRS) es una de las principales causas de infección respiratoria baja (IRAB). En 2024, Chile integró el nirsevimab, un anticuerpo monoclonal de acción prolongada, como estrategia de inmunización universal para menores de seis meses. Según los estudios con datos nacionales, realizados desde la implementación de esta estrategia, disminuyeron las hospitalizaciones, los ingresos a UPC y se redujeron las muertes a 0 en los menores de 1 año de edad. El objetivo del estudio fue comparar la frecuencia, severidad y estancia hospitalaria por IRAB antes y después de la implementación de nirsevimab en los niños menores de 5 años de edad. Se realizó un estudio observacional, retrospectivo y ecológico basado en los registros de egresos del Hospital de Niños Roberto del Río entre los años 2022 y 2025. Se incluyeron todos los diagnósticos de IRAB codificados mediante la Clasificación Internacional de Enfermedades, 10.ª edición (CIE-10) de pacientes menores de cinco años de edad. Se evaluaron variables demográficas, días de hospitalización e ingresos a la unidad de paciente crítico (UPC). Se trabajó con los datos anonimizados entregados desde la Unidad de Estadísticas del hospital. Se compararon los periodos 2022-2023 y 2024-25. Se hizo el análisis por grupos etarios: <6 meses, 6-11 meses, 12-23 meses y 2-5 años de edad. El análisis estadístico utilizó pruebas de chi-cuadrado y ANOVA factorial mediante el software SPSS v.27. El estudio contó con la aprobación del Comité de Ética Científica del Servicio de Salud Metropolitano Norte. Durante el período del estudio se registraron 6.215 hospitalizaciones por IRAB, de las cuales 2.071 fueron atribuibles al VRS (33,3%). En el periodo 2022-2023 se registraron 3.281 hospitalizaciones por IRAB, de las cuales 1.131(34%) correspondieron a etiología VRS; en cuanto al periodo 2024-2025, se registraron 2.934 hospitalizaciones por IRAB, 940 (32%) fueron atribuibles a VRS, siendo esta reducción estadísticamente significativa, tanto para las hospitalizaciones por IRAB como para las hospitalizaciones por VRS. El impacto más significativo se observó en el grupo de menores de seis meses, donde las hospitalizaciones por IRAB se redujeron de 1.136 en los 2 años previos a nirsevimab a 479 (-57,8%) en el periodo posterior a la instauración de este, y las hospitalizaciones por VRS disminuyeron de 565 a 98 casos (-82,7%) con un $p < 0,001$. Por otra parte, en el grupo etario de 6 a 11 meses, no hubo cambios estadísticamente significativos en las hospitalizaciones por IRAB en general ni por VRS en especial. Sin embargo, en el grupo de 1 año a menores de 5 años, hubo un aumento significativo en las hospitalizaciones por IRAB. En cuanto a la estancia hospitalaria, ésta se redujo en 3,03 días para los casos asociados a este virus y en 1,29 días para otras causas respiratorias. Los ingresos a la UPC por VRS disminuyeron del 19,5% al 12,0% tras la inmunización ($p < 0,001$). En términos absolutos, los traslados a unidades críticas por este agente específico bajaron de 220 a 113 casos (disminución del 49%). La estrategia de inmunización con nirsevimab se asoció a una reducción significativa del ingreso hospitalario, los días de hospitalización y la severidad clínica, representada por el requerimiento de UPC en lactantes menores de seis meses. No se observaron cambios significativos en los lactantes entre 6 y 11 meses. Estos hallazgos son consistentes con los datos del reporte nacional NIRSE-CL, que indicó una disminución del 76,4% en las hospitalizaciones y del 84,9% en los ingresos a UPC. Sin embargo, se observó un aumento no esperado en las hospitalizaciones por IRAB en los niños de 1 a 5 años de edad. Los resultados obtenidos refuerzan la utilidad de mantener la estrategia de inmunización con nirsevimab, pero nos plantean considerar la posibilidad de aumentar la edad de inclusión en esta estrategia, como por ejemplo hasta los 18 meses, y la necesidad de realizar más estudios al respecto.

Folio 223

ETIOLOGÍA DE LA INFECCIÓN RESPIRATORIA AGUDA GRAVE EN LA ERA DE PCR MÚLTIPLE: VIGILANCIA CENTINELA EN EL NORTE DE CHILE, 2022–2025

Autor principal: Olga Patricia Lopez Muñoz
Co-autores: Alfonso Javier Cepeda Maldonado; Barbara Michelle Sarlot Toledo; Andres Eduardo Bugueño Bugueño

La infección respiratoria aguda grave (IRAG) es objeto de vigilancia centinela intensificada a nivel mundial para orientar la respuesta a epidemias respiratorias estacionales y emergentes. Desde 2022, el panel diagnóstico de este sitio centinela incorporó la reacción de polimerasa en cadena (PCR) múltiple para la totalidad de los virus respiratorios en estudio —hasta entonces, solo la influenza se diagnosticaba exclusivamente por PCR—, lo que permite por primera vez comparar de forma homogénea la circulación de múltiples agentes. Conocer el espectro etiológico actual de la IRAG orienta las estrategias de vacunación, inmunoprofilaxis y preparación hospitalaria. Describir la distribución etiológica de la IRAG detectada por PCR múltiple para virus respiratorios en un sitio centinela del norte de Chile durante el período 2022–2025, y su distribución por grupo etario. Estudio descriptivo, retrospectivo, de la vigilancia centinela intensificada de infección respiratoria aguda grave (IRAG) del Hospital Dr. Ernesto Torres Galdames (Iquique), con datos extraídos de la plataforma PAHOFlu (OPS). Se incluyeron los casos notificados entre 2022 y 2025, período en que la totalidad del panel viral (influenza A H3N2 o H1n1; influenza B, SARS-CoV-2, virus respiratorio sincicial [VRS], metapneumovirus, parainfluenza (1, 2,3), adenovirus y rinovirus) se procesó por PCR, lo que garantiza la comparabilidad entre agentes. Se excluyeron los casos sin resultado de laboratorio definitivo o sin sexo registrado. Se analizó la proporción de positividad, la distribución por agente y por grupo etario. Análisis agregado y anonimizado. Se notificaron 5.498 casos de IRAG, de los cuales 5.232 (95,2%) resultaron positivos para al menos un virus. SARS-CoV-2 fue el agente más frecuente (45,7% de los positivos), seguido de rinovirus (15,7%), VRS (13,8%), influenza A (7,9%), metapneumovirus (6,7%), adenovirus (5,5%), parainfluenza (4,0%) e influenza B (0,8%); se registró codetección de dos o más virus en 1.116 casos (21,3% de los positivos) (Figura 1). La distribución etaria de la IRAG fue bimodal, concentrada en menores de 2 años (25,7%) y en personas de 60 y más años (32,8%). El VRS predominó ampliamente en menores de 2 años (60,0% de sus casos), mientras que el SARS-CoV-2 predominó en mayores de 60 años (48,6% de sus casos). La cohorte global presentó 20,8% de ingreso a unidad de paciente crítico (UPC) y 7,6% de letalidad. En la era de PCR múltiple, la IRAG en el norte de Chile muestra un espectro etiológico amplio y codetecciones frecuentes, con SARS-CoV-2 como agente predominante y un patrón etario bimodal que enfrenta a lactantes con VRS y a adultos mayores con SARS-CoV-2. Esta caracterización, posible solo gracias a la homogeneización diagnóstica desde 2022, permite orientar de forma más precisa las estrategias de inmunización estacional (influenza, VRS, SARS-CoV-2) según el grupo etario de mayor riesgo.

Folio 225

SEVERIDAD Y LETALIDAD DE LA INFECCIÓN RESPIRATORIA AGUDA GRAVE SEGÚN AGENTE ETIOLÓGICO: VIGILANCIA CENTINELA POR PCR, NORTE DE CHILE, 2022–2025

Autor principal: Olga Patricia Lopez Muñoz
Co-autores: Alfonso Javier Cepeda Maldonado; Barbara Michelle Sarlot Toledo; Andres Eduardo Bugueño Bugueño

Los distintos virus respiratorios causantes de IRAG difieren en su potencial de gravedad, lo que determina prioridades de vacunación, tratamiento antiviral oportuno y planificación de camas críticas. Comparar la letalidad y el requerimiento de cuidados intensivos entre agentes, medidos con una técnica diagnóstica homogénea (PCR), aporta evidencia directa para la toma de decisiones clínicas y de salud pública. Comparar el ingreso a unidad de paciente crítico (UPC) y la letalidad de la IRAG según agente etiológico, y describir el gradiente de letalidad por edad, en un sitio centinela del norte de Chile durante el período 2022–2025. Estudio descriptivo, retrospectivo, de la vigilancia centinela intensificada de infección respiratoria aguda grave (IRAG) del Hospital Dr. Ernesto Torres Galdames (Iquique), con datos extraídos de la plataforma PAHOFlu (OPS). Se incluyeron los casos de 2022–2025, período de panel viral completo por PCR, y se excluyeron aquellos sin resultado de laboratorio definitivo o sin sexo registrado. Se definió ingreso a UPC por el registro de fecha de ingreso a dicha unidad, y letalidad por el registro de fallecimiento asociado al episodio. Se compararon estos desenlaces entre agentes con mayor número de casos y por grupo etario. Análisis agregado y anonimizado. Entre los agentes con mayor número de casos, la letalidad más alta correspondió a SARS-CoV-2 (12,0%; n=2.389) e influenza B (11,6%; n=43), seguidas de influenza A (7,0%; n=414); VRS, metapneumovirus y adenovirus presentaron letalidad baja (2,2%, 1,7% y 1,7%, respectivamente), pese a un ingreso a UPC similar o incluso mayor que el de SARS-CoV-2 (VRS 25,8%, metapneumovirus 26,4%, adenovirus 22,0%, frente a 17,7% en SARS-CoV-2) (Figura 1). La letalidad global mostró un marcado gradiente etario: 0,5% en menores de 2 años, 0,8% en 2–4 años, 1,1% en 5–19 años, 7,1% en 20–39 años, 7,7% en 40–59 años y 18,6% en personas de 60 y más años (más de 30 veces mayor en el extremo de la vida). En contraste, el ingreso a UPC no siguió ese gradiente: fue máximo en adultos de 20–59 años (27,9–28,3%) y menor en los ≥60 años (14,5%), pese a ser este el grupo de mayor letalidad. La letalidad de la IRAG varía ampliamente según el agente etiológico y no se explica solo por la frecuencia de ingreso a UPC: SARS-CoV-2 e influenza concentran la mayor letalidad pese a un requerimiento de cuidados críticos comparable o menor que otros virus, lo que sugiere mecanismos de gravedad diferenciados. El marcado gradiente etario, con letalidad más de 30 veces mayor en adultos mayores que en preescolares, contrasta con un ingreso a UPC que es máximo en adultos jóvenes y menor en los ≥60 años; esta disociación entre gravedad y acceso a cuidados críticos podría reflejar mayor fragilidad o decisiones de adecuación del esfuerzo terapéutico en la edad avanzada, y refuerza la prioridad de la vacunación y el tratamiento antiviral precoz en ese grupo.

Folio 246

VARICELA EN NIÑOS, NIÑAS Y ADOLESCENTES ¿FALTA UN PASO ADICIONAL EN PREVENCIÓN?

Autor principal: Daniel Cortés Guerra
Co-autores: Camila Acuña Montes; Francisca Puentes Giusti

Varicela es una enfermedad exantemática causada por el virus varicela-zoster, perteneciente a la familia Herpesviridae. Se caracteriza por elevada tasa de transmisión, además de asociación a complicaciones tanto supurativas como no supurativas, generando elevada carga de enfermedad. Es una enfermedad inmunoprevenible por vacunas, estando incorporada actualmente en los programas nacionales de inmunización en 20 de los países miembros de la PAHO. Evaluar susceptibilidad a varicela en niños, niñas y adolescentes (NNA) en población no incorporada a programa nacional de inmunizaciones en Chile. Estudio descriptivo, transversal, empleando sistema de encuesta entregada a familiares de escolares pertenecientes a quinto y octavo año de educación básica, así como estudiantes de primer año de una universidad pública en Chile. Se obtuvo un total de 296 respuestas, 166 (56%) de sexo femenino. Del total, 148 (50%) son de octavo año de educación primaria, 125 de quinto básico y 23 de educación superior. Predominaron respuestas de NNA pertenecientes al sistema público de salud (94%). Del total, 178 (60.1%) señalan no haber tenido diagnóstico de varicela y solo un 26% haber tenido diagnóstico confirmado por médico. Se exploró situación de vacunas en los NNA potencialmente susceptibles; se obtuvieron 215 respuestas con 113 (53%) señalando no haber recibido ninguna dosis de vacuna y 78 (34%) con 2 dosis o esquema completo. De las personas que indicaron no haber recibido vacuna, 70% señala que nunca les han recomendado recibirla y de manera mayoritaria (76%) señala que de tener acceso a la vacuna sí les gustaría recibirla. De una muestra de NNA de población no elegible para incorporación de vacuna varicela en forma programática, existe un significativo volumen potencialmente susceptible a infectarse de varicela. Esta población de manera consistente no ha recibido recomendación de vacuna, pese a estar dispuestas a recibirla en forma mayoritaria. Estos datos iniciales sugieren profundizar en el riesgo de esta población y discutir eventual necesidad de puesta al día.

Folio 273

IMPACTO DEL NIRSEVIMAB EN VRS E INFECCIONES RESPIRATORIAS AGUDAS BAJAS GRAVES, SEGÚN GRUPOS ETARIOS Y SERVICIOS DE SALUD EN LA REGIÓN METROPOLITANA

Autor principal: Felipe Cortés Badilla
Co-autores: María de los Ángeles Henríquez Camelio; Francisca Ignacia Hegguilustoy Guajardo; Oslando Padilla Pérez; Cecilia Francisca Perret Pérez; José Antonio Castro Rodríguez

Introducción Nirsevimab, anticuerpo monoclonal contra VRS, ha demostrado disminuir la infección grave por VRS en lactantes <1 año, población blanco de su uso. En las temporadas 2024 y 2025, la cobertura promedio en Región Metropolitana (RM) fue 96,5% el 2024 y 95,3% promedio nacional el 2025. El efecto en otros grupos etarios, en cohorte en segunda temporada, niveles socioeconómicos y en infecciones respiratorias agudas bajas (IRA baja) es limitado. Objetivo Evaluar el efecto de nirsevimab en la incidencia y severidad de VRS e IRA grave pre y post su introducción en la RM. Evaluar efecto de nirsevimab en la segunda temporada de VRS post inmunización. Materiales Estudio retrospectivo de la base de datos de egresos hospitalarios del DEIS del 2019 a 2025, excluyendo 2020 y 2021, años de la pandemia de COVID-19. Se consideraron los diagnósticos con códigos CIE-10 específicos para VRS e IRA baja, sin neumonías bacterianas. Se compararon tasas de egresos según grupo etario (< 6m a >90 a), sexo y servicios de salud metropolitanos (SSM) en el periodo pre (2019, 2022, 2023) y post (2024, 2025) nirsevimab. El efecto en la segunda temporada de VRS de la cohorte inmunizada el 2024, se realizó comparando tasas de egresos por VRS de los grupos etarios <6 m y de 6-11 m del 2024 con las tasas del grupo 12-23 m el 2025. Se compararon las tasas pre nirsevimab con las del 2025 en grupo de 1-2 a. La severidad se evaluó en duración de hospitalización y condición al egreso (vivo o fallecido). Para los egresos y mortalidad, se calculan tasas crudas y ajustadas por edad y sexo. Se usaron modelos de Poisson con estimación robusta de la varianza y como variables independientes el período (Pre- Post) y grupos etarios. Se usó software estadístico SPSS v. 17.0 y R versión 4.4.2. Se consideró un nivel de significancia p<0,05. Resultados Se registraron 103.126 egresos, 25.760 por VRS y 55.559 por IRA baja. Egresos por VRS: las tasas de egreso durante todos los años fueron más altas en los <37 m; la mayor disminución ocurrió en <6 m (83.9%, p<0,0001) y en grupo de 6-11 m (55,6%, p<0,0001). Hubo aumento significativo de las tasas de 11,1% en grupo de 12-23 m, y en casi todos los grupos etarios >4 años, siendo los más altos en los de 20-29 a (173%), 40-49 a (109,5%) y 80-84 a (103%). Según sexo, la tasa egreso disminuyó 40,6% en hombres, 36,3% en mujeres. Según SSM, las tasas se redujeron en los 6 SSM, siendo más marcado en SSM Central (52,5% p = 0,0001) y SSM Occidente (51,7% p < 0,001). La tasa de egreso el 2025 en grupo de 12-23 m, inmunizado el 2024, aumentó 102,2% respecto a los <6 m y 20% respecto a los de 6-11 m inmunizados el 2024 (p < 0,001). La tasa de VRS en grupo de 12-23 m disminuyó un 34,1% (p < 0,001) entre el periodo pre y el 2025. Egresos IRA baja: se observó una reducción de tasas en <6 m (54,5% p<0,0001) y en el grupo de 6-11 m (48% p<0,0001), manteniéndose la disminución hasta los 5 años. En los adultos mayores, solo en rango de 70-74 a hubo una disminución significativa del 8,8% (p=0,0377). Por sexo, las tasas cayeron 19.1% en hombres (p=0,0044) y 14.3% en mujeres (p=0,0423). Según los SSM, las tasas disminuyeron solo en SSM Sur Oriente (34,1%; p = 0,0008) y en SSM Norte (23,4% p=0,0092). La estadía hospitalaria, ajustada por edad, para todos los diagnósticos disminuyó de 4,73 días pre a 4,24 días post nirsevimab (p<0.0001); esta disminución fue más marcada en <6 m (-0,96 días; de 4,53 a 3,57 días; p<0,001). La mortalidad hospitalaria global no varió por grupo etario, sexo ni SSM. Hubo 38 muertes por VRS (37 neumonías, 1 bronquitis aguda), 22 el 2024 y 16 el 2025. No hubo muertes en grupo objetivo. El 81% ocurrió en mayores de 39 a. Una muerte del 2025 por neumonía VRS correspondió a niña de 12-23 m, grupo objetivo del año 2024. Conclusiones En la RM, el impacto de nirsevimab en VRS e IRA baja grave fue solo en grupo objetivo. El efecto protector en la cohorte que enfrenta la segunda temporada VRS, no parece mantenerse, aunque las tasas de egreso son significativamente más bajas que previo al uso de nirservimab. La reducción transversal de VRS grave en todos los SSM, traduce un beneficio equitativo en la RM, no así para IRA baja sugiriendo otros determinantes biopsicosociales.

Folio 285

IMPACTO DEL NIRSEVIMAB EN LAS NEUMONÍAS BACTERIANAS GRAVES, SEGÚN GRUPOS ETARIOS Y SERVICIOS DE SALUD DE LA REGIÓN METROPOLITANA

Autor principal: María De Los Ángeles Henríquez Camelio
Co-autores: Felipe Ignacio Cortés Badilla; Francisca Ignacia Hegguilustoy Guajardo; Oslando Padilla Pérez; José Antonio Castro Rodriguez; Cecilia Francisca Perret Pérez

Nirsevimab, anticuerpo monoclonal contra el VRS, ha demostrado disminuir la infección grave por VRS en lactantes pequeños. En Chile ha sido utilizado universalmente en las temporadas de VRS durante el 2024 y 2025, en los lactantes <1 año. Su efecto sobre neumonía bacteriana grave ha sido poco estudiado. Evaluar el efecto de niservimab en la incidencia y severidad de neumonias bacterianas graves pre y post introducción de nirsevimab en la región Metropolitana (RM). se realizó un estudio retrospectivo usando la base de datos de egresos hospitalarios del DEIS del 2019-2025, excluyendo 2020 y 2021, años de la pandemia por Covid19. Para evaluar los egresos de neumonía bacteriana se consideraron los diagnósticos con códigos CIE-10 específicos de neumonia bacteriana. Se comparó la tasa de hospitalación según grupos etario (<6 meses a mayores de 90 a), sexo, servicio de salud Metropolitano (SSM) en el periodo pre-nirsevimab (2019, 2022, 2023) y post-nirsevimab (2024, 2025). Se analizaron datos de los 6 SSM de la RM. La severidad fue evaluada mediante la duración de hospitalización y condición al egreso (vivo o fallecido). Para los egresos y la mortalidad, se calcularon las tasas crudas y ajustadas por edad y sexo. Se usaron modelos de Poisson con estimación robusta de la varianza y como variables independientes el período (pre- post niresevimab) y los grupos etarios. Se usaron los softwares estadísticos SPSS v. 17.0 y R versión 4.4.2. Se consideró un nivel de significancia p<0,05. en el período de estudio se registraron 103.126 egresos hospitalarios, de los cuales 22.807 (22%) corresponden al diagnóstico de neumonía bacteriana (11.435 hombres y 11.372 mujeres). En todos los años en estudio, las tasas de hospitalización por neumonía bacteriana fueron más altas en los niños de entre 6 meses y 3 años y en el grupo de los mayores de 70 años. Al ajustar por edad y sexo, las tasas de hospitalización post-niservimab aumentaron en 43,7% (p = 0,0001); en hombres el aumento fue de 48,2% y en mujeres de 39,1%. Las tasas de hospitalización post-niservimab aumentaron significativamente entre los 4 y 69 a y en los de 80-84 a con aumento de 39,2% en este último; los mayores incrementos fueron entre los 5 a 9 a, entre 10-19 a y 20-29 a con 138,7%, 212,7% y 106%, respectivamente (p<0,0001). Sin embargo, hubo una disminución significativa de tasa de hospitalización por neumonía bacteriana en el grupo 6 meses y en< los de 6-11 m, de 36,9% y 29,9%, respectivamente (p=0,01). Según el SSM, hubo un aumento significativo de 76,8% en SSM Norte (p = 0,0001), de 51% en el SSM Occidente (p = 0,006), de 48,1% en SSM Oriente (p = 0,002) y de 40,5% en SSM Sur Oriente (p = 0,038). Al comparar incidencia de neumonías bacterianas graves pre-nirsevimab con las del año 2025 en lactantes de 12-23 meses (segundo periodo VRS post inmunización), hubo un aumento de 31,4% (p=0,012). Las incidencias en los grupos de edad 6-11 meses y 12 a 23 meses en el 2025, presentaron un aumento de 85,6% y 163,3% respectivamente comparado al grupo de menores de 6 meses del año 2024. El promedio de estadía hospitalaria, ajustada por edad, para todos los diagnósticos disminuyó de 4,73 días pre-nirsevimab a 4,24 días post-nirsevimab (p<0.0001); y también disminuyó significativamente en todos los grupos etarios, excepto en los de 3 a 5 años. La mortalidad hospitalaria global no varió significativamente ni por grupo etario, sexo, o SSM. el uso de nirsevimab impactó en la disminución de la incidencia de hospitalizaciones por neumonías bacterianas solo en el grupo objetivo de este anticuerpo monoclonal (<6 y 6-11 meses edad) durante su primera temporada de VRS en la RM; Sin embargo, parece aumentar la incidencia de neumonías bacterianas graves en la cohorte inmunizada el periodo VRS anterior (12-23 meses de edad el 2025). El uso de nirsevimab no impactó en la reducción de hospitalizaciones por neumonías bacterianas en otros grupos etarios fuera del grupo objetivo pero reduce la estadía hospitalaria en todas las edades. El aumento en las tasas no tuvo relación con los distintos estatus socio económicos.

Folio 59

DETERMINACIÓN DE LA SUSCEPTIBILIDAD A AMIKACINA CON TARJETAS BIOMÉRIEUX Y EPSILOMETRÍA EN ESCHERICHIA COLI PRODUCTORES DE BLEE

Autor principal: Javiera Vera Mansilla
Co-autores: Lorena Porte Torre; Thomas Weitzel

El sistema automatizado Vitek (bioMérieux) usa las tarjetas AST-N450 y AST-N402 para determinar susceptibilidad antimicrobiana en bacilos gram negativo aislados de orina y de otras muestras, respectivamente. Ambas tarjetas, introducidas en Chile en 2025, utilizan la formulación an03n de amikacina. Según el fabricante, la capacidad de esta formulación para detectar resistencia en E. coli no está validada, por lo que recomienda usar un método alternativo. Datos preliminares nacionales mostraron discordancias (falsos sensibles) al comparar la sensibilidad a amikacina con el gold standard de microdilución en caldo. Amikacina es una opción terapéutica en aislados de E. coli productores de beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE+). Dado que la microdilución en caldo no es un método de rutina, nuestro laboratorio realiza confirmación de sensibilidad a amikacina mediante epsilometría (Etest, bioMérieux) en estos aislados. Se informa sensible sólo si el Etest confirma la sensibilidad (CIM ≤4 µg/mL). Comparar la susceptibilidad a amikacina determinada con Vitek versus Etest en aislados de E. coli BLEE+ con CIM ≤4 µg/mL según el sistema Vitek. Estudio retrospectivo realizado entre enero y agosto 2026 en el laboratorio clínico de Clínica Alemana, Santiago. Se realizó estudio de susceptibilidad a aislados clínicos de E. coli BLEE+ utilizando las tarjetas Vitek AST-N450 (orina) y AST-N402 (no orina). Se analizó un aislado por paciente. Se realizó Etest de amikacina a los aislados de E. coli BLEE+ sensibles por Vitek (CIM ≤4 µg/mL). Se evaluó la concordancia entre resultados obtenidos con las tarjetas Vitek y Etest según criterios CLSI: concordancia categórica (CC) y concordancia esencial (CE) ≥90% y discrepancia mayor (DM) <3%. Los datos fueron obtenidos del LIS Modulab. Se incluyeron 145 cepas de E. coli BLEE+ sensibles a amikacina por sistema Vitek: 121 orina (83%), 13 sangre (9%) y 11 misceláneas (7%). Todos los aislados fueron categorizados como sensibles por ambos métodos (CC 100%). La CE fue de 95,2% (138/145). Las CIM50 obtenidas por el sistema VITEK y Etest fueron 4 y 2 µg/mL, respectivamente. La CIM90 por ambos métodos fue 4 µg/mL. La alta concordancia (CC y CE ≥ 90%) entre los resultados de las tarjetas Vitek y Etest y la obtención de una CIM50 menor con este último, cuestiona su rol como método de confirmación adecuado. Se requiere comparación con microdilución en caldo para confirmar estos hallazgos.

Folio 153

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y GENOTÍPICA DE AISLAMIENTOS CLÍNICOS DE NEISSERIA GONORRHOEAE EN LA REGIÓN DEL BIOBÍO, AÑO 2023

Autor principal: Antonia Avila Requena
Co-autores: Maximiliano Matus Kohler; Lorena Tobella Leiva; Alejandro Aguayo Reyes; Henriette Chabouty Garcia; Gerardo Gonzalez Rocha; Andres Opazo Capurro

Neisseria gonorrhoeae (Ng) constituye un importante problema de salud pública debido al aumento de la incidencia de gonorrea y a la emergencia global de resistencia antimicrobiana. Aunque ceftriaxona (CRO) continúa siendo el tratamiento de elección en Chile y no se han reportado aislamientos resistentes, la diseminación internacional de cepas multirresistentes resalta la necesidad de fortalecer la vigilancia microbiológica. En este escenario, la caracterización fenotípica y genómica de los aislados clínicos permite monitorear la circulación de linajes, identificar mecanismos de resistencia y apoyar las estrategias de control de esta infección. Caracterizar los perfiles fenotípicos y genotípicos de 13 aislamientos clínicos de Ng recolectados en la Región del Biobío en 2023, incluyendo su susceptibilidad antimicrobiana y sus características genómicas. Se realizó un estudio descriptivo de 13 aislamientos clínicos de Ng obtenidos en un Hospital de alta complejidad de la Región del Biobío, las cuales fueron recolectadas en el año 2023 desde muestras clínicas. La susceptibilidad antimicrobiana fue determinada mediante difusión en disco para penicilina (PEN), tetraciclina (TET), ciprofloxacina (CIP) y espectinomicina (SPT), y mediante epsilometría (E-test) para ceftriaxona (CRO) y azitromicina (AZM). Los resultados fueron interpretados según criterios del Clinical & Laboratory Standards Institute (CLSI, M100, 2026). Adicionalmente, se efectuó la extracción de ADN genómico (ADNg) mediante Chelex 5%, para luego someter a las muestras a secuenciación de genomas completos (WGS) mediante la plataforma Illumina MiSeq. Los genomas fueron ensamblados mediante Unicycler, mientras que las características genómicas de las muestras fueron analizadas mediante herramientas in silico. Finalmente, la epidemiología molecular de las cepas fue analizada mediante la herramienta GraphSNP (v1.1). Del total de 13 aislamientos clínicos analizados, el 100% (13/13) presentó susceptibilidad a CRO, mientras que el 92,3% (12/13) fue susceptible a SPT. Para AZM, el 76,9% (10/13) de las cepas fue susceptible y el 23,1% (3/13) resistente. En el caso de TET, se observó un 61,5% (8/13) de susceptibilidad, mientras que se evidenciaron bajas tasas de susceptibilidad a CIP y PEN, alcanzando el 7.69% (1/13) y el 0% (0/13), respectivamente (Figura 1). El análisis genómico mediante WGS permitió identificar una diversidad de secuencio tipos (STs), predominando los ST9363 (n=3) y ST1580 (n=3), seguidos por ST9362 (n=2), mientras que ST9902, ST8123, ST8156 y ST16676 estuvieron representados por un único aislamiento cada uno. En concordancia con los perfiles fenotípicos observados, las cepas resistentes a CIP presentaron mutaciones en los genes gyrA y parC. La resistencia a TET se asoció principalmente a mutaciones en rpsJ (n=5) y, en menor medida, a la presencia del gen tetM (n=2). Por su parte, la resistencia a PEN se relacionó con alteraciones en penA, incluyendo mutaciones puntuales e inserciones, mientras que las cepas resistentes a AZM exhibieron modificaciones en genes pertenecientes al operón mtr. El análisis de la epidemiología molecular mediante GraphSNP identificó tres clústeres compuestos por aislamientos con 0 SNPs de diferencia entre sí, sugiriendo una estrecha relación genómica y posibles eventos recientes de transmisión. En contraste, las cepas no pertenecientes a estos clústeres presentaron diferencias ≥15 SNPs, evidenciando una mayor distancia genética y ausencia de relación epidemiológica cercana (Figura 2). Los aislamientos de N. gonorrhoeae analizados (n=13) mostraron altas tasas de resistencia a CIP y PEN, mientras que todos conservaron susceptibilidad a CRO. La secuenciación de genoma completo permitió identificar los determinantes genéticos asociados a resistencia y evidenció una población diversa, aunque con la presencia de clústeres genómicos compatibles con transmisión reciente. Estos resultados destacan la importancia de integrar la vigilancia fenotípica y genómica para fortalecer el monitoreo epidemiológico de la gonorrea en Chile.

Folio 170

EVALUACIÓN DE ESTRATEGIAS DE TAMIZAJE PARA LA DETECCIÓN Y RECUPERACIÓN DE ENTEROBACTERALES RESISTENTES A CARBAPENÉMICOS DE COLONIZACIÓN INTESTINAL

Autor principal: Lina María Rivas Jiménez
Co-autores: Katherine Dennise Soto Sorbazo; Yohanna Andrea Antolinez Theran; Valentina Jesús Sanfurgo Escobar; José Manuel Munita Sepúlveda; Sandra Lorena Díaz Ortiz

Las infecciones por bacterias gramnegativas multirresistentes aumentan entre 2 a 5 veces la mortalidad en comparación con aquellas causadas por sus contrapartes sensibles. Dado que la colonización precede a la infección, resulta clave establecer protocolos estandarizados para optimizar la recuperación de aislados desde muestras de deposiciones. Evaluar la eficiencia de recuperación de Enterobacterales resistentes a carbapenémicos (ERC) a partir de muestras fecales, comparando la siembra directa frente al uso de enriquecimiento previo, en distintos medios de cultivo selectivos. Se utilizaron muestras de deposiciones frescas inoculadas artificialmente a partir de suspensiones 0.5 McFarland (1×10^6 a 1×10^7 " UFC/mL") con cepas control ATCC®, Enterobacterales no productores de carbapenemasas (ERC-NPC) y productores de carbapenemasas (ERC-PC) tipo KPC, NDM y VIM. Se evaluó la siembra directa y el enriquecimiento previo en 5 mL de TSB (incubado a 37 °C, 150 rpm por 18–24 h). Posteriormente, se sembró en agar MacConkey (MC) como control de crecimiento, y en los medios selectivos: agar MC suplementado con ertapenem (ETP a 1 y 2 µ"g/mL") y CHROMagar™ mSuperCARBA™ (mSC). Todas los aislados demostraron desarrollo en el agar MC control. El enriquecimiento en TSB incrementó la densidad de recuperación microbiológica. En el screening, E. coli ATCC® 25922 fue inhibida en mSC y en MC + ETP (1 y 2 µ"g/mL"), confirmando especificidad frente a cepas sensibles, mientras que P. aeruginosa fue inhibida únicamente en mSC, observándose desarrollo en MC + ETP, sugiriendo una potencial interferencia en muestras de pacientes. Los aislados ERC-NPC no mostraron sobrecrecimiento en los medios selectivos evaluados. Respecto a los ERC-PC, mSC logró recuperar la totalidad de las cepas portadoras de KPC, NDM y VIM con elevada abundancia. En contraste, MC + ETP presentó una recuperación variable según el tipo de enzima, observándose limitada detección de cepas productoras de KPC. : El enriquecimiento previo en TSB optimiza la sensibilidad de recuperación de ERC desde deposiciones. CHROMagar™ mSuperCARBA™ demostró un desempeño superior a MC + ETP, inhibiendo el crecimiento de bacilos no fermentadores como P. aeruginosa y con una óptima recuperación de cepas ERC-PC, independientemente del tipo de carbapenemasa. La estandarización de estos protocolos en hospitales podría contribuir directamente a reducir la mortalidad asociada a infecciones por ERC.

Folio 245

CARACTERIZACIÓN GENÓMICA DE AISLADOS CLÍNICOS DE SALMONELLA ENTERICA EN LA REGIÓN DE ÑUBLE

Autor principal: María Ignacia Reyes Fuentes
Co-autores: Verónica Álvarez Pérez; Karola Parra Silva; Carine Da Fonseca Cechin; Marlene Barrientos Saldivia; M. Paulina Jara Cifuentes; Vanessa Villagrán Paredes; Matías Bravo Torres; Gerardo Fernández Muñoz; Elias Kassisse El-Hage; Julio Parra Flores

Salmonella enterica es uno de los patógenos más frecuentemente asociado al desarrollo de enfermedades transmitidas por alimentos (ETA), provocando anualmente 90 millones de casos y 150.000 muertes a nivel mundial. Si bien el cuadro de intoxicación por Salmonella se limita a gastroenteritis y requiere tratamiento con antibiótico sólo en los casos más severos, el aumento resistencia a antibióticos presenta una grave amenaza para la salud pública debido a la alta incidencia de esta patología. En Chile, las intoxicaciones con Salmonella representan cerca del 45% de los casos de ETA. Durante el año 2025 se reportaron más de 16 brotes de salmonelosis en la región de Ñuble, afectando a más de 110 personas. El objetivo de este trabajo es caracterizar genéticamente cepas de Salmonella aisladas de pacientes atendidos en hospitales y CESFAM de la región de Ñuble, con el fin de fortalecer la vigilancia epidemiológica local. Se analizaron 18 cepas clínicas obtenidas entre noviembre de 2025 y mayo de 2026 a partir de muestras de deposiciones, sangre periférica, líquido ascítico y orina. La identificación inicial fue realizada mediante espectrometría de masas MALDI-TOF (VITEK MS Prime). Las cepas fueron secuenciadas empleando la plataforma MinION (Oxford Nanopore Technologies) utilizando celdas de flujo vR10.4.1 y el kit rapid barcoding v14. El análisis genómico (identificación de secuencias tipo (ST), tipificación de secuencias multilocus del genoma central (cgMLST), identificación de genes de virulencia, mecanismos de resistencia, reconstrucción de plásmidos y elementos genéticos móviles) se llevo a cabo empleando el software MBioSEQ Ridom Typer 12.0, y las bases de datos MLST, cgMLST, VFDB, AMRFinderPlus 4.0.15, MOB-suite v3.1.8 y MobileElementFinder v1.1.2, respectivamente. De las 18 cepas de Salmonella aisladas, 5 fueron clasificadas como S. Infantis (ST32), 7 S. Newport (ST31), 3 S. Enteritidis (ST11), 2 S. Brandenburg (ST9765) y 1 S. Typhi (ST1). El análisis filogenético utilizando cgMLST permitió identificar 5 clústeres de cepas altamente relacionadas (con una diferencia de 0 a 3 alelos entre ellos), y 4 cepas genéticamente independientes. El cluster 2 de Salmonella Infantis presenta genes productores de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) blaCTX-M-65 y la mutación gyrA_D87Y que confiere resistencia a fluoroquinolonas. El cluster 3, también corresponde a Salmonella Infantis, que presentan genes dfrA1 asociados a resistencia a trimetoprima. Por otra parte, el nodo de Salmonella Enteritidis albergaban los genes spvB y spvC, asociados a virulencia sistémica y alteración del citoesqueleto del huésped, provocando un mayor riesgo de bacteriemia: Además, una de las cepas (C3) presenta la mutación gyrA_S83F que confiere resistencia a fluoroquinolonas. Los nodos asociados a salmonella Typhi y salmonella Brandenburg presentan el gen de virulencia cdtB, responsable de la síntesis de la toxina tifoidea. También se detectaron islas de patogenicidad de Salmonella (SPI) y otros factores de virulencia, tales como, sistemas de secreción tipo III, toxinas, factores de supervivencia celular, adhesinas y proteínas relacionadas con la formación de biopelículas. Además, las cepas contenían plásmidos IncFIB, IncI-gamma/K1, rep_cluster_2350, IncFII, ColRNAI_rep_cluster_1987. También fue posible observar una alta cercanía intracluster en cepas aisladas de pacientes en distintos periodos temporales, lo que sugiere la existencia de fuentes de contaminación reincidentes o persistentes en el tiempo. La vigilancia genómica de Salmonella a través de técnicas moleculares de alta precisión, tales como, la secuenciación de genoma completo, permite obtener información epidemiológica con una resolución significativamente mayor que los métodos de diagnóstico tradicionales. El uso de estas herramientas para complementar la información obtenida de forma tradicional facilita el cruce de datos clínicos, y moleculares para identificar focos comunes de infección. Además, la detección molecular rápida de mecanismos de resistencia a antibióticos es fundamental para guiar y optimizar el tratamiento de pacientes en futuros brotes.

