



SOCIEDAD CHILENA DE
INFECTOLOGÍA
EDUCACIÓN MÉDICA CONTINUA

XXXIX

CONGRESO CHILENO DE **INFECTOLOGÍA** 2024

Miércoles 13 al Sábado 16
de Noviembre, 2024



Hotel: Le Meridien (Ex Crowne Plaza),
Santiago de Chile

PRESIDENTE COMITÉ CIENTÍFICO: **DR. FRANCISCO SILVA**

LIBRO DE RESÚMENES





Bienvenida Dr. Francisco Silva

Estimadas(os) asistentes, colaboradores y amigas(os)

*Es un placer darles la bienvenida al **XXXIX Congreso Chileno de Infectología**, un evento que nos reúne en torno al manejo de las enfermedades infecciosas y que es una plataforma para intercambiar conocimientos, compartir investigaciones y fortalecer nuestras redes de colaboración.*

En este encuentro queremos abordar los nuevos retos que se presentan en el ámbito de las enfermedades infecciosas. La resistencia antimicrobiana, las infecciones emergentes y la gestión de brotes, las infecciones en inmunocomprometidos, los cambios en los métodos diagnósticos, la infección por VIH y tantos otros temas, son cada vez de mayor importancia, requiriendo nuestra atención y un enfoque colectivo para enfrentarlos eficazmente.

La diversidad de disciplinas representadas aquí permite un intercambio enriquecedor, y es solo a través de este esfuerzo colaborativo y multidisciplinario que podremos mejorar nuestras estrategias de diagnóstico, prevención y tratamiento. Su participación es clave para el éxito de este congreso y para fortalecer nuestro compromiso con la salud de nuestro país

Agradecemos profundamente su presencia y entusiasmo. Estoy seguro de que las discusiones que surjan durante estos días serán de gran valor para todos.

Les deseo un congreso productivo y una experiencia llena de aprendizajes.



COMITÉ CIENTÍFICO



**Dra. María Cecilia
Vizcaya Altamirano**



Dra. Yasna Alarcon



**Dra. Marlene van
Capel Naser**



**Dra. María Elvira
Simian**



Dr. Álvaro Rojas



Dr. Andrés Soto Silva



**Dra. Valentina
Gutiérrez Muñoz**



**Dra. Margareta
Mühlhauser Peñaloza**



CONFERENCISTAS INTERNACIONALES



Dra. Carey-Ann
Burnham



Dr. José María
Aguado



Dr. Fabián Herrera



Dr. Eduardo López



Dr. Jonathan Li



Dr. Fernando
Pasteran



Dra. Ana Gales



Dr. Cledir Santos



Dr. Vicente Merino



CONFERENCISTAS NACIONALES

- Dra. María Paz Acuña
- Dr. Alejandro Aguayo
- Dr. Kasim Allel
- TM Fabiola Arias
- QF Marlon Barraza
- Dra. Dona Benadof
- Dr. Rodrigo Blamey
- Dr. Mauricio Canals
- Dra. María Eugenia Castro
- Dra. Inés Ceron
- Dra. Verónica Contardo
- Dr. Jaime De los Hoyos
- Dr. Luis Delpiano
- Dr. Carlos Espinoza
- Dra. Luz María Fuenzalida
- Dra. Patricia García
- Dra. Catalina Gutiérrez
- Dra. Mariluz Hernández
- Dr. Pablo Herrera
- Dra. María Isabel Jercic
- Dra. Leonor Jofré
- Dra. Gloria Marín
- Dr. José Manuel Munita
- Dr. Rodrigo Muñoz
- Dr. Renato Ocampo
- Dr. Mauro Orsini
- Dra. Regina Pérez
- Dra. Cecilia Perret
- Dr. Francisco Pinto
- Dra. Ricardo Rabagliati
- Dra. Mariella Raijmakers
- Dra. Ma. Luisa Rioseco
- Dr. Jaime Rodríguez
- Dr. Loreto Rojas
- QF Ruth Rosales
- Dr. Patricio Ross
- Dra. Alejandra Sandoval
- Dra. María Elena Santolaya
- Dr. Michel Serri
- Dr. Juan Pablo Torres
- Dr. Pablo Valenzuela
- Dr. Gonzalo Valenzuela
- Dra. Magdalena Vera
- Dra. Aniela Wozniak
- Dr. Francisco Zamora
- Dra. Juanita Zamorano



DISTRIBUCIÓN COMUNICACIONES ORALES

SALÓN BAQUEDANO
LABORATORIO DE MICROBIOLOGÍA Y
RESISTENCIA BACTERIANA

ORDEN	Nº DE PÁGINA
CO01	PÁGINA - 07
CO02	PÁGINA - 08
CO03	PÁGINA - 09
CO04	PÁGINA - 10
CO05	PÁGINA - 11
CO06	PÁGINA - 12

SALÓN ANTÁRTICA
ANTIMICROBIANOS Y RESISTENCIA
BACTERIANA

ORDEN	Nº DE PÁGINA
CO13	PÁGINA - 19
CO14	PÁGINA - 20
CO15	PÁGINA - 21
CO16	PÁGINA - 22
CO17	PÁGINA - 23
CO18	PÁGINA - 24

SALÓN LASTARRIA
INFECCIONES BACTERIANAS

ORDEN	Nº DE PÁGINA
CO07	PÁGINA - 13
CO08	PÁGINA - 14
CO09	PÁGINA - 15
CO10	PÁGINA - 16
CO11	PÁGINA - 17
CO12	PÁGINA - 18

SALÓN BAQUEDANO
VIH

ORDEN	Nº DE PÁGINA
CO19	PÁGINA - 25
CO20	PÁGINA - 26
CO21	PÁGINA - 27
CO22	PÁGINA - 28
CO23	PÁGINA - 29
CO24	PÁGINA - 30



**SALÓN LASTARRIA
ANTIMICROBIANOS Y RESISTENCIA
BACTERIANA**

ORDEN

Nº DE PÁGINA

CO25	PÁGINA - 31
CO26	PÁGINA - 32
CO27	PÁGINA - 33
CO28	PÁGINA - 34
CO29	PÁGINA - 35
CO30	PÁGINA - 36

**SALÓN ANTÁRTICA
INFECCIONES BACTERIANAS,
INFECCIONES EN
INMUNOCOMPROMETIDOS E
INMUNIZACIONES**

ORDEN

Nº DE PÁGINA

CO31	PÁGINA - 37
CO32	PÁGINA - 38
CO33	PÁGINA - 39
CO34	PÁGINA - 40
CO35	PÁGINA - 41
CO36	PÁGINA - 42



DISTRIBUCIÓN PÓSTERS

ORDEN	Nº DE PÁGINA	ORDEN	Nº DE PÁGINA
P01	PÁGINA - 46	P23	PÁGINA - 68
P02	PÁGINA - 47	P24	PÁGINA - 69
P03	PÁGINA - 48	P25	PÁGINA - 70
P04	PÁGINA - 49	P26	PÁGINA - 71
P05	PÁGINA - 50	P27	PÁGINA - 72
P06	PÁGINA - 51	P28	PÁGINA - 73
P07	PÁGINA - 52	P29	PÁGINA - 74
P08	PÁGINA - 53	P30	PÁGINA - 75
P09	PÁGINA - 54	P31	PÁGINA - 76
P10	PÁGINA - 55	P32	PÁGINA - 77
P11	PÁGINA - 56	P33	PÁGINA - 78
P12	PÁGINA - 57	P34	PÁGINA - 79
P13	PÁGINA - 58	P35	PÁGINA - 80
P14	PÁGINA - 59	P36	PÁGINA - 81
P15	PÁGINA - 60	P37	PÁGINA - 82
P16	PÁGINA - 61	P38	PÁGINA - 83
P17	PÁGINA - 62	P39	PÁGINA - 84
P18	PÁGINA - 63	P40	PÁGINA - 85
P19	PÁGINA - 64	P41	PÁGINA - 86
P20	PÁGINA - 65	P42	PÁGINA - 87
P21	PÁGINA - 66	P43	PÁGINA - 88
P22	PÁGINA - 67	P44	PÁGINA - 89



ORDEN	Nº DE PÁGINA	ORDEN	Nº DE PÁGINA
P45	PÁGINA - 90	P68	PÁGINA - 113
P46	PÁGINA - 91	P69	PÁGINA - 114
P47	PÁGINA - 92	P70	PÁGINA - 115
P48	PÁGINA - 93	P71	PÁGINA - 116
P49	PÁGINA - 94	P72	PÁGINA - 117
P50	PÁGINA - 95	P73	PÁGINA - 118
P51	PÁGINA - 96	P74	PÁGINA - 119
P52	PÁGINA - 97	P75	PÁGINA - 120
P53	PÁGINA - 98	P76	PÁGINA - 121
P54	PÁGINA - 99	P77	PÁGINA - 122
P55	PÁGINA - 100	P78	PÁGINA - 123
P56	PÁGINA - 101	P79	PÁGINA - 124
P57	PÁGINA - 102	P80	PÁGINA - 125
P58	PÁGINA - 103	P81	PÁGINA - 126
P59	PÁGINA - 104	P82	PÁGINA - 127
P60	PÁGINA - 105	P83	PÁGINA - 128
P61	PÁGINA - 106	P84	PÁGINA - 129
P62	PÁGINA - 107	P85	PÁGINA - 130
P63	PÁGINA - 108	P86	PÁGINA - 131
P64	PÁGINA - 109	P87	PÁGINA - 132
P65	PÁGINA - 110	P88	PÁGINA - 133
P66	PÁGINA - 111	P89	PÁGINA - 134
P67	PÁGINA - 112		



Comunicaciones Orales

**CARACTERIZACIÓN DE LA EMERGENCIA DE ENTEROBACTERIALES RESISTENTES A CARBAPENÉMICOS PRODUCTORES DE CARBAPENEMASAS EN LA RED DE LABORATORIOS MICROB-R**

Lina Rivas^{1,2}, María Paz Riquelme^{1,2}, Anne Peters^{1,2}, Yohanna Antolinez^{1,2}, Valentina Sanfurgo^{1,2}, Daniela Alvarado^{1,2}, Cecilia Zumarán³, Pamela Rojas⁴, Daniela Ramirez⁵, Lorena Porte^{2,6}, Francisco Silva⁷, María Luisa Rioseco⁸, Vijná Illesca⁹, Margareta Mühlhauser¹⁰, Juan Moreno¹¹, Patricio Suazo¹², Andrea Maripani¹³, Rafael Araos^{1,2}, Lorena Díaz^{1,2}, Patricia García^{2,3}, José Manuel Munita^{1,2}

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

(2) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research On Bacterial Resistance

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

(4) Hospital Padre Hurtado

(5) Hospital La Florida

(6) Clínica Alemana de Santiago

(7) Hospital Clínico Universidad de Chile

(8) Hospital de Puerto Montt (9) Hospital de Temuco

(10) Hospital DIPRECA

(11) Hospital de Iquique

(12) Hospital de Talca

(13) Hospital de Punta Arenas

Introducción: Las carbapenemasas son β -lactamasas que confieren resistencia a los carbapenémicos, antibióticos utilizados como última línea de tratamiento. La emergencia de Enterobacterales resistentes a carbapenémicos productores de carbapenemasas (ERC-PC) es una amenaza global. Las carbapenemasas se clasifican en 2 tipos principales: serino- β -lactamasas (SBL; e.g. KPC) y metalo- β -lactamasas (MBL; e.g. NDM y VIM). La rápida diseminación de MBL en Enterobacterales es especialmente preocupante debido a su amplio espectro de acción, su alto potencial de transferencia horizontal y a la limitada disponibilidad de alternativas terapéuticas confiables. En Chile, característicamente las ERC eran mayoritariamente no productoras de carbapenemasas; sin embargo, datos regionales sugieren que a partir del año 2020, se ha observado un incremento importante en la detección de cepas de ERC-PC.

Objetivo: Caracterizar la emergencia de ERC-PC recolectados en la Red de Laboratorios MICROB-R entre diciembre de 2018 y junio de 2024.

Metodología: Se analizaron todos los aislados de ERC recuperados de sangre u otros líquidos estériles y muestras obtenidas mediante procedimientos invasivos, recolectados de forma prospectiva, en los 11 centros que conforman la Red de Laboratorios MICROB-R. Se realizó la confirmación de especie mediante MALDI-TOF y la susceptibilidad antimicrobiana por la técnica difusión en disco, según CLSI 2024. La resistencia a carbapenémicos se definió como no susceptibilidad a ≥ 1 de los tres carbapenémicos evaluados (ertapenem, meropenem y/o imipenem). Todos los aislados de ERC fueron estudiados con PCR para la detección de los genes *bla*_{KPC}, *bla*_{NDM} y *bla*_{VIM}.

Resultados: De los 2.023 aislados de ERC recolectados, el 74% (n=1.493) correspondieron a *K. pneumoniae*, el 15% (n=296) a *E. cloacae* complex y el 12% (n=234) a otras especies. El 59% de las muestras provenían de sangre, 28% de tejido y 13% de líquidos estériles. El 37% (n=752) de las ERC fueron positivas para al menos un gen de carbapenemasa. De ellas, 41% (n=306) fueron positivas para *bla*_{KPC}, 48% (n=359) para *bla*_{NDM} y 7% (n=54) para *bla*_{VIM}; en un 4% (n=33) se encontró coproducción de carbapenemasas. La prevalencia de ERC-PC mostró un incremento notable desde 9% en 2018 hasta 46% en 2023. Durante los primeros 6 meses de 2024 la prevalencia de ERC-PC alcanzó 55%. La frecuencia de ERC-PC del tipo SBL aumentó de 3% en 2018 a 14% en 2023. Similarmente, los aislados productores de MBL aumentaron, desde 6% en 2018 a 29% en 2023. La MBL más frecuentemente encontrada fue *bla*_{NDM}, la que pasó de 3% a 26% durante el periodo de estudio. El 90% de las cepas de ERC-PC fueron no susceptibles a los 3 carbapenémicos. Con contraste, solo 8% en cepas de ERC no productoras de carbapenemasas fueron no susceptibles a todos los carbapenémicos, siendo la mayoría resistentes a ertapenem (98%) y susceptibles a imipenem (90%).

La frecuencia del tipo de carbapenemasas varió según la especie bacteriana. En *K. pneumoniae*, observamos una frecuencia similar entre *bla*_{KPC} y MBLs (15% vs 13%, respectivamente). En contraste, *bla*_{NDM} predominó en *E. cloacae* complex, con un 32% de frecuencia vs. 11% de *bla*_{KPC}. Por último, la frecuencia de cepas co-productoras de carbapenemasas aumentó a partir del año 2021, con 11 aislados productores de *bla*_{KPC}/*bla*_{NDM} y 1 aislado productor de *bla*_{NDM}/*bla*_{VIM}.

El análisis por región mostró que en la RM del total ERC el 50% era PC, en contraste con el norte que presentó solo un 4% y la zona sur un 14%.

Conclusión: Reportamos un aumento de la prevalencia de ERC-PC, especialmente de ERC productoras de MBL en el país. Este aumento presenta un desafío significativo para el control de infecciones y para el manejo de nuestros pacientes. Por ello, es crucial mejorar la vigilancia y el diagnóstico oportuno de los aislados de ERC-PC.

Keywords: Enterobacterales, Resistencia a carbapenémicos, Carbapenemasas



EMERGENCIA DE LINAJES COMUNITARIOS DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS RESISTENTE A METICILINA EN CHILE

Jose Rodrigo Waldemar Martínez Solís^{1,2}, Amy Campbell³, Lina Rivas^{1,2}, Anne Peters^{1,2}, Lorena Diaz^{1,2}, Ana Quesille-Villalobos^{1,2}, Alejandro Ignacio Aguayo-Reyes^{4,5}, Mario Quezada-Aguiluz^{4,5}, Juan Moreno^{2,6}, Nicole Villarroel^{2,6}, Gonzalo Rivera^{2,7}, Vijnna Illesca^{2,7}, Ahmed Moustafa³, Paul J Planet³, Patricia García^{2,8}, José Manuel Munita^{1,2,9}

- (1) Genomics & Resistant Microbes (GeRM), ICIM, Facultad de Medicina Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo, Chile.
- (2) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research On Bacterial Resistance (MICROB-R).
- (3) Division of Pediatric Infectious Diseases, Children's Hospital of Philadelphia, Philadelphia, USA.
- (4) Grupo de Estudios en Enfermedades Infecciosas UdeC (GrEEn-UdeC), Unidad de Infectología, Depto de Medicina Interna, Universidad de Concepción, Chile.
- (5) Grupo de Estudios de Resistencia Antimicrobiana (GRAM), Universidad de Concepción, Chile.
- (6) Hospital de Iquique, Iquique, Chile.
- (7) Hospital de Temuco, Temuco, Chile
- (8) Departamento de Laboratorios Clínicos, Escuela de Medicina, Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile
- (9) Hospital Padre Hurtado, Santiago, Chile.

Antecedentes: La diseminación mundial de *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (SARM) se asocia a la aparición de linajes genéticos que predominan en regiones geográficas específicas. Caracterizar las dinámicas epidemiológicas de SARM es fundamental para contener las infecciones causadas por este patógeno. Reportes recientes sugieren que el clon chileno-cordobés (ChC), un linaje ST5-SCCmecI que ha predominado en Chile desde fines de la década del 90, ha disminuido su frecuencia desde 94% en el 2000 hasta un 48% en 2016. Sin embargo, la epidemiología molecular de SARM en el país posterior a esa fecha no ha sido estudiada y no hay información respecto al rol actual de los linajes comunitarios (e.g. ST8-SCCmecIV) como causa de infecciones invasoras en Chile.

Objetivo: Estudiar la epidemiología genómica de SARM en Chile.

Métodos: Se recolectaron 263 cepas consecutivas de SARM provenientes de infecciones invasoras en 11 centros hospitalarios chilenos durante el año 2022. Se evaluó la susceptibilidad a gentamicina (GEN), eritromicina (ERY), tetraciclina (TET), ciprofloxacino (CIP), clindamicina (CLI), trimetoprim-sulfometoxazol (SXT), y rifampicina (RIF) por disco-difusión (CLSI 2024). Se secuenció el genoma completo del primer aislado por paciente (n=181) por plataforma Illumina y se caracterizó el linaje genético por medio del secuenciotipo (ST) y del tipo de SCCmec. Además, se evaluó el resistoma y se realizaron análisis filogenómicos para determinar las relaciones entre los distintos linajes.

Resultados: De las 263 cepas, 141 (54%) fueron obtenidas desde sangre, 101 (38%) desde tejido y 21 (8%) desde otros líquidos estériles. Se observó una alta tasa de no-susceptibilidad a ERY (73%), CIP (65%) y CLI (61%), y una alta susceptibilidad a GEN (77%), TET (95%), RIF (98%) y SXT (100%). El análisis de los 181 genomas reveló que los linajes más frecuentes fueron ST5-SCCmecI (n=73, 40%), seguido por ST8-SCCmecIV (n=38, 21%), ST105-SCCmecII, (n=34, 19%), ST225-SCCmecII (n=9, 5%), y ST72-SCCmecIV (n=8, 4%). Además, se identificaron otros 13 linajes diferentes encontrándose el SCCmec tipo IV (usualmente descrito en linajes comunitarios) en 12 de ellos (n=18 genomas, 10%). Observamos importantes diferencias geográficas en la frecuencia de los linajes de SARM. Mientras que el linaje ST5-SCCmecI alcanzó un 59% (n=45) en los centros del sur y un 30% (n=22) en la región metropolitana (RM), sólo representó un 19% (n=6) en los centros del norte del país. En ésta última región, un 58% de la muestra estuvo compuesta por los linajes ST8-SCCmecIV y ST225-SCCmecII (29% cada uno). También se observaron diferencias en la frecuencia de ST105-SCCmecII, pasando de un 26% en la RM a sólo un 3% en el norte de Chile. El análisis filogenómico reveló la presencia de varios eventos de divergencia dentro del linaje ST5-SCCmecI, lo cual podría estar relacionado con la baja frecuencia de este linaje.

Conclusiones: Nuestros resultados sugieren que existen importantes diferencias geográficas en la epidemiología molecular de SARM circulando en Chile. Si bien el linaje ST5-SCCmecI sigue predominando en el sur del país, nuestros datos sugieren que ha habido un importante aumento de linajes comunitarios en el norte del país. Estos resultados refuerzan la importancia de la vigilancia activa y la caracterización genómica para el estudio de la epidemiología molecular de SARM.

Keywords: Staphylococcus aureus, Genómica, SARM comunitario

Acknowledgments: Agradecemos a la red de hospitales y colaboradores MICROB-R

**EFFECTIVIDAD IN VITRO DE AZTREONAM/AVIBACTAM EN AISLADOS CLÍNICOS DE ENTEROBACTERIALES RESISTENTES A CARBAPENÉMICOS PRODUCTORES DE METALLO-CARBAPENEMASAS.**

Diego Madriaga ^{1,2}, Leandro Jeréz ^{1,2}, **Jose Rodrigo Waldemar Martínez Solís** ^{1,2}, Lina Rivas ^{1,2}, Lorena Diaz ^{1,2}, Ana Quesille Villalobos ^{1,2}, Maria P Riquelme ^{1,2}, Valeria Quiroz ^{1,2}, Katherine Soto ^{1,2}, Yohanna Antolinez ^{1,2}, Pamela Rojas ^{2,3}, maria luisa Rioseco Zorn ^{2,4}, Loreto Rojas Wettig ^{2,4}, Patricia García ^{2,5}, José Manuel Munita ^{1,2,3}

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

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

(3) Hospital Padre Hurtado, Santiago, Chile.

(4) Hospital de Puerto Montt, Puerto Montt, Chile.

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

Introducción: La diseminación de Enterobacteriales resistentes a carbapenémicos productores de metalo-carbapenemasas (ERC-MC) es un importante problema de salud pública mundial debido a las limitadas opciones terapéuticas disponibles. En Chile, la prevalencia de ERC-MC ha aumentado a partir de los últimos años. Una alternativa potencialmente útil contra ERC-MC es aztreonam (ATM), un monobactámico que no es eficientemente hidrolizado por metalo-carbapenemasas. Sin embargo, un alto porcentaje de ERC-MC portan también serino beta-lactamasas (SBL), enzimas que habitualmente inactivan ATM. Datos *in vitro* sugieren que la combinación de ATM con avibactam, un eficiente inhibidor de SBL, presenta excelente actividad contra ERC-MC e incluso, en la práctica clínica, la sinergia entre ceftazidima/avibactam (CZA) y ATM ha mostrado ser eficiente en el tratamiento de estos patógenos. Actualmente, la combinación aztreonam-avibactam (AZA) se encuentra aún en fase de desarrollo y no está disponible en nuestro país, por lo que la efectividad de AZA frente a aislados clínicos de ERC-MC que circulan en hospitales chilenos no ha sido evaluada.

Objetivo: Determinar la actividad *in vitro* de AZA frente aislados clínicos de Enterobacteriales resistentes a carbapenémicos productores de metalo-carbapenemasas.

Métodos: Se evaluaron 84 aislados clínicos de ERC-MC recolectados de sangre entre 2018 y 2022 desde 11 hospitales chilenos. La identificación de especie se confirmó por MALDI-TOF y se detectó la presencia de *bla*_{KPC}, *bla*_{NDM}, *bla*_{VIM}, *bla*_{CTX-M}, *bla*_{SHV} y *bla*_{TEM} mediante PCR. Se determinó la concentración inhibitoria mínima (CIM) a ATM y AZA mediante microdilución en caldo según CLSI 2024 con un rango de concentraciones de ATM desde 0,25 hasta 256 µg/mL y manteniendo una concentración constante de 4 µg/mL de avibactam. Considerando que no existen valores de corte para AZA, se usaron los valores de corte de ATM para su interpretación categórica. Se incluyó la cepa de referencia *Pseudomonas aeruginosa* ATCC27853 en todos los experimentos. Se realizó secuenciación de genoma completo por plataforma Illumina a 31 aislados.