Folio 271

USO DEL PANEL MOLECULAR DE NEUMONÍA EN UNA UNIDAD DE PACIENTE CRÍTICO EN COMPARACIÓN CON EL CULTIVO MICROBIOLÓGICO CONVENCIONAL

Autor principal: David Alejandro Llantén González
Co-autores: Anna Luz Castelli Torres; Dino José Francisco Sepúlveda Viveros; Juan Pablo Torres San Martín; Luis Ricardo Gálvez Arévalo

El panel molecular de neumonía en las unidades de paciente crítico (UPC) se ha consolidado como una herramienta esencial para la optimización precoz del tratamiento antimicrobiano en pacientes con neumonía grave, debido a su rapidez y especificidad para la detección de virus respiratorios, bacterias y genes de resistencia antimicrobiana. Evaluar la correlación entre los resultados del panel molecular de neumonía en muestras de lavado bronquioalveolar (LBA) por fibrobroncoscopia (FBC), incluyendo la identificación de microorganismos y genes de resistencia, y los hallazgos obtenidos mediante cultivo microbiológico convencional. Comparar la semicuantificación del panel molecular de neumonía con el recuento microbiológico del cultivo y su caracterizaron con los resultados discordantes entre ambas metodologías. Estudio observacional retrospectivo que consistió en la revisión de los registros clínicos de los pacientes a los cuales se les realizó LBA por FBC en una UPC en Santiago de Chile entre el 1 de junio de 2024 al 31 de junio de 2025; por cada LBA se tomó muestras para el panel molecular de neumonía, tinción de Gram y cultivo corriente. Se definió panel positivo como aquel con cualquier detección, ya sea bacteria o virus y panel bacteriano positivo en el que se detectó al menos una bacteria. Los episodios con detección exclusivamente viral se consideraron negativos para bacterias al compararlos con el cultivo. La correlación detectada por el panel molecular de neumonía con el cultivo se evaluó considerando el crecimiento de organismos detectados por el panel. Las proporciones se expresaron con intervalos de confianza de Wilson al 95%. Se analizaron 72 episodios, en donde el panel molecular de neumonía fue positivo en 43 de 72 casos (59,7%). El panel bacteriano positivo se identificó en 37 episodios (51,4%). En 29 episodios (40,3%) fueron negativos. Panel bacteriano positivo sin detección de genes de resistencia fue identificado en 28 episodios (38,9%) y panel positivo con detección de al menos un gen de resistencia fue identificado en 15 episodios (20,8%). Los genes de resistencia identificados fueron KPC en 7 episodios, CTX-M en 6 y VIM en 3; un caso presentó la detección de VIM y CTX-M. El resultado del panel molecular de neumonía se asoció a modificación del esquema antimicrobiano en 31 de los 72 episodios (43,1%). De los 29 episodios con el panel molecular de neumonía negativos, en 11 episodios (38 %; IC 23–56) tuvieron algún desarrollo en el cultivo; 2 bacterias presentes en el panel, 3 bacterias no presentes en el panel y 6 episodios con sólo hongos. La concordancia positiva porcentual frente al cultivo fue de 92% (34/37; IC 95% 79–97) para los aislados de bacterias incluidas en el panel. De las 55 detecciones bacterianas, 34 (62 %; IC 95 % 49–74) tuvieron crecimiento en el cultivo convencional; la proporción de crecimiento en el cultivo aumentó con el valor semicuantitativo: 36% (5/14) a 10^4 copias/mL, 62% (8/13) a 10^5, 58% (7/12) a 10^6 y 88 % (14/16) a ≥ 10^7 (rank-sum p = 0,006), como se muestra en la Fig. N°1. La recuperación fue de 12/12 para Pseudomonas aeruginosa y 9/10 para Klebsiella pneumoniae, frente a 1/6 para Haemophilus influenzae, 0/2 para Streptococcus pneumoniae, 0/2 para S.agalactiae y 0/1 para Moraxella catarrhalis (Fig. N°2) En términos cuantitativos, el panel informó aproximadamente unas 50 veces más copias que colonias recuperadas en el cultivo (Mediana: 1,7 log); diferencia influida por el límite superior de reporte del cultivo de 100.000 UFC/mL. La concordancia gen–fenotipo fue evaluable en 11 de los 16 episodios y expresada en el cultivo en 8 casos (73 %). El panel molecular de neumonía aplicado a LBA en una UPC permitió identificar microorganismos y genes de resistencia de relevancia clínica, contribuyendo al ajuste terapéutico en una proporción importante de episodios y en tiempo adecuado. Estos hallazgos apoyan el uso de esta herramienta complementaria para optimizar la terapia antimicrobiana en los pacientes; sin olvidar el estudio del cultivo corriente para complementar la detección de patógenos y resistencias antimicrobianas no incluidos en el panel.

Folio 275

TIPIFICACIÓN RÁPIDA DE AISLADOS CLÍNICOS DE STREPTOCOCCUS PYOGENES MEDIANTE ESPECTROSCOPIA INFRARROJA

Autor principal: Aniela Wozniak Banchero
Co-autores: Javiera Jiménez Rodriguez; Tamara González Villarroel; Gabriel Arratia Leiva; Patricia García Cañete

Streptococcus pyogenes, o estreptococo grupo A (GAS) es un patógeno exclusivamente humano que causa infecciones superficiales como faringitis e infecciones invasoras graves como fascitis necrotizante. Su principal factor de virulencia es la proteína M y la secuencia de su extremo amino-terminal es hipervariable tal que define más de 250 tipos M diferentes. Los distintos tipos de infecciones están asociados a diversos tipos M. Existen 3 vacunas polivalentes en fase clínica. Conocer el tipo M de las cepas circulantes es indispensable no solo para análisis epidemiológicos sino para predecir la eficacia de las vacunas. El método de referencia para la tipificación M de GAS consiste en PCR seguido de secuenciación Sanger, la cual puede demorar 48-72h, y requiere personal entrenado. La espectroscopia infrarroja con transformada de Fourier (FT-IR) se basa en el análisis de espectros generados por la vibración de los enlaces químicos de los componentes de la pared celular bacteriana y constituye una alternativa rápida y económica para tipificar GAS. Tipificar aislados clínicos de GAS mediante FT-IR y evaluar su concordancia con el método de referencia basado en la secuenciación del gen emm Se estudiaron 58 aislados clínicos de GAS de la Red de Salud UC-CHRISTUS, obtenidos a partir de infecciones superficiales e invasoras. Se realizó PCR convencional del gen emm y secuenciación Sanger según protocolo sugerido por CDC. Para la tipificación por FT-IR, las cepas se cultivaron en agar triptosado y se prepararon suspensiones cargadas en triplicado técnico y duplicado biológico en el equipo IR-Biotyper (versión 4.0, Bruker-Daltonics), obteniéndose 797 espectros (589 para entrenamiento y 208 para validación) en la región espectral recomendada de 800-1300 cm^{-1}. La obtención de los espectros demora aproximadamente 1 hora. Los espectros se analizaron mediante análisis de clúster jerárquico (HCA), reducción de dimensionalidad no supervisada (PCA, Principal Component Analysis) y clasificación supervisada (LDA, Linear Discriminant Analysis). El clasificador se entrenó durante 500 ciclos utilizando ANN (Artificial Neural Network) como algoritmo de entrenamiento, en el rango espectral 800–1300 cm^{-1}, con los 598 espectros. Para la validación se usaron 208 espectros de los mismos tipos M usados en el entrenamiento. Se evaluó el desempeño con matrices de confusión en las fases de entrenamiento y validación. Se identificaron 11 tipos M entre los 58 aislados: M1 (n=5), M2 (n=6), M4 (n=8), M6 (n=5), M12 (n=9), M28 (n=3), M68 (n=3), M73 (n=4), M77 (n=8), M87 (n=3), M89 (n=4). El análisis exploratorio mediante HCA agrupó correctamente el 100% de los espectros de un primer grupo formado por los tipos M1, M2, M4, M6, M12 y M28 en clústeres que coincidían con el tipo M de referencia (Figura 1A). Un segundo grupo formado por M73, M77, M87 y M89 mostró una concordancia de 94% con el método de referencia (Figura 1B). Los análisis de LDA en 3 dimensiones mostraron cierto grado de superposición entre varios tipos M (Figura 1C). A pesar de eso, la matriz de confusión de entrenamiento alcanzó 94% de exactitud y 93,6% de concordancia con la tipificación de referencia; y la matriz de validación alcanzó igualmente 94% de exactitud y 93,8% de concordancia (Figura 2). Los tipos M1, M2, M6, M73 y M87 mostraron 100% de precisión y 100% de class recall (porcentaje de espectros de un tipo M que fue correctamente identificado por FT-IR). En la fase de validación los tipos M12, M89 y M4 mostraron un class recall de 70%, 75% y 94% respectivamente. Estos resultados indican que el clasificador tiene buena concordancia con el método de referencia, aunque con limitaciones en algunos tipos principalmente M4, M28 y M89. La espectroscopia FT-IR mediante IR-Biotyper es una herramienta prometedora, rápida y automatizada para la tipificación de GAS, con una concordancia global de 93,75% respecto de la tipificación de referencia. Las discordancias observadas, c sugieren similitudes en la composición química de la pared celular de estos tipos. Para superar estas limitaciones se requieren estudios adicionales con mayor número de aislados clínicos, para consolidar la aplicación de esta tecnología en la vigilancia epidemiológica y en la práctica clínica de rutina.

Folio 289

RENDIMIENTO DE HEMOCULTIVOS ANAERÓBICOS EN SEPSIS NEONATAL TARDÍA

Autor principal: Mª Belén Valdivia Valdés
Co-autores: Alejandra Sandoval Carmona; Cecilia Guerra Riveros

La sepsis neonatal constituye una de las principales causas de morbimortalidad durante el período neonatal. Su diagnóstico representa un desafío debido a la inespecificidad de las manifestaciones clínicas y de los biomarcadores inflamatorios, siendo el hemocultivo (HC) el estándar de oro para la confirmación microbiológica. El uso de frascos anaeróbicos como complemento a los hemocultivos aeróbicos ha demostrado aumentar el aislamiento de microorganismos, principalmente anaerobios facultativos, lo que podría mejorar el rendimiento diagnóstico. Sin embargo, este beneficio no parece ser homogéneo a lo largo del período neonatal, y la evidencia disponible se concentra principalmente en el contexto de sepsis neonatal precoz, existiendo limitada información respecto a su utilidad en la sepsis tardía (ST). Evaluar si la toma de hemocultivos anaeróbicos aumenta la pesquisa de microorganismos causantes de sepsis tardía. Estudio Cohorte Retrospectiva Descriptiva realizado con datos entre Mayo del 2020 y Mayo del 2023 en el Servicio de Neonatología del Hospital Carlos Van Buren (HCVB). Se incluyeron todos los RN con sospecha de ST. A cada recién nacido se le tomó un par HC periféricos de 1 ml cada uno, con técnica estándar aséptica por venopunción diferente, sembrados en una botella de HC aerobio y anaerobio respectivamente (BacT/ALERT) e incubados por un período de 5 días. ST confirmada se definió como la presencia de un cuadro clínico sistémico con aislamiento microbiológico desde un sitio estéril, como sangre o líquido cefalorraquídeo (LCR), posterior a las 72 horas de vida. Se consideraron contaminantes la presencia de Micrococcus spp, Difteroides spp; y Staphylococcus coagulasa negativos (SCN) en uno de los dos HC tomados, entre otros. Adicionalmente los SCN se consideraron contaminantes en las evaluaciones de si se trataron con menos de 5 días de antibióticos. Se utilizó estadística descriptiva expresando los resultados en medianas y mínimos-máximos. Durante el periodo del estudio se registraron 138 episodios de sospecha de ST en 93 RN. Se realizó el análisis solo de los episodios que contaban con pares de hemocultivos completo registrados, que correspondieron a 129 pares de HC de 83 RN. La mediana del peso de nacimiento y edad gestacional fue de 1837 gr (500-4080) y 32 semanas (24-40) respectivamente. Se tomaron 258 HC con una positividad de 22,4%, (58/258). Se excluyeron 14 HC considerados como contaminación (5,4%) siendo un 57,1% en HC de botellas anaerobios. La tasa de positividad corregida fue de 17% (44/258). De los HC (+), 32 fueron pareados en botella aeróbica y anaeróbica. La mediana de tiempo de positividad de los HC aeróbicos y anaeróbicos fue 13,9 hrs. y 20,7 hrs respectivamente. De los 16 HC pareados positivos, el 100% fue concordantes con un tiempo diferencial de positividad de 6,8 hrs lo cual fue estadísticamente significativo en favor de las botellas aeróbicas (p=0,008). Hubo 7 HC (+) exclusivos aeróbicos (15,9%) y 5 (11,4%) exclusivos anaeróbicos sin diferencias significativas (p=0,7), en estos últimos se aisló Enterobacter cloacae (1), Staphylococcus aureus (1), Serratia marcescens (1), Clostridium perfringens (1) y Staphylococcus epidermidis (1).

Folio 11

CALCULO DEL CONSUMO DE ANTIMICROBIANOS E INTERVENCION CLINICA DE PROA EN LA UNIDAD DE HOSPITALIZACIÓN DOMICILIARIA DEL HOSPITAL FRANCO RAVERA ZUNINO (2022-2025)

Autor principal: Emiliana Garcia Sanchez
Co-autores: Catalina Barrera Mendez; Sergio Ovando Vidal; Mildred Lima Velasquez; Veronica Torres Torres

La Hospitalización Domiciliaria (UHD) traslada cuidados de complejidad clínica al entorno familiar, disminuyendo riesgos asociados a la hospitalización tradicional, como el delirium y las infecciones asociadas a la atención de salud. Sin embargo, el monitoreo del uso de medicamentos en este contexto presenta un importante desafío metodológico, particularmente en el registro y análisis del consumo de antimicrobianos. A diferencia de las salas de hospitalización convencional, UHD carece de una infraestructura física de \"camas\" estándar, lo que complejiza la aplicación. Sumando que, actualmente, el cálculo de la Dosis Diaria Definida (DDD)/100 camas-día en estas unidades no se solicita de manera obligatoria por los organismos reguladores. Para abordar esta brecha y estandarizar la medición del consumo de antimicrobianos en la UHD, se aplicaron métricas de DDD (por camas-día ocupadas, altas y egresos) con el objetivo de caracterizar el consumo de la UHD, asegurar el uso racional de fármacos y fortalecer la optimización terapéutica. -Calcular el consumo de antimicrobianos de la UHD expresado en las métricas DDD/100 días-cama, DDD/100 altas y DDD/100 egresos y describir el perfil de prescripción. -Comparar las variaciones de consumo tras la implementación de bombas de infusión inteligentes multidosis. -Analizar la importancia de las intervenciones del Programa de Optimización de Antimicrobianos (PROA) en el control de estos tratamientos. Se desarrolló un estudio observacional y retrospectivo enfocado en el consumo de antimicrobianos endovenosos en la UHD, con capacidad de 80 cupos con variación estacional, perteneciente a un hospital de alta complejidad. Se calculó la Dosis Diaria Definida (DDD)/100 días-cama (recomendado por la OMS), además de DDD/100 altas y DDD/100 egresos. La densidad de consumo se obtuvo en base a la formula adjuntada. Para el cálculo de los gramos totales consumidos, se utilizó la cantidad de frascos despachados desde farmacia hospitalizados a la UHD, datos extraídos desde el sistema informático del hospital, excluyendo las devoluciones. El denominador del periodo, se calculó en base a la estadística manual del Reporte estadístico mensual (REM) de la Unidad de hospitalización domiciliaria (para la obtención de días-cama-ocupada, las altas y los egresos de la UHD). Valor DDD OMS: Herramienta de cálculo basada en las directrices de la OMS, Asignación del código Clasificación Anatómica, Terapéutica y Química (ATC) y valor estándar de DDD por fármaco en su indicación principal. Los valores consultados, con última modificación en enero 2026, fueron aplicados a todos los años a fin de poder comparar los periodos. Se utilizó el reporte técnico para obtener la fecha de incorporación de bombas de infusión inteligentes (Sapphire), implementadas en noviembre del año 2024. El Grupo Acceso mostró un aumento progresivo de Amikacina (de 2,4 en 2022 a 3,6 en 2025) y un incremento notable de Cloxacilina (de 0,1 a 2,5). En el Grupo Vigilancia / Restringido, Ceftriaxona creció de 5,0 a 6,9 DDD/100 días-cama, y Ampicilina-Sulbactam presentó el hallazgo más disruptivo aumentando su uso 30 veces (de 0,1 a 3,0). Tabla Adjunta. -La medición de DDD en UHD es indispensable para auditorías, pero exige optimizar y digitalizar los sistemas de registro para estandarizar este indicador a nivel nacional. -La UHD ha evolucionado exitosamente hacia un entorno de alta complejidad asistencial, fortaleciendo su capacidad técnica para enfrentar infecciones complejas y multirresistentes, por lo cual sus métricas de evaluación deben homologarse a las del paciente hospitalizado. -La sostenibilidad de este modelo domiciliario dependerá de la adherencia a los estándares PROA, del soporte tecnológico continuo y del trabajo coordinado con los equipos PROA.

Folio 47

CONCORDANCIA ENTRE TRATAMIENTO ANTIBIÓTICO EMPÍRICO Y RESULTADO DE CULTIVO EN PACIENTES HOSPITALIZADOS: SEGUIMIENTO LONGITUDINAL DE UN AÑO EN UN HOSPITAL DE ALTA COMPLEJIDAD

Autor principal: Lucia Cruzat Hermosilla
Co-autores: Yocelin Riquelme Navarrete; Ana Sepulveda Venegas; Patricia Rivera Sandoval; Sandro Barria Ruiz; Victor Muñoz Sandoval; William Sepulveda Burgos; Maribel Muñoz Llanos; Wilfred Rodriguez Navarrete; Andres Rodriguez Martinez

Introducción El seguimiento activo de pacientes con tratamiento antibiótico es una función central de los Programas de Optimización de Antimicrobianos (PROA). Cuando el tratamiento empírico inicial no se ajusta oportunamente a la evidencia microbiológica, el paciente queda expuesto a fármacos potencialmente inefectivos o innecesariamente amplios, con riesgo de fracaso terapéutico, prolongación de la estadía hospitalaria, eventos adversos asociados a exposición antibiótica evitable y presión selectiva adicional sobre la flora local. La identificación sistemática de discordancias entre el tratamiento empírico y el cultivo, y su distinción entre brecha de espectro y resistencia real, permite dirigir de forma más eficiente las intervenciones de seguimiento farmacoterapéutico. Objetivo Caracterizar el perfil microbiológico y evaluar la concordancia entre el tratamiento antibiótico empírico inicial y el resultado del cultivo en pacientes con cultivo positivo atendidos en un hospital de alta complejidad entre agosto de 2025 y agosto de 2026. Materiales Estudio observacional descriptivo y retrospectivo sobre una cohorte de seguimiento prospectivo de pacientes con indicación de antibiótico y cultivo asociado (n=1.105), registrada en una planilla de seguimiento por el Químico Farmacéutico Clínico del PROA. Se registraron motivo de ingreso, servicio clínico, tipo de muestra, microorganismo aislado, mecanismo de resistencia, tratamiento empírico inicial, resultado de concordancia del cultivo y fármaco de ajuste. Se realizó estadística descriptiva mediante frecuencias absolutas y relativas; los casos discordantes se clasificaron según presencia o ausencia de un mecanismo de resistencia confirmado (BLEE, meticilino-resistencia, resistencia a vancomicina). Resultados El motivo de ingreso más frecuente fue infección del tracto urinario (12,2%), seguido de neumonía (7,1%). Se identificó microorganismo en el 82,0% de las fichas (n=906); Escherichia coli fue el más frecuente (35,4% de los aislados), seguido de Staphylococcus aureus (13,9%), Enterococcus faecalis (8,3%) y Klebsiella pneumoniae (6,8%). El tratamiento empírico fue mayoritariamente monoterapia con ceftriaxona (61,3%). De 664 casos con cultivo evaluable, el 55,7% (n=370) fue discordante con el empírico inicial. De estos, el 25,7% (n=95) presentó un mecanismo de resistencia confirmado —predominando BLEE en E. coli y K. pneumoniae (22 casos cada uno) y resistencia a vancomicina en E. faecium (14 casos)—, mientras que el 74,3% (n=275) correspondió a microorganismos sin mecanismo de resistencia detectado, encabezados por S. aureus (57), E. coli (49) y E. faecalis (39). El fármaco de ajuste más utilizado fue ceftriaxona por otro foco (47 casos), seguido de trimetoprim-sulfametoxazol (35), ertapenem (24), ampicilina (20) y cloxacilina (17); un 14,6% de los casos discordantes escaló a algún carbapenémico. Las tasas de resistencia por especie fueron: BLEE en K. pneumoniae 64,5%, VRE en Enterococcus spp. 20,8%, meticilino-resistencia en S. aureus 14,3% y BLEE en E. coli 12,1%. Conclusiones Más de la mitad de los tratamientos empíricos no concordó con el resultado del cultivo, pero tres de cada cuatro casos discordantes se explicaron por brecha de espectro frente a microorganismos grampositivos intrínsecamente no cubiertos por el empírico inicial, y no por resistencia antimicrobiana emergente. El seguimiento activo del PROA permitió identificar y corregir oportunamente estas discordancias mediante el ajuste a un fármaco dirigido, evitando la persistencia de cobertura inefectiva en pacientes con K. pneumoniae BLEE+, S. aureus meticilino-resistente o Enterococcus VRE. Estos resultados constituyen una línea de base cuantitativa para medir el impacto de futuras intervenciones PROA sobre la adecuación terapéutica empírica.

Folio 75

MUESTREO MICROBIOLÓGICO EN NEUMONÍA ADQUIRIDA EN LA COMUNIDAD HOSPITALIZADA: RENDIMIENTO DIAGNÓSTICO Y OPORTUNIDADES TERAPÉUTICAS EN UN CENTRO DE ALTA COMPLEJIDAD DEL SUR DE CHILE

Autor principal: Josefa Antonia San Martín Illanes
Co-autores: Camila Francisca Figueroa Valdebenito; Daniela Paz Rocha Aniñir; Carla Andrea Concha Fuentes; Javier Andrés Briones Segui; Luis Alejandro Castro Álvarez

La neumonía adquirida en la comunidad (NAC) es causa frecuente de hospitalización y de uso empírico de antimicrobianos en el adulto, con mayor carga en el adulto mayor. Su manejo depende de la calidad del estudio microbiológico y de la adecuación terapéutica posterior, ámbitos no caracterizados previamente en el establecimiento. Caracterizar las estrategias de muestreo microbiológico empleadas en adultos hospitalizados por NAC en Medicina Interna (MI) y Unidad de Paciente Crítico (UPC), y describir su rendimiento diagnóstico, la adherencia del tratamiento empírico a la guía institucional y los ajustes terapéuticos posteriores. Estudio observacional retrospectivo de cohorte, de base hospitalaria, realizado en MI y UPC. A partir de un registro institucional de egresos por NAC (2023–2025), se seleccionaron los episodios entre mayo y septiembre de 2025. Tras aplicar criterios de inclusión y exclusión, se analizaron 108 casos en adultos, revisando registros clínicos, de laboratorio y de farmacia. Las estrategias se clasificaron según las pruebas microbiológicas realizadas durante las primeras 48 horas —hemocultivos (HC), muestra respiratoria (MR), antígeno urinario (AU) y pruebas moleculares (PM)— en niveles crecientes (N0: sin estudio; N1: HC+PM; N2: HC+MR+PM; N3: HC+MR+AU+PM); las combinaciones no alineadas a estos niveles se describieron por separado. Se consideró identificación microbiológica la detección de un microorganismo clínicamente significativo; los casos de aislamientos evaluados como contaminación o colonización se clasificaron como sin identificación del agente causal. Se definió: adherencia (concordancia del esquema empírico con la guía institucional); modificación (cambio del esquema empírico); ajuste dirigido por microbiología (modificación guiada por un resultado microbiológico); candidato a switch (afebril con tolerancia a vía oral a las 48–72 h); y switch precoz (conversión endovenosa-oral en ese periodo inicial). El análisis fue descriptivo y exploratorio, sin pruebas de hipótesis. Se analizaron 108 episodios; 32,4% (35/108) ingresó a UPC. La mortalidad hospitalaria total fue 20,4% (22/108), UPC 31,4% y MI 15,1%. De los 107 episodios evaluables en las primeras 48 horas, el rendimiento diagnóstico fue 57,0% (61/107); un paciente falleció antes de obtener muestras. La positividad de las pruebas realizadas fue 44,1% (45/102) para PM, 27,7% (22/79) para AU, 15,1% (11/73) para MR y 8,4% (7/83) para HC. Estas cifras no son directamente comparables, pues cada técnica se aplicó en subgrupos distintos según indicación clínica. Descriptivamente, el rendimiento por nivel fue: N1 42,9% (3/7), N2 30,0% (3/10) y N3 56,9% (29/51), con N0 no evaluable (1 episodio). N3 (56,9%) fue similar al rendimiento global, sin un gradiente creciente consistente. Sobre el total de episodios, la etiología fue bacteriana en 16,7% (18/108), viral en 19,4% (21/108), mixta en 18,5% (20/108) y sin identificación del agente causal del evento en 45,4% (49/108); Los agentes más frecuentes fueron Streptococcus pneumoniae e influenza A (28/108; 25,9% cada uno). La adherencia del esquema empírico a la guía fue 70,4% (76/108), mayor en UPC (82,9%; 29/35) que en MI (64,4%; 47/73); la principal causa de discordancia fue la sobrecobertura antibiótica. Se modificó el esquema en 78,7% (85/108) y, entre los episodios con identificación, 68,9% (42/61) recibió ajuste dirigido por microbiología. El cambio de vía endovenosa a oral ocurrió en 33,3% (36/108); de 50 candidatos a switch precoz, solo 18% (9/50) lo realizó. El estudio microbiológico permitió identificar un agente en más de la mitad de los episodios evaluables, con una participación relevante de las PM, y una proporción importante de

los episodios con identificación recibió ajustes dirigidos. La principal causa de discordancia con la guía fue la sobrecobertura antimicrobiana, y la conversión precoz a vía oral fue baja. Los hallazgos respaldan fortalecer estrategias de muestreo microbiológico oportunas y dirigidas según gravedad y contexto clínico, junto con intervenciones PROA orientadas a reducir la sobrecobertura y aumentar la conversión precoz a vía oral.

Folio 98

FOCO INFECCIOSO, PROBLEMAS RELACIONADOS CON MEDICAMENTOS Y CLASIFICACIÓN AWARE: INTERVENCIONES DE UN EQUIPO PROA EN ADULTOS HOSPITALIZADOS

Autor principal: Francisca Elizabeth Segovia Reyes
Co-autores: Cristian Antonio Orellana Chea

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) constituye una de las principales amenazas para la salud pública global; publicaciones previas evidencian datos en la mortalidad en diferentes regiones del mundo corroborando el desafío urgente de los sistemas sanitarios (Murray C. 2022; Aguilar G. 2023; Naghavi M. 2024). Los Programas de Optimización del Uso de Antimicrobianos (PROA) buscan, entre otras cosas, frenar el avance de la RAM, promoviendo una terapia antimicrobiana segura y efectiva mediante intervenciones multidisciplinarias. La caracterización de estas intervenciones no solo permite identificar los principales problemas relacionados con medicamentos (PRM), sino también reconocer los focos infecciosos y los grupos de antimicrobianos sobre los cuales se concentra la actividad del equipo, información relevante para orientar estrategias locales de optimización terapéutica. Caracterizar las intervenciones realizadas por el equipo PROA en pacientes adultos hospitalizados según el tipo de PRM, foco infeccioso y categoría AWaRe de los antimicrobianos involucrados. Estudio observacional descriptivo y prospectivo con enfoque cuantitativo. Se incluyeron pacientes adultos hospitalizados en un servicio médico-quirúrgico que recibían tratamiento antimicrobiano y presentaron al menos una intervención del equipo PROA entre febrero y abril de 2026. Las intervenciones fueron registradas prospectivamente durante las rondas clínicas y clasificadas según el Tercer Consenso de Granada en las dimensiones de indicación, efectividad y seguridad; aquellas no comprendidas en esta clasificación se agruparon como otras intervenciones. Los antimicrobianos involucrados fueron categorizados como Acceso, Vigilancia o Reserva según la clasificación AWaRe de la OMS. Para los análisis según AWaRe se consideraron las intervenciones en las que fue posible identificar y clasificar el antimicrobiano involucrado. El análisis se realizó mediante estadística descriptiva, expresando las variables cualitativas como frecuencias absolutas y porcentajes. Se registraron 514 intervenciones del equipo PROA en 230 pacientes. La categoría más frecuente correspondió a problemas de efectividad farmacoterapéutica (223; 43,4%), seguida por indicación (115; 22,4%), seguridad (94; 18,3%) y otras intervenciones (82; 16,0%). El PRM más frecuente fue la inefectividad cuantitativa (PRM 4), predominando las recomendaciones relacionadas con la duración del tratamiento, seguidas por ajustes de dosis y frecuencia. En las 397 intervenciones clasificadas como indicación, efectividad o seguridad y vinculadas a un antimicrobiano categorizable, predominaron los antimicrobianos del grupo Vigilancia (217; 54,7%), seguidos por Acceso (132; 33,2%) y Reserva (48; 12,1%) (Figura 1). Al distribuir las intervenciones en los diferentes diagnósticos infecciosos, se concentraron principalmente en infecciones de piel y partes blandas, seguidas por focos osteoarticulares y abdominales, y su distribución por categoría AWaRe varió entre los distintos focos infecciosos (Figura 2). Las restantes 117 intervenciones que no están incluidas en las figuras corresponden a alguna de las siguientes condiciones: casos sin tratamiento antimicrobiano al momento del registro, información insuficiente para realizar la clasificación y/o asociado a intervenciones no farmacológicas. Las intervenciones del equipo PROA se concentraron principalmente en problemas de efectividad farmacoterapéutica, especialmente relacionados con duración, dosis y frecuencia, y en antimicrobianos del grupo Vigilancia. Su distribución varió según el foco infeccioso, con mayor actividad registrada en infecciones de piel y partes blandas, osteoarticulares y abdominales. La caracterización conjunta de PRM, foco infeccioso y categoría AWaRe permitió identificar patrones de intervención y potenciales áreas para focalizar estrategias locales de optimización antimicrobiana.

Folio 102

DETERMINANTES DE ADOPCIÓN Y CALIDAD DE PROGRAMAS PROA EN HOSPITALES CHILENOS: UN ESTUDIO NACIONAL DE MÉTODOS MIXTOS, 2023-2024

Autor principal: María Spencer Sandino
Co-autores: Ismael Bravo Rodríguez; Emilia Infante; Ruth Rosales; Kasim Allel; José Munita; Eduardo Undurraga

La resistencia antimicrobiana es un problema de salud pública prioritario, y los programas de optimización del uso de antimicrobianos (PROA) son una estrategia central para enfrentarla. En Chile, la adopción de PROA varía ampliamente entre hospitales, pero existe evidencia limitada sobre la calidad de los programas ya implementados y los factores que determinan su desempeño una vez adoptados. Describir la adopción de PROA en hospitales chilenos y sus determinantes institucionales; construir un índice compuesto de calidad (QS) e identificar factores asociados a la calidad de implementación entre hospitales con PROA; e identificar perfiles de implementación hospitalaria mediante análisis de clúster no supervisado. Estudio transversal mediante encuesta a hospitales del registro nacional DEIS. De 251 establecimientos elegibles, 152 (60,6%) participaron. La adopción de PROA se modeló mediante regresión logística multivariable ponderada por la probabilidad inversa de participación (IPW) para reducir el potencial sesgo de selección, y con errores estándar robustos por clúster regional (CR2). Entre los 99 hospitales con PROA, se construyó un QS de 34 ítems binarios (0-100, 6 dominios) y se modeló mediante regresión Beta, dada su distribución acotada y no normal. Se realizó clustering jerárquico (Ward) con 76 variables de la encuesta en 12 dominios temáticos para identificar perfiles de implementación, posteriormente validados contra complejidad, tipo de institución y QS. Además, se realizaron 8 entrevistas semiestructuradas con coordinadores PROA para contextualizar cualitativamente los hallazgos cuantitativos. El 65% (99/152) de los hospitales tenía el PROA implementado. La adopción aumentó con la complejidad hospitalaria (26% baja, 68% mediana, 89% alta; p<0,001) y fue mayor en hospitales públicos (OR=9,73; IC95% 1,63-58,04). Los hospitales de baja complejidad presentaron menor probabilidad de ser contactados (OR=0,46; p=0,014), aunque no de participar una vez contactados, mientras que la titularidad pública se asoció tanto a mayor probabilidad de contacto (OR=2,65; p=0,002) como de participación (OR=3,27; p=0,039). El QS promedio fue 48,5 (DE 19,2); los dominios mejor evaluados fueron políticas de prescripción (64,3) e intervenciones farmacéuticas (59,6), y los más deficientes, educación (33,1) y liderazgo/gobernanza (39,4). En el modelo de regresión Beta, la complejidad hospitalaria fue el predictor más fuerte de calidad. Los hospitales de baja y mediana complejidad presentaron, en promedio, 26,0 y 17,2 puntos menos de QS que los de alta complejidad, respectivamente. Mientras que el tipo de institución y el volumen regional de egresos, predictores de adopción, no se asociaron significativamente con la calidad una vez implementado el programa. Contar con un equipo núcleo completo (enfermera de control de infecciones, infectólogo y químico farmacéutico) y una antigüedad mayor a 3 años se asociaron independientemente con mayor calidad (+8,9 y +9,9 puntos de QS, respectivamente). El análisis de clúster identificó 2 perfiles: uno de menor calidad (n=39; QS=32,0), heterogéneo en complejidad, y otro de mayor calidad (n=60; QS=59,3), concentrado casi exclusivamente en hospitales de alta complejidad. Este estudio captura la adopción de PROA en una etapa temprana tras la entrada en vigencia de su obligatoriedad, alcanzando una cobertura nacional robusta (60,6% de los hospitales elegibles) que constituye una línea base sólida para monitorear el avance nacional. El uso de IPW permite corregir el sesgo de no respuesta y fortalece la validez de las estimaciones de adopción y calidad presentadas. La adopción y la calidad de los PROA en Chile están determinadas por factores distintos: mientras la complejidad hospitalaria se asocia a ambas, el tipo de institución y el contexto regional se relacionan únicamente con la adopción. Una vez implementado el programa, la composición del equipo núcleo y la madurez institucional emergen como los principales determinantes modificables de calidad. Más que perfiles cualitativamente distintos, el análisis de clúster reveló fundamentalmente un espectro de calidad, aproximado adecuadamente por el QS construido.

Folio 106

DESETIQUETADO DE ALERGIA A BETALACTÁMICOS EN PACIENTES HOSPITALIZADOS: RESULTADOS DE UNA ESTRATEGIA MULTIDISCIPLINARIA EN UN HOSPITAL CHILENO DE ALTA COMPLEJIDAD

Autor principal: Nicolas Valdebenito
Co-autores: Diego Mayer; Natalia Delgado; Nicolas Faúndes; Rodrigo Ahumada

Los betalactámicos constituyen uno de los pilares fundamentales del tratamiento de las infecciones bacterianas. Sin embargo, el registro de antecedentes de alergia ha limitado su utilización, favoreciendo la prescripción de alternativas farmacológicas asociadas con una mayor incidencia de efectos adversos y un mayor desarrollo de resistencia antimicrobiana. Aunque la penicilina es uno de los medicamentos más frecuentemente registrados como causante de alergia, más del 90 % de estas etiquetas pueden descartarse mediante una evaluación formal. Este sobreetiquetado puede originarse por la interpretación errónea de reacciones adversas no inmunomediadas como alergias, así como por la persistencia de antecedentes de hipersensibilidad que han perdido vigencia, dado que una proporción importante de los pacientes pierde la sensibilidad a la penicilina al cabo de cinco a diez años. En este contexto, la entrevista farmacéutica y la evaluación inmunológica representan una oportunidad para identificar pacientes candidatos al desetiquetado y contribuir a la optimización del uso de antimicrobianos. Determinar la proporción de desetiquetado exitoso en pacientes hospitalizados con registro de alergia a betalactámicos, evaluados entre marzo y agosto de 2025 Se realizó un estudio descriptivo intervencional en un hospital chileno de alta complejidad. Se incluyeron adultos con registro de alergia a betalactámicos, identificados mediante rondas diarias, notificaciones del personal de salud a través de un código QR y revisión del sistema informático hospitalario por un periodo de 6 meses. Mediante entrevistas farmacéuticas basadas en un cuestionario estructurado, se recopilaron antecedentes clínicos, características de la reacción, tiempo transcurrido, manejo de la reacción y exposición posterior a betalactámicos. El equipo de inmunología realizó la estratificación del riesgo y determinó la elegibilidad para el desetiquetado inmediato o mediante pruebas de confirmación. Se implementaron las estrategias correspondientes y se registraron tanto las estrategias utilizadas como los resultados obtenidos. Las variables cualitativas se describieron mediante frecuencias y porcentajes, y las cuantitativas, mediante media y desviación estándar. Se evaluaron 38 pacientes, de los cuales 37 (97,4%) fueron desetiquetados exitosamente. 16 (42,1%) fueron desetiquetados de forma inmediata, sin pruebas confirmatorias adicionales; 18 (47,4%), mediante prueba de provocación oral; y 4 (10,5%), mediante pruebas intradérmicas seguidas de provocación oral (Figura 2). En 1 paciente (2,6%) se confirmó la alergia (Figura 1). La edad media fue de 54,6 ± 16,4 años. Los betalactámicos más frecuentemente responsables de la reacción fueron penicilina G (25/37; 67,6%) y amoxicilina (5/37; 13,5%). La evaluación del antecedente de alergia y la aplicación de estrategias mencionadas permitieron desetiquetar al 97,4% de los pacientes evaluados. La entrevista farmacéutica aportó los antecedentes necesarios para la estratificación del riesgo por inmunología, destacando la contribución del químico farmacéutico y del trabajo multidisciplinario a la gestión de alergias a betalactámicos. Estos resultados respaldan el desarrollo de estrategias de desetiquetado como una oportunidad para ampliar las opciones terapéuticas y con ello fortalecer la optimización del uso de antimicrobianos. Nuevas líneas de investigación podrían estar orientadas en el impacto sobre la prescripción, los costos hospitalarios y resultados clínicos.

Folio 114

IMPACTO DE UNA GUÍA LOCAL PROA SOBRE LA SELECCIÓN ANTIMICROBIANA Y EL TRASLAPE A VÍA ORAL EN NEUMONÍA ADQUIRIDA EN LA COMUNIDAD

Autor principal: Celia Retamal Cartes
Co-autores: Rodrigo Montenegro Moreno; Loreto Rojas Wetting; Javier Campanini Salinas; Sebastian Barria Carcamo; Patricio Montecinos Pinuer; Camila Sanoval Silva

La neumonía adquirida en la comunidad (NAC) es una causa frecuente de hospitalización y exposición a antimicrobianos. La selección del tratamiento empírico y el traslape oportuno desde la vía endovenosa a la vía oral constituyen objetivos prioritarios de los Programas de Optimización del Uso de Antimicrobianos (PROA). En 2025, el PROA del Hospital Puerto Montt actualizó su guía local, reemplazando ceftriaxona por ampicilina/sulbactam como tratamiento empírico preferente. Su implementación incluyó difusión de la guía, entrega de material informativo y reuniones con el equipo del servicio clínico. Evaluar el impacto de la actualización e implementación de una guía local PROA sobre la selección antimicrobiana, la adecuación del tratamiento, su duración y el traslape de vía endovenosa a oral en pacientes hospitalizados por NAC. Estudio cuasiexperimental antes-después en pacientes adultos hospitalizados por neumonía adquirida en la comunidad. Se comparó un periodo preimplementación correspondiente a 2024 (n=42) con un periodo postimplementación en 2025 (n=32). La intervención PROA consistió en la actualización de la guía local, reemplazando ceftriaxona por ampicilina/sulbactam como tratamiento empírico preferente, acompañada de difusión, entrega de material informativo y reuniones con el equipo del servicio clínico. La adecuación se evaluó según la guía vigente en cada periodo, considerando selección del antimicrobiano, dosis e intervalo, ajuste por función renal, duración total y tratamiento dirigido según microbiología. El traslape desde la vía endovenosa a la vía oral se evaluó considerando evolución de leucocitos, proteína C reactiva y curva febril, además de la disponibilidad de la vía oral. Todos los pacientes incluidos cumplían los criterios de elegibilidad para evaluar el traslape. Las variables categóricas se compararon mediante prueba exacta de Fisher y las continuas mediante Mann-Whitney. El proyecto fue aprobado por el Comité Ético Científico de la Universidad San Sebastián (proyecto N.º 111-24) y contó con la ampliación correspondiente para completar la recolección. Se incluyeron 74 pacientes: 42 en el periodo preimplementación y 32 en el postimplementación. La mediana de edad fue 71 años (RIC 62-82) y 74,5 años (RIC 58,5-83), respectivamente (p=0,978). El periodo post presentó menor índice de Charlson [2 (RIC 1-3) versus 4 (RIC 1,25-5,75); p=0,015] y mayor puntaje PSI [126,5 (RIC 108,5-160,75) versus 109,5 (RIC 82,5-145); p=0,016]. El uso inicial de ceftriaxona disminuyó de 97,6% (41/42) a 21,9% (7/32; p<0,001), mientras que ampicilina/sulbactam aumentó de 0% (0/42) a 71,9% (23/32; p<0,001). Entre los pacientes elegibles, el traslape desde la vía endovenosa a la vía oral aumentó de 35,7% (15/42) a 68,8% (22/32; p=0,009). La mediana de duración disminuyó de 7 (RIC 6-9) a 6 días (RIC 5-7; p=0,052), y la proporción de tratamientos con duración adecuada aumentó de 66,7% (28/42) a 84,4% (27/32; p=0,110). La adecuación global fue 66,7% (28/42) en el periodo pre y 65,6% (21/32) en el post (p=1,000). La actualización e implementación de la guía local PROA se asoció con un cambio significativo en la selección del tratamiento empírico de la NAC, disminuyendo el uso de ceftriaxona y aumentando el de ampicilina/sulbactam. Asimismo, el traslape desde la vía endovenosa a la vía oral prácticamente se duplicó, constituyendo un resultado relevante por tratarse de una estrategia PROA sencilla, de bajo costo y fácilmente aplicable en la práctica clínica. Se observó además una tendencia hacia tratamientos más breves y una mayor proporción de duraciones adecuadas, aunque sin alcanzar significación estadística. La adecuación global no presentó cambios. Estos hallazgos respaldan la capacidad de una intervención PROA local para modificar conductas de prescripción e incorporar prácticas concretas de optimización antimicrobiana.