Resultados: Del total, 50 (60%) aislados fueron identificados como *Klebsiella pneumoniae* (Kpn) y 34 (40%) como *Enterobacter cloacae* complex (Ecc). Todos los aislados fueron confirmados como ERC-MC; 60 portaban *bla*_{NDM} (43 Kpn; 17 Ecc), 19 *bla*_{VIM} (5 Kpn; 14 Ecc), 3 *bla*_{VIM}-*bla*_{NDM} (todos Ecc), 1 *bla*_{KPC}-*bla*_{VIM} (Kpn) y 1 *bla*_{KPC}-*bla*_{NDM} (Kpn). Adicionalmente, 78/84 aislados contenían además una SBL (*bla*_{CTX-M}, *bla*_{SHV} o *bla*_{TEM}), siendo la más frecuente *bla*_{CTX-M} (n=67, 80%). La CIM_{50/90} para ATM y AZA fue de 64/512 µg/mL y 1/32 µg/mL, respectivamente. Un 20% de la colección fue susceptible a ATM *in vitro*, mientras que 85% de los aislados demostraron susceptibilidad a AZA. Trece aislados fueron clasificados como no-susceptibles a AZA, con un rango de CIM de 8 a >128 µg/mL y 10 de ellos mostraron una reducción de al menos 3 diluciones en su CIM. Interesantemente, 9 aislados Kpn fueron no susceptibles a AZA y presentaron PCR positiva para *bla*_{NDM} y *bla*_{CTX-M}. Finalmente, se realizó secuenciación de genoma completo de 31/84 aislados (21 Kpn y 10 Ecc), incluyendo 2 Kpn no susceptibles a AZA (Kpn01, CIM=16 µg/mL; Kpn02, CIM>256 µg/mL). Todos los genomas contenían el alelo *bla*_{NDM-7}. Los aislados Kpn01 y Kpn02 portaban *bla*_{CTX-M-15} y *bla*_{TEM-14} además de *bla*_{SHV-1} o *bla*_{SHV-11}. Kpn02 (CIM AZA >256 µg/mL) presentaba la mutación D135DGD en *ompK36*, cambio que no fue observado en ninguno de los otros aislados secuenciados.

Conclusiones: Observamos una alta tasa de susceptibilidad a AZA en aislados chilenos de ERC-MC, sugiriendo que, en un escenario donde esta droga se encuentre disponible, podría ser una alternativa útil para el tratamiento de este tipo de infecciones. Por otro lado, encontramos un 15% de no susceptibilidad a AZA e identificamos un aislado altamente resistente con cambios en OmpK36. Los mecanismos moleculares de resistencia a AZA forman parte de nuestros estudios en curso.

Keywords: Aztreonam, Avibactam, Enterobacteriales, Metalocarbapenemasas

Financing: Proyecto ANID Fondecyt 1211947

Acknowledgments: Agradecemos a la red de laboratorios y colaboradores MICROB-R.



Area: Diagnóstico de laboratorio

C004

DETECCIÓN TEMPRANA DE CARBAPENEMASAS MEDIANTE UN TEST INMUNOCROMATOGRÁFICO DIRECTO DESDE HEMOCULTIVOS POSITIVOS PARA OPTIMIZAR EL USO DE ANTIMICROBIANOS

Aniela Wozniak^{1,2,3}, Patricia García^{1,2,3}, Ana María Guzmán^{1,2}, Pamela Rojas^{3,4}, Sofía Neculhueque⁴, Catalina Ruminado⁴, José Munita^{3,4,5}, Anne Peters^{3,5}

- (1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Laboratorios Clínicos, Medicina, Vicuña Mackenna 4686, Santiago, Chile
- (2) Red de Salud UC-CHRISTUS, Servicio de Laboratorios Clínicos, Vicuña Mackenna 4686, Santiago, Chile
- (3) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research on Bacterial Resistance, MICROB-R, Santiago, Chile
- (4) Hospital Padre Hurtado, Laboratorio de Microbiología, Esperanza 2150, San Ramón, Santiago, Chile
- (5) Universidad del Desarrollo., Genomics and Resistant Microbes (GeRM), Facultad de Medicina, ICIM, Clínica Alemana, Santiago, Chile

Introducción: Las infecciones del torrente sanguíneo (ITS) son causa importante de mortalidad. Las enterobacterias productoras de carbapenemasas (CPE) y *Pseudomonas aeruginosa* productora de carbapenemasas (CPPA) son un desafío para el manejo de las ITS ya que el tipo de carbapenemasa es desconocida al momento de la positividad del hemocultivo (HC). El inicio empírico con ceftazidima/avibactam (CZA) es eficaz para OXA-48 y KPC, pero no en metalo- β -lactamasas (MBLs) que son prevalentes en Chile (61% en CPE y 71% en CPPA). Las pruebas rápidas actuales basadas en amplificación de ácidos nucleicos son de alto costo y no siempre están disponibles en los laboratorios de microbiología clínica. Existen pruebas inmunocromatográficas (IC) para detectar carbapenemasas directamente en HCs positivos de enterobacterias, sin embargo, no se han encontrado reportes en *P. aeruginosa*.

Objetivo: Evaluar una prueba IC rápida y de bajo costo directamente a partir de HC positivos con enterobacterias y *P. aeruginosa* para la identificación temprana de carbapenemasas.

Material y método: Se analizaron 33 muestras en total (30 positivas y 3 negativas); 22 HCs positivos de pacientes del Hospital Clínico UC (n=9) y Hospital Padre Hurtado (n=13) y 11 HCs inoculados en el laboratorio con enterobacterias y *P. aeruginosa* obtenidas de diversas fuentes (HCs, muestras respiratorias, abscesos e hisopados rectales). La especie bacteriana y la carbapenemasa fueron identificadas en los hospitales de origen por los métodos habituales (PhoenixTM y prueba IC CorisTM en HPH y MALDI-TOF y prueba IC GenoBioTM en HUC). Las especies bacterianas y carbapenemasas de las cepas analizadas en este trabajo correspondieron a 4 *Enterobacter cloacae* complex-NDM, 7 *Klebsiella pneumoniae*-NDM, 3 *Klebsiella pneumoniae*-NDM+KPC, 9 *P. aeruginosa*-VIM, 3 *Klebsiella oxytoca*-KPC+NDM, 2 *P. aeruginosa*-KPC, 1 *K. pneumoniae*-OXA-48, 1 *E. cloacae* complex-NDM+VIM (con distribuciones similares tanto en los HCs de pacientes como en los HCs inoculados en el laboratorio), y como controles negativos 2 *P. aeruginosa* y 1 *E. coli* no productoras de carbapenemasas. Las muestras inoculadas fueron cargadas en frascos de HC con 6-10 mL de sangre de un donante sano más 100-300 μ L de una suspensión McFarland 0,5 diluida 1/100.000 e incubadas en el sistema BACT/ALERT VIRTUOTM resultando positivas en promedio en 12,4 h (rango 5,7-17,0 h). Para la prueba IC desde HCs (GenoBioTM, China), se incubaron 500 μ L de HC durante 15 min con 300 μ L de SDS 10 % para la lisis de eritrocitos. Los tubos se centrifugaron y el pellet se lavó con 1 mL de agua destilada. Se agregaron 5 gotas de solución de lisis y se depositaron 50 μ L de la mezcla en el cassette IC. Los resultados se leyeron a los 25-30 min.

Resultados: El % de concordancia de la prueba IC directa de HC y la prueba estándar fue del 94% ya que hubo un HC de paciente con *P. aeruginosa*-KPC que mostró un IC negativo y un HC de paciente con *K. pneumoniae*-NDM que mostró una banda para NDM y además una banda inespecífica en OXA-48. Ambas cepas fueron aisladas del HC y analizadas por PCR confirmando la presencia de KPC en la primera muestra y solo detectando NDM en la segunda. Las cepas no productoras de carbapenemasas fueron negativas.

Conclusiones: La determinación de carbapenemasas por prueba IC directa desde el HC es factible y de bajo costo para los laboratorios clínicos. Para aumentar el rendimiento de la prueba se analizará un mayor número de HCs. Esta prueba contribuirá a la detección temprana de carbapenemasas en HC, máximo en 1 h desde la positividad, lo que permitirá ajustar el tratamiento empírico inicial y evitar el uso innecesario de antibióticos de amplio espectro.

Keywords: test inmunocromatográfico, carbapenemasas, hemocultivos, detección temprana

Financing: Departamento de Laboratorios Clínicos, Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile

Acknowledgments: Queremos agradecer al personal del Laboratorio de Microbiología y del Laboratorio de Urgencia del Hospital Clínico de la Red de Salud UC-CHRISTUS



Area: Infecciones emergentes, zoonóticas y parasitarias

CO05

BACTERIOFAGOS COMO ALTERNATIVA DE PRECISIÓN PARA EL CONTROL DE SALMONELLA INFANTIS MULTIRRESISTENTE EN CARNE DE POLLO.**Marcia Suarez**¹, Dacil Rivera¹, Rocio Barron-Montenegro¹, Diana Álvarez-Espejo¹, Andrea Moreno-Switt¹

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Facultad de Ciencias Biológicas y Facultad de Medicina, Avenida Vicuña Mackenna 4860, 6904411 Santiago, Macul, Región Metropolitana, Santiago, Chile

Introducción: En Chile, *Salmonella* Enteritidis es el serovar más común en casos clínicos, seguido por *S. Typhimurium*. Sin embargo, entre 2009 y 2018, los aislamientos de *S. Infantis* aumentaron significativamente, alcanzando en el 2018 una frecuencia similar a la de *S. Typhimurium*, con alta resistencia antimicrobiana (RAM) a ampicilina (58%), cefotaxima (56%), cloranfenicol (56%) y sulfametoxazol (48%), según datos del Instituto de Salud Pública. Actualmente *S. Infantis* ha sido aislada desde agua de riego, animales y particularmente aves de corral; así como en alimentos y casos humanos. Entonces, frente al desafío de control de *S. Infantis*-AMR, los bacteriófagos (fagos) surgen como una alternativa prometedora y precisa, debido a que los fagos, tienen alta especificidad y capacidad controlar rápidamente poblaciones bacterianas (lisis bacteriana). Este estudio consistió en desarrollar una formulación-base de fagos y evaluar 4 estrategias de aplicación para el control de *S. Infantis*_RAM en carne de pollo.

Objetivo: Desarrollar formulación-base de fagos y comprobar la eficacia en la aplicación de estrategias para el control de *S. Infantis*_RAM en carne de pollo.

Material y Método: Se seleccionaron cuatro fagos con efecto lítico frente *S. Infantis*-AMR-PUCV57 (hospedera). Para desarrollarla la formulación-base de fagos segura e inocua, se desarrollaron las siguientes etapas: i) amplificación de fagos se realizó utilizando *S. Infantis*-hospedera y formulación-base de 4 fagos individuales y en cóctel (mezcla en igual proporción y concentración de 10^8 UFP/mL), ii) análisis genómico y taxonómico por secuenciación y microscopía electrónica de transmisión (TEM); iii); evaluación de efectividad de lisis frente a 14 cepas de *S. Infantis*_RAM de diferentes orígenes.

Después de verificar la inocuidad y eficacia de cada fago en condiciones de laboratorio, se desarrollaron 4 estrategias para la aplicación de formulación-base de fago (10mL) en 100 g de carne de pollo completando 1 lt con agua estéril. Cada estrategia tuvo por finalidad simular procesos de producción industrial en los cuales podría ser aplicados los fagos. Las estrategias fueron E1: inmersión de la carne de pollo, E2: aspersión, E3: inmersión en marinado al 11%, y E4: inmersión con ácido peracético 400ppm (AP). Fueron tomadas muestras a tiempo 0 y a los 30 minutos, para evaluar la viabilidad de fagos por el título viral. Todos los ensayos fueron desarrollados en tres réplicas y la evaluación de identidad de cada fago se realizó por PCR utilizando las secuencias de cada fago para el diseño de partidores.

Resultados: Los cuatro fagos seleccionados fueron: F1, F2, F3 y F4, con tamaños genómicos para F1 48kb, F2 85kb, F3 49kb y F4 109kb. No presentan genes de virulencia o resistencia antimicrobiana. Y se observó diferencia genéticas y taxonómicas entre los fagos F1 y F3 que pertenecen al género viral *Tisvirus*, F2 *Felixounavirus* y F4 *Tequintavirus*. La efectividad de lisis del fago individuales fue: para F1 del 71,4% de las cepas *S. Infantis* probadas (N=14); para F2 del 50%, para F3 del 71,4%, y para F4 del 28,6%. Mientras que el cóctel (mezcla de 4 fagos) mostró un 92,8%.

Con respecto a las estrategias, no se obtuvieron diferencias significativas en los grupos E1-E3 con un título constante de 10^8 UFP/mL (tiempo 0 y 30 min). Mientras que E4_AP mostró la eliminación total de fagos.

Conclusiones: Los fagos seleccionados demostraron ser inocuos y eficaces para el control de *S. Infantis* en condiciones de laboratorio y en aplicación en carne de pollo. La formulación base de fagos demostró estabilidad frente a todas las estrategias de aplicación excepto E4 con AP, la cual eliminó todos los fagos. Los fagos pueden representar como una opción prometedora para disminuir *S. Infantis*_RAM en productos cárnicos.

Keywords: Salmonella Infantis, Fagos como alternativa de precisión, bacteriófagos (fagos)

Financing: Proyecto FONDEF IDEA I+D ID23I10093

Acknowledgments: Bacteriophage and Foodborne Pathogens Research Laboratory MedVet-UC



Área: Microbiología

CO06

ESTUDIO DE CLONALIDAD RÁPIDO DE STENOTROPHOMONAS MALTOPHILIA: UN PATÓGENO EMERGENTE A NIVEL HOSPITALARIO

Pablo Caballero-Díaz¹, Javiera Jiménez², Patricio Ross⁶, Claudia Castillo⁵, Javier Hernández⁵, Francisca Caro⁵, Andrea Moreno Switt^{3,4}, Aniela Wozniak^{2,4,5}, Patricia García^{2,4,5}

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Estudiante Departamento Ingeniería Química y Bioprocesos, Escuela de Ingeniería, Av. Vicuña Mackenna 4860, Santiago, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Laboratorios Clínicos, Escuela de Medicina, Av. Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Medicina, Agronomía y Ciencias Biológicas, Escuela de Medicina Veterinaria, Av. Vicuña Mackenna 4860, Santiago, Chile

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

(5) Red de Salud UC-CHRISTUS, Laboratorio de Microbiología, Servicio de Laboratorios Clínicos, Centro Médico San Joaquín 3er piso, Av. Vicuña Mackenna 4860, Santiago, Chile

(6) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Enfermedades Infecciosas del Adulto, Escuela de Medicina, Av. Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile

Introducción: *Stenotrophomonas maltophilia* es un patógeno oportunista emergente asociado a la atención de salud, ocasionando infecciones aisladas y en brotes. En los últimos años, además, se ha reportado en el mundo un aumento de la resistencia a levofloxacina y cotrimoxazol. La electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE) es el método de referencia para el estudio de clonalidad, sin embargo, es lento y laborioso, por lo que disponer de un método rápido sería de gran importancia epidemiológica. La espectroscopia infrarroja con transformada de Fourier (FT-IR), es un método rápido, de reciente introducción en el área de la tipificación basado en la exposición bacteriana a luz infrarroja junto a la creación de espectros de absorción únicos para cada bacteria, posibilitando la creación de clústeres de acuerdo con la cercanía estructural de ellas. Durante los años 2021 y 2022 se observó en nuestro centro un aumento en el número de infecciones por *S. maltophilia* resistentes, por lo que resultaba de interés descartar una diseminación clonal.

Objetivo: Comparar el desempeño de la técnica FT-IR con la PFGE para el estudio de clonalidad bacteriana en aislados clínicos de *S. maltophilia*.

Métodos: Se estudiaron 24 aislados de *S. maltophilia* derivados de muestras respiratorias y sanguíneas procedentes de pacientes hospitalizados de un centro de salud universitario entre los años 2021 y 2022. La PFGE se realizó bajo las recomendaciones estándares y la comparación entre bandas se realizó con el software GelJ. Para el análisis mediante FT-IR se realizaron dos trasplantes de los aislados en agar triptosado con incubaciones de 24 a 26 horas, a 37°C. Las cepas fueron tratadas con etanol y agua desionizada y estudiadas por espectroscopia infrarroja en el equipo IR Biotyper® (versión 4.0, Bruker, Daltonics). Cada cepa fue estudiada en triplicado técnico y biológico obteniendo un total de 302 espectros en el software IR-Biotyper. Estos fueron analizados inicialmente mediante el Análisis Jerárquico de Cluster (HCA) y luego, se realizó el entrenamiento con el Análisis de los Componentes Principales (PC₉) utilizando 225 espectros, dejando 77 para la fase de validación. La comparación de los patrones de bandeo obtenidos por PFGE y FT-IR se realizó mediante la métrica modificada proveniente del índice poblacional de Sørensen, la cual fue creada con archivos de código Python. Los puntajes porcentuales obtenidos, tomaron en consideración el índice de Sørensen modificado, número de clústeres y número de elementos correctamente emparejados.

Resultados: Se identificaron 12 grupos clonales mediante PFGE y 13 clústeres con FT-IR, obteniéndose un 75.27% de concordancia para el análisis inicial de HCA y un 100% de exactitud en la predicción del agrupamiento clonal para *S. maltophilia* una vez realizado el entrenamiento.

Conclusiones: La presencia de numerosos clones permitió descartar un brote asociado a *S. maltophilia* en nuestro centro, obteniéndose una alta concordancia entre la PFGE y la tipificación rápida de *S. maltophilia* mediante FT-IR.

Keywords: *Stenotrophomonas maltophilia*, Tipificación bacteriana, Estudio de brotes

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



Area: Infecciones bacterianas

CO07

ASOCIACIÓN ENTRE LA SEVERIDAD DE COVID-19 Y EL POSTERIOR DESARROLLO DE TUBERCULOSIS ACTIVA A UN AÑO DE SEGUIMIENTO: ESTUDIO DE COHORTE NACIONAL CHILENA

María Elvira Balcells¹, Salvador Vargas García¹, Eduardo Undurraga Fourcade^{2,3}, Lourdes García García⁶, Nadia Escobar Salinas⁴, Christian García Calavaro⁵, Natalia Vergara Mallegas⁵, Luis Villarroel Del Pino⁷

(1) Departamento de Enfermedades Infecciosas, Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile.

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

(3) Centro de Investigación para la Gestión Integrada de Riesgo de Desastre (CIGIDEN), Chile

(4) Programa Nacional de Control y Eliminación de la Tuberculosis, Ministerio de Salud de Chile.

(5) Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud de Chile.

(6) Centro de Investigación Sobre Enfermedades Infecciosas (CISEI), Instituto Nacional de Salud Pública de México.

(7) Departamento de Salud Pública, Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile.

Introducción: La inmunosupresión temporal y la inflamación pulmonar causados por la enfermedad COVID-19, agravados por la inmunosupresión inducida por el tratamiento con corticosteroides y/o el uso de inmunomoduladores durante la fase aguda de la infección por SARS-CoV-2, podrían reactivar los bacilos de la tuberculosis (TB) latentes o promover la adquisición de una nueva infección tuberculosa. La evidencia actual se limita a una serie de reportes de casos de activación o reactivación de la TB y un pequeño estudio analítico de casos y controles hospitalarios que no han probado esta asociación.

Objetivos: Evaluar la asociación entre la severidad de la enfermedad por SARS-CoV-2 y el desarrollo subsecuente de TB activa dentro del año siguiente a la infección viral.

Material y método: Realizamos un estudio de cohorte retrospectiva en Chile utilizando bases de datos nacionales entre el 1 de marzo de 2020 y el 31 de noviembre de 2022. Incluimos adultos notificados con infección primaria por SARS-CoV-2. Excluimos a todos aquellos pacientes <18 años y con algún tipo de inmunocompromiso. Clasificamos la severidad de la infección por SARS-CoV-2 como asintomática, leve (pacientes sintomáticos sin registro de hospitalización), grave (pacientes sintomáticos con registro de hospitalización por causas atinentes a COVID-19) y crítico (pacientes con ingreso a la UCI y/o necesidad de ventilación mecánica). La cohorte fue seguida hasta un año. Evaluamos la incidencia de TB a través de los registros del programa nacional de TB. Estimamos la asociación entre la severidad del COVID-19 y el desarrollo de TB, usando un modelo de regresión de Weibull, ajustado por características sociodemográficas, estado de vacunación contra SARS-CoV-2 y enfermedades crónicas de base.

Resultados: En la cohorte de 1.521. 94 individuos con SARS-CoV-2 notificada, se documentaron 481 (0.03%) casos incidentes de TB activa en el primer año de seguimiento, con una mediana de tiempo de activación de 61 días desde la infección por SARS-CoV-2 (rango intercuartil: 18-167 días). Se observó una gradiente de asociación directa entre la gravedad del COVID-19 y el riesgo de desarrollar TB activa. En comparación con los casos asintomáticos, los pacientes con COVID-19 leve tuvieron un riesgo 1.54 veces mayor (intervalo de confianza IC 95%: 1.16-2.06), los que tuvieron enfermedad severa mostraron una razón de riesgos ajustada (aHR) 4.00 (IC 95%: 2.85-5.60), y aquellos con COVID-19 crítico presentaron una aHR de 9.00 (IC 95% 5.72-14.02). Otros factores de riesgo incluyeron tener diabetes (aHR 1.81; IC 95%: 1.40-2.32), contar con al menos una enfermedad crónica como asma, EPOC, o enfermedades renal/hepática (aHR 3.02; IC 95% 2.33-3.93), sexo masculino (aHR 1.80; IC 95% 1.49-2.17), ser migrante (aHR 3.85; IC 95% 3.07-4.82), pertenecer al sistema público de salud (aHR 2.78; IC 95% 1.85-4.17) y la edad (aHR 1.02; IC 95% 1.01-1.03). En contraste, la vacunación contra SARS-CoV-2 mostró un probable efecto heterólogo al reducir el riesgo de TB activa (aHR 0.50; IC 95% 0.37-0.68). Como análisis de sensibilidad excluimos los primeros 30, 60 y 90 días post-identificación de SARS-CoV-2 y observamos que la asociación era robusta en los estratos de mayor gravedad.

Conclusiones: Encontramos un gradiente de asociación entre la severidad de la infección por SARS-CoV-2 y el riesgo de desarrollo subsecuente de TB activa a un año de seguimiento. El riesgo más pronunciado se encuentra entre los estratos más graves de la enfermedad COVID-19 (cuadro severo y crítico). Este aumento del riesgo disminuye notablemente en los primeros tres meses posteriores a la identificación del SARS-CoV-2.

Keywords: Activación Tuberculosis, SARS-CoV-2, Cohorte, Chile

Financing: ANID -FONDECYT n° 1211225; Consejo Nacional de Humanidades Ciencia y Tecnología (CONAHCYT).



EFICACIA DE UN PAQUETE DE MEDIDAS RESPIRATORIAS PARA REDUCIR LA TRANSMISIÓN DE TUBERCULOSIS EN EL HOGAR: UN ENSAYO PROSPECTIVO, MULTICÉNTRICO Y CONTROLADO

María Elvira Balcells¹, Cinthya Ruiz-Tagle¹, Romina Seguel¹, Luis Villarroel¹, Margarita Bernales¹, Salvador Vargas¹, Alejandra Pizarro¹, Carlos Peña², Víctor Neira³, Ruvandhi Nathavitharana⁴, Patricia García¹

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile

(2) Hospital San Borja Arriarán, Unidad Respiratoria, Santiago, Chile

(3) Programa de Tuberculosis, Servicio de Salud Metropolitano Norte, Santiago, Chile

(4) Beth Israel Deaconess Medical Center and Harvard Medical School, Division of Infectious Diseases, Boston, Massachusetts, United States

Introducción: La tuberculosis es una enfermedad altamente transmisible. El periodo de contagiosidad una vez iniciado el tratamiento de la tuberculosis pulmonar (TBP) sigue siendo incierto. La mediana de tiempo hasta la negativización de los cultivos de esputo puede superar las cuatro semanas, y los pacientes pueden continuar contagiando por varios días tras iniciado el tratamiento antimicrobiano.