Folio 146

EFECTIVIDAD DE UN PROTOCOLO DE MONITORIZACIÓN TERAPÉUTICA DE ANTIMICROBIANOS CON SUPERVISIÓN FARMACÉUTICA PARA REDUCIR EVENTOS ADVERSOS ASOCIADOS AL PROCESO DE MONITORIZACIÓN

Autor principal: Angélica Valenzuela Valenzuela
Co-autores: Dariana Quintanilla Quintanilla; Fernanda Ávila Oesterle; Roberto Olivares Castillo; Daniel Palma Vallejos; Karla Yohannssen Vasquez

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) representa una amenaza sanitaria global. En Chile, se ha mandatado la constitución obligatoria de Programas de Optimización de Antimicrobianos (PROA) en centros de alta y mediana complejidad. Dentro de estos, la Monitorización Terapéutica de Fármacos (TDM) de antimicrobianos críticos y de estrecho margen terapéutico, como vancomicina y amikacina, es indispensable para optimizar la eficacia clínica y minimizar la toxicidad mediante la individualización PK/PD. Sin embargo, la fase preanalítica presenta fallas críticas en la temporalidad y registro de las muestras, lo que compromete la seguridad del paciente y da origen a los Eventos Adversos relacionados a la Monitorización Terapéutica (EAMT). Ante esto, el Químico Farmacéutico (QF) clínico es el profesional idóneo para liderar el ajuste posológico, la estandarización y la educación continua. Evaluar la efectividad de un PMT liderado por un QF clínico, orientado a mitigar la incidencia de EAMT en un hospital universitario. Diseño del estudio: Estudio cuasiexperimental, prospectivo, de tipo antes después, realizado en el Hospital Clínico de la Universidad de Chile durante un período de ocho meses. Población y muestra: Pacientes adultos (>18 años) hospitalizados con infecciones documentadas o sospecha clínica que recibieron vancomicina o amikacina endovenosa por más de 48 horas. Intervención: Diseño, validación multidisciplinaria e implementación de un PMT para vancomicina y amikacina. Incluyó capacitaciones presenciales y virtuales al personal de enfermería y médico, estandarización de la fase preanalítica (tiempos y rotulado) y seguimiento farmacoterapéutico diario con interconsulta farmacocinética activa liderada por un QF clínico. Variables e instrumentos: La variable principal fue la incidencia EAMT, clasificados en: asociados a la necesidad, a la toma de muestra (fase preanalítica), al incumplimiento de metas PK/PD y a la aceptación médica de las recomendaciones farmacéuticas. Como variables secundarias se evaluaron el consumo de antimicrobianos (DDD/100 camas-día) y el desenlace clínico (éxito terapéutico vs. fracaso clínico). Los datos se obtuvieron de las fichas electrónicas, laboratorio clínico y dispensación de farmacia. Se incluyeron 321 pacientes (134 tratados con amikacina y 187 con vancomicina). La difusión del protocolo capacitó a 513 profesionales, logrando una percepción de excelencia superior al 70%. En la cohorte de amikacina, la intervención aumentó significativamente la detección activa de EAMT totales (29,3% vs 81,4%; p<0,001) y la pesquisa de necesidades terapéuticas (18,7% vs 39,0%; p=0,016). En el grupo de vancomicina, el protocolo redujo los EAMT totales (75,6% vs 55,4%; p=0,007) y las omisiones de monitorización (38,4% vs 10,9%; p<0,001). En ambos fármacos se erradicaron por completo los EAMT por toma de muestra (0%; p<0,001) y se incrementó significativamente el logro de los objetivos PK/PD (amikacina: 2,7% a 18,6%; vancomicina: 18,6% a 48,5%). Asimismo, la aceptación de intervenciones farmacéuticas aumentó drásticamente (amikacina: 12,0% a 55,9%; vancomicina: 53,5% a 77,2%; p<0,001). El consumo de antimicrobianos (DDD/100 camas-día) mostró una tendencia decreciente y sostenida tras la intervención, especialmente en UCI. Clínicamente, el protocolo no comprometió la seguridad del paciente, manteniendo tasas de fracaso clínico bajas y sin diferencias significativas en ambos grupos. El PMT demostró ser una estrategia metodológica exitosa para la gestión segura de antimicrobianos. Mientras que en el uso de vancomicina actuó como una herramienta de protección directa disminuyendo los EAMT en amikacina permitió visibilizar y corregir riesgos previamente sub notificados mediante una pesquisa activa. La intervención multidisciplinaria logró eliminar de forma absoluta los errores preanalíticos, maximizar el alcance de los objetivos PK/PD y reducir sostenidamente el consumo de estos fármacos. En definitiva, el estudio valida el rol del QF clínico como un pilar fundamental en la educación continua, la aceptación terapéutica y la seguridad del paciente

Folio 178

IMPLEMENTACIÓN DE TERAPIA ANTIBIÓTICA EMPÍRICA INICIAL PARA NEUMONÍA ADQUIRIDA EN LA COMUNIDAD EN POBLACIÓN ADULTA Y PEDIÁTRICA EN UN CENTRO DE SALUD DE SANTIAGO DE CHILE

Autor principal: Magdalena Espejo Herrera
Co-autores: Rodrigo Lea Plaza; Eduardo Rojas Gazco; Felipe Bascuñán Silva; Mónica Lafourcade Ramírez; María Luz Endeiza Guidali; Paola Pidal Méndez; César Bustos Guillén

La neumonía adquirida en la comunidad (NAC) constituye una causa frecuente de consulta en urgencia y hospitalización, con impacto relevante en el uso de antibióticos. La implementación de protocolos locales, en el contexto del Programa de Optimización del uso de Antimicrobianos (PROA), permite estandarizar la terapia empírica inicial y disminuir la presión antibiótica, favoreciendo esquemas acordes a la epidemiología local. Evaluar la adherencia a los protocolos institucionales de tratamiento antibiótico empírico inicial para NAC en adultos y población pediátrica, implementados dentro del PROA, describir los antimicrobianos utilizados y los hallazgos microbiológicos asociados. Análisis de cohorte retrospectiva con revisión de fichas clínicas de pacientes ingresados con diagnóstico de NAC en la Clínica Universidad de los Andes, Santiago de Chile. El protocolo de NAC en adultos fue desarrollado y socializado en diciembre de 2025 y el protocolo pediátrico en enero de 2026. Posteriormente, se revisaron episodios atendidos entre el 29 de junio y el 2 de agosto de 2026. Se registró grupo etario, modalidad de atención y necesidad de hospitalización, adherencia al protocolo, tratamiento antibiótico indicado y estudio microbiológico realizado. Se evaluaron 91 episodios de neumonía: 53 en adultos y 38 en pacientes pediátricos. Hubo 51 atenciones de urgencia con manejo ambulatorio (56,0%) y 40 hospitalizaciones (44,0%). La adherencia al protocolo fue de 58/91 (63,7%), del que 34/53 corresponde a pacientes adultos (64,2%) y 24/38 a pacientes pediátricos (63,2%). Entre los adultos adherentes manejados ambulatoriamente, 3/23 (13,0%) no recibieron antibióticos. Los tratamientos más frecuentes fueron amoxicilina/ácido clavulánico en 13/23 (56,5%) y azitromicina en 6/23 (26,1%). En pediatría ambulatoria, 3/12 (25,0%) no recibieron antibióticos; amoxicilina y azitromicina se utilizaron, cada una, en 4/12 episodios (33,3%). En un caso (8,3%) no se consignó tratamiento. Entre los adultos hospitalizados adherentes al protocolo, 2/11 (18,2%) no recibieron antibióticos. La monoterapia con ampicilina/sulbactam se utilizó en 6/11 (54,5%) y su asociación con azitromicina en 2/11 (18,2%). En pediatría hospitalizada, 6/12 (50%) no recibieron antibióticos y 6/12 (50%) recibieron amoxicilina. Se realizó estudio microbiológico en 41/53 adultos (77,4%) y 31/38 pacientes pediátricos (81,6%). En adultos se identificaron microorganismos en 10/53 episodios (24,4% de los estudiados): VRS en 4, rinovirus/enterovirus en 2 y coronavirus en 2, además de influenza A, influenza B, Klebsiella pneumoniae y Streptococcus pneumoniae. En 31 episodios (75,6%) no se identificó etiología microbiológica. En pediatría se identificaron microorganismos en 22 episodios (71% de los estudiados): VRS en 13, rinovirus/enterovirus en 6, coronavirus en 3, influenza B en 3 y parainfluenza en 3, además de adenovirus y metapneumovirus en 2 episodios cada uno e influenza A en uno. En 9 episodios (29,0%) no se identificó etiología microbiológica. La primera implementación de protocolos institucionales de NAC en nuestro centro permitió evaluar la adecuación de la terapia antibiótica empírica inicial en pacientes adultos y pediátricos. La adherencia global a los protocolos se considera moderada de acuerdo a los estándares internacionales publicados. La identificación microbiológica fue considerablemente mayor en pediatría, con predominio de agentes virales. Estos primeros resultados permitirán orientar futuras intervenciones destinadas a optimizar la prescripción antibiótica empírica, reducir el uso innecesario de antimicrobianos de amplio espectro y fortalecer las estrategias de retroalimentación clínica.

Folio 179

OPTIMIZACIÓN DE LA DOSIFICACIÓN DE IMIPENEM MEDIANTE SIMULACIONES FARMACOCINÉTICAS/FARMACODINÁMICAS Y SUSCEPTIBILIDAD MICROBIOLÓGICA LOCAL EN UN HOSPITAL DE ALTA COMPLEJIDAD

Autor principal: Carlos Gallo Cancino
Co-autores: Ruth Rosales Chacon; Claudio Gonzalez Muñoz; Camila Moscoso Gutierrez; Nicolas Acevedo Bastias

Los antibióticos β-lactámicos presentan elevada variabilidad farmacocinética en pacientes críticos, pudiendo comprometer la exposición con esquemas convencionales. Para imipenem, carbapenémico de actividad dependiente del tiempo, se ha propuesto como objetivo PK/PD tradicional 40% fT>CIM, mientras que en pacientes críticos se plantean objetivos más exigentes, como 100% fT>CIM. Su eliminación predominantemente renal hace que la función renal sea un determinante relevante de su exposición. Los modelos farmacocinéticos poblacionales y simulaciones de Monte Carlo permiten estimar la probabilidad de alcanzar estos objetivos y evaluar estrategias de dosificación. Evaluar la adecuación de diferentes esquemas de dosificación de imipenem mediante simulaciones farmacocinéticas/farmacodinámicas, considerando diversos objetivos PK/PD e integrando la susceptibilidad microbiológica local, con el propósito de proponer estrategias de dosificación adaptadas al contexto institucional. Se realizó un estudio PK/PD in silico. Se evaluaron modelos farmacocinéticos poblacionales publicados, seleccionándose el de Truong et al. por incorporar ClCr estimado mediante Cockcroft-Gault como covariable del aclaramiento de imipenem, abarcar un amplio rango de función renal y contar con validación externa. Mediante simulaciones de Monte Carlo de 1.000 pacientes virtuales por escenario se evaluaron dosis, intervalos y tiempos de infusión en categorías de ClCr de 10–14, 15–29, 30–59, 60–89, 90–119 y ≥120 mL/min. Se estimó la PTA para 40% y 100% fT>CIM frente a CIM de 0,125–16 mg/L, considerando PTA ≥90% adecuada. Las PTA se integraron con distribuciones institucionales de CIM de Escherichia coli, Klebsiella pneumoniae y Pseudomonas aeruginosa obtenidas retrospectivamente entre 2020–2025. Se incluyó solo el primer aislamiento por paciente de servicios hospitalizados, excluyendo Urgencia. La identificación, susceptibilidad y CIM se determinaron mediante BD Phoenix. Se calculó CFR, considerando ≥90% como adecuada cobertura farmacodinámica. Se analizaron 3.375 aislamientos microbiológicos institucionales correspondientes al período 2020–2025. Para el objetivo de 40% fT>CIM, los esquemas seleccionados según ClCr fueron 500 mg cada 12 h para ClCr 10–29 mL/min, 500 mg cada 8 h para 30–59 mL/min y 500 mg cada 6 h para ClCr ≥60 mL/min, utilizando infusiones prolongadas de hasta 2 h según el estrato. Estos esquemas alcanzaron PTA ≥90% hasta CIM de 2 mg/L en prácticamente todos los escenarios evaluados. Para el objetivo de 100% fT>CIM, el incremento posológico y el uso de infusiones prolongadas aumentaron la PTA, alcanzándose PTA ≥90% hasta CIM de 0,5 mg/L en la mayoría de los estratos de función renal; sin embargo, ningún esquema evaluado alcanzó PTA ≥90% para CIM ≥1 mg/L de forma consistente. Los esquemas seleccionados fueron 500 mg cada 12 h para ClCr 10–29 mL/min, 500 mg cada 8 h para 30–59 mL/min, 500 mg cada 6 h para 60–89 mL/min y 1.000 mg cada 6 h para ClCr ≥90 mL/min, administrados mediante infusión de 2 h. Al integrar las distribuciones locales de CIM, los esquemas seleccionados para 40% fT>CIM alcanzaron CFR de 99,5–99,6% para E. coli, 84,1–84,5% para K. pneumoniae y 61,1–63,7% para P. aeruginosa. Para 100% fT>CIM, los esquemas optimizados mantuvieron CFR ≥90% únicamente frente a E. coli (93,1–98,2%), mientras que permanecieron bajo el umbral de adecuación para K. pneumoniae (71,2–80,4%) y P. aeruginosa (26,1–47,5%). La adecuación de los esquemas de imipenem depende del objetivo PK/PD seleccionado y de la susceptibilidad microbiológica local. Las dosis habituales resultaron adecuadas para

alcanzar 40% fT>CIM en la mayoría de los escenarios evaluados, concordante con el objetivo PK/PD tradicional considerado en el desarrollo posológico del fármaco. En contraste, objetivos más exigentes requirieron intensificación de dosis e infusiones prolongadas, con menor probabilidad de alcanzar el objetivo PK/PD a CIM elevadas, especialmente para K. pneumoniae y P. aeruginosa. La integración de simulaciones PK/PD y microbiología local permite identificar escenarios de exposición insuficiente y sustentar estrategias de dosificación adaptadas al contexto institucional.

Folio 180

IMPLEMENTACIÓN DE TERAPIA ANTIBIÓTICA EMPÍRICA INICIAL PARA INFECCIÓN DEL TRACTO URINARIO EN POBLACIÓN ADULTA Y PEDIÁTRICA EN UN CENTRO DE SALUD DE SANTIAGO DE CHILE

Autor principal: Eduardo Rojas Gazco
Co-autores: Rodrigo Lea Plaza; Magdalena Espejo Herrera; Felipe Bascuñán Silva; Mónica Lafourcade Ramírez; María Luz Endeiza Guidali; Paola Pidal Méndez; César Bustos Guillén

La infección del tracto urinario (ITU) constituye una de las causas más frecuentes de consulta ambulatoria, atención de urgencia y hospitalización, y representa un motivo habitual de prescripción antibiótica. En el contexto del Programa de Optimización del Uso de Antimicrobianos (PROA), la elaboración e implementación de protocolos institucionales permite estandarizar la terapia empírica inicial y disminuir la presión antibiótica, favoreciendo esquemas acordes a la epidemiología local. Evaluar la adherencia a los protocolos institucionales de tratamiento antibiótico empírico inicial para ITU en adultos y población pediátrica, implementados dentro del PROA, y describir los antibióticos utilizados, los hallazgos microbiológicos y las oportunidades de optimización terapéutica. Análisis de cohorte retrospectiva con revisión de fichas clínicas de pacientes ingresados con diagnóstico de ITU en la Clínica Universidad de los Andes, Santiago de Chile. El protocolo de ITU en adultos fue socializado en diciembre de 2025 y el protocolo pediátrico en enero de 2026. Posteriormente, se revisaron episodios atendidos entre 29 de junio y el 2 de agosto de 2026. Se registró grupo etario, modalidad de atención, diagnóstico clínico, adherencia al protocolo, antimicrobiano empírico indicado, microorganismo aislado y necesidad de hospitalización. Se evaluaron 72 episodios de infección del tracto urinario, correspondientes a 52 pacientes adultos y 14 pediátricos únicos. Hubo 54 atenciones de urgencia sin hospitalización (75%) y 18 hospitalizaciones (25%). La adherencia global a los protocolos fue de 30/72 episodios (41,7%), de lo que 20/56 corresponde a adultos (35,7%) y 10/16 a pacientes pediátricos (62,5%). Entre los adultos atendidos en urgencia sin hospitalización, 11/45 (24,4%) episodios adhirieron al protocolo institucional. Todos recibieron antimicrobianos: nitrofurantoína en 10/11 (90,9%)y cefpodoxima en 1/11 (9,1%). Entre los adultos hospitalizados, 9/11 episodios adhirieron al protocolo ITU (81,8%). Ceftriaxona se utilizó en 6/9 (66,7%), ertapenem en 2/9 (22,2%) y fluconazol asociado a ceftriaxona en 1/9 (11,1%). En pacientes pediátricos atendidos en urgencia que no requirieron hospitalización, 5/9 episodios (55,6%) adhirieron al protocolo. Cefadroxilo se utilizó en 2/5 (40%); amikacina y cefpodoxima en 1/5 cada una (20%), mientras que un episodio no requirió antimicrobianos (20%). Entre los pacientes pediátricos que ingresaron, 5/7 episodios (71,4%) adhireron; de estos, 4/5 (80%) recibieron amikacina y 1/5 (20%) ceftriaxona. Se realizó estudio microbiológico en los 72 episodios de ITU estudiados. En adultos se identificaron microorganismos en 36 episodios (64,3%), principalmente Escherichia coli (28 casos), Enterococcus faecalis (3) y Proteus mirabilis (2). En 20 episodios (35,7%) el resultado fue negativo o no contribuyó. En pediatría se identificaron microorganismos en 12/16 episodios (75,0%), todos correspondientes a Escherichia coli. En 4 episodios (25,0%) el resultado fue negativo o no contribuyó. La implementación de protocolos institucionales para ITU dentro del PROA permitió evaluar la adecuación de la terapia antibiótica empírica inicial en población adulta y pediátrica. La adherencia al protocolo institucional fue baja, excepto en pacientes pediátricos hospitalizados. La revisión de los esquemas utilizados y de la microbiología local permitirá reforzar intervenciones educativas, promover el uso de antimicrobianos de menor espectro cuando corresponda y disminuir la presión antibiótica institucional.

Folio 193

CONSUMO DE ANTIBIÓTICOS PARENTERALES EN UN HOSPITAL PEDIÁTRICO DE ALTA COMPLEJIDAD (2013-2024)

Autor principal: Mirta Acuña Ávila
Co-autores: Dona Benadof Fuentes; Roxana Santana Sepúlveda; Angelica Valenzuela Valenzuela; Luis Valenzuela Vasquez; Richard Orellana Taibo

Los Programas de Optimización de Antimicrobianos (PROA), son estrategias promovidas por la OMS que buscan el uso racional de estos fármacos para obtener un óptimo resultado clínico en el manejo de los pacientes y disminuir su mal uso, el exceso de consumo y la presión selectiva sobre microorganismos resistentes. Una de las actividades consideradas en los PROA es la monitorización del consumo de antimicrobianos. Determinar el consumo anual de los antibióticos de uso parenteral y estimar el gasto anual en este ítem en un hospital pediátrico de alta complejidad. Estudio ecológico, descriptivo y retrospectivo sobre la utilización de antibióticos parenterales, considerando el consumo anual desde la puesta en marcha de la plataforma informática institucional para la solicitud de antimicrobianos de uso restringido (2013) hasta 2024. La unidad de análisis fue el consumo anual por antibiótico. El consumo por frasco se transformó a gramos totales de principio activo y se estandarizó mediante la dosis diaria definida (DDD) de referencia de la OMS, expresada como DDD/100 días-cama ocupados, utilizando los días-cama ocupados anuales como denominador de actividad hospitalaria. Los antibióticos se clasificaron según la categorización AWaRe de la OMS (Access, Watch y Reserve), estimando el consumo anual y proporcional por categoría y evaluando el cumplimiento de la meta referencial de al menos 60% de consumo en Access. Además, se realizó análisis DU90% para identificar las moléculas que concentraron el 90% del consumo promedio del período. Las tendencias temporales se evaluaron mediante regresión lineal simple y correlación de Spearman, con significancia estadística de $p<0,05$. El consumo total se mantuvo globalmente estable, con un promedio de 40,4 DDD/100 días-cama ocupados (40,37 en 2013 y 40,06 en 2024, variación mínima). El menor consumo se observó en 2018 y el mayor en 2020, año que concentró el principal aumento del período. El análisis DU90% mostró que el consumo se concentró en un número reducido de antibióticos, principalmente cloxacilina, cefotaxima, amikacina, ampicilina, ceftazidima, vancomicina, cefazolina, meropenem y ceftriaxona. La cloxacilina fue el más utilizado, aunque disminuyó significativamente. En contraste, ampicilina/sulbactam, cefazolina, cotrimoxazol, ceftriaxona y piperacilina/tazobactam mostraron tendencias crecientes significativas, reflejando cambios en el perfil de uso institucional. Según AWaRe, Access representó en promedio 53,7% del consumo total, Watch 39,1% y Reserve 7,2%. Desde 2016, Access se mantuvo bajo la meta de 60%, lo que sugiere un desplazamiento relativo hacia antibióticos de mayor espectro. El gasto real total en antimicrobianos fue fluctuante, con un promedio anual cercano a 60,7 millones de pesos chilenos constantes, un máximo de 83,7 millones en 2016 y un mínimo de 51,6 millones en 2014. En 2024 fue de 52,9 millones, menor que al inicio del período y que el máximo. Esto evidencia que la evolución del gasto no se relaciona exclusivamente con el volumen de consumo en DDD/100 días-cama, sino también con el tipo de antibióticos utilizados, particularmente los de mayor costo unitario o pertenecientes a categorías de mayor restricción. La monitorización y análisis del consumo permitió objetivar la estabilidad del consumo global anual de antibióticos en la institución. El porcentaje de Access bajo el 60% puede deberse a que no se incluyeron los antibióticos de uso oral, que en su mayoría pertenecen a este grupo, lo que podría subestimar su real representación. De los 9 antibióticos parenterales que concentran el 80% del uso, 4 son de espectro reducido; de los 5 restantes, 3 son cefalosporinas de tercera generación (cefotaxima, ceftazidima y ceftriaxona) y 2 corresponden a vancomicina y meropenem. En estos cinco últimos fármacos se deben optimizar las estrategias de buen uso, disminuyendo su uso inadecuado para un óptimo manejo de los pacientes y la contención de la emergencia de microorganismos resistentes.

Folio 208

IMPLEMENTACIÓN DE EQUIPO PROA EN CENTRO HOSPITALARIO DE ALTA COMPLEJIDAD: ESTRATEGIAS DE IMPLEMENTACIÓN Y RESULTADOS DE CONSUMO DE ANTIMICROBIANOS A 4 AÑOS

Autor principal: Daniela Montoya Maturana
Co-autores: Felipe Bravo Bravo; Paola Pidal Méndez; Erna Cona Trujillo; Sheyla Jiménez Rocha

Los programas de optimización de uso de antimicrobianos (PROA) forman parte de las estrategias establecidas a nivel mundial para enfrentar problemáticas referentes a resistencia antimicrobiana. En Chile, la implementación de la NGT N° 210 del MINSAL integró los lineamientos y elementos claves para la conformación de estos equipos Describir el proceso de conformación y consolidación de un PROA institucional. Evaluar el impacto del programa a través de indicador de consumo y proceso Estudio mixto secuencial realizado entre octubre de 2021 y diciembre de 2025. Se realizó un análisis descriptivo de la implementación y evolución del PROA, complementado con un análisis retrospectivo de indicadores de consumo (DDD/100 días-cama y proporción por categorías) y de proceso en Unidad de paciente crítico (UPCA) y Médico-Quirúrgico (MQ), comparando con el período previo al PROA (2021). Los indicadores de proceso incluyeron la evaluación por Infectología dentro de las primeras 72 horas de las terapias de reserva y el seguimiento por QF Clínico. Los datos de consumo se obtuvieron de Medisyn y los indicadores clínicos de registros institucionales, corroborados con la ficha clínica En 2021 se planteo realizar un sistema de preautorización para antimicrobianos (ATM) de reserva, la cual, por limitantes administrativas y específicas de los clínicos, se modificó implemendo la evaluación por Infectólogo PROA y QF Clínico dentro de las primeras 72 horas de inicio en UPCA. Esta presentó baja aceptación inicial. A pesar de ello, el consumo global en UPCA disminuyó de 81,06 DDD/100 días-cama en 2021 a 66,57 en 2022, de estos, los ATM de acceso aumentaron de 35,3% a 48,1%, vigilancia disminuyeron de 34,5% a 26,3% y reserva de 30,2% a 25,6%. Desde 2023 se incorporó al equipo de Infectología como parte del PROA ampliado, estableciendo la evaluación inicial por estos en todas las terapias de reserva, complementada con alertas del QF Clínico y solicitud de interconsulta a infectología desde el equipo PROA. Asimismo, las alertas por tratamientos con ATM de vigilancia superiores a 7 días evolucionaron desde correos a tratantes y jefaturas hacia una revisión semanal dirigida por infectología, previa evaluación del QF Clínico. Durante 2024, la evaluación por QF fue de 87,3% en estas terapias y el 79,5% contó con evaluación por Infectología. Durante el segundo semestre de 2025 se reincorporó un Infectólogo de PROA, fortaleciendo la comunicación con equipo de Infectología, y ampliando progresivamente la presencia del equipo en los servicios MQ y la evaluación de presencial de terapias prolongadas de ATM. En MQ, la evaluación por Infectología aumentó de 58,8% en 2022 a 84,8% en 2025, mientras que la participación del QF Clínico aumentó de 4,8% a 13%. En el 2025 en UPCA, los ATM de reserva disminuyeron al 20,5% del consumo. Los mayores cambios en el consumo de ATM desde 2021 a 2025 han sido en Meropenem (reserva) de 18,37 a 10,55 DDD/100 días cama y vancomicina (Vigilancia) de 16,63 a 7,39 DDD/100 días cama. Otros ATM que han presentado cambios en su perfil de consumo son Cloxacilina (Acceso, 2,29 a 6,32 DDD/100 días cama), Amikacina (Vigilancia, 5,57 a 1,33 DDD/100 días cama), Ampicilina / Sulbactam (Vigilancia, 0,78 a 3,67 DDD/100 días cama) y Cefepime (Vigilancia, 0,49 a 2,04 DDD/100 días cama) La implementación del PROA fue un proceso progresivo que requirió evaluación y adaptación continua. La experiencia mostró una mayor factibilidad y aceptación de las intervenciones basadas en evaluación y retroalimentación a los equipos clínicos, en comparación con el modelo inicialmente propuesto. Durante los cuatro años de implementación se observaron cambios favorables en el perfil de consumo. Como principal lección aprendida, la sostenibilidad del programa requiere un modelo multidisciplinario, apoyado por un PROA ampliado, que permita focalizar el seguimiento clínico y optimizar el rol del Infectólogo del PROA. Este modelo permite destinar tiempo no solo a la evaluación de terapias, sino también a funciones esenciales del programa, como auditorías, elaboración de normativas, capacitación de los equipos clínicos y evaluación de otras estrategias de optimización del uso de antimicrobianos

Folio 229

MONITORIZACIÓN TERAPÉUTICA DE ANTIMICROBIANOS EN PACIENTES CON NEUTROPENIA FEBRIL DE ALTO RIESGO: EXPERIENCIA EN UN CENTRO ONCOLÓGICO CHILENO

Autor principal: Rodrigo Mendoza
Co-autores: Nicolas Ramos; Danae Palma; Javier Tinoco; Ivonne Flores; Diego Olea; Paulo Charpentier; Andres Soto; Carolina Galindo; Maria Fernanda Yarad; Cristian Trejos; Catalina Morales

La neutropenia febril de alto riesgo (NFAR) constituye una urgencia oncológica asociada a un riesgo elevado de complicaciones infecciosas y mortalidad, por lo que requiere el inicio precoz de tratamiento antimicrobiano empírico. En estos pacientes, la variabilidad farmacocinética puede dificultar alcanzar concentraciones terapéuticas de los antimicrobianos. La monitorización terapéutica de fármacos (TDM) permite estimar la exposición individual y ajustar la posología, por lo que constituye una herramienta de apoyo para los programas de optimización del uso de antimicrobianos (PROA). Caracterizar la exposición a antimicrobianos mediante TDM y las intervenciones farmacéuticas asociadas en pacientes con diagnóstico de NFAR atendidos en un centro oncológico. Estudio observacional descriptivo retrospectivo de episodios de NFAR registrados entre marzo de 2024 y marzo de 2026. Se analizó el TDM de vancomicina, amikacina y azoles mediante niveles plasmáticos, el cumplimiento del objetivo farmacocinético definido según guías clínicas y las intervenciones farmacéuticas registradas asociadas a la monitorización. Para el cálculo de parámetros farmacocinéticos se utilizó el software Precise PK®. Los criterios de análisis de TDM fueron exposición estimada por AUC para vancomicina; niveles plasmáticos para amikacina; y niveles plasmáticos para posaconazol, voriconazol e isavuconazol. Se describió el cumplimiento del objetivo farmacocinético analizando el primer nivel y las determinaciones posteriores, además de ajustes de dosis, intervalos de administración, solicitud de nuevos niveles y otras decisiones terapéuticas registradas que fueron sugeridas como intervenciones farmacéuticas. El estudio fue aprobado por el Comité ético científico de la Institución. Se analizaron 202 episodios de NFAR: 162 (80,2%) asociados a neoplasias hematológicas y 40 (19,8%) a tumores sólidos. En total, se realizaron 329 determinaciones de niveles plasmáticos (NP) de vancomicina, amikacina y azoles. Para vancomicina, la mediana de tratamiento fue de 5 días (rango: 1–20). Se realizaron 94 determinaciones de NP en 55 episodios. En el primer NP, 21/55 (38,2%) estaban dentro del objetivo farmacocinético y 34/55 (61,8%) fuera de objetivo. Tras las intervenciones farmacéuticas y el seguimiento, 22 episodios adicionales alcanzaron el objetivo, aumentando el cumplimiento a 43/55 (78,2%) con al menos un nivel en objetivo. Se registraron 95 intervenciones farmacéuticas: 32 ajustes de dosis, 23 de intervalo, 39 solicitudes de nuevos NP y 1 suspensión. Para amikacina, la mediana de tratamiento fue de 3 días (rango: 1–8). Se realizaron 102 determinaciones de NP en 87 episodios. En el primer NP, 30/87 (34,5%) estaban dentro del objetivo farmacocinético y 57/87 (65,5%) fuera de objetivo. Tras las intervenciones farmacéuticas y el seguimiento, 6 episodios adicionales alcanzaron el objetivo, aumentando el cumplimiento a 36/87 (41,4%) con al menos un nivel en objetivo. Se registraron 96 intervenciones farmacéuticas: 55 ajustes de dosis, 26 de intervalo, 12 solicitudes de nuevos NP y 3 suspensiones. Para azoles, se realizaron 133 determinaciones de NP en 101 episodios: 97 de posaconazol, 24 de voriconazol y 12 de isavuconazol. En el primer NP, 64/101 (63,4%) estaban dentro del objetivo farmacocinético y 37/101 (36,6%) fuera de objetivo. Tras las intervenciones farmacéuticas y el seguimiento, 5 episodios adicionales alcanzaron el objetivo, aumentando el cumplimiento a 69/101 (68,3%). Se registraron 58 intervenciones farmacéuticas: 21 ajustes de dosis, 1 de intervalo, 31 solicitudes de nuevos NP y 5 cambios de antifúngico El TDM permitió identificar exposiciones a antimicrobianos fuera del objetivo farmacocinético en pacientes con diagnóstico de NFAR y orientar intervenciones farmacéuticas para individualizar el tratamiento. La persistencia de episodios fuera de este objetivo pese a la intervención sugiere oportunidades de mejora en la dosificación inicial y en la reevaluación. Estos hallazgos respaldan la integración del TDM en las actividades del PROA como estrategia para la optimización del uso de antimicrobianos en pacientes con NFAR.

Folio 231

EVOLUCIÓN DEL USO DE ANTIMICROBIANOS EN HOSPITALIZACIÓN PEDIÁTRICA MEDIANTE DÍAS DE TERAPIA Y CLASIFICACIÓN AWARE ENTRE 2022 Y 2025

Autor principal: Catalina Simone Martinez Cornejo
Co-autores: Cristian Antonio Orellana Chea

La vigilancia del uso de antimicrobianos es un componente de los Programas de Optimización del Uso de Antimicrobianos. En pediatría, los días de terapia (DOT) cuantifican la exposición independientemente de las variaciones de dosis asociadas a edad y peso. La clasificación AWaRe de la Organización Mundial de la Salud complementa este indicador al agrupar los antibióticos en Access, Watch y Reserve, y permite caracterizar cambios en el perfil de utilización. Caracterizar la evolución del uso de antimicrobianos en las unidades pediátricas del Hospital Padre Hurtado entre 2022 y 2025 mediante DOT y su comportamiento según clasificación AWaRe. Estudio observacional, descriptivo y longitudinal de utilización de antimicrobianos en la Unidad de Cuidados Básicos (UCB) y la Unidad de Cuidados Intensivos (UCI) pediátricas, entre enero de 2022 y diciembre de 2025. A partir de registros institucionales, se determinaron los DOT, considerando un día de terapia por cada día en que un paciente recibió al menos una dosis de un antimicrobiano, independientemente de la dosis o frecuencia. El uso se expresó como DOT por 100 días-cama ocupados y se analizó por año y unidad. Los antimicrobianos seleccionados según la Norma Técnica 210 y su consumo institucional se agruparon en Access, Watch y Reserve. Se realizó un análisis descriptivo de las variaciones temporales. El DOT global fue mayor en UCI durante todo el período. En UCB varió de 19,07 DOT/100 días-cama en 2022 a 10,90 en 2025 (−42,9%), con un descenso en 2023, incremento en 2024 y nueva disminución en 2025. En UCI disminuyó de 42,77 a 21,32 DOT/100 días-cama (−50,2%); entre 2023 y 2024 se mantuvo prácticamente estable (32,38 y 32,14, respectivamente). Según AWaRe, Watch presentó la mayor densidad de uso en ambas unidades en todos los años. Entre 2022 y 2025, en UCB disminuyeron Access de 6,21 a 2,83 (−54,4%), Watch de 6,95 a 3,88 (−44,2%) y Reserve de 2,21 a 1,45 (−34,5%). En UCI, Access disminuyó de 14,10 a 6,03 (−57,3%), Watch de 15,97 a 10,37 (−35,1%) y Reserve de 6,41 a 1,96 (−69,5%). Se observó una disminución del uso de antimicrobianos entre 2022 y 2025 en ambas unidades pediátricas, más marcada en UCI. Pese al descenso de las tres categorías AWaRe, Watch mantuvo el mayor uso durante todo el período. La variabilidad interanual, especialmente en UCB, y el predominio persistente de Watch identifican áreas prioritarias para el seguimiento del PROA. Estos resultados describen patrones de utilización y no permiten atribuir los cambios a intervenciones específicas ni evaluar la adecuación de las prescripciones.

Folio 239

ANTIBIOTICOTERAPIA EMPÍRICA Y AJUSTE TERAPÉUTICO EN INFECCIONES URINARIAS COMUNITARIAS: BRECHA EN ADECUACIÓN CON EL ANTIBIOGRAMA Y CONCORDANCIA CON UNA GUÍA NACIONAL DE REFERENCIA

Autor principal: Joaquín Ferreira Bacciarini
Co-autores: Cinthya García; Cindya García; Andrés Parnizari; Angélica Benavente; Mariela Seguezza; Francisco Rodríguez De León; Paulina Brasó

La ausencia de una guía institucional propia de tratamiento empírico para infecciones del tracto urinario (ITU) dificulta estandarizar la prescripción antibiótica y expone al uso inadecuado de antimicrobianos. La evaluación de la adecuación del tratamiento empírico en la práctica real permite cuantificar brechas concretas de intervención para el equipo del programa de optimización de antimicrobianos (PROA) institucional. Evaluar la adecuación del tratamiento antibiótico empírico frente al antibiograma y frente al flujograma PROA del Hospital de Clínicas \"Dr. Manuel Quintela\" (guía de referencia nacional en Uruguay) en ITU de origen comunitario, y analizar el ajuste terapéutico realizado tras conocer el resultado del urocultivo. Estudio descriptivo retrospectivo de 90 casos de ITU comunitaria (cistitis, pielonefritis, prostatitis) en pacientes ≥18 años (marzo-mayo de 2025), a partir de urocultivos positivos con recuento significativo procesados en el Laboratorio de Microbiología del Centro de Asistencia de la Agrupación Médica de Pando (CAAMEPA), Uruguay, dentro de una cohorte más amplia compartida con un trabajo complementario sobre bacteriuria asintomática (BA), no incluida en este análisis. La adecuación empírica se evaluó contra el antibiograma y contra el flujograma PROA de referencia, considerando únicamente la selección del antibiótico empírico (no su vía ni dosis). Se comparó el esquema empírico contra el definitivo (87 de los 90 con ambos datos disponibles) para clasificar el ajuste terapéutico según amplitud de espectro. La adecuación empírica frente al antibiograma fue del 90,0% (54/60 evaluables; 6 inadecuados), pero la concordancia con el flujograma PROA de referencia fue de apenas 40,2% (35/87). Esta brecha se explicó principalmente por el uso empírico de cefuroxime (54%) y ciprofloxacina (18%) en cistitis no complicada, mientras que el flujograma PROA de referencia recomendaba el uso de antibióticos con espectro de acción más reducido. Por otro lado, ningún caso de pielonefritis complicada con factores de riesgo para multidrogorresistencia (MDR, 0/5) recibió piperacilina-tazobactam como antibiótico empírico, pese a ser lo recomendado por el flujograma PROA de referencia. De los 87 casos con esquema empírico y definitivo conocidos, el ajuste terapéutico posterior corrigió el 50% de esos 6 casos inadecuados (3 casos; 2 mediante escalada con MDR/BLEE confirmado y 1 mediante cambio dirigido a fosfomicina). Entre todas las escaladas de espectro registradas en la cohorte (tanto de esquemas adecuados como inadecuados), solo esas 2 contaban con justificación microbiológica documentada. Se identificó además un uso empírico discrecional de fosfomicina en cistitis sin factores de riesgo para MDR (3/4 casos), y se comprobó que ningún caso de cistitis resultó resistente simultáneamente a nitrofurantoína y amoxicilina-clavulánico (0/41). Al examinar los 62 esquemas \"sin cambio\" con un criterio de espectro clínicamente restringido por cuadro clínico, 50 (80,6%) tenían una opción de menor espectro sensible y no utilizada (38 en cistitis, 11 en pielonefritis, 1 en prostatitis), muy por encima de la desescalada concretada (18/87, 20,7%). (Ver Tabla 1 y Figura 1 adjuntas.) Se identificó una brecha relevante entre la adecuación del tratamiento antibiótico empírico frente al antibiograma y la concordancia con una guía de referencia nacional, concentrada en el sobreuso de antibióticos de mayor espectro en cistitis no complicada, junto con oportunidades concretas de mejora en el ajuste terapéutico posterior al resultado de urocultivo. Estos hallazgos (la escasa corrección de los esquemas empíricos inadecuados, la elevada proporción de oportunidades de desescalada no aprovechadas, y el uso discrecional de fosfomicina sin factores de riesgo documentados) constituyen una línea de base cuantitativa y objetivos concretos y priorizables para que el equipo PROA institucional desarrolle a futuro una guía propia de tratamiento de ITU comunitaria.

Folio 263

BACTERIURIA ASINTOMÁTICA DE ORIGEN COMUNITARIO TRATADA INNECESARIAMENTE: FACTORES ASOCIADOS Y OPORTUNIDAD DE INTERVENCIÓN PROA

Autor principal: Joaquín Ferreira Bacciarini
Co-autores: Cinthya García; Cindya García; Andrés Parnizari; Angélica Benavente; Mariela Seguezza; Francisco Rodríguez; Paulina Brasó

La bacteriuria asintomática (BA) no requiere tratamiento antibiótico, salvo en embarazo o ante procedimiento urológico invasivo con sangrado mucoso esperado. Pese a esta recomendación bien establecida, el sobretratamiento de la BA es una práctica ampliamente documentada y representa una oportunidad de intervención de bajo riesgo clínico para los programas de optimización de antimicrobianos (PROA). Determinar la frecuencia de tratamiento antibiótico en BA de origen comunitario, caracterizar los antibióticos utilizados y la duración de la terapia, identificar los factores clínicos asociados a la decisión de tratar, y estimar la carga de días de terapia sin indicación reconocida. Estudio descriptivo retrospectivo de 33 casos de BA comunitaria en pacientes ≥18 años (marzo-mayo de 2025), a partir de urocultivos positivos con recuento significativo en ausencia de síntomas urinarios, procesados en el Laboratorio de Microbiología del Centro de Asistencia de la Agrupación Médica de Pando (CAAMEPA), Uruguay, dentro de una cohorte más amplia compartida con dos trabajos complementarios sobre caracterización microbiológica y adecuación/ajuste de tratamiento antibiótico empírico. En pacientes con deterioro cognitivo o no comunicativos, la ausencia de síntomas se basó en la historia clínica y en la presencia de una causa alternativa documentada, sin criterios formales de consenso. Se excluyeron embarazadas por diseño, y se verificó que ningún caso correspondió a procedimiento urológico invasivo con sangrado mucoso esperado. Se compararon tratados vs. no tratados mediante test de Mann-Whitney y exacto de Fisher. El 75,8% (25/33) de los casos de BA recibió tratamiento antibiótico pese a no estar indicado, con duración mediana de 7 días [RIC 7-10] (media 8,6±3,9 días), acumulando 181 días-paciente de terapia sin indicación reconocida en los datos disponibles. Los esquemas más utilizados fueron cefuroxime (28,0%), ceftriaxona (24,0%) y amoxicilina-clavulánico (12,0%), seguidos de ciprofloxacina y nitrofurantoína (8,0% cada uno) y TMP-SMX (4,0%). La decisión de tratar no se asoció al perfil microbiológico —la prevalencia de multidrogorresistencia (MDR) fue similar entre tratados y no tratados (28,0% vs. 25,0%, p=1,000)— sino a la fragilidad clínica del paciente: los tratados fueron significativamente mayores (mediana 78 vs. 59,5 años, p=0,038), con mayor carga de comorbilidades (mediana 2 vs. 0,5, p=0,019) y mayor prevalencia de deterioro cognitivo (45,8% vs. 0%, p=0,029), con una tasa de internación numéricamente mayor sin alcanzar significación estadística (48,0% vs. 12,5%, p=0,108). Doce de los 25 casos tratados (48,0%) correspondieron a hallazgos incidentales durante el estudio de una condición completamente ajena al tracto urinario. (Ver Tabla 1 y Figura 1 adjuntas) Tres de cada cuatro casos de BA comunitaria reciben tratamiento antibiótico pese a no estar indicado, impulsado por la fragilidad clínica del paciente (particularmente el deterioro cognitivo) y no por el perfil microbiológico. Este patrón es consistente con la literatura acerca del sobrediagnóstico de ITU a partir de síntomas inespecíficos en pacientes con deterioro cognitivo. La magnitud del sobretratamiento observado y su desconexión del perfil de resistencia justifican evaluar prospectivamente estrategias PROA centradas en restringir la solicitud de urocultivo a la sospecha clínica real de ITU, en lugar de su solicitud incidental durante el estudio de otras condiciones.

Folio 267

EVOLUCIÓN DEL CONSUMO Y DEL PATRÓN DE USO DE ANTIBIÓTICOS DURANTE TRECE AÑOS DE UN PROGRAMA DE OPTIMIZACIÓN EN UNA UNIDAD DE CUIDADOS INTENSIVOS

Autor principal: José Miguel Arancibia Henriquez
Co-autores: David Gallardo Perez; Juan Eduardo Sanchez Valenzuela; Matias Ignacio Ebner Alvarez; Alex Roberto Muñoz Morales; Florencia Aravena Ibañez; Carlos Felipe Gomez Cornejo; Guillermina Caniguante Barco; Daniela Ahumada Millar

Los programas de optimización del uso de antibióticos buscan reducir la exposición innecesaria y el uso de agentes de amplio espectro sin comprometer los resultados clínicos. Existe escasa información latinoamericana sobre la evolución del consumo durante programas sostenidos por más de una década en unidades de cuidados intensivos. Describir la evolución del consumo y del patrón de uso de antibióticos entre 2013 y 2025 en una unidad de cuidados intensivos adulta con un programa de optimización sostenido, y evaluar simultáneamente la evolución de la mortalidad ajustada. Estudio observacional longitudinal, incluyó información de pacientes hospitalizados en la UCI de adultos del Hospital San Juan de Dios desde el 01 de enero de 2013 al 31 de diciembre de 2025, recabada en una base de datos que registra variables en forma diaria y prospectiva. La unidad de análisis fue el paciente-día. Cada antibiótico administrado aportó un DOT por paciente-día, sumando los DOT cuando hubo más de un antibiótico concurrente. Se excluyeron los ingresos cuyo motivo fue COVID-19. Las denominaciones de un mismo fármaco fueron homologadas; se excluyeron antifúngicos, antivirales, cotrimoxazol y azitromicina. Los carbapenémicos anti-Pseudomonas aeruginosa correspondieron a imipenem y meropenem; ceftazidima/avibactam y aztreonam se analizaron desde 2020. Desde noviembre de 2012 se implementó una estrategia de optimización antimicrobiana guiada por un infectólogo, que se basó en los siguientes hitos: a) suspender el acompañante del β-lactámico empírico según cultivos; b) suspender vancomicina o colistín empíricos sin evidencia microbiológica a 24 horas; c) reducir espectro a 48-72 horas según antibiograma; d) ajustar duración según evolución clínica y a los menores tiempos que establecen las recomendaciones vigentes. Las medidas de prevención de IAAS no variaron durante el período. Los datos se almacenaron en Access y se analizaron con Stata v14. Las tendencias se evaluaron mediante regresión de Prais–Winsten, corrigiendo autocorrelación de primer orden; la mortalidad mediante regresión logística ajustada por APACHE II, sexo y motivo de ingreso. Se consideraron significativas las diferencias con p<0,05 e intervalo de confianza 95% (IC95%). Se incluyeron 5.637 ingresos no-COVID, con 70.867 pacientes-día y 83.398 DOT. El consumo total disminuyó desde 1.514,9 DOT/1.000 pacientes-día en 2013 a 1.050,5 en 2025, equivalente a una reducción del 30,7% entre ambos años, con una tendencia global de −41,7 DOT/1.000 pacientes-día por año (IC95% −57,9 a −25,6; p<0,001). Los cambios anuales por antibiótico se expresan en DOT/1.000 pacientes-día. Disminuyeron los carbapenémicos anti-P. aeruginosa (−12,4/año; IC95% −16,2 a −8,6), vancomicina (−12,8/año; IC95% −15,5 a −10,0) y colistín (−13,7/año; IC95% −16,8 a −10,7), todos p<0,001, además de piperacilina/tazobactam (−2,7/año; IC95% −4,8 a −0,6; p=0,012) y ceftriaxona (−5,2/año; IC95% −7,9 a −2,5; p=0,001). Aminopenicilina/sulbactam aumentó 6,2/año (IC95% 3,4 a 8,9; p<0,001), mientras linezolid no presentó tendencia significativa (p=0,638). Entre 2020 y 2025 aumentaron ceftazidima/avibactam 11,3/año (IC95% 5,6 a 17,1) y aztreonam 3,1/año (IC95% 1,5 a 4,6), ambos p<0,001. En los 5.166 ingresos con información completa para el ajuste, no se detectó un variación anual significativo en la mortalidad cruda (OR 0,985; IC95% 0,967–1,003; p=0,099) ni en la mortalidad ajustada (OR 1,010; IC95% 0,990–1,030; p=0,346). Durante trece años de implementación de un programa de optimización del uso de antibióticos en UCI, con estrategia activa de desescalamiento y ajustes de terapia antimicrobiana

guiado por especialistas en enfermedades infecciosas, se observó una tendencia global y significativa a la reducción en el consumo de antibióticos y agentes de amplio espectro, junto con cambios en los patrones de uso, sin efectos negativos en la sobrevida, ya que la mortalidad ajustada por APACHE II, sexo y motivo de ingreso no mostró cambios. Sin embargo, por tratarse de un estudio observacional, los hallazgos reflejan asociaciones temporales y no permiten establecer causalidad.

Folio 281

CAMBIOS EN PROCESOS ASISTENCIALES Y DESENLACES TRAS LA IMPLEMENTACIÓN DE UN EQUIPO MULTIDISCIPLINARIO DE ENDOCARDITIS INFECCIOSA EN HOSPITAL TERCIARIO SIN RECURSO DE CARDIOCIRUGÍA

Autor principal: Valeria Pizarro Cortés
Co-autores: Paulina Vergara Pinto; Claudio Gonzalez; Sofia Rojas Aranguiz; Maria Fernanda Espinoza Soto; Cristobal Ward Neumann; Macarena Cabero Tello; Patricia Torres Ortiz; Francisco Zamora Vargas; Jhoseline Moraga Biava

Introducción: a atención mediante equipos multidisciplinarios de endocarditis infecciosa (Endocarditis Team; ET) se ha asociado con mayor adherencia a estándares diagnósticos y terapéuticos, evaluación quirúrgica oportuna y menor mortalidad. Su implementación puede ser especialmente relevante en centros sin disponibilidad de cardiocirugía. Objetivo: Comparar los procesos asistenciales y desenlaces clínicos de pacientes hospitalizados con endocarditis infecciosa (EI) durante el primer año de implementación de un ET en un hospital terciario sin cardiocirugía, comparándolos con el período previo Material y métodos: Estudio observacional retrospectivo con diseño antes-después de pacientes hospitalizados con EI confirmada según criterios de Duke-ISCVID 2023, entre enero de 2024 y junio de 2026. El ET se implementó en Julio 2025 y estuvo conformado por infectólogos, cardiólogos, enfermeras, farmacéuticos clínicos y especialistas en microbiología. Se compararon los períodos pre-ET (enero 2024–junio 2025) y post-ET (julio 2025–junio 2026). Se analizaron variables clínicas, microbiológicas, de gestión y desenlaces, incluyendo complicaciones, días de hospitalización y mortalidad. Las variables categóricas se compararon mediante x^2 o prueba exacta de Fisher y las continuas mediante U de Mann-Whitney, según correspondiera. La supervivencia a 365 días se proyectó mediante Kaplan-Meier y log-rank, utilizando como tiempo 0 la fecha de ingreso hospitalario; se utilizó regresión de Cox no ajustado para estimar hazard ratio (HR) e IC95%. Se consideró significativo p<0,05. Estudio aprobado por el comité de ética institucional. Resultados: Se incluyeron 78 pacientes, 43 pre-ET y 35 post-ET. La mediana de edad fue 60 años; 65% fueron hombres, 71% presentaba hipertensión arterial, 49% enfermedad renal crónica, 41% diabetes mellitus y 53% antecedente de dispositivo vascular o cardíaco, sin diferencias basales significativas entre períodos. La presentación clínica y los parámetros de laboratorio fueron similares; 63% presentó fiebre, 46% soplo nuevo y 15% accidente cerebrovascular. Se obtuvo hemocultivo positivo en 77% y Staphylococcus aureus fue el microorganismo predominante (51,6%). Tras la implementación del ET se observó mayor frecuencia de obtención de al menos 1 hemocultivo anaerobio (25% vs 40%; p=0,175) y al restringir el análisis a los pacientes vivos a 90 días, la realización de ecocardiografía transesofágica fue 66,7% pre-ET y 91,3% post-ET (p=0,072). El traslape a antimicrobianos orales aumentó significativamente en el período post-ET, tanto en la cohorte total (p=0,002) como entre sobrevivientes a 90 días (p<0,001). No se observaron diferencias significativas en complicaciones locales, neurológicas y cardiológicas; las complicaciones infecciosas disminuyeron de 61% a 46% (p=0,194). Entre sobrevivientes a 90 días, la mediana de hospitalización disminuyó de 50 a 41 días (p=0,795). La mortalidad por cualquier causa fue 40% pre-ET y 26% post-ET (p=0,198). Se observó una menor estimación puntual del hazard de muerte en el período post-ET, aunque con amplia incertidumbre y sin evidencia estadística concluyente (HR crudo 0,54; IC95% 0,26-1,11). Conclusiones: Tras la implementación del equipo multidisciplinario aumentó el traslape a tratamiento antimicrobiano oral y se observaron mejoras numéricas en algunos procesos asistenciales. La mortalidad a 90 días fue menor en el período posterior, aunque la diferencia no alcanzó significación significativa y la estimación de supervivencia fue imprecisa. Estos resultados respaldan la factibilidad de la estrategia, pero requieren confirmación con mayor tamaño muestral, seguimiento completo y ajuste por potenciales factores de confusión.

Folio 22

ENTEROBACTERALES RESISTENTES A ANTIMICROBIANOS EN GAVIOTAS RESIDENTES Y MIGRATORIAS EN DOS HUMEDALES COSTEROS DE CHILE: PERSPECTIVA UNA SALUD

Autor principal: Cecilia Baumberger
Co-autores: José Conejeros Pavez; Cristobal Oyarzún Manríquez; Lina Rivaz Jímenez; Julio Benavides; Pedro Jiménez Bluhm; Eduardo Undurraga Fourcade

La resistencia antimicrobiana (RAM) es una de las principales amenazas para la salud pública. Aunque la vigilancia se ha concentrado históricamente en entornos clínicos, existe evidencia creciente de que el medio ambiente y la fauna silvestre participan en la circulación y dispersión de Enterobacterales resistentes de relevancia para la medicina humana. Las aves acuáticas, especialmente las especies migratorias, podrían actuar como centinelas o reservorios, contribuyendo en este último caso a la dispersión geográfica de bacterias resistentes a través de grandes distancias, aunque la evidencia disponible sigue siendo limitada. El objetivo de este estudio fue estimar la prevalencia, caracterizar y comparar los perfiles fenotípicos de resistencia antimicrobiana de Enterobacterales aislados de gaviotas dominicanas (Larus dominicanus, especie residente) y gaviotas de Franklin (Leucophaeus pipixcan, especie migratoria), en los humedales de los ríos Lluta y Maipo, como potenciales reservorios ambientales de bacterias resistentes. Recolectamos muestras de heces ambientales de gaviotas dominicanas y gaviotas de Franklin en el Humedal del Río Lluta (Región de Arica y Parinacota) y en el Humedal del Río Maipo (Región de Valparaíso), para el aislamiento de Enterobacterales fermentadores de lactosa y la caracterización de sus perfiles RAM. Mediante modelos de regresión logística, evaluamos asociaciones entre la RAM y la especie de gaviota, el humedal y el período de muestreo. Recolectamos 280 muestras de heces ambientales de gaviotas dominicanas (n=150) y gaviotas de Franklin (n=130) en el Humedal de los ríos Lluta (n=80) y Maipo (n=200). La prevalencia de Enterobacterales resistentes a cefalosporinas de tercera y/o cuarta generación a nivel animal fue 53,2% (IC95% 47,2-59,2), con variaciones según especie, mes y humedal (Figura 1). A partir de estas muestras, se obtuvieron 247 aislamientos bacterianos, de los cuales Escherichia coli correspondió al microorganismo más frecuentemente aislado (91%). El 83,3% de los aislamientos presentó perfiles multirresistentes (MDR), mientras que el 7,7% fue clasificado como extensamente resistente (XDR; Figura 2). Los aislamientos con perfil XDR fueron más frecuentes en gaviotas de Franklin que en gaviotas dominicanas (Fisher exact test, p=0,027; q=0,080). En contraste, no se detectaron aislamientos pandrogo resistentes (PDR). Se identificaron 11 aislamientos resistentes a carbapenémicos, todos ellos clasificados como MDR o XDR. La interacción entre humedal y especie de gaviota fue significativa para la resistencia a penicilinas con inhibidor de betalactamasas: la categoría Maipo-Franklin presentó una probabilidad de resistencia 2,47 veces mayor que Maipo-Dominicana (OR=2,47; IC95%=1,11-5,64; p=0,027). No encontramos asociaciones significativas para las demás categorías de antimicrobianos. Observamos una alta prevalencia de Enterobacterales resistentes a cefalosporinas de tercera y/o cuarta generación tanto en gaviotas dominicanas como en gaviotas de Franklin en los humedales estudiados, junto con una elevada frecuencia de aislamientos MDR y la detección de aislamientos XDR. Estos resultados evidencian la presencia de Enterobacterales resistentes en fauna silvestre de ecosistemas costeros. La detección de aislamientos resistentes a carbapenémicos, aunque infrecuente, resulta de especial relevancia debido a su importancia crítica para la medicina humana. Aunque no detectamos aislamientos PDR, la elevada proporción de perfiles MDR y la presencia de perfiles XDR refuerzan la necesidad de incorporar la fauna silvestre a la vigilancia de RAM desde un enfoque Una Salud.

Folio 32

DISCRIMINACIÓN DE CARBAPENEMASAS KPC Y NDM EN KLEBSIELLA PNEUMONIAE MEDIANTE ESPECTROSCOPÍA NIR Y ANÁLISIS QUIMIOMÉTRICO

Autor principal: Milenka Albornoz Pieratttini
Co-autores: Maximiliano Matus; Andres Opazo Capurro; Juan Araya

La resistencia a los antibióticos carbapenémicos en Klebsiella pneumoniae constituye un importante problema de salud pública, siendo la producción de carbapenemasas de los tipos KPC y NDM uno de sus principales mecanismos. Los métodos convencionales para su caracterización pueden requerir procedimientos específicos y tiempos prolongados, impactando en el desempeño clínico, por lo que el desarrollo de estrategias analíticas rápidas constituye una alternativa de interés. La espectroscopía de infrarrojo cercano (NIRS), combinada con herramientas quimiométricas, permite obtener huellas espectrales asociadas a características específicas de la composición bioquímica bacteriana y explorar su potencial para discriminar diferentes mecanismos de resistencia, como las carbapenemasas. Evaluar la capacidad de NIRS combinada con modelos quimiométricos para discriminar aislados de K. pneumoniae productores de carbapenemasas del tipo KPC o NDM de aislados resistentes a carbapenémicos no productores de carbapenemasas (NPCBR). Se analizaron aislados clínicos de K. pneumoniae previamente caracterizados según las carbapenemasas producidas, correspondientes a KPC (n=40), NDM (n=40) y NPCBR (n=10). Los perfiles espectrales obtenidos mediante NIRS fueron analizados mediante un análisis discriminante por mínimos cuadrados parciales (PLS-DA) y modelado independiente suave de analogías de clases (SIMCA). El desempeño discriminante de PLS-DA fue evaluado mediante curvas Receiver Operating Characteristic (ROC) y área bajo la curva (AUROC), considerando los resultados de calibración y validación cruzada. El modelo PLS-DA evidenció diferencias en la capacidad de discriminación entre las tres clases estudiadas. Para KPC se obtuvo un AUROC de 0,827 en calibración y 0,766 en validación cruzada, mientras que para NDM los valores fueron 0,861 y 0,759, respectivamente. Los aislados NPCBR mostraron una discriminación completa, con AUROC de 1,000 tanto en calibración como en validación cruzada. El score plot mostró una separación definida de los aislados NPCBR, mientras que KPC y NDM presentaron mayor grado de solapamiento. De manera concordante, SIMCA clasificó correctamente los 10 aislados NPCBR, mientras que para KPC presentó una sensibilidad de 91,2% y para NDM de 45,9%, observándose principalmente errores de clasificación entre estas dos clases. Los resultados preliminares demuestran que las huellas espectrales NIRS contienen información relevante para diferenciar fenotipos de resistencia a carbapenémicos en K. pneumoniae productora de carbapenemasas. La elevada discriminación de los aislados NPCBR demuestra el potencial de esta estrategia para distinguir bacterias resistentes no productoras de carbapenemasas de aquellas productoras de KPC o NDM. Si bien existe un grado de solapamiento entre los grupos KPC y NDM, los modelos discriminantes pudiesen optimizarse incrementando el número de determinaciones de manera de capturar de mejor forma la varianza química asociada a cada carbapenemasa. Estos resultados respaldan el potencial de NIRS combinada con quimiometría como estrategia rápida y mínimamente invasiva para apoyar la caracterización de mecanismos de resistencia antimicrobiana.

Folio 55

ESTRUCTURA POBLACIONAL Y DIVERSIDAD GENÓMICA DE ESCHERICHIA COLI PRODUCTORES DE CARBAPENEMASAS EN CHILE

Autor principal: Néstor Herrera Chávez
Co-autores: Maximiliano Matus Köhler; Víctor Herrera Chávez; Franco Ilabaca Carrasco; Javier Zenis Briones; Sofía Gómez Inostroza; Daniel Cid Muñoz; Javiera Torres Valderrama; Gerardo González Rocha; Andrés Opazo Capurro

La resistencia a los antimicrobianos (RAM) constituye una amenaza relevante para la salud pública mundial. Una preocupación particular corresponde a Escherichia coli resistente a los carbapenémicos (CREC), debido a su asociación con infecciones graves, portación de carbapenemasas clínicamente relevantes y linajes clonales de alto riesgo. La diseminación de estos determinantes puede estar mediada por plásmidos conjugativos y extenderse a través de la interfaz humano-animal-ambiental. En Chile, la información sobre la estructura poblacional, los tipos de carbapenemasas y la distribución de plásmidos predominantes en CREC continúa siendo limitada. Caracterizar la estructura poblacional, los tipos de carbapenemasas y las familias de plásmidos en cepas de CREC aisladas en Chile mediante análisis in sílico. Se pesquisaron genomas de CREC aislados en Chile entre 2018 y 2023, disponibles en la base de datos del National Center for Biotechnology Information (NCBI) (último acceso 16/04/2026), considerando la calidad del ensamblaje, la disponibilidad de metadatos y la presencia de genes de carbapenemasas. Los genomas se caracterizaron mediante tipificación del secuenciotipos (STs), asignación de filogrupos y detección de genes de resistencia, virulencia y replicones plasmídicos. Para evaluar la estructura poblacional y las relaciones genéticas, se construyó una filogenia de máxima verosimilitud (maximum likelihood, ML) basada en las diferencias de SNPs frente al genoma de referencia Escherichia coli K-12 MG1655. Se incluyeron 62 genomas de aislados chilenos de CREC (2018-2023): 54,8% de origen humano y 45,2% de aves silvestres. Predominaron el filogrupo A (64,5%) y los ST1178 (17,7%), ST401 (14,5%), ST131 y ST345 (8,1% cada uno). La filogenia mostró agrupamientos concordantes con el ST, el filogrupo, el serotipo, el alelo de fimH, el origen de las cepas y el tipo de carbapenemasa. Las metalo-β-lactamasas fueron predominantes: blaNDM se detectó en el 67,7% de las cepas y blaVIM-1 en el 16,1%. blaNDM-5 fue la variante carbapenemasa más frecuente (41,9%) y se detectó exclusivamente en cepas de origen aviar, mientras que blaNDM-7 y blaVIM-1 se identificaron únicamente en cepas de origen humano. Destacaron los perfiles clonales ST1178-A-O130:H26/blaNDM-5 en Leucophaeus pipixcan (gaviota de Franklin; n=11), ST401-A-H233-O154:H7/blaVIM-1 en humanos (n=9) y ST131-B2-H30-O25:H4/blaKPC-2 en humanos (n=5). Siete genomas de cepas de origen humano co-portaron blaNDM-7 y blaKPC-2, principalmente en los ST361 (n=4) y ST295 (n=2), recuperados de sangre (Fig.1). El resistoma y viruloma mostraron una composición heterogénea (Fig. 2). Entre los marcadores plasmídicos, predominaron los replicones IncFIA, IncN e IncHI2A y las relaxasas MOBF, MOBP y MOBH, evidenciando una amplia diversidad de plásmidos (Fig. 3). Los aislados chilenos de CREC presentaron una estructura poblacional heterogénea, con asociaciones definidas entre linajes, carbapenemasas y hospederos. La detección de blaNDM-5 exclusivamente en aves silvestres, principalmente en los ST1178 y ST345, destaca el posible papel de estos hospederos en la persistencia de clones resistentes. En humanos, los genomas ST401 portadores de blaVIM-1 y el ST131 portadores de blaKPC-2 formaron agrupamientos filogenéticos definidos, lo que sugiere una circulación clonal de estos linajes. En particular, blaNDM-7 se identificó en 15 genomas humanos distribuidos en nueve linajes, ST10, ST57, ST68, ST69, ST1049, ST17544, ST295, ST361 y ST4038, demostrando que su presencia no está restringida a un único contexto genético. Además, siete genomas co-portaron blaNDM-7 y blaKPC-2, principalmente los pertenecientes a los ST361 y ST295, recuperados de sangre de humanos. La heterogeneidad del resistoma y viruloma, junto con la diversidad de replicones y relaxasas, revela la existencia de un repertorio genético complejo en los CREC circulantes en Chile. Estos hallazgos respaldan la importancia de implementar una vigilancia genómica integrada y de caracterizar los plásmidos asociados con los distintos tipos de carbapenemasas para comprender su persistencia y diseminación en Chile.

Folio 73

ACTIVIDAD DE AZTREONAM-AVIBACTAM Y COMPARADORES EN PACIENTES CON NEUMONÍA O INFECCIONES INTRAABDOMINALES POR ENTEROBACTERALES DTR EN CENTROS EUROPEOS (ATLAS 2020-2024)

Autor principal: Helio S. Sader
Co-autores: Rodrigo E. Mendes; Katherine Perez; Gregory Stone; Marisa L. Winkler; Mariana Castanheira

Los aislamientos con resistencia difícil de tratar (DTR), definidos como aislamientos bacterianos que no son susceptibles a todos los antimicrobianos de primera línea, representan un problema importante a nivel mundial. Evaluar la actividad de aztreonam-avibactam y de los comparadores frente a Enterobacterales DTR provenientes de centros médicos europeos. Se recolectaron consecutivamente (1 aislamiento por paciente) 9144 aislamientos de Enterobacterales (6561 de neumonía y 2583 de infecciones intraabdominales) en 41 centros médicos europeos de 19 países durante el período 2020-2024. Los aislamientos fueron sometidos a pruebas de susceptibilidad mediante microdilución en caldo según CLSI, y las CIM se interpretaron de acuerdo con los puntos de corte de EUCAST. La colección incluyó 416 aislamientos DTR (definidos como no susceptibles a cefalosporinas [excluyendo cefiderocol], carbapenémicos, piperacilina-tazobactam, ceftolozano-tazobactam y fluoroquinolonas) y 463 aislamientos resistentes a carbapenémicos (CRE; definidos como resistentes a meropenem o imipenem según los criterios de CLSI). Todos los aislamientos DTR y CRE fueron analizados mediante secuenciación del genoma completo para la detección de genes de β-lactamasas Las tasas de DTR y CRE fueron más altas entre los aislamientos provenientes de neumonía (5,4% y 6,0%, respectivamente) que entre los de IAI (2,3% y 2,7%, respectivamente). Aztreonam-avibactam fue activo frente al 99,8% de los aislamientos DTR y al 99,1% de los CRE (CIM50/90 de 0,25/0,5 mg/L para ambos grupos), y mantuvo una actividad potente frente a los aislamientos DTR no susceptibles a ceftazidima-avibactam (99,4% susceptibles), meropenem-vaborbactam (99,6% susceptibles) y/o cefiderocol (100,0% susceptibles; Tabla 1), con valores de CIM50/90 de 0,25/0,5 mg/L para los 3 grupos. Cefiderocol fue activo frente al 74,0% de los aislamientos DTR y al 74,8% de los CRE. Ceftazidima-avibactam, meropenem-vaborbactam, imipenem-relebactam y los aminoglucósidos mostraron una actividad limitada frente a DTR y CRE. Todos los productores de metalo-β-lactamasas (MBL) fueron susceptibles a aztreonam-avibactam, y el 61,5% fue susceptible a cefiderocol. El gen de carbapenemasa (CBase) más frecuente identificado entre los aislamientos DTR fue blaKPC (41,3% de los aislamientos) y blaNDM (34,1%). Los aislamientos DTR y CRE mostraron frecuencias similares de tipos de CBase. Se observó un gen de MBL en el 39,2% de los aislamientos DTR y en el 38,7% de los CRE (Figura 1). Aztreonam-avibactam mantuvo una actividad potente frente a Enterobacterales DTR y CRE provenientes de centros médicos europeos, y su actividad no se vio afectada negativamente por CBases clínicamente relevantes ni por la resistencia a los agentes utilizados actualmente para tratar Enterobacterales multirresistentes. La actividad de otras combinaciones de inhibidores de β-lactamasas y de cefiderocol se vio comprometida por la mayor frecuencia de productores de MBL entre los aislamientos DTR y CRE.

Folio 79

ACTIVIDAD IN VITRO DE AZTREONAM-AVIBACTAM Y COMPARADORES FRENTE A CLONES EPIDEMIOLÓGICOS DE KLEBSIELLA PN RESISTENTE A CARBAPENÉMICOS (ATLAS 2024)

Autor principal: Mark Estabrook
Co-autores: Henry Li; Gregory Stone; Katherine Perez

Aztreonam-avibactam es un tratamiento aprobado en la Unión Europea y en Estados Unidos. Aztreonam es estable a la hidrólisis por metalo-β-lactamasas (MBL), mientras que avibactam inhibe las β-lactamasas de clase A y C, frecuentemente coexistentes en aislamientos positivos para MBL. Klebsiella pneumoniae resistente a carbapenémicos (CRKP) continúa siendo una preocupación clínica crítica debido a la creciente prevalencia de la producción de MBL en este patógeno, junto con otros mecanismos de resistencia. Determinar la prevalencia de los clones epidemiológicos de CRKP a nivel mundial, los mecanismos de resistencia asociados, y la actividad in vitro de aztreonam-avibactam y de los agentes comparadores frente a ellos. Se recolectó un total de 4913 aislamientos de K. pneumoniae provenientes de 191 centros en 54 países a nivel mundial, excluyendo China e India. La susceptibilidad antimicrobiana se determinó mediante microdilución en caldo según el método estándar ISO y se interpretó utilizando los puntos de corte de EUCAST 2025. Se realizó secuenciación del genoma completo (celdas de flujo Oxford Nanopore R10) para caracterizar los aislamientos con CIM de meropenem >1 mg/L. Entre los 917/4913 aislamientos (19%) con CIM de meropenem ≥2 mg/L, se dispuso de datos de secuenciación para 910 (99,2%). Los tipos de secuencia (ST) identificados en >2% de los CRKP se muestran en la Figura 1, siendo los más frecuentes: ST147 (16%), ST307 (13%), ST11 (11%), ST101 (7%) y ST258 (5%). Se detectó NDM en el 76% de los aislamientos ST147 y KPC en el 95% de los aislamientos ST258 (Figura 2). Sin embargo, NDM, KPC y OXA-48 estuvieron presentes en 9 de los 11 ST principales. La susceptibilidad a aztreonam-avibactam osciló entre 97,7% y 100% según el ST (Tabla 1). Ceftazidima-avibactam fue activo frente a un mayor número de aislamientos de ST101 (89,8% S) y ST258 (76,7% S), que portaban predominantemente enzimas KPC u OXA-48. Los demás agentes variaron en actividad según el ST: cefiderocol, 75,0-100% S; meropenem-vaborbactam, 0,0-76,7% S. Estos datos ponen de relieve el grado en que las MBL se han diseminado a través de la población global de CRKP, generando un mosaico de carbapenemasas de clase A, B y D dentro de cepas similares de patógenos diseminados globalmente. Aztreonam-avibactam demostró una actividad in vitro potente frente a todos los ST incluidos en este estudio, mientras que ceftazidima-avibactam, cefiderocol y meropenem-vaborbactam mostraron una actividad variable relacionada con el contenido de carbapenemasas de los microorganismos

Folio 80

TENDENCIAS EN LA EPIDEMIOLOGÍA DE LAS MBLS Y LAS BLEE ENTRE AISLAMIENTOS CLÍNICOS DE ENTEROBACTERALES, POR REGIÓN. ATLAS 2019-2024

Autor principal: Henry Li
Co-autores: Alessandra Zurlo; Gregory Stone; Katherine Perez; Mark Estabrook

Aztreonam-avibactam (ATM-AVI) es un tratamiento aprobado recientemente en la Unión Europea y en Estados Unidos. Aztreonam es estable a la hidrólisis por metalo-β-lactamasas (MBL), mientras que avibactam inhibe las β-lactamasas de clase A y C que inactivan al aztreonam, como las β-lactamasas de espectro extendido (BLEE). Examinar la actividad in vitro de ATM-AVI frente a Enterobacterales durante un período de 6 años, en aislamientos portadores de BLEE y en Enterobacterales resistentes a carbapenémicos (CRE) portadores de MBL con o sin BLEE, y/o según la región geográfica. Se recolectaron 120541 aislamientos no duplicados de Enterobacterales provenientes de 269 centros clínicos en 59 países a nivel mundial (excluyendo China), como parte del programa de vigilancia global ATLAS, durante los años 2019-2024. Las pruebas de susceptibilidad se realizaron mediante microdilución en caldo según el método estándar ISO y se interpretaron utilizando los puntos de corte de EUCAST 2025. Los aislamientos con CIM de meropenem (MEM) ≥2 mg/L, y un subgrupo de aislamientos de Escherichia coli, Klebsiella pneumoniae, K. oxytoca o Proteus mirabilis con valores de CIM de ceftazidima y/o aztreonam ≥2 mg/L (definidos como fenotípicamente BLEE), fueron analizados para la detección de β-lactamasas mediante PCR (2019-2023) o secuenciación del genoma completo (2024). Los CRE se definieron por no susceptibilidad a meropenem. El porcentaje de aislamientos CRE (n=6279, todos los años) aumentó de 5,0% en 2019 a 7,3% en 2024 (Figura 1A). La tasa de portación de MBL aumentó de 1,6% a 3,9%. Entre los aislamientos positivos para MBL, la coportación de una BLEE varió según el año, de 67,6% a 80,4% (Figura 1B). En todas las regiones, NDM fue la MBL predominante identificada (75,0% a 98,4% de los CRE portadores de MBL) (Figura 2A). Entre los aislamientos fenotípicamente BLEE, CTX-M-15 fue la BLEE predominante identificada, representando entre el 46,1% y el 82,8% de las BLEE identificadas en todas las regiones (Figura 2B). Frente a los CRE portadores de MBL, ATM mostró una actividad reducida contra aquellos que coportaban una BLEE en comparación con los que no la portaban (1,1% y 53,0% de susceptibilidad, respectivamente) (Tabla). ATM-AVI mostró la mayor actividad frente a todos los CRE (99,4% susceptibles, CIM90 de 0,5 mg/L) entre todos los comparadores. ATM-AVI demostró una actividad in vitro potente frente a Enterobacterales portadores de MBL, BLEE, o una combinación de ambas. Entre los CRE, la coportación de MBL y BLEE es prevalente.

Folio 81

NUEVA ESTRATEGIA DE DETECCIÓN EN LABORATORIO SUPERA LIMITACIONES DE ALGORITMOS CONVENCIONALES E IDENTIFICA VARIANTES DE KPC DURANTE UN BROTE DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE EN UNA UCI

Autor principal: Henriette Chabouty Garcia
Co-autores: Vanessa Grosolli Mertens; Paula Chavez Montoya; Juan Vasquez Caceres; Gisella Riedel Molina

Klebsiella pneumoniae resistente a carbapenémicos constituye un grave problema de salud pública mundial por su asociación con morbimortalidad. Ceftazidima-Avibactam (CAZ/AVI) es una terapia eficaz contra Klebsiella pneumoniae productora de serina carbapenemasa tipo KPC; sin embargo, se notifican cada vez más casos de resistencia mediada por nuevas variantes de KPC con perfiles de susceptibilidad poco frecuentes que no despiertan sospecha si solo se aplican algoritmos fenotípicos convencionales. Describir la implementación de una nueva estrategia de detección que permitió identificar variantes de KPC durante un brote de Klebsiella pneumoniae en una unidad de cuidados intensivos (UCI). Estudio observacional descriptivo, sin intervención sobre pacientes, basado en determinaciones microbiológicas de rutina realizadas en el Laboratorio Clínico del hospital. La identificación de Klebsiella pneumoniae se efectuó por espectrometría de masas (MALDI-TOF, BioMérieux®). El estudio de susceptibilidad antimicrobiana se realizó mediante sistema automatizado VITEK XL (tarjeta para gramnegativos), y la detección de BLEE mediante los algoritmos del sistema experto. La presencia de carbapenemasa se evaluó mediante test inmunocromatográfico (flujo lateral con anticuerpos específicos RESIST-5 O.K.N.V.I. Coris BioConcept, Gembloux, Bélgica) y, en los casos requeridos, mediante PCR en tiempo real (ensayo multiplex Allplex™ Entero-DR). A partir de septiembre de 2025, tras una circular del Instituto de Salud Pública (ISP) que alertó sobre la diseminación nacional de variantes de KPC, se implementó de forma rutinaria una nueva estrategia de tamizaje en el flujo de trabajo del laboratorio (Figura 1). En octubre de 2025 se implementó el nuevo flujo de trabajo para la detección de variantes de KPC (Figura 1). Este considera que, ante una cepa de Klebsiella pneumoniae BLEE positiva con perfil de susceptibilidad conservado a imipenem y meropenem —perfil que habitualmente no genera sospecha de carbapenemasa—, se debe estudiar la susceptibilidad a CAZ/AVI. Si la cepa es resistente a CAZ/AVI, se realiza test inmunocromatográfico; en las variantes de KPC este resulta negativo, por lo que se efectúa PCR en tiempo real, confirmándose la producción de KPC y modificando la interpretación de los carbapenémicos a resistente. Durante noviembre de 2025 se detectaron en una UCI múltiples cepas de Klebsiella pneumoniae BLEE positivas portadoras de variantes de KPC. El análisis de clonalidad por electroforesis de campo pulsado, realizado por el ISP, mostró un brote policlonal (Figura 2): cinco pacientes presentaron la variante CL Kpn Spn 412, dos la variante CL Kpn Spn 427, y las variantes CL Kpn Spn 528, 529, 530 y 531 se identificaron cada una en un paciente distinto. Los perfiles de susceptibilidad antimicrobiana convencionales no siempre permiten sospechar la producción de carbapenemasa cuando se trata de variantes de KPC, y los test inmunocromatográficos —pese a su utilidad, sensibilidad y rapidez— tampoco logran detectarlas. Por ello, los laboratorios deben incorporar estrategias complementarias, como la evaluada en este trabajo, para el rescate de estas variantes enzimáticas. Estos hallazgos evidencian el alto potencial evolutivo de las enzimas KPC y la relevancia de la vigilancia activa para contener la diseminación de resistencia frente a antibióticos de última generación.