Objetivo: Evaluar si una intervención combinada, diseñada para reducir la exposición respiratoria a la TBP, disminuye el número de nuevas infecciones tuberculosas latentes (ITL) al seguimiento prospectivo en contactos intradomiciliarios sin ITL basal. Como objetivo secundario, se evaluaron factores asociados a mayor riesgo de adquisición de una ITL al seguimiento.

Material y método: Estudio prospectivo piloto, multicéntrico, controlado y clusterizado, realizado en 38 centros de atención primaria de salud en Santiago, Chile (NCT04938596). Se asignaron 19 centros a la intervención y 19 a la rama control (atención estándar). Se invitó a participar a pacientes con TBP recién diagnosticada y a todos sus contactos intradomiciliarios >4 años. La intervención respiratoria ("paquete") contemplaba: (i) educación sobre transmisión de TBP, (ii) uso diario de mascarillas KN95 por parte de pacientes y contactos en el hogar, (iii) ventilación intensiva de la casa, (iv) separación nocturna del paciente con TBP en habitación individual y (v) llamada telefónica semanal para evaluar la adherencia a la intervención, todo por un total de 2 semanas desde del inicio del tratamiento de TBP. Una nueva ITL se definió como el viraje de QuantiFERON®-TB Gold Plus (QFT) de negativo basal, a positivo tras 12 semanas de seguimiento.

Resultados: Del 5 de octubre de 2021 al 30 de diciembre de 2023, se reclutaron 157 casos de TBP y 384 contactos intradomiciliarios. Del total de 157 grupos familiares, 25 fueron evaluados en un periodo basal ("run-off"), y posteriormente 65 fueron asignados a la rama intervención y 67 a la rama control. Del total de contactos, la mediana de edad fue de 31 años (rango: 6-95), 56,3% eran mujeres y 52,6% migrantes. La prevalencia global de ITL basal fue de 32,3%. Luego de 12 semanas de seguimiento, se reevaluaron sólo aquellos contactos con IGRA negativo inicial (n=179). La incidencia de ITL fue de 12,8% en la rama intervención y 10,8% en el grupo control (RR 1,10; 95% IC: 0,71-1,71; p=0,680). En el análisis por protocolo, evaluando sólo a aquellos con una buena adherencia (puntaje en encuesta de adherencia ≥10), se obtuvo una incidencia de 6,7% en la rama intervención lo cual tampoco se diferenció en forma significativa de la rama control (RR=0,69; 95% IC: 0,25-1,91; p=0,471). Finalmente, en el análisis multivariado para evaluar otros factores asociados a riesgo de adquirir ITL al seguimiento, se identificó que: el uso de drogas por el caso índice (RR_{adj}=8,64; IC del 95%: 2,40-29,27; p<0,001), una carga bacilar más alta en esputo (RR_{adj}=12,90; IC del 95%: 2,69-53,97; p<0,001), una adherencia no perfecta al tratamiento antituberculoso en el caso índice (RR_{adj}=3,51; IC del 95%: 1,17-10,35; p=0,024) y una menor edad de los contactos (<45 años) (RR_{adj}=5,75; IC del 95%: 1,21-25,66; p=0,025) fueron todos factores de riesgo significativos para presentar viraje de QFT al seguimiento a 12 semanas.

Conclusiones: El uso de un paquete de medidas de protección respiratoria a nivel comunitario no redujo el número de nuevas infecciones tuberculosas en hogares afectados por un caso de TBP. La mayoría de los participantes consideró difícil seguir las recomendaciones y las medidas restrictivas impuestas a las familias resultaron un desafío. En conjunto con un diagnóstico de TBP e inicio de tratamiento temprano, se requieren nuevas estrategias personalizadas que incluyan una mejor definición de situaciones de alto riesgo de transmisión que consideren tanto las características del contacto como del caso índice.

Financing: FONDECYT 1211225

**ESTUDIO DE BROTE DE *Streptococcus pyogenes* POR SECUENCIACIÓN DE GENOMAS COMPLETOS, ISP CHILE 2024.**

Juan Carlos Hormazábal¹, Pedro Alarcón¹, Constanza Campano Romero¹, Pamela Araya Rodríguez¹, Constanza Espinoza Farías¹, Carlos Serrano Pinto¹, Paulo Covarrubias Pinto¹, Caludio Vergara Riggantti¹, Daniel Ibañez Cabrera¹, Alejandra Vaquero Orellana¹, María Dunner Planel¹, Jorge Fernández Órdenes¹

(1) Instituto de Salud Pública de Chile

Introducción: En diciembre de 2022, la Organización Mundial de la Salud (OMS) alertó sobre el aumento de casos de infección invasora por *Streptococcus pyogenes* en Europa. En Inglaterra, se describió una variante serotipo M1, la cual estaba principalmente asociada a infecciones graves, denominada M1_{UK}. Esta variante se caracteriza molecularmente por presentar 27 cambios puntuales de bases nucleotídicas (SNPs) en su cromosoma central, otorgando mayor virulencia, debido a la sobre expresión de la exotoxina pirogénica SpeA.

El Instituto de Salud Pública (ISP) realiza la vigilancia de laboratorio para la enfermedad invasora por *S. pyogenes*, a través de la confirmación microbiológica y la detección del antígeno de grupo A mediante aglutinación por látex. La tipificación de la proteína M se realiza mediante la técnica molecular emm-typing. Para la serotipificación de la proteína T se utilizan antiseros comerciales.

En Chile en 2024 hasta la Semana Epidemiológica (SE) N°32 (9 de agosto) se confirmaron 441 casos de los cuales 35.9% correspondieron a M1T1 y 34.9% a M12T12. En los años 2021, 2022 y 2023 se confirmaron a la misma SE, 46, 82 y 192 casos, respectivamente.

Objetivo: Realizar un estudio de brote por secuenciación de genomas completos, para la caracterización de los aislamientos invasores de *S. pyogenes* circulantes en el país.

Materiales y Métodos: Se realizó una selección de 137 aislamientos invasores confirmados durante el periodo enero a agosto 2024, correspondientes a los serotipos predominantes M1T1 y M12T12. A estos se les realizó extracción de ácidos nucleicos totales, preparación de librerías Illumina DNA Prep, secuenciación genética de 300 ciclos en equipo MiSeq, ensamble de secuencias mediante el programa Unicycler. El análisis bioinformático para el estudio de cambios de bases nucleotídicas se realizó a través del programa chewBBACA y el estudio filogenético por medio de tipificación por secuenciación de multilocus del genoma central cgMLST, con un protocolo de estudio de 3044 alelos, de acuerdo a la base de datos internacional PUBMLST y recomendaciones de la red PulseNet CDC/OPS.

Resultados: El análisis bioinformático determinó la presencia de dos tipos de secuencias (ST) predominantes, ST28 en 106 aislamientos M1 y ST36 en 29 aislamientos M12. Además, se detectaron dos aislamientos M1 ST1319. La presencia de los 27 SNPs que diferencian a la variante M1_{UK} fue identificada en 32 aislamientos M1 todos ST28. El remanente de 72 aislamientos ST28 serotipo M1 correspondieron al linaje predominante M1_{global}.

El análisis del cgMLST reveló la presencia de tres grandes conglomerados o linajes, el predominante M1_{global} (72 aislamientos), uno M1_{UK} (32 aislamientos) y uno M12 (29 aislamientos) en concordancia con los ST previamente identificados. El cgMLST reveló de manera general polimorfismo dentro de estos tres conglomerados. Los casos fallecidos se distribuyeron en estos tres principales linajes, 13 en M1_{global}, 5 en M1_{UK} y 5 en M12. Respecto a los dos aislamientos ST1319, estos se corresponden con el clon M1_{DK} o clon danés, reportado recientemente en Argentina y Uruguay. El análisis del perfil de virulencia muestra un patrón homogéneo en especial frente a speA, speB, speG, speJ, speK, sda. Destaca en M1_{UK} la presencia de SpeC en 5 de los 32 aislamientos.

Conclusiones: Este estudio de brote por secuenciación de genomas completos revela la presencia de tres principales linajes, M1_{global}, M12 y M1_{UK}, destaca la presencia de polimorfismo dentro de estos conglomerados en especial en M1_{global}. No se observa una clara asociación entre los casos fallecidos y alguno de los linajes predominantes o un perfil alélico en particular. Los hallazgos en el cgMLST aparentemente orientan que los linajes responsables de casos invasores en Chile, pueden pertenecer a una endemia ya previamente establecida y que el peak estacional de influenza A(H3) en el mes de mayo 2024 posiblemente creó una situación de oportunismo para este patógeno.

La utilización de secuenciación de genomas completos en investigación de brotes y el cgMLST, representan una herramienta valiosa para apoyar la investigación epidemiológica y el entendimiento de las rutas de transmisión de patógenos exitosos como lo es el *S. pyogenes*.

Keywords: *Streptococcus pyogenes*, SGA, M1_{UK}, cgMLST

Financing: Presupuesto anual, Instituto de Salud Pública de Chile

Acknowledgments: A toda la red de laboratorios clínicos públicos y privados del país y al Departamento de Epidemiología MINSAL



Area: Infecciones bacterianas

CO10

PATRÓN DE VECINDAD ESPACIO-TEMPORAL DE LA TUBERCULOSIS PULMONAR EN UNA GRAN ÁREA URBANA: EL CASO DE SANTIAGO, CHILE.

Salvador Ayala ^{1,2}, Nadia Escobar ³, Ligia Barrozo ⁴, Francisco Chiaravalloti ⁵, **Mauricio Canals** ^{6,7}

- (1) Escuela de Odontología, Facultad de Odontología y Ciencias de la Rehabilitación, Universidad San Sebastián, Santiago, Chile.
- (2) Programa de Doctorado en Salud Pública, Universidad de Chile.
- (3) Programa de Control y Eliminación de la Tuberculosis, Ministerio de Salud, Gobierno de Chile
- (4) School of Philosophy, Literature and Human Sciences, University of São Paulo, São Paulo, Brazil.
- (5) Universidade de São Paulo. Faculdade de Saude Publica. São Paulo, SP, Brasil
- (6) Programa de Salud Ambiental, Escuela de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
- (7) Departamento de Medicina, Facultad de Medicina, Universidad de Chile. Autores correspondientes salvador.ayala@uss.cl & mcanals@uchile.cl

Existe preocupación mundial por el lento avance en las metas de control de la tuberculosis, registrándose un número récord mundial de casos en 2022. Analizamos la distribución espaciotemporal de los casos de tuberculosis pulmonar en la región metropolitana entre 2016 y 2020 para detectar conglomerados espaciales y variables demográficas asociadas a escala de barrio. Identificamos que el 11,4% de los barrios del Gran Santiago y el 29,4% de los casos diagnosticados se encuentran en un conglomerado espacial. Este se distribuye principalmente a lo largo de un corredor que contiene cuatro principales mercados de abastecimiento de la región metropolitana, con gran afluencia de personas y muchos trabajadores en edad productiva. El perfil sociodemográfico se asocia con conglomerados de mediana edad correspondientes a grupos económicamente activos. Las variables más importantes están relacionadas con los grupos de riesgo de tuberculosis en Chile como población inmigrante e indígena y se caracterizan por condiciones de vida precarias con hacinamiento e inquilinatos. La identificación de patrones espaciales de tuberculosis pulmonar proporciona información relevante para implementar programas centrados en la búsqueda activa de casos en la comunidad.

Keywords: Tuberculosis, epidemiología, espacial

Financing: Beca Fondecyt

Acknowledgments: Beca Doctorado Fondecyt a Salvador Ayala

**IMPACTO A CORTO Y LARGO PLAZO DE LA COINFECCIÓN TB/SARS-COV-2 EN LA MORTALIDAD POR TODAS LAS CAUSAS EN UNA COHORTE CHILENA DE PACIENTES CON TUBERCULOSIS ACTIVA.**

María Elvira Balcells¹, Salvador Vargas García¹, Eduardo Undurraga Fourcade^{2,3}, Nadia Escobar Salinas⁴, Christian Garcia Calavaro⁵, Natalia Vergara Mallegas⁵

(1) Departamento de Enfermedades Infecciosas, Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Chile.

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

(3) Centro de Investigación para la Gestión Integrada de Riesgo de Desastre (CIGIDEN), Chile

(4) Programa Nacional de Control y Eliminación de la Tuberculosis, Ministerio de Salud de Chile.

(5) Departamento de Epidemiología, Ministerio de Salud de Chile.

Introducción: La evidencia sugiere que los pacientes con enfermedades respiratorias crónicas, como la tuberculosis (TB), tienen un mayor riesgo de complicaciones graves y mortalidad por COVID-19. La TB compromete la función pulmonar y el sistema inmunológico, lo que puede provocar una respuesta más grave y deficiente a la infección por el virus SARS-CoV-2. Investigaciones previas sugieren que la coinfección TB/COVID-19 aumenta la probabilidad de complicaciones respiratorias agudas y de mortalidad. La magnitud de este efecto está influenciada por factores como la edad, el sexo y otras condiciones de salud subyacentes; sin embargo, dichos estudios se centraron principalmente en los resultados a corto plazo de la coinfección.

Objetivos: Evaluar el impacto a corto y largo plazo de la coinfección TB/SARS-CoV-2 en la mortalidad por todas las causas en una cohorte chilena de pacientes con TB activa.

Material y método: Realizamos un estudio de cohorte retrospectivo a nivel nacional en Chile, que incluyó a todos los adultos con diagnóstico de TB activa entre el 1 de enero de 2020 y el 30 de noviembre de 2022. Definimos coinfección si la infección por SARS-CoV-2 ocurrió entre treinta días antes y seis meses después del inicio del tratamiento de la TB. Utilizamos un análisis de supervivencia de Cox tiempo-dependiente, ajustando por características sociodemográficas, estado de vacunación contra SARS-CoV-2 y otras comorbilidades relevantes como diabetes, VIH y *Mycobacterium tuberculosis* resistente a drogas.

Resultados: La cohorte de pacientes con TB activa incluyó 3.721 adultos; encontramos 680 muertes (18,27%) durante el período de estudio y 393 pacientes (10,5%) que adquirieron una infección por SARS-CoV-2 durante la TB activa. De todos los participantes, el 63,4% eran hombres, el 23,6% eran migrantes y el 79,4% tenía TB pulmonar. La coinfección por SARS-CoV-2 se asoció a un riesgo de muerte casi tres veces mayor en comparación con la infección por TB sola (razón de riesgo ajustada aHR 2,8, IC del 95% 2,26-3,47). El aumento del riesgo de mortalidad se mantuvo significativamente mayor para los coinfectados después de excluir las muertes ocurridas durante los primeros 365 días después del diagnóstico de TB o TB/SARS-CoV-2 (aHR 2,04, IC del 95% 1,09-3,82). Adicionalmente, la vacuna contra el SARS-CoV-2 redujo el riesgo de muerte hasta en un 35% (IC del 95% 19-46%) en toda la cohorte. Como análisis exploratorio, incluimos pacientes con TB que registraron un primer episodio de infección por SARS-CoV-2 después de finalizado el período activo del tratamiento de la TB (n=568). El aumento del riesgo de muerte conferido por una la infección por SARS-CoV-2 estuvo presente hasta tres semestres después de finalizar el tratamiento de la TB. El aHR para mortalidad fue de 3,25 (IC 95% 2,62-4,02) para una coinfección adquirida durante la fase activa de la TB, 2,83 (IC 95% 1,75-4,59) para la adquirida en los primeros seis meses después de completar el tratamiento de la TB, 1,20 (IC 95% 0,44-3,30) después del duodécimo mes y 4,70 (IC 95% 2,08-10,6) después del decimotercero mes de completar el tratamiento de la TB, respectivamente.

Conclusiones: Los pacientes con TB activa que experimentaron una coinfección con SARS-CoV-2 tuvieron un riesgo elevado de mortalidad por todas las causas. Este aumento del riesgo se extendió más allá de la fase aguda de ambas infecciones y persistió incluso después de completado el tratamiento antituberculoso. Nuestros hallazgos subrayan la necesidad de contar con programas de salud que den seguimiento más allá de la finalización del tratamiento de la TB para abordar los riesgos y las afecciones pulmonares a largo plazo.

Keywords: *Mycobacterium tuberculosis*, tuberculosis, COVID-19, SARS-CoV-2, Chile.

Financing: ANID -FONDECYT n° 1211225; Consejo Nacional de Humanidades Ciencia y Tecnología (CONAHCYT).

Acknowledgments: Al Dr. Alejandro Jara, Facultad de Matemáticas, Pontificia Universidad Católica de Chile, quien brindó orientación en el análisis estadístico del estudio.



Area: Infecciones emergentes, zoonóticas y parasitarias

CO12

LEPTOSPIROSIS: DESAFÍOS DE VIGILANCIA Y DIAGNÓSTICO DE UNA ZOONOSIS SUB-REPORTADA**Eliana Parra**^{1,2}, Solmara Bello Piruccini³, Karina Rodríguez³, Carolina Duarte³, Marisa Torres¹, Eduardo Undurraga^{2,4,5}

- (1) Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, RM Chile
(2) Multidisciplinary Initiative for Collaborative Research on Bacterial Pathogens and Resistance (MICROB-R), Santiago, RM Chile
(3) Grupo de Microbiología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, Colombia
(4) Escuela de Gobierno, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, RM, Chile
(5) Research Center for Integrated Disaster Risk Management (CIGIDEN), Santiago, RM Chile

Antecedentes: La leptospirosis es una zoonosis bacteriana que se transmite mediante el contacto con animales infectados o a través de agua y suelos contaminados. La enfermedad puede ser leve o asintomática, presentando un amplio espectro clínico que varía desde fiebre y cefalea hasta cuadros graves como insuficiencia multiorgánica, síndrome pulmonar severo, meningitis o síndrome de Weil. No obstante, la leptospirosis está subnotificada y a menudo se confunde con otras enfermedades infecciosas que presentan síntomas similares, lo que resulta en retrasos en el diagnóstico o tratamientos inadecuados. Esta situación dificulta la estimación precisa de su carga tanto en términos de salud como económicos, complicando la implementación de estrategias efectivas de prevención y control, así como su priorización en la agenda de salud pública. En Colombia, la vigilancia de la leptospirosis es obligatoria desde el año 2007, requiriendo la notificación de casos sospechosos para su posterior confirmación mediante pruebas de laboratorio.

Objetivos: Analizar aspectos clínicos y epidemiológicos de los casos de leptospirosis humana notificados y confirmados por el Laboratorio de Referencia Nacional (Grupo de Microbiología-INS) en Colombia, con énfasis en la distribución demográfica, factores de riesgo, diagnóstico diferencial con otros síndromes febriles, presentación severa de la enfermedad, y letalidad en Colombia, 2015-2020.

Materiales y métodos: Este estudio describe y analiza los datos del sistema de vigilancia pasiva, incluyendo información geográfica, demográfica y clínica (presentaciones clínicas, hospitalización, ingreso a UCI y fallecimientos) de los casos notificados con sospecha de leptospirosis y los casos confirmados mediante la prueba de microaglutinación (MAT).

Resultados: El 25% de los casos sospechosos de leptospirosis fueron corroborados mediante la prueba de aglutinación microscópica (MAT). La incidencia de leptospirosis se calculó en 1.9 casos por cada 100,000 habitantes, con una prevalencia predominante en el sexo masculino (82.1%). La autocorrelación espacial de Moran evidenció que las áreas con alta incidencia de leptospirosis en Colombia presentan una agrupación geográfica. El análisis de una submuestra de casos, orientado a identificar factores de riesgo demográficos y clínicos asociados a la manifestación severa de la enfermedad, reveló condiciones como insuficiencia renal (29.9%), insuficiencia hepática (27.4%), fallo multiorgánico (24.4%), shock séptico (24.4%), síndrome de Weil (18.4%), hemorragia pulmonar (18.4%) y meningitis (2.5%). Se identificaron la disnea (OR: 5.54; IC del 95%: 1.46 a 20.98), la taquicardia (OR: 9.69; IC del 95%: 15.96 a 58.8) y la erupción cutánea (OR: 10.25; IC del 95%: 25.01 a 42.08) como factores de riesgo para desarrollar la forma grave de la enfermedad. El análisis postmortem de casos sospechosos de leptospirosis reveló la presencia de otros patógenos, tales como *Brucella* spp., *Rickettsia* spp. y el virus del dengue.

Conclusiones: El análisis de la vigilancia de la leptospirosis en Colombia proporciona una base valiosa para estimar su impacto y resalta su importancia en la salud pública. Los hallazgos subrayan la necesidad urgente de acciones coordinadas para abordar esta enfermedad subnotificada, fortaleciendo la vigilancia, implementando medidas preventivas efectivas y mejorando las capacidades diagnósticas con transición a metodologías moleculares para la confirmación de la enfermedad. La identificación de otras enfermedades tropicales postmortem enfatiza la necesidad de un diagnóstico temprano y preciso para prevenir desenlaces fatales, destacando la importancia de priorizar el diagnóstico y tratamiento oportuno de la leptospirosis en Colombia y otros países de la región.

Keywords: Leptospirosis, enfermedades tropicales desatendidas, factores de riesgo, mortalidad, Colombia

Financing: Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo ANID/FONDAP CIGIDEN (Grant no. 1522A0005 to EU)



Area: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

CO13

EVALUACIÓN SISTEMÁTICA DE LOS PROGRAMAS DE OPTIMIZACIÓN DE USO DE ANTIMICROBIANOS (PROA) EN CHILE: RESULTADOS DE UNA ENCUESTA NACIONAL**Maria Spencer-Sandino**^{1,2}, Emilia Infante³, Ruth Rosales⁴, Tomás Reyes⁵, Kasim Allel^{5,6}, José Manuel Munita^{1,2}, Eduardo Undurraga^{2,3}

(1) ICIM-Universidad del Desarrollo, Genomics & Resistant Microbes (GeRM Lab), Medicina, Republica de Honduras 12590, Edificio O, piso -1, Santiago, Chile

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

(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Gobierno, Av. Vicuña Mackenna 4686, Santiago, Chile

(4) Hospital Barros Luco, Gran Av. José Miguel Carrera 3204, San Miguel, Santiago, Chile

(5) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Enfermedades Infecciosas del Adulto, Escuela de Medicina, Av. Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile

(6) University of Oxford, Nuffield Department of Population Health, Health Economics Research Centre, UK

Introducción: La resistencia antimicrobiana (RAM) representa una amenaza crítica para la salud global. Las infecciones por bacterias resistentes aumentan la morbilidad y los costos para el sistema de salud, requiriendo tratamientos complejos y hospitalizaciones prolongadas. El uso inadecuado de antibióticos es uno de los principales factores que impulsan la RAM. Como parte del Plan Nacional contra la RAM, el 2020 el Ministerio de Salud implementó una normativa para la creación de Programas de Optimización de Antimicrobianos (PROA). Dicho instructivo estableció la creación de PROA en todos los centros hospitalarios de mediana y alta complejidad a partir del segundo semestre 2021. A la fecha, no existen datos respecto del grado de cumplimiento de la normativa ministerial, ni de las barreras y facilitadores involucrados en el establecimiento de PROA a lo largo del país.

Objetivo: Evaluar el grado de implementación, y las barreras y facilitadores para los PROA en centros de salud a nivel nacional.

Métodos: Entre los años 2023 y 2024, se realizó un estudio de métodos mixtos para evaluar la implementación de los PROA en una muestra representativa de hospitales de baja, mediana y alta complejidad en Chile. La parte cuantitativa incluyó una encuesta aplicada a 153 coordinadores de PROA, evaluando aspectos como la complejidad hospitalaria, región y tipo de administración (público/privado). El grado y calidad de implementación se evaluó con estadística descriptiva. La fase cualitativa incluyó ocho entrevistas en profundidad con directores de PROA, seleccionados por conveniencia de distintas regiones del país, para evaluar su percepción de las brechas y oportunidades para mejorar los programas.