Folio 85

DOSIFICADORES DE FÓRMULAS INFANTILES COMO VECTORES DE BACILOS GRAM NEGATIVOS OPORTUNISTAS: PERFIL DE SUSCEPTIBILIDAD Y RELEVANCIA CLÍNICA

Autor principal: Ignacio Maldonado Parra
Co-autores: Francisca Ignacia Guajardo Oliva; Sebastián Andrés Molina Valenzuela; Ignacio Alberto Orellana Tolosa; Carolina Nicolé García González; María Barrera Sepúlveda; Fabiola Cerda Leal

Las fórmulas infantiles en polvo (FIP) son la principal fuente de nutrientes para lactantes. Las alertas globales ante brotes por Bacillus cereus y la presencia de cereulida, ha impulsado la coordinación de evaluaciones de riesgos por agencias internacionales (EFSA, 2026). La superficie plástica de las cucharas permite la adherencia de micro-residuos, la formación de biopelículas y la persistencia de diferentes microrganismos, favoreciendo la eventual transferencia horizontal de elementos genéticos móviles asociados a la resistencia de antimicrobianos (RAM). La emergencia global de la RAM, trasciende el ámbito hospitalario y el entorno doméstico y alimentario, convirtiendo a estos utensilios en potenciales vectores del resistoma ambiental y domiciliario. Frente a esta amenaza, la OMS ha propuesto la clasificación AWaRe para los antibióticos (Acceso, Precaución y Reserva), categorías que constituyen una importante herramienta para orientar el uso y la vigilancia de diseminación de la resistencia a antibióticos. Determinar el perfil de susceptibilidad antimicrobiana de patógenos oportunistas aislados desde cucharas dosificadoras de leche en polvo, evaluando la presencia de fenotipos de resistencia adquirida y multirresistencia (MDR), asociada a la clasificación AWaRe de la OMS En bolsas estériles, se recolectaron 12 cucharas dosificadoras de FIP en uso, las que fueron trasladadas directamente al laboratorio y analizadas en menos de tres horas. A través de hisopos estériles se tomó muestras de cada mango y se realizaron siembras en agar nutritivo Plate Count (Difco®), agar MacConkey (Difco®) y Agar Cromo Orientación (Linsan®). Las colonias aisladas se identificaron fenotípicamente, se comprobó su pureza y se conservaron a -20 °C en glicerol al 40%. Se realizó la caracterización genómica inicial de mediante la secuenciación del gen 16S rRNA. Posteriormente, se amplió la evaluación del perfil de susceptibilidad antimicrobiana al total de las cepas aisladas mediante Kirby-Bauer (CLSI M100), clasificando los antibióticos según los grupos AWaRe de la OMS (Acceso, Precaución y Reserva), para evaluar la presencia de fenotipos de resistencia adquirida y MDR. La caracterización inicial a través de secuenciación agrupó los doce aislados en los géneros de patógenos oportunistas Pseudomonas sp., Weisella sp., Acinetobacter sp. y una cepa correspondiente al género Klebsiella sp.. Los antibiogramas evidenciaron perfiles de susceptibilidad frente a los betalactámicos antipseudomónicos como piperacilina/tazobactam y fluoroquinolonas como ciprofloxacino. Frente a fármacos del grupo de Precaución, se observó susceptibilidad universal a meropenem (22 a 30 mm) y amikacina (22 a 33 mm). Los aislados mantuvieron alta sensibilidad frente a moléculas de Reserva, como ceftazidima/avibactam (19 a 32 mm). Los ensayos realizados para las 12 cepas descartan fenotípicamente la presencia de BLEE, así como un fenotipo MDR entre los aislados. Los hallazgos de resistencia a levofloxacino y amoxicilina en dos cepas de Enterobacterales, pueden estar asociados a mutaciones en el sitio blanco. El hallazgo de patógenos oportunistas en las cucharas dosificadoras de FIP evidencia un peligro clínico subestimado en pediatría. En general, las cepas presentaron un perfil de susceptibilidad a los diferentes grupos de antibióticos ensayados, y por tanto, ausencia de fenotipos de multiresistencia (MDR), ni la producción de betalactamasas de espectro extendido (BLEE). Sin embargo, la ausencia de perfiles de resistencia no descarta la eventual presencia de elementos genéticos móviles, que será abordada en estudios futuros. Se detectó una cepa resistente a un antibiótico del grupo de acceso, en este caso amoxicilina + ácido clavulánico y una segunda cepa resistente a levofloxacino que corresponde al grupo de resguardo, referente a la clasificación AWaRe. Finalmente, se propone integrar urgentemente estos hallazgos para actualizar las normativas de bioseguridad y promover medidas profilácticas estrictas y estandarizadas de desinfección en utensilios de alimentación neonatal.

Folio 92

PERFIL EPIDEMIOLOGICO DE PACIENTES ADULTOS TESTEADOS CON HEMOCULTIVOS POSITIVOS A BACTERIAS POSEEDORAS DE CARBAPENEMASAS EN LA UNIDAD DE PACIENTE CRÍTICO DE ADULTOS DEL HHHA

Autor principal: Carolina Fernanda Gatica Peña
Co-autores: Gonzalo Andres Rivera Mendoza; Luis Humberto Bustos Medina; Carlos Diego Marquez Jara; Giuliana Fernanda Vasquez Marrero; Benjamin Rodrigo Carrasco Alvarez

La resistencia antimicrobiana constituye una amenaza creciente para la salud pública y adquiere especial relevancia en las unidades de paciente crítico, donde la elevada complejidad clínica, el uso de dispositivos invasivos y la exposición a antimicrobianos favorecen la aparición y diseminación de bacilos gramnegativos productores de carbapenemasa (BGN-PC). Estas bacterias presentan resistencia a múltiples antimicrobianos y limitan las alternativas terapéuticas, pudiendo asociarse a mayor morbimortalidad y prolongación de la hospitalización, siendo escasa la caracterización local de esta población. Establecer el perfil epidemiológico, clínico y microbiológico de pacientes adultos con bacteriemia por BGN-PC durante su hospitalización en la Unidad de Paciente Crítico (UPC) entre enero de 2022 y junio de 2025. Se buscó caracterizar sus antecedentes sociodemográficos y clínicos, exposición previa a antimicrobianos, procedimientos y soportes invasivos, microorganismos y mecanismos de resistencia, así como describir los focos de bacteriemia, desenlaces hospitalarios y explorar su relación con mortalidad. Estudio observacional, retrospectivo y analítico-descriptivo, con inclusión censal de pacientes adultos (≥18 años) hospitalizados en la UPC entre enero de 2022 y junio de 2025, con hemocultivo positivo para BGN-PC confirmado. Se consideró el primer hemocultivo positivo durante la hospitalización como evento índice. Se recopilaron variables sociodemográficas, comorbilidades, gravedad, foco de bacteriemia, infecciones previas, exposición a antimicrobianos, procedimientos invasivos, hisopados rectales previos, microbiología y desenlaces hospitalarios. La información se obtuvo de registros clínicos y microbiológicos, se incorporó a una base REDCap y se analizó en Stata/SE 19.0. Se utilizaron estadística descriptiva y pruebas no paramétricas y exactas, principalmente Mann-Whitney, Fisher y Kruskal-Wallis, considerando significativo $p<0,05$. El estudio contó con aprobación del Comité de Ética del hospital y del Servicio de Salud. Se autorizó dispensa de consentimiento informado por su carácter retrospectivo y no intervencional. Los datos fueron anonimizados y de acceso restringido a los investigadores. Se incluyeron 25 pacientes, con mediana de edad de 64 años (RIC 59–76) y 60% de sexo masculino. La mediana de Charlson fue 4 (RIC 2–6) y de APACHE II 16 (RIC 11–18). El 76% recibió ventilación mecánica invasiva, 48% traqueostomía y 92% drogas vasoactivas. El 80% presentó infección previa durante la hospitalización y 96% exposición previa a antimicrobianos; 92% recibió antibióticos por más de siete días. Predominaron Enterobacterales (56%) y bacilos no fermentadores (44%). Los principales microorganismos fueron Pseudomonas aeruginosa (40%), Klebsiella pneumoniae (24%) y Enterobacter cloacae complex (24%). KPC fue la carbapenemasa más frecuente (52%), seguida de NDM (20%), KPC+NDM (12%), VIM (8%) y OXA-48 (8%). Se registró al menos un primer hisopado rectal en 10 pacientes, 5 (50%) resultaron positivo. La mediana de hospitalización total fue 73 días (RIC 53–118) y la mortalidad intrahospitalaria 44%. No se identificaron asociaciones estadísticamente significativas entre las variables clínicas o microbiológicas evaluadas y mortalidad. La hospitalización posterior al hemocultivo fue mayor en sobrevivientes que en fallecidos (57 vs. 12 días; $p=0,0004$), diferencia condicionada por el desenlace y no interpretable como factor pronóstico. Según tipo de carbapenemasa se observaron diferencias exploratorias en edad, ventilación mecánica y grupo microbiológico. Los pacientes con bacteriemia por BGN-PC presentaron elevada complejidad clínica, importante exposición previa a antimicrobianos y mortalidad intrahospitalaria de 44%. No se identificaron factores clínicos o microbiológicos asociados significativamente con mortalidad. Las diferencias según tipo de carbapenemasa deben interpretarse con cautela por el reducido tamaño muestral. Estos resultados aportan una caracterización epidemiológica local que puede contribuir al fortalecimiento de la vigilancia, prevención y control de infecciones por BGN-PC en la UPC.

Folio 117

CARACTERIZACIÓN DE LAS INFECCIONES POR BACILOS GRAM NEGATIVAS EN POBLACIÓN PEDIÁTRICA EN UN HOSPITAL DE ALTA COMPLEJIDAD DEL SUR DE CHILE, PERÍODO 2017 - 2024

Autor principal: Uherek Alexandra Peters
Co-autores: Pia Jara Guerrero; Gerardo Acosta Jamett; Mirta Acuña Avila; Loreto Twele Montecinos

La resistencia antimicrobiana en pediatría es un problema de salud pública a nivel mundial. De acuerdo a la literatura, ésta se asocia a elevada morbimortalidad, aumento del costo, hospitalizaciones prolongadas y requerimientos de cambios en los esquemas antimicrobianos. En Chile existe información limitada en el ámbito pediátrico. El objetivo de este trabajo es caracterizar clínica y microbiológicamente los episodios de las infecciones por BGN en la población pediátrica de un hospital de alta complejidad del sur de Chile, entre los años 2017 y 2024. Material y métodos: Estudio descriptivo unicéntrico. El presente trabajo no evidenció aumento en la resistencia antibiotica tanto las mediadas por BLEE como por carbapenemasas a lo largo de los años estudiados. Se observó una asociación entre multirresistencia e Infecciones Asociadas a la Atención de Salud, además de un mayor tiempo de hospitalización y mayor incidencia en pacientes con comorbilidades. No se apreciaron diferencias significativas entre multirresistencia y mortalidad y requerimientos de multiesquemas antimicrobianos. la multirresistencia antimicrobiana en la población pediátrica es frecuente, especialmente asociada a pacientes crónicos con comorbilidades. Aunque esta se ha mantenido establle a lo largo de los años constituye un desafío infectológico en su terapéutica, siendo los mapas de resistencia bacteriana un elemento necesario al momento de la toma de decisiones.

Folio 124

CARACTERIZACIÓN EPIDEMIOLÓGICA Y MICROBIOLÓGICA DE BACILOS GRAMNEGATIVOS PRODUCTORES DE CARBAPENEMASAS EN UN HOSPITAL DE ALTA COMPLEJIDAD DEL CENTRO-SUR DE CHILE DURANTE 2025

Autor principal: Gabriel Alejandro Uribe Sanzana
Co-autores: Jun Jie Lu Yu; Felipe Carrillo Hurtado; Javiera Catalina Guerrero Soto; Pablo Saavedra Romero

Los bacilos gramnegativos productores de carbapenemasas (BGN-PC) constituyen una amenaza creciente para la atención sanitaria debido a sus limitadas alternativas terapéuticas y capacidad de diseminación. La caracterización de los mecanismos de resistencia circulantes y de las exposiciones sanitarias y antimicrobianas de los pacientes afectados es fundamental para orientar estrategias locales de vigilancia, prevención y control Caracterizar epidemiológica y microbiológicamente las detecciones de BGN-PC en aislados clínicos durante 2025 en un hospital de alta complejidad y su red asistencial del centro-sur de Chile, describiendo exposiciones sanitarias y antimicrobianas previas e impacto sobre la hospitalización. Estudio observacional descriptivo retrospectivo. Los registros se obtuvieron de la base del Laboratorio de Microbiología del hospital, incluyendo las detecciones de BGN-PC en aislados provenientes de muestras clínicas durante 2025. Se excluyeron las detecciones obtenidas mediante cultivos de vigilancia por hisopado realizados durante el período. Se analizaron 71 detecciones correspondientes a 69 pacientes. Las características microbiológicas se analizaron por detección y las variables demográficas y exposiciones previas por paciente único. Se registraron microorganismo, tipo de carbapenemasa, sitio de aislamiento, hospitalización durante los tres meses previos, exposición antimicrobiana previa, clasificación clínica como infección e impacto sobre la hospitalización. Se utilizaron frecuencias absolutas y relativas para variables categóricas y mediana y rango intercuartílico (RIC) para edad. Se analizaron 71 detecciones correspondientes a 69 pacientes. La mediana de edad fue de 64 años (RIC: 50–74) y 44/69 pacientes fueron hombres (63,8%). Los microorganismos más frecuentes fueron Enterobacter hormaechei (39/71; 54,9%), Klebsiella pneumoniae (17/71; 23,9%) y Pseudomonas aeruginosa (7/71; 9,9%). NDM fue la carbapenemasa predominante (59/71; 83,1%), seguida de KPC (7/71; 9,9%) y VIM (5/71; 7,0%). Treinta y ocho de los 39 aislamientos de E. hormaechei fueron productores de NDM (97,4%). Los principales sitios de aislamiento fueron orina (40/71; 56,3%) y muestras respiratorias (13/71; 18,3%). Cuarenta pacientes (58,0%) habían sido hospitalizados durante los tres meses previos y 58/69 (84,1%) habían recibido antimicrobianos previamente. Los antimicrobianos previos más frecuentes fueron ceftriaxona (39/69; 56,5%), metronidazol (20/69; 29,0%), vancomicina (16/69; 23,2%), ampicilina/sulbactam (13/69; 18,8%) y piperacilina/tazobactam (12/69; 17,4%). Cincuenta y dos de 71 detecciones (73,2%) fueron clasificadas clínicamente como infección. En 38/71 (53,5%) se registró impacto sobre la hospitalización: 13/71 (18,3%) generaron hospitalización y 25/71 (35,2%) prolongaron una hospitalización existente. Se observó un marcado predominio de carbapenemasas NDM, principalmente asociadas a E. hormaechei, junto con una elevada frecuencia de hospitalización y exposición antimicrobiana previas. Más de la mitad de las detecciones generaron una nueva hospitalización o prolongaron una hospitalización existente. Estos hallazgos muestran una epidemiología local concentrada y refuerzan la necesidad de integrar vigilancia microbiológica, prevención de la transmisión y optimización del uso de antimicrobianos.

Folio 139

QPCR FECAL PARA VIGILANCIA ACTIVA DE COLONIZACIÓN POR CRE PRODUCTORAS DE NDM EN EL ENTORNO HOSPITALARIO

Autor principal: Ana-María González Soto
Co-autores: Katherine Soto; Camila Solar; Lina Rivas; Rodrigo Martinez; Rafael Araos; Lorena Diaz; José Manuel Munita

Los Enterobacterales resistentes a carbapenémicos productores de carbapenemasas (CP-CRE) constituyen una amenaza crítica para la salud pública a nivel mundial. La diseminación de metalo-β-lactamasas, en particular NDM, representa un desafío creciente debido a su capacidad de hidrolizar una gran variedad de β-lactámicos, restringiendo severamente las alternativas terapéuticas disponibles. El tracto intestinal constituye un reservorio clave para los Enterobacterales productoras de NDM. Si bien los portadores intestinales asintomáticos no requieren tratamiento antibiótico, representan una fuente de diseminación y pueden desarrollar infecciones invasivas. Por ello, la detección temprana de portadores mediante métodos moleculares sensibles y específicos es esencial para controlar su transmisión. La qPCR representa una herramienta de alto rendimiento para la detección y cuantificación directa del gen blaNDM a partir de muestras fecales, ofreciendo una estrategia de vigilancia activa en el entorno clínico. Objetivo: Desarrollar y estandarizar un ensayo de qPCR aplicable a muestras fecales para la identificación de portación intestinal de Enterobacterales productores de blaNDM y su implementación en programas de control de infecciones Materiales y métodos: Se evaluó la eficiencia y especificidad de dos sets de partidores para blaNDM mediante curvas estándar de seis puntos en duplicado con diluciones seriadas de DNA. La especificidad se determinó mediante análisis de curvas de disociación. Para la cuantificación absoluta, se construyó una curva de calibración utilizando un plásmido de bajo número de copias que contiene el gen blaNDM clonado, con diluciones seriadas de 1010 a 100 copias por reacción. Para la validación en matriz fecal, se realizó extracción automatizada de DNA (Exiprep Bioneer) a partir de muestras negativas confirmadas para blaNDM, inoculadas artificialmente con bacterias productoras de NDM en concentraciones seriadas conocidas. Para la validación clínica, se analizaron muestras fecales de pacientes con aislados microbiológicos confirmados como productores de NDM, comparando los resultados de qPCR con el método de referencia microbiológico. Resultados: Ambos sets de partidores presentaron eficiencias de amplificación dentro del rango aceptable (90–110%), con curvas de disociación que confirmaron especificidad mediante un único pico de disociación simétrico, sin evidencia de dímeros de partidores ni productos inespecíficos. El set 2 demostró mayor sensibilidad analítica y rango dinámico superior, permitiendo la detección y cuantificación de hasta 10^1 copias por reacción . En muestras fecales inoculadas con bacterias productoras de NDM, se logró la cuantificación de copias de blaNDM en un rango de $1,4 \times 10^1$ hasta $4,9 \times 10^5$ copias por reacción, según la concentración bacteriana inoculada. Se determinó que la concentración óptima para la reacción de qPCR es de 20 ng por reacción. En la validación clínica, las muestras provenientes de pacientes con infección/colonización confirmada por Enterobacterales productores de NDM resultaron positivas por qPCR, con cargas variables de blaNDM, concordantes con los hallazgos microbiológicos. Conclusiones: Se estandarizó exitosamente un ensayo de qPCR para la detección y cuantificación del gen blaNDM en matrices fecales con parámetros analíticos dentro de los rangos de aceptación internacionales. El segundo set de partidores demostró la mejor combinación de sensibilidad analítica y rango dinámico, siendo seleccionado para la validación clínica. Este ensayo constituye una herramienta promisoria para la vigilancia activa de portadores intestinales de Enterobacterales productores de NDM con potencial aplicación en programas de control de infecciones. La validación con muestras clínicas reales, actualmente en curso, permitirá establecer su utilidad diagnóstica en el entorno hospitalario.

Folio 141

CARACTERIZACIÓN GENÓMICA DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE ST25-KL2 CO-PORTADORA DE BLAKPC-21 Y BLANDM-1 CON SUSCEPTIBILIDAD DISMINUIDA A AZTREONAM/AVIBACTAM EN CHILE

Autor principal: Sergio Carrasco Anabalón
Co-autores: Maximiliano Matus Köhler; Esteban Paredes Osses; Francisca Plaza Soto; Andrés Opazo Capurro; Gerardo González Rocha

La coproducción de carbapenemasas (CBPs) KPC y NDM en Enterobacterales constituye un escenario terapéutico crítico y ha sido descrita de forma frecuente en K. pneumoniae. En este contexto, aztreonam/avibactam (AZA) ha emergido como una alternativa, sin embargo, la coexistencia de mecanismos adicionales de resistencia puede comprometer su actividad. Es así como la aparición de variantes infrecuentes de KPC en plataformas plasmidiales potencialmente móviles, en este contexto, pueden representar un desafío terapéutico y epidemiológico. Caracterizar fenotípica y genómicamente la cepa de K. pneumoniae UCO-360, coproductora de KPC y NDM, incluyendo las plataformas genéticas portadoras de los genes codificantes de ambas carbapenemasas y su potencial transferencia horizontal. K. pneumoniae UCO-360 se recuperó en diciembre de 2024 a partir de una muestra de orina obtenida en un hospital de Concepción, Chile. La identificación se realizó mediante MALDI-TOF MS; la actividad carbapenemasa se evaluó con Blue-Carba y la presencia de KPC y NDM con NG-Test Carba-5. La susceptibilidad antimicrobiana se evaluó mediante microdilución en caldo según CLSI M07 (2018), excepto para trimetoprima/sulfametoxazol y piperacilina/tazobactam, que se evaluaron por difusión en disco según CLSI M02 (2024). La interacción in vitro entre ceftazidima/avibactam (CZA) y aztreonam (ATM) se evaluó mediante elución de discos en caldo. Los resultados se interpretaron conforme a CLSI M100 (2026). Se realizó secuenciación híbrida Illumina/Oxford Nanopore y ensamblaje mediante Hybracter. La calidad y completitud se evaluaron con QUAST y CheckM, y la asignación taxonómica con FastANI. La anotación, el resistoma y el viruloma se analizaron mediante Bakta, AMRFinderPlus y VFDB, respectivamente; la tipificación clonal y capsular se efectuó con MLST y Kleborate, y las secuencias de OmpK35 y OmpK36 se curaron manualmente. El plasmidoma se caracterizó mediante PlasmidFinder y MobTyper y se utilizó la base de datos PLSDB. La transferibilidad de las plataformas portadoras de CBPs se evaluó mediante conjugación en medio líquido y sólido utilizando E. coli UC-231(Azida R). Fenotípicamente UCO-360 fue positiva para KPC y NDM y presentó un fenotipo multirresistente (Tabla 1). La CIM de AZA fue de 8/4 µg/mL (intermedio, CLSI 2026), mientras que CZA + ATM no inhibió el crecimiento in vitro. El ensamblaje híbrido resolvió un cromosoma circular de 5.416.022 pb y cuatro plásmidos (Tabla 2). La cepa UCO-360 pertenece al ST25 (CG10224), KL2 y OL2α.2 y portó la yersiniabactina ybt14 en el elemento ICEKp5. El gen blaKPC-21 se localizó en un plásmido perteneciente al grupo de incompatibilidad IncFIB(pQil)/IncFII(K) de 100.331 pb (pUCO360_KPC21), dentro de Tn4401a, mientras que blaNDM-1 se encontró en un plásmido del grupo de incompatibilidad IncA/C2 de 144.976 pb asociado a múltiples determinantes de resistencia. No se identificaron en PLSDB plásmidos idénticos a pUCO360_KPC21; los homólogos más cercanos portaban blaKPC-2 (Tabla 2). En el cromosoma, ompK35 estaba interrumpido por IS1R y OmpK36 presentó las alteraciones p.G134_D135insGD y p.L184_P186del. No se obtuvieron transconjugantes en las condiciones evaluadas. Hasta donde conocemos, este estudio constituye la primera caracterización genómica de blaKPC-21 en un aislamiento clínico de K. pneumoniae y el segundo reporte clínico de esta variante a nivel mundial. El gen blaKPC-21 se encontró en un contexto genético y plasmídico diferente al descrito originalmente, en un aislado clínico de Escherichia coli ST131 en Portugal en 2018, ampliando los hospedadores y plataformas genéticas conocidos para esta infrecuente variante. Su coexistencia con blaNDM-1, que también constituye un primer hallazgo, múltiples determinantes de resistencia y alteraciones de OmpK35/OmpK36 coincidió con susceptibilidad intermedia a AZA. Estos hallazgos destacan la importancia de la vigilancia genómica para detectar la diversificación y movilización de variantes emergentes de KPC.

Folio 144

ACTIVIDAD IN VITRO DE IMIPENEM/RELEBACTAM FRENTE A AISLAMIENTOS DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE RESISTENTES A CARBAPENÉMICOS RECUPERADOS EN HOSPITALES CHILENOS, 2012 - 2025

Autor principal: Sergio Carrasco Anabalón
Co-autores: Maximiliano Matus Kohler; Esteban Paredes Osses; Mario Quezada Aguiluz; Ignacio Aguayo Reyes; Luis Leon Paz; Fabiola Salgado; Andrés Opazo Capurro; Gerardo González Rocha

La emergencia de Klebsiella pneumoniae resistente a carbapenémicos (Kpn-RC) constituye un problema crítico de salud pública. En Chile, donde KPC es una carbapenemasa relevante en K. pneumoniae, la disponibilidad de nuevas combinaciones del tipo β-lactámico/inhibidor amplía las opciones terapéuticas; sin embargo, su actividad puede verse comprometida por variantes de KPC y alteraciones de permeabilidad. Ceftazidima/avibactam (CZA) está disponible en el país, mientras que imipenem/relebactam (IMR) aún no, por lo que la evidencia local comparativa sobre la actividad de IMR frente a Kpn-RC y sobre los determinantes genómicos asociados a susceptibilidad disminuida es limitada. Evaluar la actividad in vitro de IMR frente a una colección multicéntrica de aislamientos chilenos de Kpn-RC, compararla con CZA y explorar la relación entre los fenotipos de susceptibilidad a ambas combinaciones y los principales determinantes genómicos de resistencia. Se estudiaron 64 aislamientos de Kpn-RC no productores de metalo-enzimas recuperados entre 2012 y 2025 en hospitales públicos y privados de ocho ciudades de Chile. La susceptibilidad se evaluó por difusión en disco y las concentraciones mínimas inhibitorias (CMI) de CZA e IMR, se determinaron mediante microdilución en caldo e interpretaron según CLSI M100 (2026). La producción de carbapenemasas se investigó mediante Blue-Carba y los genes de carbapenemasa mediante PCR convencional y/o análisis genómico. Veintisiete aislamientos fueron seleccionados para secuenciación de genoma completo, tipificación molecular, análisis del resistoma y reconstrucción filogenómica basada en SNPs del genoma core a través de diferentes herramientas bioinformáticas. Cincuenta y uno de 64 aislamientos (79,7%) fueron Blue-Carba positivos y portadores de blaKPC; no se detectaron blaNDM, blaVIM, blaIMP ni blaOXA-48-like. La susceptibilidad a IMR fue 96,9% (62/64), frente a 90,6% (58/64) para CZA. La no susceptibilidad a ambas combinaciones se restringió a aislamientos productores de KPC; los 13 aislamientos sin carbapenemasa detectada fueron susceptibles a CZA e IMR (Tabla 1). Entre seis aislamientos resistentes a CZA, cuatro permanecieron susceptibles a IMR, uno presentó susceptibilidad intermedia y uno fue resistente a IMR. No se observó el fenotipo CZA-susceptible/IMR-resistente. La CMI90 de IMR fue 1 µg/mL tanto en la colección total como en los productores de KPC, mientras que la CMI90 de CZA fue 8 y 16 µg/mL, respectivamente. La resistencia a β-lactámicos convencionales fue >95% y a ciprofloxacino 95,3%; gentamicina y amikacina conservaron actividad en 37,5% y 28,1% de los aislamientos, respectivamente. El análisis genómico mostró una población policlonal, con predominio de ST25, ST11 y ST273 y diversidad de loci capsulares (Figura 1). blaKPC-2 fue la variante predominante. Se identificó un aislamiento CZA-resistente/IMR-susceptible portador de blaKPC-33 y un aislamiento portador de blaKPC-24 susceptible a ambas combinaciones. El resistoma incluyó β-lactamasas del tipo CTX-M, alteraciones en OmpK35/OmpK36, determinantes de resistencia a aminoglucósidos, mutaciones en regiones QRDR, mecanismos PMQR/expulsión y genes de resistencia a sulfonamidas/trimetoprima y fenicoles. Las distancias por SNPs del genoma core confirmaron la coexistencia de múltiples linajes genómicamente cercanos hasta aislamientos altamente divergentes. Imipenem/Relebactam (IMR) presentó elevada actividad in vitro frente a esta colección multicéntrica policlonal chilena de Kpn-RC y mantuvo actividad frente a la mayoría de los aislamientos resistentes a ceftazidima/avibactam (CZA). La discordancia observada entre los fenotipos CZA e IMR, junto con la detección de variantes de KPC y alteraciones de porinas, apoya que la susceptibilidad a una combinación β-lactámico/inhibidor no debe extrapolarse a otra sin determinación fenotípica específica. Estos resultados aportan una base local para de vigilancia de IMR y justifican ampliar la caracterización genotipo-fenotipo de los aislamientos con susceptibilidad disminuida a nuevos β-lactámicos/inhibidores.

Folio 149

PRIMERA IDENTIFICACIÓN DE KLEBSIELLA VARIICOLA PRODUCTORA DE CARBAPENEMASA OXA-48-LIKE AISLADA DESDE UNA MUESTRA URINARIA EN CHILE

Autor principal: Felipe Gajardo Hernandez
Co-autores: Nestor Herrera Chavez; Juan Pablo Torres San Martin; Victor Herrera Chavez; Andres Opazo Capurro; Gerardo Gonzalez Rocha

Los Enterobacterales productores de carbapenemasas constituyen una amenaza creciente para la salud pública debido a su diseminación en ambientes sanitarios y a la reducción de las alternativas terapéuticas. En Chile, aunque las carbapenemasas tipo OXA-48-like fueron identificadas por primera vez en un brote de Klebsiella pneumoniae en 2021, su detección continúa siendo infrecuente y no corresponde a un mecanismo de resistencia endémico en el país. En el presente trabajo se reporta el primer aislamiento urinario de una cepa (AVAS-001) de Klebsiella variicola productora de una carbapenemasa tipo OXA-48-like, en una paciente de una institución de salud privada de Santiago, con antecedente de viaje a Francia. Caracterizar fenotípica y molecularmente un aislamiento urinario ambulatorio de Klebsiella variicola portador de carbapenemasa tipo OXA-48-like detectado en Santiago, Chile. : La cepa AVAS-001, aislada de una muestra de orina ambulatoria con recuento significativo (>100.000 UFC/mL), fue cultivada en agar cromogénico UTI e incubada a 37 °C durante 18–24 h. La identificación inicial se realizó mediante VITEK 2 (bioMérieux) con tarjeta GN y la identificación definitiva mediante espectrometría de masas VITEK MS (bioMérieux). La susceptibilidad antimicrobiana se evaluó por difusión en disco de Kirby-Bauer. La detección rápida de carbapenemasas se efectuó mediante inmunocromatografía lateral O.K.N.V.I (Coris®). La extracción de ADN genómico se realizó con el sistema Wizard® SV Genomic DNA Purification System (Promega). El gen blaOXA-48-like se detectó mediante PCR convencional utilizando los partidores OXA-48-F (5'-TTGGTGGCATCGATTATCGG-3') y OXA-48-R (5'-GAGCACTTCTTTTGTGATGGC-3'). Se emplearon la cepa UCO-322 y Escherichia coli ATCC 25922 como controles positivo y negativo, respectivamente. Los productos amplificados se analizaron mediante electroforesis en gel de agarosa al 1% y visualizados en UV mediante transiluminador. VITEK 2 identificó inicialmente el aislamiento como Klebsiella pneumoniae, mientras que VITEK MS permitió su identificación como Klebsiella variicola. El antibiograma evidenció resistencia a ertapenem, piperacilina/tazobactam, cefazolina y ciprofloxacino; susceptibilidad intermedia a meropenem e imipenem; y susceptibilidad a ceftriaxona, cefuroxima, amikacina, gentamicina y nitrofurantoína. Este perfil mostró una discordancia fenotípica por la susceptibilidad disminuida a carbapenémicos y conservación de la susceptibilidad a cefalosporinas de tercera generación. La inmunocromatografía resultó positiva únicamente para carbapenemasa OXA-48 y negativa para KPC, NDM, VIM e IMP. La PCR convencional confirmó la presencia del gen blaOXA-48-like mediante la detección del amplicón esperado de 744 pb. K. variicola debe reconocerse como un patógeno emergente cuya posible participación en la diseminación de determinantes de resistencia como blaOXA-48-like requiere mayor investigación. Este hallazgo refuerza la necesidad de implementar rutinariamente la espectrometría de masas en laboratorios clínicos para una identificación taxonómica correcta. Considerando la circulación infrecuente de OXA-48-like en Chile, el antecedente de viaje a Francia sugiere una posible adquisición internacional que deberá confirmarse epidemiológica y genómicamente. La derivación oportuna al Instituto de Salud Pública es esencial para la vigilancia de carbapenemasas menos representadas en el país.

Folio 156

CARACTERIZACION GENÓMICA DE UN POTENCIAL AISLADO PDR DE ACINETOBACTER BAUMANNII: IDENTIFICACIÓN DE MUTACIÓN T526S EN PBP3 ASOCIADA A NO SUSCEPTIBILIDAD A SULBACTAM-DURLOBACTAM

Autor principal: Pablo Araya Vega
Co-autores: Maximiliano Matus Kohler; Gerardo Gonzalez Rocha; Andres Opazo Capurro

Acinetobacter baumannii resistente a carbapenémicos (CRAb) constituye a un patógeno oportunista de alta relevancia en el contexto hospitalario, donde se asocia a infecciones graves, limitadas opciones terapéuticas y altos niveles de mortalidad, antecedente que ha impulsado la búsqueda de nuevas estrategias para su tratamiento. En ese contexto, la Sociedad Americana de Enfermedades Infecciosas (IDSA) propone a sulbactam-durlobactam (SUD), como estrategia terapéutica principal para las infecciones por CRAb. La resistencia a SUD se asocia frecuentemente a la producción de metalo-β-lactamasas (MBL) y/o a mutaciones en PBP3. Entre estas, La mutación T526S influye en la geometría del sitio activo y la unión del sustrato/inhibidor, generando un aumento de la concentración mínima inhibitoria (CMI). Caracterizar el mecanismo de resistencia a SUD en un aislado clínico de CRAb recuperado desde un hospital chileno. Inicialmente se determinó el perfil de susceptibilidad a antibióticos a los siguientes agentes: SUD,imipenem (IMP),meropenem (MEM), amikacina (AMK),gentamicina (GEN),ampicilina-sulbactam (SAM),cefotaxima (CTX),ceftazidima (CAZ),ceftriaxona (CRO),cefepima (FEP), ciprofloxacino CIP), levofloxacino (LEV), piperacilina-tazobactam (TZP) y colistín (CST), según la guía M100 del CLSI (2026). El genoma de la cepa A375 fue secuenciado mediante la plataforma Illumina NovaSeq X Plus y ensamblado mediante Skesa. La calidad del ensamblaje se evaluó mediante Quast y ChekM2. La confirmación de la especie se evaluó mediante FastANI. El secuenciotipo (ST) se determinó según el esquema del Instituto Pasteur. Los de genes de resistencia se pesquisaron mediante AMRfinder plus y la predicción de contigs de origen plasmídico mediante MOB-suite. La mutación T526S identificada, se confirmó mediante el alineamiento de secuencias múltiples (MSA) utilizando CLUSTAL Ω. Finalmente, se realizó un modelamiento tridimensional por homología mediante SWISS-MODEL. El análisis estructural comparativo de se evaluó mediante PyMOL y ChimeraX. El aislado resultó resistente a 13/15 (86,7%) antibióticos evaluados, incluyendo IMP, MEM, AMK, GEN, SAM, CTX, CAZ, CRO, FEP, CIP, LEV, TZP y CST, intermedio frente a SUD, y susceptible a TGC (CMI=2 µg/mL). La identificación taxonómica mediante FastANI confirmo la especie Acinetobacter baumannii (97.6% similitud) tipificada como ST109Pas, K-locus KL49 (K49) y OC-locus OCL3. El análisis mediante AMRfinder permitió identificar un amplio resistoma compuesto por blaOXA-67 (blaOXA-51like), blaOXA-58, ant(2\'\')-Ia, aadA1, aph(3\')-VIa, aac(3)-IIe, aph(6)-Id, aph(3\'\')-Ib, ant(3\'\')-IIa, ftsI_T526S, gyrA_S81L, parC_S84F, dfrA1, sul2, pmrB_I164F, sat2 y catB2. De forma complementaria, fue posible predecir 8 plásmidos putativos, identificando a sul2, aac(3)-IIe, aph(6)-Id, aph(3'')-Ib y blaOXA-58 en dichos elementos genéticos.El MSA permitió identificar la mutación T526S en uno de los tres motivos conservados K(T/S)G(T/S) (K525–T–G–T–A529) en el sitio activo de PBP3. El modelamiento tridimensional por homología permitió generar un modelo estructural de la proteína PBP3 con un QMEANDisCo: 0.76. El análisis estructural entorno al residuo S526 evidenció un cambio en ángulo diedro x1 (chi 1) de 17.2° respecto a T526, cambiando la orientación de la cadena lateral. Respecto a las distancias (Cα- Cα/OH-OH) entre los residuos de los motivos conservados, se observó modificaciones discretas a la disposición espacial de referencia (< 0.3 Å). El aislado presento un robusto y variado resistoma, expresado en el perfil de susceptibilidad observado. La co-resistencia a CST y SUD pone en evidencia el impacto clínico que conlleva el manejo de las infecciones por CRAb. La sustitución T526S modificó la orientación de la cadena lateral en 17.2°, con modificaciones discretas en las distancias de los motivos conservados; SXXK (S336–X–X–K339), SXN (S390–X–N392). Esto sugiere un posible cambio conformacional local, que podría afectar al microentorno y en las interacciones de S526. La sustitución T526S conserva el grupo hidroxilo mientras elimina un solo grupo metilo, cambiando sutilmente la geometría del sitio activo o el posicionamiento del sulbactam lo suficiente como para generar el fenotipo observado.

Folio 165

¿ES NECESARIO REEVALUAR EL PARADIGMA DE LA RESISTENCIA INTRÍNSECA A LOS ANTIBIÓTICOS BETALACTÁMICOS EN CAMPYLOBACTER JEJUNI?