Resultados: De los 153 hospitales encuestados (115 públicos y 38 privados), 99 (64.7%) (78 públicos y 21 privados) afirmaron tener un PROA. De estos, 64 correspondieron a hospitales de alta, 23 de mediana, y 12 de baja complejidad. En cuanto a la antigüedad de los PROA, el 42,9% de los hospitales privados tenía programas con menos de 1 año de funcionamiento, el 52,4% entre 1-3 años, y el 4,76% más de 3 años. En los hospitales públicos, el 30,8% tenía programas de menos de 1 año, el 47,4% entre 1-3 años, el 19,23% más de 3 años. En relación con los entrenamientos proporcionados por los PROA, en los hospitales públicos, el 42,3% ofrecía capacitación ocasional, 39,7% no brindaba entrenamientos, y el 8,97% lo hacía de manera regular. Por su parte, el 47,6% de los hospitales privados ofrecían capacitación de manera ocasional, el 42,9% no realizaban entrenamiento y el 9,52% la hacían de forma regular. Las principales limitaciones percibidas en la encuesta y entrevistas incluyeron la escasez de recursos humanos, la falta de tiempo destinado a PROA y el escaso apoyo de los servicios clínicos. Además, los entrevistados mencionaron la falta de conectividad e integridad de los sistemas de datos, dificultando la supervisión del uso de antibióticos. Finalmente, la capacitación del equipo PROA depende del interés de cada integrante del equipo en lugar de tener respaldo institucional. Entre las fortalezas reportadas destacaron el apoyo de la administración hospitalaria, la formación en antimicrobianos, los recursos financieros y la existencia de políticas o regulaciones sanitarias ministeriales. Los entrevistados resaltaron la importancia de que otros profesionales médicos acepten las indicaciones del PROA.

Conclusión: Nuestros resultados revelan desafíos significativos en la implementación de los PROA en hospitales de Chile, a pesar de las regulaciones ministeriales existentes. Si bien una proporción sustantiva de hospitales ha implementado un PROA, en la mayoría de los casos son programas recientes y con considerables espacios de mejora. Las barreras identificadas en hospitales públicos y privados sugieren que es necesario fortalecer un apoyo institucional a través de mejoras en la capacidad operativa, desarrollo de habilidades, formación continua y colaboración profesional. La implementación efectiva de los PROA no solo depende de la existencia de políticas y regulaciones ministeriales, sino también del compromiso institucional y del reconocimiento por parte de los profesionales de la salud.

Keywords: Programas de Optimización de uso de Antimicrobianos (PROA), Implementación, Resistencia Antimicrobiana

Financing: Merck Sharp & Dohme Grant in Advance Antimicrobial Stewardship



Area: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

CO14

EVALUACIÓN DE MÉTODOS PARA LA DETECCIÓN DE COLONIZACIÓN INTESTINAL POR BACIOS GRAM-NEGATIVOS EN PACIENTES HOSPITALIZADOS

Rebecca Tenner^{1,2}, Maria P. Riquelme¹, Maite Loreto Valentina Gonzalez Soto¹, Johanna Acevedo¹, Lea Paz Maureira Quezada¹, Rodrigo Martínez¹, Maria Spencer-Sandino^{1,3}, Lorena Diaz Ortiz^{1,3}, Anne Peters^{1,3}, Rafael Araos^{1,3}, Jose M. Munita^{1,3}

(1) Universidad del Desarrollo, Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina (ICIM), Facultad de Medicina, Av. Las Condes 12461, Las Condes, Chile

(2) Tufts University School of Arts & Sciences, 419 Boston Ave, Medford, Massachusetts, USA

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

Antecedentes: La resistencia antimicrobiana es un problema de salud global. La vigilancia de colonización intestinal ha sido planteada como uno de los pilares para enfrentar el problema. Sin embargo, no existe un protocolo claramente establecido para determinar la prevalencia de colonización intestinal. Nuestro grupo de investigación utiliza de rutina dos placas de agar MacConkey, una suplementada con ceftazidima (CAZ) y otra con ciprofloxacino (CIP). En este proyecto evaluamos la adición de un agar MacConkey suplementado con ceftriaxona (CRO) y de un Chromagar (CHR) para la detección de bacilos Gram-negativos (BGN) resistentes. Además, evaluamos el impacto del tiempo entre la recolección y la siembra en el rendimiento de la detección intestinal de BGN.

Metodología: Se recolectaron hisopados rectales en tres hospitales chilenos (n=426) y se sembraron < 2h posteriores a la recolección en un MacConkey con CAZ 2µg/mL y otro con CIP 2µg/mL (CAZ|CIP). Muestras de 127 pacientes fueron además sembradas en MacConkey con CRO 2µg/mL y otro grupo de 149 hisopados se sembraron también en una placa de CHR comercial que contiene una concentración desconocida de cefpodoxima. Por último, 150 muestras fueron sembradas nuevamente en CAZ y CIP entre 24 – 48hrs después de tomada la muestra (siembra retrasada). Todas las placas fueron incubadas durante 24hrs a 37°C antes de ser analizadas por MALDI-TOF y PCR. Las colonias se caracterizaron como BGN multirresistentes (MDRO), resistentes a las cefalosporinas de 3ª generación (BLEE), resistente a carbapenémicos (RC), y productores de carbapenemasas (RC-PC). Se realizaron pruebas estadísticas, incluyendo el test de McNemar y kappa agreement.

Resultados: La adición de CRO a CAZ|CIP resultó en un aumento significativo en la detección de pacientes colonizados con BGN BLEE, con una prevalencia que subió de 40.9% a 49.6% ($p=0.004$). Además, encontramos que la kappa concordancia con CAZ|CIP fue inferior en comparación con las otras combinaciones. Similarmente, la adición de CHR arrojó un aumento significativo en la prevalencia de colonización de BGN BLEE (35.6% vs. 43.6%, $p=0.004$) y RC (16.1% vs. 20.8% $p=0.02$). En general, la combinación de CAZ|CHR resultó ser la más efectiva para detectar los GNB. Finalmente, no observamos diferencias significativas entre la siembra inmediata <2h y la siembra retrasada (24-48h) en la prevalencia de colonización por ninguno de los grupos de BGN evaluados.

Conclusiones: Nuestros resultados sugieren que la adición de CHR o CRO al protocolo de CAZ|CIP mejoran la detección de colonización intestinal por BGN BLEE. Además, la adición de CHR también resultó en una mejor detección de BGN RC. Por último, no observamos diferencias significativas entre los tiempos de siembra, lo que sugiere que las muestras podrían ser sembradas hasta 48 h después de la recolección sin alterar su rendimiento, facilitando estudios de campo orientados al estudio de colonización intestinal por BGN.

Keywords: Gram Negative Bacteria, Antimicrobial Resistance, Gut Colonization, Screening

Financing: BAA #75D30118C02925, Cooperative Agreement #1NU3HCK0000012-01-00 y FONDECYT Grant #1211947



Area: Infecciones bacterianas

CO15

BROTE DE *Salmonella enterica* SEROVAR Abony CAUSADO POR UN CLON DE LA CEPA DE REFERENCIA WDCM 00029 EN CHILE, 2024

Alejandro Piña-Iturbe¹, Diego Fredes-García¹, Patricia García², Lorena Porte^{3,4}, Timothy J. Johnson⁵, Randall S. Singer⁵, Magaly Toro⁶, José M. Munita⁷, Andrea I. Moreno-Switt¹

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Agronomía y Sistemas Naturales, Facultad de Ciencias Biológicas y Facultad de Medicina, Santiago, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Medicina, Facultad de Medicina, Santiago, Chile

(3) Clínica Alemana de Santiago, Laboratorio Clínico, Santiago, Chile

(4) Universidad del Desarrollo, Facultad de Medicina Clínica Alemana, Santiago, Chile

(5) University of Minnesota, Department of Veterinary and Biomedical Sciences, College of Veterinary Medicine, Saint Paul, Minnesota, Estados Unidos

(6) University of Maryland, Joint Institute for Nutrition and Food Safety (JIFSAN), College Park, Maryland, Estados Unidos

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

Introducción: Los serovares no tifoideos del patógeno *Salmonella enterica* son una principal causa de infecciones transmitidas por los alimentos a nivel mundial. Aunque la mayoría de los casos humanos son producidos por unos pocos serovares predominantes, tales como Typhimurium y Enteritidis, el estudio y caracterización de serovares menos frecuentes puede contribuir a la identificación temprana de cepas emergentes. Durante enero-abril 2024 se produjo un brote de salmonelosis causado por *Salmonella* Abony en Chile que afectó a más de 200 individuos de 0-82 años de edad a lo largo del país. A pesar de ser el mayor brote de *Salmonella* Abony del que se tiene registro en Chile, se desconoce el origen de la cepa causante y su posición en la estructura poblacional global de este serovar infrecuente.

Objetivo: Caracterizar a nivel genómico aislados clínicos de *Salmonella* Abony, responsables del brote ocurrido en Chile en 2024.

Material y métodos: Se seleccionaron 18 aislados de origen humano de *Salmonella* Abony, obtenidos por los laboratorios clínicos de la red UC-Christus y Clínica Alemana de Santiago, correspondientes al periodo entre 02 de febrero y 14 de marzo (Sangre: 6, Orina: 2, Heces: 10; UC-Christus: 13, Clínica Alemana: 5). Se extrajo ADN genómico y se secuenció (Illumina MiSeq). Las lecturas obtenidas se subieron al servidor de Enterobase donde se ensamblaron, anotaron, y se realizaron análisis de tipificación por secuencias multilocus del genoma "core" (cgMLST), agrupamiento jerárquico de perfiles cgMLST, construcción de árboles de expansión mínima, identificación de polimorfismos de nucleótido simple (SNPs) y construcción de filogenias basadas en core-SNPs. Se descargaron los genomas ensamblados y se evaluó la presencia de genes/mutaciones de resistencia y de replicones plasmidiales. La similitud a nivel de genoma completo se evaluó calculando la identidad nucleotídica promedio y la fracción genómica alineada. (Aprobación ética CEC-Salud UC N° 240422008 and CEC FMCAS-UDD N° UIEC 779).

Resultados: Los análisis mostraron que los aislados de *Salmonella* Abony Chile están separados entre sí por 0-3 core-SNPs y pertenecen al clúster HC10_20673 junto a otros aislados (n=31) del Reino Unido, Estados Unidos, Brasil, y Nigeria obtenidos entre 2008 y 2024, siendo estos últimos de origen humano (13/31) o asociado a pollo (5/31), principalmente. Solo dos de los aislados chilenos contenían plásmidos del grupo IncI1- α y, uno de ellos, el gen de resistencia a tetraciclina *tet(A)*. Dentro del clúster HC10_20673 se encontraban 4 genomas provenientes de la cepa de referencia *Salmonella* Abony WDCM 00029, una cepa aislada hace más de 80 años y empleada rutinariamente como control en ensayos de calidad microbiológicos y de medios de cultivo. Interesantemente, los genomas chilenos estuvieron separados de los del genoma de la cepa de referencia solo por 0-7 core SNPs. Para descartar que esta elevada similitud estuviese limitada solamente al genoma core, calculamos la identidad nucleotídica promedio (ANI) y la fracción genómica alineada (AF) de los genomas chilenos respecto del genoma de *Salmonella* Abony WDCM 00029 provisto por la American Type Culture Collection. Los valores medios de ANI y AF fueron de 99.99% y 97.85%, respectivamente, siendo significativamente mayores que los observados con otras *Salmonella* Abony fuera del clúster HC10_20673 (Mann-Whitney, $p < 0.0001$), indicando una identidad a nivel genómico casi completa entre los aislados chilenos y la cepa de referencia.

Conclusiones: La caracterización genómica sugiere que el brote de salmonelosis por *Salmonella* Abony en Chile fue causado por un clon de la cepa de referencia WDCM 00029, empleada ampliamente como control en ensayos microbiológicos de distintos productos, incluido alimentos. Nuestros datos sugieren que el brote pudo haber sido causado por contaminación de una fuente desconocida, posiblemente alimento, con la cepa de referencia. Nuestros hallazgos plantean una alerta respecto a la seguridad de las cepas de referencia empleadas en ensayos rutinarios de control de calidad.