Autor principal: Mónica Patricia López Cantillo
Co-autores: Macarena Concha Toloza; Dominique Ignacia Valdevenido Saavedra; Sebastián Cifuentes; Luis Collado González

Campylobacter jejuni es una de las principales causas bacterianas de gastroenteritis a nivel mundial. Aunque C. fetus ha sido tradicionalmente reconocida como la especie del género más asociada a infecciones extraintestinales, reportes recientes evidencian una importancia creciente de C. jejuni en bacteriemias en países como Francia, donde ambas especies presentaron prevalencias muy similares en la última década (42,6% vs. 42,9%, respectivamente). Esta relevancia podría estar subestimada en países con menor vigilancia microbiológica de este patógeno. Las infecciones gastrointestinales por C. jejuni suelen ser autolimitadas y requieren antimicrobianos solo en casos graves, persistentes o en pacientes de riesgo, siendo macrólidos y fluoroquinolonas las principales alternativas terapéuticas. En contraste, no existe consenso sobre el tratamiento más adecuado de las infecciones sistémicas. En una revisión de casos clínicos entre 2015 y 2023 (datos no publicados) detectamos el uso empírico inicial de betalactámicos, como ceftriaxona, en campilobacteriosis sistémica. Sin embargo, las especies del género Campylobacter suelen considerarse intrínsecamente resistentes a la mayoría de estos antimicrobianos. Este paradigma merece reevaluarse, particularmente ante la variabilidad fenotipica y genetica descrita en C. jejuni. Caracterizar la resistencia fenotípica y los determinantes genómicos de resistencia a betalactámicos en aislados de C. jejuni de fuentes humanas y reservorios animales. Se evaluó la susceptibilidad antimicrobiana mediante difusión en disco frente a nueve betalactámicos (ampicilina, amoxicilina/ácido clavulánico, piperacilina/tazobactam, cefazolina, cefoxitina, cefoperazona, ceftriaxona, cefepime y meropenem) en 88 aislados de C. jejuni: 9 de origen clínico humano, 36 de carne de pollo, 12 de hígado bovino, 22 de heces bovinas y 9 de heces de perros. Dada la disponibilidad limitada de puntos de corte específicos para Campylobacter frente a betalactámicos, los halos de inhibición se interpretaron según los criterios de la Sociedad Francesa de Microbiología (SFM, 2026) y cuando estos no estaban disponibles, según los establecidos para Enterobacterales en el CLSI M100 (2026). Adicionalmente, los genomas de todos los aislados fueron secuenciados mediante Illumina NextSeq 2000. Las lecturas se evaluaron con FastQC v0.12.1, se filtraron con Trimmomatic v0.40 y se ensamblaron de novo mediante SPAdes v4.2.0. Finalmente, se evaluó la presencia de determinantes moleculares de resistencia usando las bases de datos CARD y ResFinder. Todos los aislados fueron resistentes a cefazolina, cefoxitina y cefoperazona, mientras que más del 70% presentó resistencia a ceftriaxona. Estos resultados son concordantes con la resistencia habitualmente atribuida a Campylobacter. Sin embargo, todos los aislados fueron susceptibles a cefepime, cefalosporina de cuarta generación para la cual también se ha descrito resistencia intrínseca en el género. Asimismo, más del 70% de los aislados fue susceptible a ampicilina, y se observó susceptibilidad completa a amoxicilina/ácido clavulánico y meropenem. El análisis genómico detectó betalactamasas tipo OXA en el 76,1% de los aislados: 73,8% correspondió a la subfamilia OXA-61-like y el 2,3% a la subfamilia OXA-184-like. La resistencia a betalactámicos en C. jejuni no se comportó de manera uniforme entre los antimicrobianos evaluados. Aunque se observó resistencia generalizada a varias cefalosporinas y una alta frecuencia de betalactamasas tipo OXA, la susceptibilidad conservada a cefepime, meropenem y amoxicilina/ácido clavulánico cuestiona la generalización de una resistencia intrínseca, particularmente frente a todas las cefalosporinas. Asimismo, pese a que la susceptibilidad a aminopenicilinas se considera variable, una alta proporción de los aislados fue susceptible a ampicilina y todos fueron susceptibles a amoxicilina/ácido clavulánico, lo que sugiere actividad conservada de esta combinación frente a los aislados evaluados. Estos hallazgos respaldan evitar el uso de cefalosporinas de tercera generación para el tratamiento de infecciones sistémicas causadas por C. jejuni y sugieren no generalizar la resistencia intrínseca a todos los betalactámicos.

Folio 174

RELACIÓN ENTRE EL NIVEL DE CONOCIMIENTO Y EL MANEJO SEGURO DE ANTIBIÓTICOS EN LA PRÁCTICA VETERINARIA DE LA PROVINCIA DE CONCEPCIÓN, CHILE

Autor principal: Evelin Saire Flores
Co-autores: Ivette Robayo Martínez; Tania Junod López; Natalia Sánchez Leiva; Javiera Godoy Herrera

La resistencia antimicrobiana (RAM) es reconocida por la OMS como una de las principales amenazas para la salud pública global, con proyecciones de hasta 10 millones de muertes anuales hacia 2050. Bajo el enfoque One Health, los médicos veterinarios cumplen un rol estratégico en su contención, ya que sus conocimientos, actitudes y prácticas de prescripción, manejo clínico y disposición de residuos inciden directamente en la selección y diseminación de bacterias resistentes hacia los ecosistemas humano, animal y ambiental. En Chile, pese a la existencia de estrategias regulatorias nacionales, persisten brechas poco caracterizadas en este ámbito a nivel regional. Determinar la relación entre el nivel de conocimiento y las prácticas de prescripción, manejo clínico y disposición final de antibióticos en médicos veterinarios de la provincia de Concepción. Estudio cuantitativo, transversal, descriptivo-correlacional en 200 médicos veterinarios en ejercicio activo de la provincia de Concepción (clínicas, petshops, farmacias veterinarias, laboratorios, docencia e instituciones públicas), seleccionados mediante muestreo no probabilístico por conveniencia. Se aplicó un cuestionario estructurado basado en el modelo de Conocimientos, Actitudes y Prácticas (CAP), con dimensiones de conocimiento, actitudes y prácticas de prescripción, manejo y disposición. El nivel de conocimiento se clasificó en bajo (0-1 pt), medio (2 pt) o alto (3 pt) según un índice de tres ítems sobre eliminación segura de antibióticos. El análisis estadístico (SPSS v.29) incluyó estadística descriptiva y pruebas de Chi-cuadrado de Pearson y exacta de Fisher ($p<0,05$) para explorar asociación entre conocimiento y prácticas. El 73% de los encuestados presentó nivel de conocimiento bajo, 21,0% nivel medio y solo 6,0% nivel alto. El 76% desconocía qué fármacos pueden eliminarse por el inodoro y 40% desconocía el procedimiento seguro de eliminación de residuos, mientras que 72% sí reconoció el riesgo ambiental asociado. En prescripción, 34% receta antibióticos ocasionalmente y solo 29,5% solicita antibiograma con frecuencia ocasional; los principales motivos para no solicitarlo fueron el costo (26,5%) y el tiempo de espera (21,5%). El 66% no estaba inscrito en el sistema de prescripción del SAG y 42% no emite recetas bajo dicho sistema. Respecto a residuos, 22% los almacena indefinidamente, 32% ha eliminado antibióticos junto a la basura domiciliaria y solo 27,5% contrata empresa autorizada para su disposición final. De 15 variables analizadas, 8 mostraron asociación estadísticamente significativa con el nivel de conocimiento: inscripción al sistema SAG ($x^2=8,44$; $p=0,015$), manejo de residuos mediante empresa autorizada ($x^2=15,40$; $p<0,001$), conocimiento sobre eliminación segura ($x^2=180,53$; $p<0,001$), conocimiento de medicamentos eliminables por inodoro ($x^2=170,85$; $p<0,001$), conocimiento del impacto ambiental ($x^2=28,77$; $p<0,001$), eliminación por basura domiciliaria ($x^2=19,19$; $p=0,001$) y devolución al proveedor (Fisher $p=0,027$). El estudio evidencia brechas relevantes de conocimiento y de práctica en el manejo seguro de antibióticos entre los médicos veterinarios de la provincia de Concepción, particularmente en la eliminación de residuos farmacológicos, la solicitud de antibiograma previo a la prescripción y la adherencia al sistema de prescripción del SAG. Frente a esto, se debe fortalecer la capacitación continua de los profesionales en manejo y disposición segura de antimicrobianos, mejorar el acceso a herramientas diagnósticas como el antibiograma, y consolidar los mecanismos de fiscalización y trazabilidad del sistema regulatorio, bajo un enfoque One Health que articule la salud animal, humana y ambiental. Como profesión, la medicina veterinaria tiene la responsabilidad y la oportunidad de contribuir activamente a su mitigación, adoptando estas medidas como parte del ejercicio clínico cotidiano.

Folio 181

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE B-LACTAMASAS DE ESPECTRO EXTENDIDO EN ESCHERICHIA COLI AISLADAS DE UROCULTIVOS DE PACIENTES AMBULATORIOS DE LA COMUNA DE TALCAHUANO

Autor principal: Cristóbal Aguayo Garrido
Co-autores: Karina Oliveros Zambrano; Isidora Manríquez Cuadra; Victoria Mardones Verdugo; Sebastián Romero Coo; Helia Bello Toledo; Felipe Morales León; Fabiola Salgado Villagrán; Andrés Opazo Capurro; Gerardo González Rocha

Las infecciones del tracto urinario (ITU) son una causa frecuente de consulta ambulatoria, siendo Escherichia coli su principal agente etiológico. Los antibióticos β-lactámicos se utilizan ampliamente en su tratamiento. Sin embargo, la creciente resistencia antimicrobiana (RAM) limita la eficacia de algunos de estos agentes y puede comprometer las opciones terapéuticas. Entre los principales mecanismos de resistencia a los β-lactámicos se encuentran las β-lactamasas de espectro extendido (BLEE), enzimas capaces de hidrolizar penicilinas, cefalosporinas y monobactámicos. Entre ellas destacan las familias TEM, SHV y CTX-M, siendo esta última la que predomina a nivel global. A pesar de su relevancia clínica y epidemiológica, la caracterización molecular de las BLEE no suele formar parte de la vigilancia microbiológica de rutina. Considerando que su distribución varía geográficamente, el disponer de información local permite conocer los mecanismos de resistencia circulantes y contribuir a la vigilancia epidemiológica de la RAM. Caracterizar molecularmente las BLEEs presentes en aislamientos de E. coli resistentes a cefalosporinas de tercera generación, recuperados de urocultivos de pacientes ambulatorios de la comuna de Talcahuano. Se realizó un estudio descriptivo de 73 aislamientos de E. coli provenientes de urocultivos obtenidos durante el año 2022 de pacientes asociados a un centro de salud de Talcahuano. La identificación bacteriana mediante MALDI-TOF y la caracterización fenotípica presuntiva de producción de BLEE, fueron realizadas por el mismo centro. Posteriormente los aislamientos fueron derivados para la confirmación y caracterización microbiológica y molecular. La identificación y pureza de los aislamientos fueron confirmadas mediante cultivo en medio cromogénico UTI. Las colonias compatibles con E. coli fueron evaluadas de acuerdo con sus características macroscópicas, mientras que aquellas sospechosas fueron confirmadas mediante la prueba de producción de indol en medio MIO. El perfil de susceptibilidad antimicrobiana se determinó mediante difusión en disco de acuerdo a las recomendaciones del CLSI (M100, 2024). La pesquisa de los genes de BLEEs presentes en los aislados se realizó mediante PCR para la detección de los genes blaTEM, blaSHV y de los principales grupos de blaCTX-M, utilizando partidores obtenidos desde literatura. La relación genética se evaluó mediante ERIC-PCR. Los perfiles de bandas se analizaron con GelAnalyzer y su similitud mediante el coeficiente DICE, para luego construir un dendrograma mediante el método UPGMA, posteriormente visualizado mediante iTOL, definiendo los grupos genéticos con un umbral de 80% de similitud. Se consideraron exclusivamente los aislamientos de origen ambulatorio. De los 73 aislamientos analizados, 31 correspondieron a pacientes ambulatorios confirmados como E. coli. De estos, 28 presentaron perfiles fenotípicos compatibles con BLEE. Sus perfiles de susceptibilidad mostraron resistencia a cefalosporinas de tercera generación, con 100% de resistencia a ceftriaxona y cefotaxima y 50% a ceftazidima, además de 85,71% a cefepime. La caracterización molecular mostró que blaCTX-M fue el grupo de BLEEs predominante (26/28; 92,9%), seguido de blaTEM (8/28; 28,6%) y blaSHV (3/28; 10,7%). Entre los 26 aislamientos positivos para blaCTX-M, prevaleció el grupo CTX-M-1 (20/26; 76,9%), seguido de CTX-M-9 (6/26; 23,1%). Ocho aislamientos presentaron más de un determinante de β-lactamasa. Mediante ERIC-PCR se identificó seis grupos con similitud en sus perfiles, mientras que dos aislamientos presentaron perfiles divergentes. Se observó una alta frecuencia de blaCTX-M entre los aislamientos de E. coli productores de BLEE, con predominio del grupo CTX-M-1 y coexistencia de distintos genes de β-lactamasas. Los análisis genéticos por ERIC-PCR determinaron el predominio de un linaje por sobre el otro, con subgrupos de alta relación genética diseminados en distintos centros de atención ambulatoria. Estos hallazgos aportan a la caracterización molecular local y respaldan la vigilancia epidemiológica de la RAM en la comunidad.

Folio 194

DETECCIÓN DE HETERORRESISTENCIA A VANCOMICINA (HVISA) EN AISLADOS CLÍNICOS DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS RESISTENTE A METICILINA (MRSA) EN CHILE

Autor principal: Micaela Shinya-hidalgo
Co-autores: Lina Rivas; Anne Peters; Yohanna Antolinez; Katherine Soto; Valentina Sanfurgo; Patricia García; José Manuel Munita; Lorena Díaz; MICROB-R

Staphylococcus aureus resistente a meticilina (MRSA) es un importante agente de infecciones graves, en las cuales vancomicina constituye el tratamiento de elección. El fenotipo hVISA (S. aureus con resistencia heterogénea a vancomicina) se caracteriza por presentar CIM a vancomicina en rango susceptible (≤2 µg/mL), pero con subpoblaciones capaces de crecer en concentraciones intermedias (4–8 µg/mL). Aunque este fenotipo no es detectable por métodos rutinarios, estudios han demostrado que se asocia a bacteriemia persistente y fracaso terapéutico. Su confirmación requiere del método de Perfil de Análisis Poblacional-Área Bajo la Curva (PAP-AUC), considerado el estándar de referencia. En Chile, la información sobre la frecuencia de este fenotipo es escasa. Determinar la prevalencia de hVISA mediante PAP-AUC en una colección de aislados clínicos de MRSA preseleccionados por tamizaje microbiológico. Estudio retrospectivo en aislados clínicos almacenados, provenientes de 6 centros asistenciales de Chile. De 2000 aislados de S. aureus identificados por MALDI-TOF y sometidos a tamizaje en agar BHI suplementado con vancomicina (4 y 6 µg/mL), 1518 fueron confirmados como MRSA mediante difusión en disco con cefoxitina 30 µg (criterios CLSI). Los 25 aislados de MRSA con tamizaje positivo fueron sometidos a PAP-AUC. Brevemente, se realizó un recuento de colonias en concentraciones crecientes de vancomicina (0–8 µg/mL) a las 24 y 48 h de incubación a 37 °C. Cada aislado fue evaluado en duplicado. El AUC se calculó con GraphPad Prism v8.0.2, utilizando la cepa de referencia de hVISA Mu3 y S. aureus ATCC 29213 como cepa sensible a vancomicina (VSSA). Cada aislado clínico fue categorizado según la razón AUC/AUC-Mu3 como hVISA (≥0,9) o VSSA (<0,9). Se completó PAP-AUC en los 25 aislados con tamizaje positivo, cuyas razones de área bajo la curva variaron entre 0,38 y 1,05. Tres aislados (12%) presentaron razones de 1,05; 1,02 y 0,96, por lo que se clasificaron como hVISA, lo que representa una prevalencia de 0,2% (3/1518) respecto del total de MRSA sometidos a tamizaje. Los 22 aislados restantes se clasificaron como VSSA, de los cuales 2 presentaron razones menores a 0,5 y 20 razones entre 0,50 y 0,89. Dentro de este último grupo, cinco aislados presentaron razones entre 0,80 y 0,87, justo por debajo del umbral de confirmación tradicional. Un estudio publicado en 2025, basado en la asociación entre hVISA y mortalidad, propone reducir el umbral de confirmación a 0,65; aplicando este criterio, 15 de los aislados evaluados se clasificarían como hVISA, elevando la prevalencia a 1,0% (15/1518). Este estudio confirma la presencia de hVISA en aislados clínicos de MRSA en Chile, con una prevalencia de 0,2% bajo criterios estándar, que asciende a 1,0% al aplicar el umbral recientemente propuesto en base a su asociación con mortalidad. Dado que el análisis se realizó en cepas almacenadas (en las que el fenotipo hVISA puede ser inestable) la prevalencia real en el contexto clínico podría ser aún mayor. La ausencia de detección de este fenotipo puede llevar a mantener un tratamiento ineficaz en pacientes con infecciones graves por MRSA, retrasando el cambio a terapias alternativas. Adicionalmente, la falta de estandarización en los criterios de confirmación del PAP-AUC representa un desafío adicional. Estos resultados subrayan la necesidad de fortalecer la vigilancia local de hVISA con miras a optimizar el tratamiento de infecciones graves por MRSA y reducir su impacto en la mortalidad asociada.

Folio 203

FACTORES ASOCIADOS CON LA MORTALIDAD A 30 Y 90 DÍAS EN PACIENTES CON EN INFECCIONES POR BACILOS GRAMNEGATIVOS RESISTENTES A CARBAPENÉMICOS: COHORTE DE UN HOSPITAL TERCIARIO

Autor principal: César Bascuñán Moreno
Co-autores: Manuel Ortunio Martínez; Adrián Pardo Villegas; Braulio Aliaga Campos; Christian Conde Abeliuk; Claudio González González; Francisco Zamora Vargas

Las infecciones causadas por bacilos gramnegativos resistentes a carbapenémicos (BGNRC) representan una amenaza crítica para la salud pública, asociándose a una elevada morbimortalidad. En Chile, desde la caracterización inicial de la primera carbapenemasa tipo KPC en 2012, diversos centros hospitalarios han reportado un incremento progresivo en la prevalencia de BGNRC. Por lo anterior, es crucial generar conocimiento respecto a la asociación entre los perfiles de resistencia bacteriana y los desenlaces clínicos. La evaluación de estos factores resulta fundamental para sustentar programas de optimización del uso de antimicrobianos y control de infecciones, así también para estratificación de riesgo individual y toma de decisiones terapéuticas oportunas Describir las características clínicas, epidemiológicas, microbiológicas y terapéuticas de pacientes hospitalizados con infecciones por BGNRC, y evaluar los factores asociados con mortalidad por cualquier causa a 30 y 90 días desde la fecha índice. Estudio observacional analítico de cohorte, realizado en un hospital terciario chileno. Se incluyeron 106 episodios infecciosos correspondientes a 103 pacientes, entre abril de 2022 y julio de 2024. La unidad de análisis fue el episodio asociado a una hospitalización y la fecha índice, el cultivo que identificó el microorganismo resistente. Los desenlaces fueron muerte por cualquier causa dentro de 30 y 90 días. Las variables categóricas se resumieron como n/N (%) y las continuas como mediana y rango intercuartílico. Las comparaciones no ajustadas entre fallecidos y supervivientes se realizaron mediante la prueba exacta de Fisher para variables categóricas y la prueba de Mann-Whitney para variables continuas. Los factores asociados con la mortalidad a 30 y 90 días se evaluaron mediante modelos separados de regresión logística penalizada de Firth. Se realizó un análisis de sensibilidad restringido a un episodio por paciente La mediana de edad fue 61,9 años [49,5-71,2], 60,4% correspondió a hombres y el índice de Charlson fue 3 [2-5]. El 85,8% requirió unidad de paciente crítico, 48,1% ventilación mecánica invasiva, 42,5% presentó injuria renal aguda y 19,8% recibió terapia de reemplazo renal. Los focos más frecuentes fueron respiratorio (28,3%), abdominal (26,4%) y piel o tejidos blandos (24,5%). Se identificaron Klebsiella pneumoniae en 49,2%, seguido por Pseudomonas aeruginosa en 34,0% y en tercer lugar Enterobacter cloacae complex 14.2%. Se detectaron carbapenemasas en 69/106 episodios (65,1%). Entre los episodios con un único mecanismo, KPC y NDM presentaron igual frecuencia (28/106; 26,4% cada una), seguidas de VIM (11/106; 10,4%); además, se identificó un aislado coproductor KPC/NDM. La mortalidad fue 22,6% a 30 días (IC95% 15,7-31,5) y 34,9% a 90 días (IC95% 26,5-44,4). A 30 días, los fallecidos presentaron mayores puntajes SOFA, APACHE II e INCREMENT y menor albúmina. En el modelo basal, cada incremento de 2 puntos en SOFA se asoció con mortalidad a 30 días (OR ajustado 1,31; IC95% 1,02-1,69). En un modelo alternativo, cada 2 puntos de INCREMENT se asociaron con mortalidad a 30 días (OR ajustado 1,46; IC95% 1,14-1,86) y 90 días (OR ajustado 1,29; IC95% 1,04-1,61). La terapia de reemplazo renal identificó mayor riesgo a 90 días (OR ajustado 4,05; IC95% 1,41-11,67), aunque su temporalidad no permitió inferir causalidad. No se observaron asociaciones concluyentes entre mortalidad y grupo bacteriano, KPC, NDM o esquema dirigido. El análisis por tratamiento fue exploratorio por posible confusión por indicación y ausencia de una variable adjudicada de terapia empírica activa. Los resultados se mantuvieron al restringir el análisis a un episodio por paciente Las infecciones por BGNRC presentaron mortalidad elevada. La gravedad clínica, reflejada por SOFA e INCREMENT, mostró una asociación más consistente con el pronóstico que la especie bacteriana o la carbapenemasa. La terapia de reemplazo renal definió un subgrupo de alto riesgo tardío. Estos hallazgos respaldan la estratificación precoz de gravedad y deben confirmarse en cohortes multicéntricas con evaluación estandarizada del tratamiento activo y oportuno.

Folio 204

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y GENOTÍPICA DE UNA CEPA DE PSEUDOCITROBACTER FAECALIS NDM+ AISLADA POR PRIMERA VEZ EN CHILE

Autor principal: Boris Barrera Vega
Co-autores: Alejandro Hidalgo Cea; Nicolas Villagra Marin; Silva Ojeda Francisco; Agatha Muñoz Ávila; Pabla Martinez Olivares; Ana Canales Paez; Daniel Anacona Pizarro; Claudia Saavedra Sanchez; Gabriel Kruger Carrasco

Los mecanismos de transferencia horizontal han sido fundamentales en la aparición de nuevas cepas y la especiación de bacterias. Sumado a el uso no siempre racional de los antimicrobianos, se ha observado en la historia reciente como bacterias oportunistas, pero primariamente ambientales, han aumentado su virulencia y se han vuelto en algunos casos muy difíciles de tratar, ya que se han vuelto multi- o pan- resistentes. Un caso emblemático es el de bacterias en el complejo Acinetobacter baumannii, sin embargo, otras bacterias como las del nuevo género Pseudocitrobacter podrían seguir el mismo camino. En este trabajo caracterizamos el fenotipo y genotipo de una cepa de Pseudocitrobacter faecalis que expresa una carbapenemasa tipo NDM aislada en 2022 desde un hisopado rectal durante vigilancia de pacientes críticos. La importancia de este estudio recae en ser el primer reporte de esta bacteria como portadora de una carbapenemasa NDM a nivel nacional Caracterizar genotípicamente y fenotípicamente el primer aislado de Pseudocitrobacter faecalis a nivel nacional portador de una carbapenemasa NDM, en cuanto a su resistencia frente a los antimicrobianos y como reservorio de plásmidos conjugativos Se trata de un estudio observacional, descriptivo y experimental realizado entre 2023 y 2025. Se utilizó una bacteria aislada durante vigilancia por hisopado rectal desde un paciente crítico. Para su caracterización bioquímica y la concentración Inhibitoria Mínima (CIM) se realizaron mediante sistema VITEK Compact 2, la identificaron se realizó a través de MALDITOF utilizando VITEK MS. Experimentos clásicos de conjugación fueron llevados a cabo utilizando la cepa clínica como dadora y una Salmonella enterica sv Typhymurium LT2 TerR como cepa aceptora. Finalmente, la secuenciación del genoma de la cepa clínica fue realizada en plataforma Hiseq2500 de Illumina™ para luego completar análisis ontológico y ensamble de secuencias El aislado fue transportado en medio Stuart y sembrado sobre CROMOID CARBA SMART. Las colonias resistentes a carbapenémicos fueron confirmadas con resultados positivos en Carba NP e inmunocromatografía RESIST-5 como productora de carbapenemasa tipo NDM. La cepa presentó un perfil bioquímico caracterizado por la utilización de diversos carbohidratos y actividad de distintas enzimas hidrolíticas y metabólicas, incluyendo β-galactosidasa, γ-glutamiltransferasa, arilamidasa y fosfatasa. Asimismo, presentó utilización de citrato y succinato. Análisis de VITEK MS, secuenciación del gen 16S rRNA y secuenciación del genoma, confirmaron la identidad del aislado como Pseudocitrobacter faecalis. La cepa resulto resistente a ertapenem, imipenem, meropenem, amikacina, gentamicina, ciprofloxacino y trimetoprim-sulfametoxasol; pero sensible a, tigecycline, colistin. Las bacterias transconjugantes, producto de la conjugación de P. faecalis sobre S. Typhimurium LT2 TetR, resultaron resistentes a ceftazidima, pero no a imipenem, lo que podría indicar que cada determinante genético de resistencia resida en elementos genómicos distinto. Estudios adicionales de conjugación, indican que esta ocurre de manera más eficiente a 37°C comparado a los 25°C y la condición de anaerobiosis no produce cambios significativos comparado con la conjugación en una atmosfera abierta. Análisis de la secuencia genómica de P. faecalis indican la presencia de por lo menos dos orígenes de replicación plasmídicos distintos, lo que es consecuente con el perfil de conjugación. Este trabajo describe por primera vez el hallazgo de una cepa de P. faecalis NDM+, multirresistente aislada desde un paciente en Chile. Esta cepa presenta plásmidos conjugables con la capacidad de transferir parte de los determinantes de resistencia. Dichos determinantes se pueden conjugar de forma más eficiente a 37°C fenómeno que no se ve alterado por una baja en la tensión de oxígeno. Este trabajo, pone en valor la vigilancia sobre pacientes internados lo que permite tomar medidas pertinentes para evitar el riesgo de diseminación intra y extrahospitalaria

Folio 205

DETECCIÓN DE CARBAPENEMASAS CROMOSOMALES NMC/IMI EN ENTEROBACTER ASBURIAE AISLADO MEDIANTE VIGILANCIA RECTAL EN UN HOSPITAL UNIVERSITARIO CHILENO

Autor principal: Boris Barrera Vega
Co-autores: Francisco Silva Ojeda; Agatha Muñoz Ávila; Pabla Martinez Olivares; Daniel Anacona Pizarro; Daniela Nuñez Soto; Jordan Soto Riffo; Ingrid Araya Diaz

Las carbapenemasas NMC/IMI son β-lactamasas de clase A infrecuentes, descritas principalmente en el complejo Enterobacter cloacae y habitualmente codificadas en el cromosoma. Al no estar incluidas en la mayoría de los ensayos rápidos dirigidos a las carbapenemasas más prevalentes, pueden originar resultados discordantes y retrasar su reconocimiento. Describir la caracterización fenotípica y molecular de un aislamiento de Enterobacter asburiae productor de carbapenemasa NMC/IMI, recuperado mediante vigilancia epidemiológica de portación rectal en un hospital universitario chileno. En julio de 2026 se obtuvo un hisopado rectal de un paciente hospitalizado de 80 años, transportado en medio Stuart y sembrado en agar cromogénico chromID® CARBA SMART. Las colonias que se desarrollaron se identificaron mediante MALDI-TOF (VITEK® MS). Se efectuó estudio de susceptibilidad antimicrobiana, detección de actividad carbapenemasa por Carba NP, inmunocromatografía RESIST-5 O.K.N.V.I. y PCR Xpert® Carba-R para KPC, NDM, OXA-48-like, VIM e IMP. Ante la discordancia entre los ensayos, se realizó una prueba fenotípica con discos de meropenem solo y combinados con EDTA o ácido fenilborónico, seguida de PCR convencional para carbapenemasas infrecuentes en el laboratorio nacional de referencia. A las 24 horas se observaron colonias verdes identificadas como E. asburiae, perteneciente al complejo E. cloacae. El aislamiento fue resistente a ertapenem (CIM >1 µg/mL), imipenem (>8 µg/mL) y meropenem (16 µg/mL), además de ceftazidima (16 µg/mL) y ceftriaxona (>4 µg/mL); presentó CIM de 1/4 µg/mL para ceftazidima/avibactam y 2/4 µg/mL para ceftolozano/tazobactam. Carba NP fue positivo, mientras que la inmunocromatografía y Xpert® Carba-R resultaron negativos para los cinco grupos investigados. Se observó inhibición con ácido fenilborónico y ausencia de inhibición con EDTA, orientando a una serin-carbapenemasa. La PCR convencional confirmó blaNMC/IMI de localización cromosomal y AmpC del grupo EBC (blaMIR); blaKPC, blaNDM, blaOXA, blaVIM, blaIMP, blaSME, blaGES y blaSPM fueron negativos. La combinación de vigilancia en medio selectivo, la demostración de actividad carbapenemasa y pruebas con inhibidores permitió reconocer una carbapenemasa de clase A no detectada por los paneles rápidos habituales. A nuestro conocimiento, este correspondería al primer aislamiento documentado en Chile de E. asburiae portador de blaNMC/IMI cromosomal. El hallazgo destaca la necesidad de derivar al laboratorio de referencia los aislamientos con resultados fenotípicos y moleculares discordantes e incorporar carbapenemasas infrecuentes en los algoritmos de vigilancia.

Folio 207

CARACTERIZACIÓN FENOTÍPICA Y MOLECULAR DE BACTERIAS RESISTENTES A ANTIMICROBIANOS EN AGUAS DEL RÍO MAPOCHO

Autor principal: Boris Barrera Vega
Co-autores: Tiare Altamirano Flores; Christian Sanhueza Almendra; Francisco Silva Ojeda; Daniela Nuñez Soto; Pabla Martinez Olivares

La resistencia a los antimicrobianos constituye una amenaza creciente para la salud pública. Los ecosistemas acuáticos pueden actuar como reservorios y vías de diseminación de bacterias resistentes y de sus determinantes genéticos; sin embargo, en Chile existe información limitada sobre su presencia en aguas superficiales sometidas a distintos grados de intervención humana. Caracterizar las bacterias presentes en aguas del río Mapocho y evaluar sus perfiles de susceptibilidad y mecanismos fenotípicos y genotípicos de resistencia a antimicrobianos. Estudio observacional, descriptivo y experimental realizado entre marzo y junio de 2025. Se recolectaron 24 muestras de agua superficial en tres sectores de la Región Metropolitana: Santuario de la Naturaleza El Arrayán (zona alta), Parque de Los Reyes (zona urbana) y Talagante-El Monte (zona rural-agrícola). Las muestras se concentraron por centrifugación y se cultivaron en agar sangre y MacConkey. Los aislamientos se identificaron mediante MALDI-TOF. La susceptibilidad se evaluó por difusión en disco para cefotaxima, ertapenem y cefoxitina, y mediante epsilometría para ceftazidima e imipenem. La producción de β-lactamasas de espectro extendido (BLEE) se estudió mediante doble disco con ácido clavulánico y la producción de carbapenemasas mediante Carba NP e inmunocromatografía. Los aislamientos con fenotipo BLEE fueron analizados por PCR para los genes blaCTX-M, blaTEM y blaSHV. Se obtuvieron 82 aislamientos: 46 enterobacterales, 19 aeromonas, 15 bacilos Gram negativos no fermentadores y dos Staphylococcus equorum. Ocho aislamientos con sensibilidad disminuida o resistencia a cefotaxima fueron estudiados para BLEE; tres presentaron sinergia con ácido clavulánico: Rahnella aquatilis del sector alto, y Proteus vulgaris y Klebsiella oxytoca del sector urbano. La PCR detectó blaCTX-M y blaTEM en R. aquatilis, y blaCTX-M en K. oxytoca; P. vulgaris fue negativo para los tres genes evaluados. P. vulgaris y K. oxytoca presentaron resistencia a ertapenem. Un aislamiento de Aeromonas media con sensibilidad disminuida a ertapenem fue positivo por Carba NP y negativo por inmunocromatografía para KPC, NDM, OXA-48, VIM e IMP. Los aislamientos de Pseudomonas spp. y otros bacilos Gram negativos no fermentadores fueron susceptibles a ceftazidima e imipenem. No se detectó resistencia a cefoxitina en S. equorum. Las aguas del río Mapocho albergaron bacterias con mecanismos de resistencia de relevancia clínica, incluidos genes BLEE en aislamientos provenientes de sectores con diferente intervención humana. La detección de R. aquatilis portadora de blaCTX-M y blaTEM en una zona de preservación ecológica sugiere que la circulación ambiental de estos determinantes no se restringe al tramo urbano. El resultado discordante de Carba NP e inmunocromatografía en A. media evidencia la necesidad de complementar los métodos diagnósticos convencionales al estudiar bacterias ambientales. Estos hallazgos respaldan la incorporación de las aguas superficiales a estrategias de vigilancia de resistencia antimicrobiana con enfoque Una Salud.

Folio 213

DETECCIÓN DE CLPK Y TERMOTOLERANCIA EN AISLADOS DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE PRODUCTORES DE KPC DETECTADOS EN UNA UNIDAD HOSPITALARIA

Autor principal: Boris Barrera Vega
Co-autores: Nicole Diaz Sanchez; Camila Muñoz Urtubia; Fabian Berrios Oyrazún; Catalina Bustamante Honores; Macarena Ramirez Olea; Catalina Madrid Soto; Francisco Silva Ojeda; Agatha Muñoz Ávila; Pabla Martinez Olivares; Daniel Anacona Pizarro; Daniela Nuñez Soto; Ana Canales Paez

Klebsiella pneumoniae productora de carbapenemasa KPC constituye una causa relevante de infecciones asociadas a la atención de salud y brotes hospitalarios. El gen plasmídico clpK codifica una ATPasa de respuesta al estrés térmico que podría favorecer la supervivencia bacteriana frente a procedimientos de desinfección. En Chile existe información limitada sobre su presencia y expresión fenotípica en aislamientos clínicos. Detectar el gen clpK en aislamientos de K. pneumoniae productores de KPC obtenidos en una unidad hospitalaria y evaluar la termotolerancia asociada a su presencia. Se trata de estudio descriptivo experimental que incluyó 34 aislamientos de K. pneumoniae identificados mediante MALDI-TOF, recuperados de hisopados rectales obtenidos entre septiembre de 2021 y mayo de 2022 durante la vigilancia epidemiológica realizada en un hospital universitario chileno. El ADN se obtuvo mediante lisis térmica y clpK se detectó por PCR convencional, utilizando partidores que alinean de forma intragénica para producir un amplicón de 200 pb. Para evaluar el fenotipo térmico, los 13 aislamientos clpK positivos y 12 aislamientos clpK negativos se cultivaron en caldo BHI, se diluyeron 1:10 y se incubaron a 55 °C. Se sembraron alícuotas a los 0, 15, 30 y 45 minutos en agar sangre, y la viabilidad se expresó en UFC/mL. Se incluyeron controles positivos portadores de clpK y K. pneumoniae ATCC 700603 como control negativo. Se realizó un análisis descriptivo. Se detectó el gen clpK en 13/34 aislamientos (38,2%). En el ensayo de tolerancia termica, los aislamientos clpK positivos presentaron una mayor supervivencia en comparación con las cepas que resultaron ser negativas. A los 30 minutos se recuperaron bacterias viables en 12/13 aislamientos positivos (92,3%) y en 2/12 negativos (16,7%). A los 45 minutos, 6/13 aislamientos positivos (46,2%) conservaron viabilidad, con recuentos entre 400 y 24.200 UFC/mL, mientras que ninguno de los 12 aislados negativos presentó crecimiento. Los controles positivos mantuvieron recuentos superiores a 50.000 UFC/mL a los 45 minutos, mientras que el control negativo no mostró crecimiento desde los 30 minutos. Se observó variabilidad en los recuentos de UFC/mL entre los aislamientos clpK positivos. El gen clpK fue detectado en el 38,2% de los aislamientos de K. pneumoniae productores de KPC estudiados. Las cepas portadoras presentaron una mayor supervivencia frente a la exposición a 55 °C, especialmente durante los periodos prolongados, mientras que los aislamientos sin el gen mostraron una rápida disminución de su viabilidad. La persistencia del crecimiento hasta los 45 minutos, observada exclusivamente en los aislamientos clpK positivos, respalda la asociación entre la presencia del gen y un fenotipo de mayor tolerancia al estrés térmico bajo las condiciones evaluadas. Esta característica podría representar una ventaja adaptativa frente a condiciones térmicas subletales y contribuir potencialmente a la persistencia de estos microorganismos en el ambiente hospitalario. Se requieren nuevos estudios que evalúen esta asociación bajo condiciones ambientales y procedimientos de desinfección representativos del entorno asistencial, así como la utilidad de clpK como marcador complementario en la vigilancia microbiológica.

Folio 243

INFECCIONES OSTEOARTICULARES POR BACILOS GRAM NEGATIVOS: RESISTENCIA ANTIMICROBIANA, MANEJO Y DESENLACES EN UNA COHORTE COLOMBIANA

Autor principal: Camilo Quiroga Vergara
Co-autores: Ericarolina Ospino López; Cándida Diaz Brochero; Sebastián Mackenzie Martínez; Tatiana Quiñonez Yepez; Maria Alejandra Cañón Aranguren

Las infecciones osteoarticulares (IOA) por bacilos Gram negativos (BGN) representan un desafío terapéutico por su heterogeneidad clínica, la necesidad frecuente de control quirúrgico del foco y la presencia de mecanismos de resistencia que pueden limitar las opciones antimicrobianas. La evidencia que integra características clínicas, microbiología, resistencia y desenlaces de estas infecciones en adultos es limitada en Latinoamérica, particularmente en Colombia. Describir las características clínicas, microbiológicas y desenlaces en pacientes con diagnóstico de infecciones osteoarticulares por bacilos Gram negativos en el Hospital Universitario San Ignacio, durante los años 2020 a 2025. Estudio observacional descriptivo de corte transversal en adultos hospitalizados entre 2020 y 2025 con diagnóstico clínico de IOA y aislamiento de BGN en muestras osteoarticulares obtenidas durante procedimientos quirúrgicos, pruebas moleculares o hemocultivos. Se incluyeron pacientes con espondilodiscitis, osteomielitis, infección asociada a prótesis o relacionada con fractura. Se evaluaron características clínicas, microbiología y perfiles de resistencia, tratamiento antimicrobiano, manejo quirúrgico y desenlaces. Las variables categóricas se describieron mediante frecuencias absolutas y relativas y las continuas mediante medidas de tendencia central y dispersión, según su distribución. Se incluyeron 298 pacientes, con mediana de edad de 63 años (RIC 44–73); 68,7% fueron hombres y 35,7% tenían diabetes mellitus. Las presentaciones más frecuentes fueron osteomielitis aguda (43,0%), osteomielitis crónica (32,2%) e infección relacionada con fractura (25,5%); 65,7% de las infecciones fueron polimicrobianas. Los BGN predominantes fueron Escherichia coli (30,2%), Proteus mirabilis (23,2%), Pseudomonas aeruginosa (21,5%) y Klebsiella pneumoniae (14,8%). Entre 295 pacientes con información disponible, 70,8% presentó al menos un microorganismo resistente. Se documentó AmpC desreprimido en 30,9%, resistencia a quinolonas en 32,9% de los evaluables y resistencia a carbapenémicos asociada a carbapenemasa en 13,4%. Entre los 36 pacientes con carbapenemasa identificada, se detectó KPC en 77,8%, NDM en 41,7% y coproducción de carbapenemasas en 27,8%, predominantemente KPC+NDM. El 90,6% requirió manejo quirúrgico; entre los intervenidos, 73,7% necesitó ≥2 procedimientos y 31,5% requirió amputación. La mediana de duración total del tratamiento antimicrobiano fue de 46 días (RIC 32,8–54,2) y 38,9% realizó transición a terapia oral. Se presentó sepsis o choque séptico en 30,6%, ingreso a UCI en 11,5% y reintervención quirúrgica en 57,5% de los pacientes manejados quirúrgicamente. La mortalidad intrahospitalaria fue 9,5% y la mortalidad a 30 días 8,5%. Las IOA por BGN en esta población se caracterizaron por alta frecuencia de infecciones polimicrobianas y resistencia antimicrobiana, incluyendo resistencia a quinolonas y presencia de carbapenemasas. La elevada necesidad de manejo quirúrgico, procedimientos repetidos y la frecuencia de sepsis, amputación y mortalidad evidencian la complejidad clínica de esta población. Estos hallazgos resaltan la importancia de la caracterización microbiológica y de los perfiles locales de resistencia para orientar el tratamiento antimicrobiano, junto con un abordaje multidisciplinario para el control del foco.

Folio 268

TRANSICIÓN HACIA ENTEROBACTERALES PRODUCTORAS DE CARBAPENEMASAS EN LA COLONIZACIÓN INTESTINAL DE PACIENTES HOSPITALIZADOS: ESTUDIO DE PREVALENCIA PUNTUAL EN UN HOSPITAL EN CHILE

Autor principal: Maite Gonzalez Soto
Co-autores: Lea Maureira Quezada; Johanna Acevedo Romo; Patricio Ross Perez; Lorena Diaz Ortiz; Lina Rivas Jimenez; Rodrigo Martinez Solis; Jose Munita Sepulveda; Rafael Araos Bralic

Las Enterobacterales resistentes a carbapenémicos (CRE) son patógenos de prioridad crítica según la OMS (2024). Durante la pandemia de COVID-19, países de Latinoamérica reportaron un aumento y diversificación de carbapenemasas, incluida la coproducción de más de una enzima. En Chile, las CRE causantes de infecciones invasoras transitaron desde mecanismos no enzimáticos hacia productoras de carbapenemasas (CP-CRE), con un aumento cercano al 250% entre 2019 y 2022 y emergencia de cepas KPC/NDM en múltiples especies; los brotes hospitalarios también muestran diversificación de enzimas desde 2021. La colonización intestinal constituye un importante reservorio y puede preceder a la infección, pero su evolución en pacientes hospitalizados es poco conocida. Además, la vigilancia basada en fenotipo y PCR no permite establecer si el aumento de CP-CRE se debe a expansión clonal, introducciones independientes o diseminación horizontal de plásmidos entre especies y clones. Comparar la prevalencia de colonización intestinal por bacilos gramnegativos resistentes (BGN-R), CRE y CP-CRE en pacientes hospitalizados antes (2018) y después (2022 y 2023) de la pandemia, describir los genes de carbapenemasa detectados y sentar la base para la caracterización genómica de los aislados CRE. Estudio de prevalencia puntual seriado (2018, 2022 y 2023) en un mismo hospital público terciario de Santiago, con protocolo idéntico. Se incluyeron adultos hospitalizados; se excluyeron quienes no podían consentir, presentaban condiciones anatómicas que impedían el hisopado rectal o estaban embarazadas. Los hisopados rectales se sembraron en agar suplementado con antibióticos; la identificación se realizó por MALDI-TOF, la susceptibilidad por difusión en disco y la detección de genes de carbapenemasa por PCR. Se estimaron razones de prevalencia (RP) mediante regresión de Poisson modificada con varianza robusta, ajustadas por sexo e índice de Charlson. Como análisis de sensibilidad se utilizó regresión penalizada de Firth, debido a los pocos eventos de CP-CRE en 2018, y ajuste adicional por variables post-ingreso. Treinta y tres aislados CRE se encuentran en secuenciación de genoma completo para tipificación, análisis filogenético y reconstrucción de plásmidos portadores de carbapenemasas. Se incluyeron 419 pacientes (2018: 193; 2022: 78; 2023: 148). Los cortes post-pandemia presentaron mayor comorbilidad, estadía hospitalaria, ingreso a UPC y exposición a carbapenémicos (4,7%, 11,5% y 14,9%; p=0,005). La colonización por BGN-R fue 48,7%, 59,0% y 58,8% (p=0,116). La colonización por CRE aumentó en 2022 (15,5%, 33,3% y 16,2%; RP ajustada 2022 vs 2018: 2,00; IC95% 1,25–3,21) y retornó a niveles basales en 2023 (RP 0,97; IC95% 0,58–1,61). Sin embargo, su composición cambió: CP-CRE aumentó de 2,1% a 20,5% y 12,2% (RP 10,15; IC95% 3,54–29,06 y RP 6,12; IC95% 2,14–17,51), mientras CRE no productora de carbapenemasas descendió a 4,1% en 2023 (RP 0,26; IC95% 0,11–0,62). La proporción de CP-CRE entre las CRE aumentó de 13% a 62% y 75%. Los análisis de sensibilidad mostraron resultados consistentes. En 2018 todos los aislados CP-CRE portaban blaNDM (4/4); en 2022 se detectó blaNDM (9), blaVIM (5), blaKPC (1) y blaKPC+-blaNDM (1), y en 2023 blaNDM (12), blaKPC (5), blaVIM (1) y blaVIM+blaNDM (1). Tras la pandemia, la prevalencia global de colonización por CRE retornó a niveles previos, pero el reservorio intestinal cambió de mecanismo: las CP-CRE reemplazaron a las CRE no productoras, con predominio de NDM y emergencia de VIM, KPC y coproducción. Este cambio es invisible para una vigilancia que solo mide la prevalencia de CRE, lo que refuerza la necesidad de caracterizar el mecanismo de resistencia en el tamizaje. La secuenciación en curso permitirá determinar si este aumento responde a expansión clonal de linajes de alto riesgo, a introducciones independientes o a diseminación de plásmidos entre especies, información clave para orientar las medidas de control de infecciones.

Folio 270

COLONIZACIÓN POR ENTEROBACTERALES RESISTENTES A CEFALOSPORINAS DE TERCERA GENERACIÓN (ESCRE) Y RIESGO DE CULTIVO POSITIVO INCIDENTE DE SITIO ESTÉRIL

Autor principal: Lea Maureira Quezada
Co-autores: Maite González Soto; Johanna Acevedo Romo; Lorena Díaz Ortiz; Rodrigo Martínez Solís; Lina Rivas Jímenez; José Munita Sepúlveda; Rafael Araos Bralic

Las infecciones por Enterobacterales resistentes a cefalosporinas de tercera generación (ESCrE) y a carbapenémicos (CRE) son una prioridad de salud pública global. La colonización intestinal asintomática es reservorio de transmisión y factor de riesgo de infección. En Chile, ARCH reportó prevalencias de colonización de 41,2% por ESCrE y 14,5% por CRE en adultos hospitalizados. La mayoría de los estudios trata la colonización como exposición fija, sin considerar que puede estar presente al ingreso o adquirirse durante la hospitalización, lo que puede introducir sesgo de tiempo inmortal. Los modelos de Cox con colonización dependiente del tiempo permiten estimar mejor esta asociación. Evaluar si la colonización por ESCrE, modelada como covariable dependiente del tiempo, se asocia a un mayor riesgo de cultivo positivo incidente de sitio estéril por Enterobacterales en pacientes de una cohorte hospitalaria chilena, ajustando por sonda vesical (también dependiente del tiempo) y comorbilidad basal, y considerando el riesgo competitivo de mortalidad. Cohorte prospectiva de pacientes hospitalizados (Hospital Padre Hurtado, Chile; n=1.213), con vigilancia seriada de colonización intestinal mediante hisopado rectal al ingreso y posteriormente cada 7 días durante la hospitalización. El estado ESCrE se modeló como covariable dependiente del tiempo con estado absorbente (una vez positivo, siempre positivo) y un lag de 72 horas entre la toma de muestra y su vigencia, para minimizar causalidad inversa. El desenlace (primer cultivo positivo de sitio estéril por Enterobacterales) se obtuvo de la base de cultivos clínicos del hospital, independiente de la vigilancia. Se excluyeron los casos con cultivo positivo dentro de 72 horas del ingreso o en los 30 días previos (cultivo positivo basal o arrastrado). Se ajustaron modelos de Cox de proceso de conteo con varianza robusta, estratificados por hospitalización previa por la misma causa, un modelo causa-específico de riesgo competitivo para mortalidad, corrección de Firth como chequeo de robustez, y análisis de sensibilidad variando la ventana retrospectiva (30 y 90 días), el lag anti-causalidad-inversa (48 y 72 horas), la ventana de gracia post-alta (7 a 30 días) y restringiendo a pacientes con ≥72 horas de seguimiento. De 1.213 pacientes, 1.184 fueron elegibles (29 excluidos por cultivo positivo basal o arrastrado). Se registraron 23 eventos incidentes de cultivo positivo de sitio estéril y 65 muertes sin cutivo positivo previo. La colonización por ESCrE se asoció significativamente con mayor riesgo de cultivo positivo incidente (HR 2,79; IC95% 1,01–7,70; p=0,048), ajustando por sonda vesical, causa infecciosa al ingreso (HR 2,82; IC95% 1,22–6,51; p=0,015) y puntaje de charlson, estratificado por hospitalización previa. La corrección de Firth confirmó la estabilidad de la estimación (HR 2,66; IC95% 1,03–7,88; p=0,043). El supuesto de riesgos proporcionales se cumplió (cox.zph global p=0,85). La sonda vesical no se asoció significativamente con el cultivo positivo (HR 1,92; p=0,18). En el modelo de riesgo competitivo, la colonización por ESCrE no se asoció con mortalidad (HR 1,32; p=0,37), mientras que la sonda vesical (HR 3,80; p<0,001), el índice de Charlson (HR 1,35; p=0,015) y la causa infecciosa al ingreso (HR 1,75; p=0,033) sí lo hicieron. La asociación se mantuvo con ventana retrospectiva de 90 días (HR 2,81; p=0,046) y al restringir a pacientes con ≥72 horas de seguimiento En esta cohorte hospitalaria chilena, la colonización por ESCrE se asoció de forma estadísticamente significativa e independiente con un mayor riesgo de cultivo positivo incidente de sitio estéril (HR≈2,8), ajustando por sonda vesical, causa infecciosa al ingreso y comorbilidad, y estratificando por hospitalización previa. La asociación fue robusta frente a la corrección de Firth y a distintas ventanas temporales. La ausencia de asociación entre ESCrE y mortalidad respalda la validez del hallazgo, al descartar una distorsión relevante por riesgo competitivo. Estos resultados sugieren que la colonización por ESCrE es un factor de riesgo independiente para cultivo positivo en sitio estéril en pacientes hospitalizados.

Folio 274

DIVERSIDAD GENÓMICA Y PERFILES DE RESISTENCIA A B-LACTÁMICOS Y CARBAPENÉMICOS EN AISLAMIENTOS HOSPITALARIOS DE PSEUDOMONAS AERUGINOSA

Autor principal: María Paulina Jara Cifuentes
Co-autores: Julio Parra Flores; Elias Kassisse El Hage; Gerardo Fernández Muñoz; Verónica Álvarez Perez; Vanessa Villagrán Paredes; Matías Bravo Torres; María Ignacia Reyes Fuentes; Carine Da Fonseca Cechin

Pseudomonas aeruginosa (Psa) es un patógeno oportunista asociado con diversas infecciones nosocomiales y comunitarias, incluyendo infecciones respiratorias crónicas , bacteremia, infecciones del tracto urinario y meningitis. Este patógeno desarrolla resistencia a casi todos los antibióticos disponibles debido a la selección de mutaciones en genes cromosómicos y al aumento de determinantes de resistencia transferibles en elementos genéticos móviles, como las carbapenemasas de clase B (MBL) o las β-lactamasas de espectro extendido. El rápido aumento de la resistencia a los antimicrobianos en esta especie está asociado con la aparición de clones de alto riesgo multirresistentes, destacando 10 clones considerados de mayor riesgo a nivel mundial donde se incluyen ST235, ST111, ST233, ST244, ST357, ST308, ST175, ST277, ST654 y ST298. Sin embargo, ST235 se considera un clon de alto riesgo y uno de los más frecuentes, debido a su asociación con múltiples β-lactamasas adquiridas y una mayor virulencia. Determinar la diversidad genómica y concordancia de perfiles de resistencia fenotípicos y genotípicos en cepas clínicas de Pseudomonas aeruginosa. Se analizaron 21 aislados clínicos de Pseudomonas aeruginosa obtenidos entre noviembre de 2025 y julio de 2026 desde distintas muestras clínicas. La identificación se realizó mediante MALDI-TOF (VITEK MS Prime) y la susceptibilidad antimicrobiana mediante difusión en disco y microdilución automatizada (VITEK 2 XL), interpretada según criterios CLSI 2025–2026. Los aislados fueron secuenciados mediante Oxford Nanopore MinION (R10.4.1; Rapid Barcoding Kit v14). El análisis genómico incluyó MLST, cgMLST, genes de virulencia y resistencia, plásmidos y elementos genéticos móviles mediante Ridom SeqSphere+/MBioSEQ y las herramientas VFDB, AMRFinderPlus, MOB-suite y MobileElementFinder. Se identificaron 12 secuencias tipo (ST), siendo ST3348 la más frecuente (n=4), seguida de ST235 (n=3). ST274, ST313 y ST654 se detectaron en dos aislados cada una, mientras que ST179, ST244, ST296, ST309, ST569, ST1284, ST1756 y ST3910 estuvieron representadas por un aislado. El análisis por cgMLST identificó cuatro clústeres genéticamente estrechos: C10-C15-C17 (1 alelo de diferencia), A8-B6 (7 alelos), A3-A11 (2 alelos) y A18-C8 (1 alelo) (Figura 1).El cgMLST de 21 aislados de P. aeruginosa identificó cuatro clústeres correspondientes a ST235, ST654, ST274 y ST3348 (Figura 1). Todos los aislados portaron β-lactamasas y cefalosporinasas AmpC, mientras que ocho presentaron determinantes asociados a resistencia a carbapenémicos, incluyendo blaKPC-2 y alteraciones en oprD. Los aislados estrechamente relacionados compartieron perfiles genotípicos de resistencia. Además, se detectaron genes asociados a resistencia a aminoglucósidos, fluoroquinolonas, sulfonamidas, trimetoprim, fosfomicina, colistina y compuestos desinfectantes. En cuanto a virulencia, el 86% de los aislados presentó toxA y el 100% genes relacionados con adherencia, modulación inmune y sistemas de secreción Las cepas de P. aeruginosa presentaron alta diversidad genómica, incluyendo ST235 y ST274, linajes reconocidos de alto riesgo. Estos hallazgos destacan la utilidad de la secuenciación genómica completa para caracterizar aislados clínicos y fortalecer la vigilancia epidemiológica, la toma de decisiones clínicas y las estrategias de control de infecciones.

Folio 279

CARACTERIZACIÓN FENOTIPICA Y GENÓMICA DE CEPAS DE ACINETOBACTER BAUMANNII

Autor principal: Matías Bravo Torres
Co-autores: Julio Parra Flores; Elias Kasisse El Hage; Vanessa Villagrán Paredes; Karola Parra Silva; Gerardo Fernández Muñoz; M. Paulina Jara Cifuentes; Marlene Barrientos Saldivia; Verónica Álvarez Pérez; M. Ignacia Reyes Fuentes

Acinetobacter baumannii (Ab) es un patógeno multirresistente de alta relevancia clínica, causante de diversas infecciones hospitalarias y comunitarias. La OMS lo considera de prioridad crítica debido a la necesidad de nuevas opciones terapéuticas. Los brotes y casos se asocian con miembros de un limitado grupo de complejos clonales, distribuidos globalmente destacando en clones pandémicos como la secuencia tipo 1 (ST1), ST2, ST25 y ST85. La evidencia ha mostrado, que las ST1 y ST2 raramente se encuentran en América del Sur, siendo prevalentes en esta región ST15 y ST79. En el hospital regional de Chillán se observó una disminución progresiva del número de cepas de Ab: 50 en 2022, 38 en 2023, 21 en 2024 y 18 en 2025. Pese a esta tendencia descendente, la detección de cepas a fines del 2025 motivó su estudio microbiológico y epidemiológico. Caracterizar fenotípicamente y genotípicamente cepas de Acinetobacter baumannii aisladas de diversas fuentes hospitalarias Las muestras clínicas (n=9) fueron obtenidas a partir de hueso, heridas, secreción bronquial, orina y tejido. Los aislados presuntivos de Ab fueron identificados con VITEKMS Prime (MALDITOF). La susceptibilidad antimicrobiana se determinó mediante difusión en disco (Kirby-Bauer) y microdilución automatizada con el sistema VITEK 2XL, utilizando amikacina, ceftazidima, ciprofloxacino, cefepime, gentamicina, imipenem, meropenem, ampicilina-sulfactam, sulfametoxazo-trimetoprim y piperazilina- tazobactam. La interpretación de los resultados se realizó de acuerdo con los criterios vigentes CLSI, 2025 y 2026. Posteriormente, las cepas fueron secuenciadas con la plataforma MinION de Nanopore utilizando celdas de flujo vR10.4.1 y kit rapid barcoding v14. Las secuencias tipo (ST), tipificación de secuencias multilocus del genoma central (cgMLST), genes de virulencia, resistencia, reconstrucción de plásmidos y elementos genéticos móviles se identificaron mediante las plantillas de tareas MLST, cgMLST, VFDB, AMRFinderPlus 4.0.15, MOB-suite v3.1.8 y MobileElementFinder v1.1.2, respectivamente en el software MBioSEQ Ridom Typer 12.0. Se identificaron 9 cepas de Ab, de las cuales según esquema Instituto Pasteur 3 eran de una nueva secuencia que fue definida como ST3596, 2 eran ST1 y 1 ST162, 1 ST613, ST203 y ST1509. Al realizar la genotipificación, se presentaron 2 clúster con aislados estrechamente relacionados 3 ST3596 (1 alelo de diferencia) y 2 aislados ST1 (1 alelo de diferencia). De ellas, 3 fueron resistentes fenotípicamente a carbapenémicos (AbA9 a Imipenem y meropenem; AbA22, y AbC9 a meropenem e intermedio a imipenem) y 3 a cefalosporinas. Se identificaron 3 cepas multiresistentes a más de 3 antibióticos. El 100% de las cepas presentaron genes de resistencia a carbapenem (blaOXA120, blaOXA69; blaOXA 91, blaOXA98, blaOXA-219, blaOXA-156 y una de ellas ST 162 blaOXA-51/ftsI_A515V (sulbactam-durlobactam) (Tabla 1). Además, todas presentan genes de resistencia a cefalosporinas AmpC (blaADC-6 blaADC-156, blaADC, blaADC-52 y blaADC-263. Además, 100% presentaba genes ant(3")-IIa; cxpE, catA1/cxpE, solo 2 gyrAS81L/parC_584L y en menor medida msrE, sul1, tet(A), mph(E) y abaF. Las cepas ST3596 y ST1 presentaron un resistoma idéntico. El 100% de las cepas presentaron 34 genes de virulencia siendo las más relevantes exotoxinas (plcD), adherencia (TFP), biofilm (adeFGH), modulación inmunitaria (ompA, cápsula, lpx y lps), entre otras. Todas las cepas ST151 presentaron 2 plásmidos, uno de ellos de mayor tamaño con el loci de resistencia térmica clpK/hdeD-GI/trxLHR. Se encontraron 2 cepas ST1 estrechamente relacionadas y 3 cepas identificadas con un nuevo ST 3596 asignado por el Instituto Pasteur. Tres aislados presentaron resistencia fenotípica y genotípica concordante con carbapenémicos (ST1 y ST 162) y tres cepas a cefalosporinas. Además, todos los genes de resistencia de interés estaban codificados en el cromosoma. La SGC constituye una herramienta adecuada para caracterizar integralmente las cepas clínicas de Ab y representa una estrategia robusta para la vigilancia epidemiológica y el control de infecciones asociadas a Ab.

Folio 280

SUSCEPTIBILIDAD ACUMULADA DE PSEUDOMONAS AERUGINOSA CON BETALACTAMASA DE ESPECTRO EXTENDIDO TIPO PER EN UN HOSPITAL DE ALTA COMPLEJIDAD EN EL PERIODO 2021-2026

Autor principal: Gabriel Arratia Leiva
Co-autores: Aniela Wozniak Banchero; Patricio Ross Perez; Gonzalo Valenzuela Galaz; Carolina Miranda Thraves; Juan Carlos Román Gomez

Pseudomonas aeruginosa resistente a carbapenémicos es un problema de salud pública a nivel mundial. Ceftazidima/avibactam es un antimicrobiano que consiste en la combinación de una cefalosporina de tercera generación y un inhibidor de β-lactamasas de tipo diaza-biciclo-octano el cual inhibe de forma eficiente la actividad catalítica de la mayoría de las serino-β-lactamasas. PER (Pseudomonas-Extended-Resistant) es una β-lactamasa de espectro extendido (BLEE) de clase A que confiere resistencia a las penicilinas, las cefalosporinas de amplio espectro y el aztreonam. Aunque el avibactam inhibe eficazmente la mayoría de las β-lactamasas de clase A, su eficacia contra las enzimas de tipo PER es menor que contra otras β-lactamasas de la misma clase. El sitio activo de PER es hidrofóbico, lo que dificulta la unión de las moléculas de agua, que son cruciales para la etapa de acilación necesaria para una inhibición enzimática eficaz. Actualmente no existen reportes locales de la susceptibilidad acumulada de P. aeruginosa con presencia de PER. Describir la susceptibilidad acumulada in vitro de P. aeruginosa con β-lactamasa de espectro extendido tipo PER en un hospital de alta complejidad en el periodo 2021-2026. Estudio de tipo retrospectivo, descriptivo. Se consideraron los estudios de susceptibilidad realizados a cepas de P. aeruginosa con presencia de BLEE tipo PER procesados entre enero de 2021 y junio de 2026. Se consideró una cepa por paciente. El estudio de susceptibilidad se realizó por método de dilución en agar interpretando los resultados según CLSI M100 36ta edición 2026 y la detección de PER se realizó por método de reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Se consideraron 25 estudios de susceptibilidad. Las muestras correspondieron a sangre (6), orina (5), aspirado endotraqueal (5), tejido (3), líquido peritoneal (3), absceso lumbar (1), expectoración (1) y úlcera de pierna (1). 18 muestras corresponden a pacientes adultos y 7 a pacientes pediátricos, 19 corresponden a pacientes hospitalizados y 6 corresponden a pacientes ambulatorios. La susceptibilidad acumulada para aztreonam es 0% (0/25), para ceftazidima 0% (0/25), para ceftazidima/avibactam 8% (2/25), teniendo las 2 cepas susceptible una CIM de 8/4 ug/ml (siendo resistente cuando tienen una CIM mayor a 16/4 ug/ml), piperacilina/tazobactam 32% (8/25), imipenem 0% (0/25), meropenem 0% (0/25), y para ciprofloxacino 4% (1/25). En el caso de colistin, un 28% (7/25) fueron categorizados como intermedio. Para las muestras de orina, 1 de las 5 fue susceptible a amikacina. En nuestro centro, para el periodo 2021-2026 se observó una susceptibilidad en antimicrobianos que no son afectados por la presencia de BLEE tipo PER prácticamente de 0%, donde piperacilina/tazobactam tiene la susceptibilidad más alta. Esto refleja la capacidad de P. aeruginosa de poseer múltiples mecanismos de resistencia a distintas familias de antimicrobianos. Esto muestra el complejo escenario terapéutico en infecciones causadas por P. aeruginosa con presencia de PER, debido al muy limitado arsenal terapéutico disponible para tratar estas infecciones.

Folio 284

EMERGENCIA DE RESISTENCIA A AZTREONAM/AVIBACTAM EN UN AISLADO CLÍNICO DE KLEBSIELLA PNEUMONIAE COPRODUCTOR DE KPC-2 Y NDM-5

Autor principal: Christian Conde Abeliuk
Co-autores: Patricia Torres Ortiz; Lorena Diaz; Lina Rivas; Nicolas Canales; Katherine Soto; José Munita; Francisco Zamora

La emergencia de Enterobacterales productores de carbapenemasas constituye un desafío terapéutico por su resistencia a la mayoría de los β-lactámicos. Aztreonam es estable frente a la hidrólisis por metalo-β-lactamasas (MBL); sin embargo, su actividad puede verse comprometida por β-lactamasas coproducidas y otros mecanismos de resistencia, como alteraciones de la permeabilidad bacteriana. La asociación aztreonam/avibactam combina la estabilidad de aztreonam frente a MBL con la inhibición por avibactam de serin-β-lactamasas coproducidas, constituyendo una alternativa terapéutica frente a Enterobacterales productores de MBL. La emergencia de resistencia a esta combinación limita aún más las opciones terapéuticas y hace relevante su caracterización fenotípica y molecular, particularmente en contextos donde el acceso a nuevas alternativas antimicrobianas es limitado, como ocurre actualmente en Chile. Caracterizar fenotípica y genómicamente un aislado clínico de Klebsiella pneumoniae coproductor de KPC y NDM con resistencia a aztreonam/avibactam. Se estudió un aislado de K. pneumoniae recuperado de un lavado broncoalveolar de un paciente inmunocomprometido. En el laboratorio hospitalario se detectó coproducción de KPC y NDM mediante Carba-NG Test; la susceptibilidad a colistina se determinó por microdilución en caldo. Se realizó prueba de sinergia ceftazidima/avibactam más aztreonam y E-test de aztreonam/avibactam. Posteriormente, el aislado fue caracterizado en un laboratorio externo a traves de MALDI-TOF, difusión en disco y microdilución en caldo. Se realizó PCR convencional para blaKPC y blaNDM. La secuenciación de genoma completo se efectuó en plataforma Illumina; el ensamblaje se realizó con SPAdes, la tipificación mediante MLST/PubMLST y la detección de determinantes de resistencia con AMRFinderPlus. Se evaluaron además alteraciones de PBP3 y porinas. El aislado fue confirmado como K. pneumoniae y presentó resistencia a carbapenémicos. La prueba de sinergia ceftazidima/avibactam más aztreonam fue negativa y el E-test de aztreonam/avibactam mostró resistencia. Por microdilución en caldo se confirmó resistencia a ertapenem (CIM >4 mg/L), meropenem (>8 mg/L), imipenem (>8 mg/L), ceftazidima/avibactam (>64/4 mg/L), aztreonam/avibactam (>32/4 mg/L) e imipenem/relebactam (>32/4 mg/L); cefiderocol presentó CIM de 8 mg/L, interpretada como intermedia. La PCR confirmó blaKPC y blaNDM. La secuenciación identificó el ST25 y los genes blaKPC-2, blaNDM-5, blaCTX-M-200, blaOXA-10, blaSHV-11 y blaTEM-1. Se identificó ademas ompK35 y ompK36. No se detectaron las alteraciones de PBP3 YRIN, YRIK, YRIT ni V413A. (Tabla 1). Se caracterizó un aislado clínico de K. pneumoniae ST25 coproductor de KPC-2 y NDM-5 con resistencia confirmada a aztreonam/avibactam y actividad reducida de cefiderocol. El aislado presentó múltiples β-lactamasas y alteraciones de porinas, sin las alteraciones de PBP3 investigadas. Estos hallazgos muestran la emergencia de perfiles de resistencia que comprometen antimicrobianos utilizados frente a Enterobacterales productores de MBL y refuerzan la importancia de confirmar la susceptibilidad mediante métodos de referencia y complementar el estudio fenotípico con caracterización molecular.

Folio 46

ESTANDARIZACIÓN DE UNA METODOLOGÍA MOLECULAR PARA LA DETECCIÓN E IDENTIFICACIÓN DE ESPECIES MUCORALES A PARTIR DE CULTIVOS PUROS

Autor principal: Francisca Zepeda Chávez
Co-autores: Susana Pineda Contreras; Eliu Elgorriaga Islas; Katherine Oporto Palma; Bárbara Alarcón Zapata; Cristian Reyes Vergara

La mucormicosis es una enfermedad fúngica invasiva (EFI) causada por hongos filamentosos pertenecientes al orden de los Mucorales. Esta enfermedad está asociada a una alta letalidad en pacientes inmunodeprimidos. El 82% de los pacientes afectados por mucormicosis presentaron una enfermedad subyacente, siendo la diabetes (33%), las enfermedades hematológicas (16%) y el trasplante de órganos (7%) las más comúnmente reportadas. Actualmente el diagnóstico convencional de mucormicosis se realiza mediante observación histológica y cultivo, sin embargo el medio de cultivo es de fácil contaminación con otros hongos ambientales y además este hongo filamentoso tarda de 3 a 5 días para crecer lo que puede limitar su utilidad en situaciones que requieran una decisión rápida. Por otro lado las técnicas de biología molecular ofrecen una detección más rápida, sensible y específica. Estandarizar un protocolo basado en PCR hemi-anidada y secuenciación Sanger para la detección e identificación a nivel de especie de hongos mucorales en cultivos puros. Para la etapa de estandarización se extrae ADN a partir de cultivos puros de los géneros Mucor y Lichtheimia. Se seleccionan partidores descritos previamente para una PCR hemi-anidada que van dirigidos a la subunidad ribosomal 18S perteneciente a hongos mucorales. Se realizan ajustes tanto a la composición de la mezcla de PCR como al programa de termociclado. Para determinar la sensibilidad de la técnica se preparan diluciones seriadas del ADN obtenido de los cultivos y para la especificidad se utilizan controles de ADN perteneciente a distintos géneros de bacterias, especies fúngicas, protozoos y virus. Respecto a la etapa de secuenciación se trabaja con los kits PureLink de Invitrogen, el Kit BigDye Terminator 3.0 y el equipo Sanger SeqStudio Genetic Analyzer (ABI 3200), el análisis de las secuencias obtenidas se realizó en bases de datos de acceso público mediante la herramienta básica de búsqueda de alineación local (BLAST) del "Centro Nacional para la Información Biotecnológica" (NCBI) y el software bioinformático unipro UGENE. Como resultado de la etapa de estandarización de la PCR hemi-anidada se obtuvo un producto de amplificación específico para mucorales. Esta técnica logró detectar presencia de mucorales en muestras con una concentración de hasta 10-5 ng/uL y no se observaron reacciones cruzadas ni contaminación con los controles de especificidad. Mediante la secuenciación se logró identificar a nivel de género sin poder diferenciar entre especies ya que se obtuvieron altos porcentajes de homología y coincidentes entre distintas especies del mismo género. El trabajo que fue realizado entrega una base sólida para implementar a futuro un método de diagnóstico mediante técnicas de biología molecular. Su aplicación clínica requiere validación en biopsias de pacientes con Mucormicosis confirmada, esto permitirá determinar sensibilidad y especificidad clínica, lo que ayudará para guiar las decisiones terapéuticas. Se espera que este avance sea aplicado en un futuro en entornos hospitalarios, donde es necesario un diagnóstico rápido, específico y sensible.

Folio 115

DESARROLLO DEL AEPI-90 Y SU ASOCIACIÓN CON LA RESISTENCIA FENOTÍPICA EN FIBROSIS QUÍSTICA PEDIÁTRICA

Autor principal: Paulina Martinez Rodriguez
Co-autores: Mónica Pavez Aguilar; Damaris Espinoza Sotomayor; Carolina Cerda Valenzuela

La fibrosis quística (FQ) pediátrica se caracteriza por exacerbaciones respiratorias recurrentes que requieren cursos frecuentes de antibióticos, generando una presión de exposición que puede favorecer la selección de fenotipos resistentes. Los indicadores tradicionales de exposición antimicrobiana, como los días de tratamiento acumulados o el número de cursos, no integran la intensidad, frecuencia y diversidad de la exposición reciente, limitando su utilidad para evaluar su relación con desenlaces microbiológicos a nivel de muestra. Desarrollar un índice longitudinal de presión de exposición antibiótica reciente (Antibiotic Exposure Pressure Index, AEPI-90) y evaluar su asociación con la resistencia fenotípica y la ecología bacteriana cultivable en una cohorte pediátrica con FQ. Estudio observacional, prospectivo y unicéntrico en 12 pacientes pediátricos con diagnóstico de FQ,con seguimiento clínico y microbiológico longitudinal durante 18 meses en el Hospital Dr. Hernán Henriquez Aravena de Temuco, aprobado por el Comité de Ética Científica del Servicio de Salud Araucanía Sur. La exposición antimicrobiana individual se reconstruyó mediante ficha clínica electrónica y registros de farmacia. El AEPI-90 se calculó para cada muestra respiratoria integrando tres dimensiones normalizadas mediante escalamiento min-max y ponderadas de forma equivalente: intensidad (días acumulados de tratamiento, según Days of Therapy), frecuencia (número de cursos) y diversidad terapéutica (número de clases antibióticas) durante los 90 días previos a la toma de muestra, generando un índice continuo de 0 a 100. Su asociación con la riqueza bacteriana cultivable, el número de antibióticos resistentes y el número de clases de antibióticos resistentes por muestra se evaluó mediante modelos lineales mixtos con intercepto aleatorio por paciente y correlaciones de Spearman con ajuste de Benjamini-Hochberg, en 97 muestras con antibiograma completo. El AEPI-90 presentó una mediana de 18,4 (RIC: 8,4–34,0). Se observó una asociación positiva entre AEPI-90 y el número de antibióticos resistentes por muestra (β = 0,030; IC95%: 0,002–0,058; p = 0,033), así como con el número de clases de antibióticos resistentes (β = 0,031; IC95%: 0,004–0,057; p = 0,023), sin asociación significativa con la riqueza bacteriana cultivable (β = −0,005; IC95%: −0,015–0,005; p = 0,317). Los análisis exploratorios de correlación fueron concordantes, mostrando asociaciones significativas entre AEPI-90 y el número de antibióticos resistentes (ρ = 0,430; p ajustado < 0,001), el número de clases resistentes (ρ = 0,423; p ajustado < 0,001) y la carga de resistencia por aislamiento (ρ = 0,376; p < 0,001; n = 253 aislados), sin asociación significativa con la riqueza bacteriana cultivable (ρ = −0,117; p ajustado = 0,255). Una mayor presión de exposición antibiótica reciente, medida mediante AEPI-90, se asoció con un mayor número de antibióticos y clases resistentes, sin asociación con la riqueza bacteriana cultivable. El AEPI-90 podría constituir una herramienta complementaria para identificar períodos de mayor riesgo de resistencia, apoyar la vigilancia microbiológica y orientar estrategias de optimización del uso de antibióticos en pacientes pediátricos con FQ. Estos hallazgos representan asociaciones y requieren validación en cohortes mayores y multicéntricas.

Folio 134

CARACTERÍSTICAS CLÍNICAS, MICROBIOLÓGICAS Y DESENLACES DE PACIENTES CON NOCARDIOSIS: SERIE DE CASOS EN UN HOSPITAL DE ALTA COMPLEJIDAD EN CHILE

Autor principal: Catherine Vera Araya
Co-autores: Christian Conde Abeliuk; Patricia Torres Ortiz

Nocardia spp. es un actinomiceto gram positivo, aerobio facultativo, que se encuentra distribuido en el ambiente. La nocardiosis era considerada infrecuente y oportunista, causando infecciones graves en pulmones, piel, cerebro y sistema nervioso central (SNC) en inmunocomprometidos. Sin embargo, también puede afectar a inmunocompetentes, en quienes se han descrito casos de enfermedad pulmonar y cutánea. El diagnóstico puede realizarse mediante cultivo microbiológico en muestras clínicas, complementando por microscopía. Para la identificación a nivel de especie, se recurre a técnicas moleculares como MALDI-TOF o secuenciación genética. El tratamiento de primera línea continúa siendo el trimetoprim-sulfametoxazol (TMP-SMX), por su eficacia clínica y altas tasas de susceptibilidad registradas. En Chile, se han descrito casos aislados de nocardiosis, sin publicaciones recientes que caractericen en conjunto sus aspectos clínicos, microbiológicos y desenlaces. Describir las características clínicas, microbiológicas, terapéuticas y los desenlaces de pacientes con nocardiosis atendidos en un hospital de alta complejidad en Santiago, Chile. Estudio descriptivo retrospectivo, serie de casos. Se incluyeron pacientes mayores de 18 años con diagnóstico de nocardiosis atendidos en el Hospital Barros Luco entre 01 de enero 2020 y 31 de diciembre de 2025. El diagnóstico se estableció mediante aislamiento microbiológico de Nocardia spp. en muestras clínicas. La identificación a nivel de especie se realizó mediante espectrometría de masas MALDI-TOF. Se rescataron datos demográficos y clínicos, incluyendo edad, sexo, comorbilidades, condiciones de inmunosupresión, uso de corticoides y otros inmunosupresores, localización de la infección y presencia de nocardiosis diseminada. Se incluyó la especie identificada, tratamiento antimicrobiano, ingreso a unidad de cuidados intensivos, mortalidad a 30 y 90 días, así como mortalidad atribuible a nocardiosis. Las variables categóricas se describieron mediante frecuencias absolutas y porcentajes, y las variables continuas mediante mediana y rango intercuartílico. Los análisis, tablas y figuras se realizaron con Stata Stata/BE 17.0. Se incluyeron 7 casos en esta serie, con una mediana de edad de 60 años (RIC 39–77), de los cuales 4 eran hombres y 5 presentaban al menos una condición asociada a inmunosupresión. De los 7 pacientes, 3 recibían corticoides, 3 otros inmunosupresores, 2 eran receptores de trasplante de órgano sólido y 1 tenía una neoplasia hematológica (Tabla 1). El compromiso pulmonar fue el más frecuente con 5 pacientes, seguido del compromiso del sistema nervioso central en 2 pacientes. Se identificó un caso de compromiso cutáneo y uno de bacteriemia. Dos pacientes presentaron nocardiosis diseminada (Figura 1). La especie más frecuente fue Nocardia cyriacigeorgica, identificada en 5 casos, seguida de un caso de N. farcinica y un caso que se identificó como Nocardia spp. Todos los pacientes recibieron trimetoprim-sulfametoxazol; 2 recibieron además un carbapenémico y 2 linezolid. La mediana de tratamiento fue de 88 días (RIC 34–180). Cursando con nocardiosis, 5 pacientes requirieron ingreso a UCI. La mortalidad estimada a 30 y 90 días fue de 14,3% (1/7) y 42,9% (3/7), respectivamente. Ninguna muerte fue considerada atribuible a nocardiosis y no se registraron recaídas. En esta serie de casos, los casos de nocardiosis se asociaron a inmunosupresión en la mayoría de los pacientes. La manifestación más frecuente fue de predominio pulmonar y de N. cyriacigeorgica. En los casos de compromiso del sistema nervioso central (2) y enfermedad diseminada (2) fallecieron dentro de los 90 días posterior al diagnóstico de nocardiosis, no obstante, con el número limitado de casos de la serie no es posible establecer asociaciones pronósticas. De todas formas, estos hallazgos refuerzan la importancia de evaluar sistemáticamente la presencia de diseminación de la infección para determinar su extensión. A su vez, resulta importante destacar importancia de contar con estudios de susceptibilidad antimicrobiana que permitan caracterizar los perfiles de resistencia nacional y contribuir a orientar el tratamiento dirigido, especialmente en los casos de enfermedad diseminada y compromiso SNC.

Folio 167

EFECTO DE LA TERAPIA CON ELEXACAFTOR/TEZACAFTOR/IVACAFTOR EN EXACERBACIONES, USO DE ANTIMICROBIANOS, FUNCIÓN PULMONAR Y MICROBIOLOGÍA EN PACIENTES PEDIATRICOS CON FIBROSIS QUISTICA

Autor principal: Damaris Espinoza Sotomayor
Co-autores: Paulina Martinez Rodriguez; Juan Andrés Navarro Riquelme; Lorena Jimenez Figueroa; Monica Pavez Aguilar; Carolina Cerda Valenzuela

La fibrosis quística (FQ) es una enfermedad genética, multisistémica y progresiva, causada por variantes patogénicas del gen CFTR, cuya disfunción altera el transporte iónico y favorece la acumulación de secreciones más espesas, con la afectación de múltiples órganos tales como el tracto respiratorio y gastrointestinal, entre otros. La introducción de las terapias moduladoras de CFTR, particularmente la combinación de elexacaftor/tezacaftor/ivacaftor (ETI; Trikafta®), ha modificado sustancialmente la historia natural de la enfermedad, con mejoría de la función pulmonar y del estado nutricional, disminución de las exacerbaciones respiratorias y del consumo de antimicrobianos, menor necesidad de trasplante pulmonar, mayor sobrevida y mejor calidad de vida. En Chile, la terapia con ETI fue incorporada en 2025 al Problema de Salud N° 51 de las Garantías Explícitas en Salud para pacientes con FQ desde los 6 años con al menos una mutación F508del, mientras que agencias regulatorias internacionales autorizan su uso desde los 2 años y en un espectro más amplio de mutaciones respondedoras. Ese mismo año se implementó la pesquisa neonatal ampliada, lo que permitirá anticipar el diagnóstico de FQ. En este escenario, resulta relevante generar evidencia clínica local sobre la respuesta a ETI en la población pediátrica con FQ. Comparar, antes y después del inicio de ETI, el número de exacerbaciones anuales, los días de hospitalización por año, antimicrobianos empleados y su duración, la función pulmonar y el perfil microbiológico de pacientes pediátricos con FQ. Estudio observacional, unicéntrico y prospectivo en pacientes pediátricos con FQ de la Región de La Araucanía, en seguimiento clínico. Se seleccionó el subgrupo que inició ETI durante el período de estudio y se realizó una comparación intraindividual de los 12 meses previos y 12 meses posteriores al inicio del tratamiento. Se registraron el número de exacerbaciones respiratorias anuales, días de hospitalización/año, días de tratamiento antimicrobiano —acorde estrategia AWaRe de la OMS—, función pulmonar mediante el puntaje z del VEF1 y los agentes aislados en cultivos de expectoración durante las exacerbaciones. Se registraron las reacciones adversas atribuibles a ETI. El estudio pertenece al Proyecto DIUFRO DIM23-0022, aprobado por el Comité de Ética Científica del Servicio de Salud Araucanía Sur. Se incluyeron 6 pacientes con FQ, 3 de sexo masculino, la mediana de edad fue 14,8 años (rango 6,4–18,5) al inicio de ETI. Tras el tratamiento, se observó una reducción marcada en el número de exacerbaciones/año, con una mediana de 7,5 (3–15) a 1 (0–2), sin exacerbaciones en 3/6 pacientes. Los días de hospitalización/año disminuyeron de una mediana de 31,5 (0–262) a 1 (0–13); los días de tratamiento antimicrobiano, de 160 (28-237) a 7 (0–34). Se observó un cambio en los grupos de antimicrobianos empleados según AWaRe, disminuyendo el requerimiento del grupo Reserva. (Tabla 1). De los aislados microbiológicos, se objetivó menor heterogeneidad y virulencia asociada de los agentes (Tabla 2) El puntaje z del VEF1 mejoró en todos los pacientes, desde una mediana de -3,37 DE (-6,67 a -2,50 DE) a -2,94 DE (-5,89 a -0,01 DE). Los 2 pacientes con mayor mejoría del puntaje z del VEF1 presentaban el menor compromiso funcional basal, el paciente con peor función pulmonar basal mostró la menor ganancia funcional absoluta, No se registraron reacciones adversas atribuidas al uso de ETI. Durante el seguimiento, se evidenció una mejoría en cuanto a la composición corporal, con ganancia de tejido muscular. En esta serie, el uso de ETI se asoció a una marcada reducción en el número de exacerbaciones/año, días de hospitalización/año y días de tratamiento antimicrobiano, con un incremento en la función pulmonar en todos los pacientes. Se observó una menor heterogeneidad y virulencia en los agentes aislados post ETI. No se reportaron efectos adversos. Aunque limitado por el tamaño muestral, lo descrito concuerda con la evidencia internacional y respalda la necesidad de continuar evaluando su impacto en pediatría, incluyendo su uso en edades más tempranas y en otras mutaciones respondedoras.

Folio 218

CATORCE AÑOS DE VIGILANCIA CENTINELA DE LA IRAG POR INFLUENZA EN EL NORTE DE CHILE (2012–2025): TRAYECTORIA, CARGA ASISTENCIAL, GRAVEDAD POR SUBTIPO Y LETALIDAD

Autor principal: Olga Patricia Lopez Muñoz
Co-autores: Andres Eduardo Bugueño Bugueño; Alfonso Javier Cepeda Maldonado; Barbara Michelle Sarlot Toledo

Hay una percepción de que la infección respiratoria aguda grave (IRAG) tendría escasa magnitud en el norte de Chile. La IRAG es el vértice más grave de la pirámide de vigilancia respiratoria e integra hospitalizaciones, ingreso a cuidados críticos y muerte. Su magnitud refleja el impacto más severo de la influenza. Para vigilancia, IRAG es toda persona hospitalizada, fiebre ≥38 °C, tos y disnea, captada en la hospitalización. La influenza es la única causa viral de IRAG diagnosticada por PCR desde el inicio de la vigilancia centinela intensificada de este sitio en 2012, lo que constituye la serie temporal más larga y homogénea disponible —14 años— sin sesgo del cambio de IFD a PCR múltiple que afectó al resto del panel viral. Describir 14 años de vigilancia centinela (2012–2025), la trayectoria temporal de la IRAG por influenza, carga asistencial (proporción del total de IRAG hospitalizada por SE y año), su distribución por subtipo [A(H1N1)pdm09, A(H3N2), B], rango de edad y comorbilidad, su gravedad (ingreso a unidad de paciente crítico [UPC] y letalidad) y la correlación entre subtipo viral, grupo etario afectado y gravedad. Estudio descriptivo, retrospectivo, de la vigilancia centinela intensificada de IRAG del Hospital Dr. Ernesto Torres Galdames (Iquique), con datos de la plataforma PAHOFlu (OPS). Se incluyeron casos de Influenza (A o B) confirmada por PCR entre 2012 y 2025, técnica empleada durante toda la serie. La carga asistencial se estimó como la proporción de casos de influenza sobre el total de IRAG hospitalizada notificada por SE y año. Desenlaces de gravedad: ingreso a UPC y condición de egreso (letalidad). Se analizó subtipo viral, grupo etario y factores de riesgo. Se excluyeron los casos sin resultado de laboratorio definitivo o sin sexo registrado. Análisis agregado y anonimizado. 1.320 casos de IRAG por influenza de 17.143 IRAG notificadas en 14 años: 1.057 (80,1%) influenza A y 263 (19,9%) influenza B. Influenza A, A(H3N2) y A(H1N1)pdm09 se distribuyeron equitativamente (562 y 484 casos);. Flu B predominó el linaje Yamagata. La influenza mostró circulación estacional sostenida en 2012–2019 (48–177 casos/año; 5,4%–18,2% del total anual de IRAG), ausencia en pandemia (14 casos en 2020 y 4 en 2021; 0,7% y 0,3%) y reemergencia en 2022–2025 (76–158 casos/año; 4,3%–13,6%), máximos en 2019 (177) y 2024 (158). El 19,0% ingresó a UPC y la letalidad fue 7,7%. La influenza A presentó mayor letalidad que la B (8,5% vs 4,2%), sin diferencias relevantes entre A(H1N1)pdm09 (8,9%) y A(H3N2) (8,2%). Rango de edad:, < 2 años (12,1%), 2 a 4 años (6,7%), 5 a 19 años (14,8%), 20 a 39 años (8,7%), 40 a 59 años (15,4%) y 60 o más años (42,3%); este último grupo concentró la mayor letalidad (11,5%) frente a ≤0,6% en menores de 5 años. Perfil etario y subtipo: A(H1N1)pdm09 afectó más a adultos de 20–59 años (36,4% de sus casos, frente a 18,3% en A(H3N2)), con letalidad ya elevada en ese grupo (9,7%); A(H3N2) predominó en mayores de 60 años (50,2%); e influenza B fue más pediátrico-juvenil (49,0% en menores de 20 años). En mayores de 60 años la letalidad fue 14,7% para A(H1N1)pdm09, 11,3% para A(H3N2) y 5,3% para B. El 64,5% presentaba al menos un factor de riesgo —cardiopatía (20,5%), diabetes (19,7%), enfermedad pulmonar crónica (15,0%), asma (12,0%) e hipertensión (11,7%)—, y la letalidad fue casi el triple en presencia de comorbilidad (9,9% vs 3,6%). El 86,1% fue dado de alta y el 5,3% derivado a otro centro. La serie confirma a la influenza como causa estacional persistente de IRAG hospitalizada en el norte de Chile, con una carga asistencial de hasta 18% del total anual, desaparición en pandemia y una reemergencia desde 2022. 1/5 pacientes requiere UPC y la letalidad global alcanza 7,7%—, concentrada en adultos mayores y en personas con comorbilidad, y mayor para influenza A que para B. Patrón es coherente con la estimación nacional de carga de influenza (MINSAL/OPS, 2012–2014), que documentó mayor riesgo de enfermedad grave en las edades extremas. Estos hallazgos, refuerzan la prioridad de la vacunación antiinfluenza y del tratamiento antiviral precoz en adultos mayores y pacientes con factores de riesgo.

CASOS CLÍNICOS

ADULTOS

Tinción de Gram en bacteremia: la punta de un iceberg
Presentador: Christian Esveile Abraham

Fiebre prolongada y masa retroperitoneal masiva: un desafío diagnóstico en la práctica clínica
Presentador: Miguel Montiel Alfonso

Ver para creer: una infección oportunista que desafía los límites del tratamiento
Presentador: Héctor Coriano Vargas

Diarrea en migrante: más allá de lo evidente
Presentador: Olga López Muñoz

Llegó para quedarse: el agente emergente en Chile que debemos empezar a sospechar
Presentador: María Herrera Vergara

Nódulo pulmonar con halo en un paciente con leucemia aguda
Presentador: Pablo Cartes Aguilera

Entre lo obstétrico y lo infeccioso: un hallazgo pélvico inesperado
Presentador: Natalia Díaz Hernández

El dolor de cabeza de la terapia inmunosupresora en personas mayores
Presentador: Camila Lazcano Jorquera

Lesión lítica vertebral torácica con compresión medular en un paciente de zona rural: desafíos diagnósticos y barreras terapéuticas
Presentador: Josefa Elmohrez Rosas

Endocarditis fúngica sin opción quirúrgica: fungemia persistente y con resistencia emergente: ¿y ahora qué?
Presentador: Alexander Matus Castillo

PEDIATRÍA

¿Maltrato, displasia o tumor?: el misterio de un lactante de 2 meses
Presentador: Verónica Espinoza; Dr. Pablo Giacomozzi (tutor)

Negativo, negativo, negativo… ¿caso cerrado?
Presentador: Cecilia Piñera Morel

Silencio inmunológico, el precio oculto de la terapia biológica
Presentador: Dr. José Romero Muñoz, Dra. Cecilia Vizcaya (tutora)

El impostor plateado
Presentador: Dona Benadof, Mirta Acuña Ávila, Fernanda Ávila Urrejola, Juan Carlos Hormazabal y Verónica Contardo

Influenza como caballo de Troya: El peligroso e inesperado viaje al corazón
Presentador: Mirta Acuña

Cuando los mandamientos bíblicos fallan, ¿qué hacemos?
Presentador: Pía Boza Fuentes

Índice de autores

A

Abarca, Katia 8
Abarca Sullca, Rodrigo Ignacio Bruno 23
Abarca Villaseca, Katia 39, 68
Abarzúa Urrutia, Constanza 27
Acevedo Bastias, Nicolas 53, 130
Acevedo Herrera, Cristian Andrés 62
Acevedo Romo, Johanna 168, 169
Acosta Jamett, Gerardo 8, 151
Acuña Ávila, Mirta Isabel 57, 64, 107, 133, 151
Acuña Barrera, Javiera 91
Acuña, María 75
Acuña Montes, Camila 110
Afani Saud, Alejandro 88
Aguayo Barrientos, Valentina 93
Aguayo Garrido, Cristóbal 160
Aguayo Jenschke, Valentina 37
Aguayo Reyes, Alejandro 114
Aguayo Reyes, Ignacio 155
Ahumada Millar, Daniela 139
Ahumada Riquelme, Adriana 25
Ahumada, Rodrigo 126
Alarcón Andrade, Gonzalo 39, 68
Alarcón Flores, Fabrizio Ignacio 84
Alarcon Matheus, Andrea 68
Alarcón Zapata, Bárbara 174
Albornoz Guajardo, Simón Paolo 58
Albornoz Pieratttini, Milenka 143
Alexandra Peters, Uherek 151
Aliaga Campos, Braulio 19, 162
Allel Henríquez, Kasim 45
Allel, Kasim 6, 66, 125
Alocilla Velásquez, Oscar 44
Altamirano Flores, Tiare 165
Alvarez-Moreno, Carlos Arturo 10, 74
Alvarez Olguín, Sylvia 7
Álvarez Pérez, Verónica 29, 116, 170, 171
Alvear Miranda, Javier 92
Amador Carrasco, Roberto 7
Amaya Inzunza, Fernando 24
Anacona Pizarro, Daniel 163, 164, 166
Antolinez Theran, Yohanna Andrea 115, 161
Arancibia Henriquez, José Miguel 139
Aranda Guerra, Pablo 88
Araos Bralic, Rafael 153, 168, 169
Aravena Ibañez, Florencia 139
Aravena Yevenes, Diego 25
Araya Diaz, Ingrid 164
Araya, Juan 143
Araya Schulze, Loreto 62

Araya Vega, Pablo 157
Arellano Celedon, Camila Ignacia 42
Arias, César 16, 18
Arnes Ávila, José Pablo 39
Arratia Leiva, Gabriel 77, 118, 172
Astroza Agurto, Alejandro 56
Atero Fredericksen, Nicolhole 26
Ávila Oesterle, Fernanda 128
Avila Requena, Antonia 114
Ayala Pizarro, Salvador 36, 38
Azócar Aedo, Lucía 27, 28
Azocar, Teresa 8

B

Baez Maraboli, Fernando 49
Balcells Marty, María Elvira 6, 30, 66, 71
Baptista, Rodrigo 16
Barrera Mendez, Catalina 120
Barrera Sepúlveda, María 149
Barrera Vega, Boris 163, 164, 165, 166
Barria Carcamo, Sebastian 127
Barria Perez, Soledad Paz 50, 106
Barria Ruiz, Sandro 121
Barrientos Barria, Magaly 106
Barrientos Donoso, Carlos 43
Barrientos Saldivia, Marlene 29, 116, 171
Barrios Barrios, Guillermo 24
Bascuñán Moreno, César 19, 162
Bascuñán Silva, Felipe 129, 132
Bastías Sarmiento, Carla 88
Baumberger, Cecilia 142
Bello Toledo, Helia 160
Benadof Fuentes, Dona Nurit 64, 133
Benavente, Angélica 137, 138
Benavides Cuevas, Ignacio Andrés 60
Benavides, Julio 142
Benitez, Julio 75
Bernal Ortiz, Fernando 20
Berrios Oyrazún, Fabian 166
Bianco, Colleen 18
Blacksell, Stuart 8
Brañes, Alejandro 75
Brasó, Paulina 137, 138
Bravo Avila, Eduardo 84
Bravo Bravo, Felipe 134
Bravo Rodríguez, Ismael 38, 48, 125
Bravo Torres, Matías 29, 116, 170, 171
Briones Segui, Javier Andrés 122
Buckel, Erwin 75
Bugueño Bugueño, Andres Eduardo 108, 109, 178
Bugueño Villalón, Katherine 91
Bustamante Honores, Catalina 166

Bustamante Vargas, Francisca 34, 35
Bustos Guillén, César 129, 132
Bustos Medina, Luis Humberto 150
Bustos Miranda, Ana Margarita 95

C

Cabero Tello, Macarena 53, 141
Cabrera Diaz, Camila 21
Cabrera Herreros, Paulina 25
Campanini Salinas, Javier 127
Campbell, Amy Elizabeth 18
Campillay Molina, Rolando 88
Canales, Nicolas 173
Canales Paez, Ana 163, 166
Canales Sandoval, Nicolás Alberto 16
Canals Lambarri, Mauricio 45
Candia Herrera, Bernardo 31
Caniguante Barco, Guillermina 139
Cañadas Aragón, Claudia Patricia 10, 11, 74
Cañón Aranguren, Maria Alejandra 167
Carrasco Alvarez, Benjamin Rodrigo 150
Carrasco Anabalón, Sergio 154, 155
Carrasco Pérez, Carlos 43
Carrillo Hurtado, Felipe 152
Cartes Ruz, Fabiola 24
Carvajal, Carolina 85
Carvajal Velásquez, Michelle 28
Casanova, Tomás 72
Castanheira, Mariana 145
Castelli Torres, Anna Luz 117
Castilho, Jessica L. 13
Castillo Álvarez, Francisca 91
Castillo, Claudia 63
Castillo Mendoza, Bryan 38
Castillo Rozas, Gabriel 13
Castillo Vukovic, Claudio 7
Castro Álvarez, Luis Alejandro 122
Castro Moraga, María Eugenia 67
Castro Rodríguez, José Antonio 111, 112
Caviedes Avendaño, Gentil Javier 82, 96
Cepeda Maldonado, Alfonso Javier 108, 109, 178
Cerda, Jaime 40
Cerda Leal, Fabiola 31, 149
Cerda Valenzuela, Carolina 175, 177
Cereceda Oñate, Daniela 88
Cerón Araya, Inés María 83
Cerro Rocha, Sebastián Felipe 104
Chabouty Garcia, Henriette 114, 148
Chacón Fernández, María Carolina 100, 104
Chacón, Paula 64
Charpentier, Paulo 69, 135
Charpentier Videla, Paulo Eduardo 76

Chavez Montoya, Paula 148
Chávez Plaza, Bernardo 7
Chicuy Godoy, Luis 7
Chudnovsky, Mariana 40
Chuecas Jofré, Laura Amelia 107
Cid Muñoz, Daniel 144
Cifuentes, Sebastián 158
Codero Silva, Jocelyn 46
Collado González, Luis 158
Cona Trujillo, Erna 134
Concha Fuentes, Carla Andrea 122
Concha Toloza, Macarena 158
Conde Abeliuk, Christian 19, 162, 173, 176
Conejeros Pavez, José Daniel 66, 142
Contreras Silva, Denisse 55
Contreras Toledo, Ana María 80
Cortés Badilla, Felipe Ignacio 111, 112
Cortés Guerra, Daniel 67, 110
Cortés Moncada, Claudia P. 13, 86, 87, 94
Cruzat Hermosilla, Lucia 121
Cuellar Martínez, Mario 7
Curilen Valenzuela, Nadia 53

D

Da Fonseca Cechin, Carine 116, 170
Daniel Conejeros, José 6
Delgado, Natalia 126
Desmecht, Daniel 72
Diaz Brochero, Cándida 167
Diaz, Cristian 75
Díaz, Lorena 16, 18, 153, 161, 173
Díaz Medel, Carolina Alejandra 100, 104
Díaz Ortiz, Sandra Lorena 115, 168, 169
Diaz Sanchez, Nicole 166
Díaz Sepúlveda, Aldo 41
Díaz Sepúlveda, Alejandro 41
Diethelm Varela, Benjamín 26
Donoso Campos, Nicolás 15

E

Ebner Alvarez, Matias Ignacio 139
Elgorriaga Islas, Eliu 174
Endeiza Guidali, María Luz 129, 132
Errázuriz Ortiz, María Paz 48
Escobar Araya, Daniel 24
Escobar, Nadia 6
Escobar Salinas, Nadia 71
Espejo Herrera, Magdalena 129, 132
Espinoza Albornoz, Gabriel Ignacio 58
Espinoza Soto, María Fernanda 34, 35, 141
Espinoza Sotomayor, Damaris 175, 177
Espinoza Veloso, Florencia Karolina 60

Esquivel Esquivel, Natalia Daphne 95, 96
Estabrook, Mark 146, 147

F

Fariña Morales, Carolina 92, 105
Faúndes, Nicolas 126
Fernanda Yarad, Maria 135
Fernández Guardiola, Franco 45
Fernandez Mancilla, Constanza 84
Fernández Morandé, María Constanza 63
Fernandez Muñoz, Cristian 7
Fernández Muñoz, Gerardo 29, 116, 170, 171
Ferreccio Readi, Catterina 37
Ferreira Bacciarini, Joaquín 137, 138
Ferrés Garrido, Marcela 79, 80
Figueroa Valdebenito, Camila Francisca 122
Fink, Valeria 13
Flores Henríquez, Ivonne Alejandra 76
Flores, Ivonne 69, 135
Flores Rojas, Jimena 83

G

Gajardo Hernandez, Felipe 156
Galaz, Valeria 75
Galindo Contador, Carolina Ester 69, 76, 135
Gallardo Araya, Laura Andrea 107
Gallardo Paffetti, María 27, 28
Gallardo Perez, David 139
Gallo Cancino, Carlos 53, 54, 130
Gálvez Arévalo, Luis Ricardo 117
Gálvez Herrera, Fabián 80
Gálvez Romero, Anny 77
Gana Ansaldo, Juan Cristóbal 78, 80
García Cañete, Patricia 30, 77, 118
García, Cindya 137, 138
García, Cinthya 137, 138
Garcia, Daniel 75
García González, Carolina Nicolé 149
García, Patricia 16, 18, 40, 161
Garcia Sanchez, Emiliana 120
Garigliany, Mutien 72
Gatica Peña, Carolina Fernanda 150
Gelcich Crossley, Stefan 26
Gerardy, Mazarine 72
Gillet, Laurent 72
Godoy Herrera, Javiera 43, 159
Gomez Cornejo, Carlos Felipe 139
Gómez Inostroza, Sofía 144
Gomez Pino, Victor 88
González, Ana María 16
Gonzalez, Claudio 141
González García, Carolina Nicolé 31

González González, Claudio 19, 162
González Muñoz, Claudio 53, 54, 130
González Rocha, Gerardo 114, 144, 154, 155, 156, 157, 160
González Soto, Ana-María 153
González Soto, Maite 168, 169
Gonzalez Sulbaran, Idaura July 102, 103
González Villarroel, Tamara 118
Gotuzzo, Eduardo 13
Grinsztejn, Beatriz 13
Grosolli Mertens, Vanessa 148
Grünewald Manríquez, Benjamín Nicolás 58
Guajardo Oliva, Francisca Ignacia 149
Guerra Escobar, Carolina 21
Guerra Riveros, Cecilia 119
Guerrero Muñoz, Jesús Alejandro Ignacio 36
Guerrero Soto, Javiera Catalina 152
Gutierrez de Villanueva, Karina Gabriela 82
Gutiérrez Muñoz, Valentina 9
Guzmán Salas, Sheyla 91

H

Hegguilustoy Guajardo, Francisca Ignacia 111, 112
Henríquez Camelio, María De Los Ángeles 111, 112
Herbas Costas, Maria Shirley 101
Herrera Ahumada, Eva 34, 35
Herrera Alvarez, Victoria 55
Herrera Chávez, Néstor 144, 156
Herrera Chávez, Víctor 144, 156
Herrera Díaz, Carolina 7
Hidalgo Cea, Alejandro 163
Hidalgo Toledo, Constanza 99
Hueicha Mansilla, Karin Patricia 50, 106
Huerta Lorenzo, Belén 43
Huerta Veas, Natalia 92, 105
Huidobro Muñoz, Laura 37
Hurtado Castillo, Yenifer 77

I

Ibañez, Carolina 12
Idárraga Guerrero, Jazmín 77
Ignacia Schirmer, María 64
Ilabaca Carrasco, Franco 144
Infante, Emilia 125
Iturrieta, María 75
Izquierdo Copiz, Giannina 21

J

Jara Cifuentes, María Paulina 29, 116, 170, 171
Jara Guerrero, Pia 151
Jiménez Bluhm, Pedro 142
Jimenez Figueroa, Lorena 177
Jiménez Rocha, Sheyla 134

Jiménez Rodriguez, Javiera 118
Jorquera Vargas, Johanna 24
Junod López, Tania 159

K
Kassisse El Hage, Elias 29, 116, 170, 171
Koury, Krikor 62
Kruger Carrasco, Gabriel 163

L
Lafourcade Ramírez, Mónica 15, 129, 132
Lagos Villagran, Ana Maria 90
Largo D'Aiuto, Daniel 24
Larrazabal Reyes, Camilo 44
Laurens, Lilibeth 62
Leal Aranda, Paula 46, 47, 59
Lea Plaza, Rodrigo 129, 132
Le Corre, Nicole 79
Le Corre Pérez, Monique Nicole 9, 78, 80
León Farfán, Jorge Luis 104
Leon Osorio, Brian 59
Leon Paz, Luis 155
León Pino, José Manuel 58
Letelier Lazo, Iñaki 33
Levet, Cristobal 75
Leyton Tapia, María Belén 80
Li, Henry 146, 147
Lima Velasquez, Mildred 120
Lira Spinali, Marianella 92, 105
Lizana Gajardo, Felipe 9
Llantén González, David Alejandro 117
Londoño Jiménez, Alejandra 18
López Arcos, Eduardo 93
López Cantillo, Mónica Patricia 158
López Iñiguez, Álvaro 13
Lopez Muñoz, Olga Patricia 95, 96, 97, 108, 109, 178
Lorusso, Alessandro 72
Loyola Quintero, Jeniffer 37
Lu Yu, Jun Jie 152

M
Machado, Daisy 13
Mackenzie Martínez, Sebastián 167
Madrid Soto, Catalina 166
Maldonado Parra, Ignacio 31, 149
Mamani Garabito, Jhanneth 101
Mancilla Sierpe, Evelyn 85
Manríquez Cuadra, Isidora 160
Manuel Munita, José 153, 161
Marambio Ureta, María José 34, 35
Mardones Loyola, Fernando 26
Mardones Verdugo, Victoria 160

Marquez Jara, Carlos Diego 150
Márquez Valdebenito, Joaquín Guillermo 58
Martínez Bolívar, José Gregorio 84
Martinez Cornejo, Catalina Simone 136
Martínez, Edmundo 75
Martinez, Jose R. W. 18
Martinez Olivares, Pabla 164, 165, 166
Martinez, Rodrigo 153
Martinez Rodriguez, Paulina 175, 177
Martínez Rozas, Daniela 67
Martínez Solís, Rodrigo 168, 169
Martinez Valdebenito, Constanza 8
Matus Köhler, Maximiliano 114, 144, 154, 155, 157
Matus, Maximiliano 143
Maureira Quezada, Lea 168, 169
Mayer, Diego 126
Medina Palomera, Claudia Viviana 97
Meléndez Escobar, Romina Tamara 80
Mella Acevedo, Daniela 47, 59
Mella Montecinos, Sergio Mario 60
Melo Ledermann, Francisco 26
Mendes, Rodrigo E. 145
Méndez Valenzuela, Claudio Arturo 33
Mendoza, Rodrigo 69, 135
MICROB-R 161
Miño Morales, Cristobal 7
Miranda Thraves, Carolina 172
Molina Naranjo, Milena Francisca 96, 97
Molina Valenzuela, Sebastián Andrés 31, 149
Montecinos Pinuer, Patricio 127
Montenegro Moreno, Rodrigo 127
Montero, Maryori 99
Monterrosa Monterrosa, Claudia 53
Montesinos Abarca, Daniela Paola 42
Montoya Maturana, Daniela 134
Moraga Biava, Jhoseline 141
Morales, Catalina 69, 135
Morales Concha, Marjorie 99
Morales, Jose 75
Morales León, Felipe 160
Morales Pacheco, Catalina Ignacia 76
Moreno, Gloria 81
Moscoso Gutiérrez, Camila 54, 130
Moustafa, Ahmed M. 18
Munita, Jose M. 16, 18, 125, 173
Munita Sepúlveda, José Manuel 115, 168, 169
Muñoz Ávila, Agatha 163, 164, 166
Muñoz, Claudia 102, 103
Muñoz Llanos, Maribel 121
Muñoz Montecinos, Braulio 81
Muñoz Morales, Alex Roberto 139
Muñoz Sandoval, Judith 49

Muñoz Sandoval, Victor 121
Muñoz Urtubia, Camila 166
Muñoz Villarroel, Carla 90

N

Nadia, Escobar 66
Navarro Riquelme, Juan Andrés 177
Neira Castillo, Diego Alonso 42
Norero, Blanca 75
Núñez, Carolina 79
Núñez Palma, Carolina 77
Nuñez Soto, Daniela 164, 165, 166

O

Ocampo Avello, Renato Esteban 100, 104
Ojeda Francisco, Silva 163
Olea Melo, Diego Pablo 69, 76, 135
Olivares, Camila 75
Olivares Castillo, Roberto 128
Oliveros Zambrano, Karina 160
Onetti, Sofia 88
Oñate Gutierrez, Jose Millán 10, 11, 74
Opazo Capurro, Andrés 114, 143, 144, 154, 155, 156, 157, 160
Oporto Palma, Katherine 174
Órdenes González, Kely 91
Orellana Chea, Cristian Antonio 65, 124, 136
Orellana Infente, Claudia Beatriz 89
Orellana Taibo, Richard 133
Orellana Tolosa, Ignacio Alberto 31, 149
Ortega Quintana, Juan Diego 77
Ortunio Martínez, Manuel 19, 162
Ospino López, Ericarolina 167
Ovando Vidal, Sergio 90, 120
Oyarzún Manríquez, Cristobal 142

P

Pablos Aros, Tomás 57
Padilla Pérez, Oslando 111, 112
Palma, Danae 69, 135
Palma Durán, Danae Karine 76
Palma Gonzalez, Almendra Belen 42
Palma Vallejos, Daniel 128
Panesso, Diana 16
Pardo Villegas, Adrián 19, 162
Paredes, Fabio 13
Paredes Osses, Esteban 24, 154, 155
Parnizari, Andrés 137, 138
Parra Flores, Julio 29, 116, 170, 171
Parra Silva, Karola 29, 116, 171
Parra Verdugo, Boris 31
Passalacqua Hidalgo, Stephania 67
Pavez Aguilar, Mónica 175, 177

Peña Toro, Nicolás Alejandro 83
Peña, Valeria 69
Pereira Aljaro, Maria Alejandra 20
Pérez Bravo, Johonattan 91
Perez, Katherine 145, 146, 147
Perret Pérez, Cecilia Francisca 111, 112
Peso Soto, Ismael Patricio 82
Peters, Anne 16, 161
Petrova, Tetyana 72
Pidal Méndez, Paola 129, 132, 134
Pineda Contreras, Susana 174
Pizarro Cortés, Valeria 141
Planet, Paul J. 18
Plaza Soto, Francisca 154
Porte Torre, Lorena 113
Pozo Sanhueza, Patricia 91
Prat Vial, María 68
Puentes Apablaza, Enzo 52
Puentes Giusti, Francisca 110
Pulido Gutierrez, Martin Ignacio 42

Q

Quezada Aguiluz, Mario 155
Quezada Sandoval, Gerardo 25
Quintanilla Letelier, Raul 86, 87
Quintanilla Quintanilla, Dariana 128
Quiñonez Yepez, Tatiana 167
Quiroga Vergara, Camilo 167

R

Rajagopal, Swetha 18
Ramirez Olea, Macarena 166
Ramírez Santana, Muriel 91
Ramos Carbo, Nicolás Antonio 76
Ramos, Nicolas 69, 135
Rebolledo, Rolando 75
Red de Laboratorios MICROB-R, Chile 18
Retamal Cartes, Celia 127
Reyes Cabrera, Valentina 93
Reyes Fuentes, María Ignacia 29, 116, 170, 171
Reyes Hales, Diego 81
Reyes Vergara, Cristian 174
Rezende Landaeta, Enrico 26
Riedel Molina, Gisella 148
Rioseco Zorn, María Luisa 62
Rios Ortega, Montserrat 12, 73
Riquelme Navarrete, Yocelin 121
Riquelme Oyarzún, Raúl 62
Riquelme Vizcaya, Sebastián Andrés 78
Rivacoba Rojas, Maria Carolina 59
Rivas Jiménez, Lina María 115, 168, 169
Rivas, Lina 16, 18, 153, 161, 173

Rivaz Jímenez, Lina 142
Rivera Mendoza, Gonzalo Andres 150
Rivera Sandoval, Patricia 121
Robayo Martínez, Ivette 159
Robbiano Muñoz, Sofía 72
Rocha Aniñir, Daniela Paz 122
Rodrigo Martínez, José 16
Rodriguez Carrasco, Josefina 73
Rodríguez Cea, Jessica Marisol 104
Rodríguez De León, Francisco 137
Rodríguez, Francisco 138
Rodriguez Martinez, Andres 121
Rodríguez Morales, Andrés 93
Rodriguez Navarrete, Wilfred 121
Rodriguez Ruiz, Claudio 85
Rogers, Catalina 8
Rojas Aranguiz, Sofia 141
Rojas Gazco, Eduardo 129, 132
Rojas Medina, Gustavo 29
Rojas Soto, Pamela 63
Rojas Wetting, Loreto 127
Román Gomez, Juan Carlos 172
Romero Coo, Sebastián 160
Rosales Chacón, Ruth 53, 54, 130
Rosales, Ruth 125
Rosenblut Santolaya, Macarena 86
Ross Pérez, Patricio 77, 168, 172
Rubilar Olivares, Lilian 46
Ruiz Fonseca, Mauricio 55
Ruiz Merino, Pamela 43

S

Saavedra Romero, Pablo 152
Saavedra Sanchez, Claudia 163
Sabja Muñoz, Dominique 21
Sader, Helio S. 145
Saieg Viguera, María Esperanza 63
Saire Flores, Evelin 159
Salazar García, Liliana Judith 82
Salgado Villagrán, Fabiola 155, 160
Salinas, Andrea 79
Salinas Laval, Emilio 81
Salvador Saguez, Francisco 102, 103
Sánchez Jorquera, Francisca Isabel 76
Sanchez Leiva, Natalia Paulina 5, 32, 43, 159
Sánchez Troncoso, Marcela 29
Sanchez Valenzuela, Juan Eduardo 139
Sandoval Carmona, Alejandra 119
Sandoval Moreno, Lina Marcela 10, 11, 74
Sandoval Vargas, Diego 45
Sanfurgo Escobar, Valentina Jesús 115
Sanfurgo, Valentina 161

Sanhueza Almendra, Christian 165
Sanhueza Frigolett, Juan Manuel 25, 44
San Martín Illanes, Josefa Antonia 122
Sanoval Silva, Camila 127
Santana Sepúlveda, Roxana 57, 133
Santibañez Palma, Soledad 46
Santolaya De Pablo, Maria Elena 12, 73
Sarlot Toledo, Barbara Michelle 108, 109, 178
Schoenfeldt Trujillo, Fernanda 77
Schweinitz Núñez, Consuelo 78, 80
Sciaraffia Rubio, Alicia 88
Segovia Reyes, Francisca Elizabeth 124
Seguezza, Mariela 137, 138
Selman Bravo, Carolina Antoniett 76
Sepulveda Burgos, William 121
Sepúlveda, Luis 39
Sepulveda Venegas, Ana 121
Sepúlveda Viveros, Dino José Francisco 117
Severino Arias, Esteban 91
Shinya-hidalgo, Micaela 161
Siches Pastén, Izkia 87
Silva, Beatriz 12
Silva Ojeda, Francisco 164, 165, 166
Silva Vargas, Beatriz 73
Solar, Camila 153
Soto, Andres 69, 135
Soto Caniumil, Felipe 15
Soto, Katherine 16, 153, 161, 173
Sotomayor Fahrenkrog, Cristian 9
Soto Ojeda, Gonzalo 15
Soto Riffo, Jordan 164
Soto Silva, Andrés Fernando 76
Soto Sorbazo, Katherine Dennise 115
Soza Navarro, Natalia Andrea 42
Spencer Sandino, María 37, 40, 125
Springmüller Pinto, Daniel 78, 80
Stenos, John 8
Stone, Gregory 145, 146, 147
Sugg Herrera, Daniela 20

T

Tapia Cortes, Jaime 92, 105
Tapia Escárate, Daniela 25, 44
Teneb Lobos, Esteban 81
Theiller, Erin 18
Tinoco Cahuana, Javier Frank 69, 76, 135
Tobella Leiva, Lorena 114
Tognarelli Santiago, Javier 24
Tordecilla Fernández, Rocío 88
Torres García, Kevin 7
Torres, Germán 7
Torres Ortiz, Patricia 141, 173, 176

Torres San Martín, Juan Pablo 117, 156
Torres Torres, Veronica 120
Torres Torretti, Juan Pablo 21
Torres Valderrama, Javiera 144
Torres Villegas, Pamela 30
Trejos, Cristian 69, 135
Trejos Pino, Cristian Andrés 76
Troncoso Muñoz, Claudia Esperanza 89
Tuemmers Apablaza, Christian 25, 44
Twele Montecinos, Loreto 151

U

Ugalde, Juan Antonio 16
Ulloa, Karina 102, 103
Ulloa Villarroel, Danilo Francisco 50
Undurraga Fourcade, Eduardo Andrés 6, 26, 37, 40, 45, 48, 66, 71, 125, 142
Uribe Oliva, Gustavo Alberto 50, 106
Uribe Sanzana, Gabriel Alejandro 152
Urtubia Evert, Marcelo 51, 52
Usedo, Pedro 102, 103

V

Valdebenito, Nicolas 126
Valderrama Cortés, José Luis 51, 52
Valdevenido Saavedra, Dominique Ignacia 158
Valdivia Valdés, Mª Belén 119
Valdivieso Cantillana, Valentina Marcela 51
Valenzuela Cortes, Romina 73
Valenzuela Galaz, Gonzalo 9, 39, 68, 172
Valenzuela García, Pablo 30
Valenzuela Gonzalez, Lissette 24
Valenzuela, Gonzalo 79
Valenzuela Palacios, Fernanda Catalina 78
Valenzuela, Romina 12
Valenzuela Valenzuela, Angélica 128, 133
Valenzuela Vasquez, Luis 133
Varela, Diana 13
Vargas García, Salvador 6, 66, 71
Vargas Navarro, Felipe 85
Vargas Rojas, Nicole Jeannette 42
Vasquez Caceres, Juan 148
Vasquez Marrero, Giuliana Fernanda 150
Vasquez Vivar, Carolina Alexandra 95, 97
Velasquez Dueñas, Antonia Raquel 63
Vera Araya, Catherine 94, 176
Vera Mansilla, Javiera 113
Vera Velásquez, Claudia 98
Vergara Pinto, Paulina 141
Vial Claro, Pablo 48, 63
Vial Cox, Cecilia 48
Vidal Araya, José Miguel 43
Villagra Marin, Nicolas 163

Villagrán Paredes, Vanessa 29, 116, 170, 171
Villalobos, Karol 75
Villena Martinez, Rodolfo 21, 47, 59
Vives, Lorenzo 40
Vizcaya Altamirano, María Cecilia 9, 78, 80

W

Wagner Cardoso, Sandra 13
Ward Neumann, Cristobal 141
Weitzel, Thomas 8, 113
Wietstruck Peña, María Angélica 9
Winkler, Marisa L. 145
Wolff, Rodrigo 75
Wozniak Banchero, Aniela 118, 172

Y

Yáñez Silva, Fabián Alexander 61
Yarad Auad, María Fernanda 69, 76
Yohannssen Vasquez, Karla 128

Z

Zamora, Francisco 173
Zamora Vargas, Francisco 19, 34, 35, 84, 141, 162
Zanabria Linares, Tatiana 101
Zenis Briones, Javier 144
Zepeda Chávez, Francisca 174
Zurlo, Alessandra 147