Keywords: *Salmonella* Abony, brote, WDCM 00029, Chile

Financing: ANID - Fondecyt 3230796 y 1231082Mid-Central Research and Outreach Center, University of Minnesota



Area: Infecciones bacterianas

CO16

CARACTERIZACIÓN DE LOS EPISODIOS DE BACTERIEMIA POR ENTEROBACTERALES NDM: EXPERIENCIA DE UN CENTRO PÚBLICO DE SANTIAGO, CHILE (2020-2024)

María Paz Iturrieta¹, Jorge Verdugo², María Paz Acuña Schlegel¹, Martín Lasso Barreto¹, Karol Villalobos Gallardo^{1,2}, Paulina Donato Inostroza¹, Camila Montoya Figari¹, Álvaro Vera Aravena¹, Daniela Reyes González², Javier Madariaga Olivos², Stefano Cherubini⁴, José Morales Tapia¹, Pablo Cartes Aguilera³

(1) Hospital Sótero del Río, Unidad de Infectología, Concha y Toro 3459, Santiago, Chile

(2) Hospital Sótero del Río, Servicio de Medicina interna, Concha y Toro 3459, Santiago, Chile

(3) Complejo Asistencial Sótero del Río, Laboratorio de Microbiología, Concha y Toro 3459, Santiago, Chile

(4) Pontificia Universidad Católica de Chile, Química y Farmacia, Santiago, Chile

Antecedentes: La resistencia antimicrobiana es una de las principales amenazas de salud pública, asociada a mayor mortalidad, prolongación de la estadía hospitalaria y costos de atención. Durante la pandemia por COVID-19, se observó un aumento en infecciones por bacterias resistentes a carbapenémicos, posiblemente por el mayor uso de antibióticos de amplio espectro. Los Enterobacterales resistentes a carbapenémicos (ERC), especialmente los productores de metalo- β -lactamasas New Delhi (NDM), son un importante desafío en la práctica clínica al que nos vemos enfrentados.

Por lo anterior, se diseñó un estudio para conocer las características clínicas de las bacteriemias por ERC en nuestro hospital.

Objetivos: Describir los episodios de bacteriemia por Enterobacterales productores de NDM en el Hospital Sótero del Río entre 2020 y 2024.

Material y Métodos: Se diseñó un estudio retrospectivo, descriptivo, no-intervencional en pacientes adultos (≥ 18 años) hospitalizados entre enero 2020 y julio 2024, con al menos un hemocultivo positivo para Enterobacterales resistentes a carbapenémicos y con test de carbapenemasa tipo NDM positivo. Se recolectaron datos sobre edad, sexo, SOFA, Charlson, estancia en UCI, uso de antibióticos previo a la bacteriemia, infección o portación previa por NDM, foco clínico de la bacteriemia, tratamiento antibiótico (empírico y dirigido), mortalidad a 30 días y condición de egreso.

Resultados: Se identificaron 139 episodios de bacteriemia por Enterobacterales productores de carbapenemasa de tipo NDM (EPC-NDM). La edad promedio fue de 57 años, 36% de los casos ocurrieron en mujeres. El SOFA promedio fue 16 puntos y Charlson 3.6 puntos. El 92% de los pacientes recibió antibióticos previo a la bacteriemia (16.1 días en promedio). El 41% tuvo hisopado de portación positivo y el 25.5% un cultivo clínico positivo para EPC-NDM previo a la bacteriemia. El promedio de días de hospitalización hasta el momento de la bacteriemia fue 43.1 días.

La bacteria más frecuentemente identificada fue *Klebsiella pneumoniae* (84%), seguido de *Serratia marcescens* (5%) y *Enterobacter cloacae complex* (2.8%). En relación al foco de la bacteriemia, el respiratorio fue el más frecuente (22%), seguido de asociado a catéter/dispositivo (17%) y urinario (14.4%). En un 22% de los casos no se logró identificar foco. El 61.1% recibió tratamiento con ceftazidima/avibactam + aztreonam (CAZ/AVI + ATM) (11 días en promedio), el 20.8% terapias basadas en colistin (12 días), el 11.4% recibió otras terapias.

La mortalidad a 30 días fue del 30.2% en globo. Al comparar la mortalidad según los tratamientos administrados: en pacientes tratados con CAZ/AVI + ATM la mortalidad fue del 24.7%, en pacientes tratados con esquemas basados en colistin 39.4% y otros esquemas 12.5%. Al evaluar variables asociadas a mayor mortalidad, se encontró significancia estadística en pacientes con puntajes de SOFA, el Charlson más elevados, así como en pacientes con mayor duración de tratamiento antibiótico para el tratamiento de la bacteriemia.

Conclusiones: Este estudio muestra una alta mortalidad asociada a bacteriemias por EPC-NDM, similar a lo reportado en la literatura. La menor mortalidad en pacientes tratados con CAZ/AVI + ATM, comparado con los que recibieron esquemas basados en colistin, apoya las recomendaciones vigentes respecto al uso de CAZ/AVI + ATM como tratamiento de elección. Es fundamental seguir investigando tratamientos eficaces y reforzar el control del uso de antibióticos para prevenir la diseminación de estas infecciones.

Keywords: Enterobacterales NDM; ceftazidima-avibactam, aztreonam, bacteriemia

Financing: Este trabajo no recibió financiamiento.

**COMPARACIÓN DE DESENLACES CLÍNICOS EN PACIENTES CON INFECCIONES INVASORAS POR ENTEROBACTERIALES PRODUCTORES DE CARBAPENEMASAS TIPO METALO-BETA-LACTAMASAS Y TIPO KPC**

Anne Peters ^{1,2}, Lorena Díaz ^{1,2}, María Paz Riquelme ^{1,2}, Valeria Quiroz ^{1,2}, Katherine Soto ^{1,2}, María Spencer-Sandino ^{1,2}, Lina Rivas ^{1,2}, José RW Martínez ^{1,2}, Pamela Rojas ³, Loreto Rojas ⁴, María Luisa Rioseco ⁴, Juan Moreno ⁵, Rafael Araos ^{1,2}, Patricia García ^{2,6}, Eduardo A. Undurraga ^{2,7,8}, José M. Munita ^{1,2}

(1) Univ. del Desarrollo, ICIM, Genomics & Resistant Microbes (GeRM), Facultad de Medicina-Clínica Alemana, Santiago, Chile

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

(3) Hospital Padre Hurtado, Santiago, Chile

(4) Hospital Puerto Montt, Puerto Montt, Chile

(5) Hospital de Iquique, Iquique, Chile

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

(7) P. Univ. Católica de Chile, Escuela de Gobierno, Santiago, Chile

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

Introducción: Los *Enterobacterales* resistentes a carbapenémicos (ERC) representan una amenaza creciente para la salud global. El mecanismo de resistencia más común en los ERC es la producción de carbapenemasas. En Chile, históricamente los ERC eran principalmente no productoras de carbapenemasas. Sin embargo, en los últimos años, los ERC productoras de carbapenemasas (ERC-PC) han aumentado sustantivamente. Entre estos, los más frecuentes son KPC, una serino enzima, seguidas por metalo-β-lactamasas (MBL), principalmente NDM. Estudios previos han mostrado peores desenlaces en pacientes infectados con ERC-PC comparados con aquellos infectados por ERC no productoras de carbapenemasas. Sin embargo, las diferencias de resultados clínicos según el tipo de carbapenemasa han sido poco estudiadas.

Objetivo: Comparar las características y desenlaces clínicos de pacientes con infecciones invasoras por ERC productoras de KPC (ERC-KPC) y MBL (ERC-MBL) de dos hospitales chilenos.

Método: Entre junio de 2018 y agosto de 2024, se recolectaron prospectivamente aislados y datos clínicos de pacientes con infecciones invasoras por ERC (de sangre, fluidos y tejidos estériles). Se definió ERC como resistencia a ≥ 1 carbapenémico según los resultados por Kirby Bauer. Los aislados fueron clasificados como ERC-KPC o ERC-MBL mediante la detección por PCR de los genes *bla*_{KPC}, *bla*_{NDM} y *bla*_{VIM}. Se compararon las características clínicas y los desenlaces entre grupos utilizando las pruebas estadísticas (T Student, Wilcoxon, y Chi-cuadrado/Fisher, según el tipo de variables y su distribución). Adicionalmente, se usó regresiones logísticas para identificar factores de riesgo asociados con la mortalidad intrahospitalaria.

Resultados: Se incluyeron 134 pacientes con ERC-PC: 54 (40%) ERC-KPC y 80 (60%) ERC-MBL. En el grupo ERC-KPC, *Klebsiella pneumoniae* (Kpn) fue la bacteria más prevalente (83%), seguida por *Enterobacter cloacae complex* (Ecc) (6%). En el grupo ERC-MBL, Kpn representó el 56% de los aislados y Ecc el 36%. La proporción de mujeres fue del 33% en ERC-KPC y 56% en ERC-MBL ($p=0.23$). Las medianas [rango intercuartil] del índice de Charlson fueron similares: 2 [1-4] en ERC-KPC y 2 [1-3] en ERC-MBL ($p=0.53$). No se encontraron diferencias estadísticamente significativas en la estancia hospitalaria total (45 días [22-78] en ERC-KPC vs. 42 días [30-65] en ERC-MBL, $p=0.20$), ni en la mortalidad intrahospitalaria (24% vs. 23%, $p=0.83$). Sin embargo, la estancia en UCI fue mayor en ERC-KPC que en ERC-MBL (35 días [25-50] vs. 26 [11-43] días, $p=0.04$). Los factores asociados a mortalidad intrahospitalaria fueron edad (OR 1.06, IC 1.01-1.12), índice de Charlson (OR 1.50, IC 1.03-2.17) y admisión a UCI (OR 6.96, IC 2.17-22.24).

Conclusión: No encontramos evidencia de diferencias significativas en los desenlaces clínicos entre los pacientes infectados por ERC-KPC y ERC-MBL. Sin embargo, la edad, el índice de Charlson y la admisión de UCI se asociaron positivamente con una mayor mortalidad en ambos grupos. Dado el aumento de la prevalencia de ERC-CP en Chile, es crucial realizar más estudios para comprender mejor el impacto clínico de estas infecciones y optimizar el manejo de estos pacientes.

Keywords: Enterobacterales, metaloenzimas, resistencia a carbapenémicos, ERC

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

Acknowledgments: Queremos agradecer a todos los colaboradores de la Red de Laboratorios MICROB-R por su valiosa contribución.



Area: Infecciones bacterianas

CO18

COST-EFFECTIVENESS OF STRATEGIES FOR CRE AND MRSA IN HOSPITALS: A SEX-STRATIFIED MATHEMATICAL MODELING STUDY

Kasim Allel^{1,2}, Patricia Garcia², Anne Peters³, Jose Munita³, Eduardo Undurraga⁴, Laith Yakob⁵

(1) University of Oxford, Nuffield Department of Population Health, Medical Sciences, Oxford, UK

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

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

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

(5) London School of Hygiene and Tropical Medicine, Department of Disease Control, Faculty of Infectious and Tropical Diseases, London, UK

Background: Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) and carbapenem-resistant Enterobacterales (CRE) impose the greatest burden among critical bacterial pathogens. Evidence for sex differences among antibiotic resistant bacterial infections is increasing but a focus on policy implications is needed.

Methods: We assessed impact of CRE/MRSA on excess length of hospital stay, intensive care unit admission, and mortality by sex from a retrospective cohort study (n=873) of patients in three Chilean hospitals, 2018-2021. We used propensity scores and inverse-probability weighting combined with descriptive, logistic, and competing-risks analyses. We developed a sex-stratified deterministic compartmental model to analyse hospital transmission dynamics and the cost-effectiveness of nine interventions. We compared interventions based on the incremental cost-effectiveness ratio (ICER) per quality-adjusted life year (QALY) gained, and estimated net benefits.

Findings: The adjusted odds of women acquiring CRE and MRSA were 0.44 (0.28-0.70; p=0.001) and 0.73 (95% CI= 0.48-1.01; p=0.050), respectively. Competing-risk models indicated higher mortality rates among women, compared to men. Mathematical model projections showed that pre-emptive isolation across all newly admitted high-risk men was the most cost-effective intervention (ICER=\$1,366/QALY and \$1,083/QALY for CRE and MRSA, respectively). Chromogenic agar coupled with MRSA decolonisation was the second most cost-effective intervention (\$2,099/QALY), followed by screening plus isolation or pre-emptive isolation strategies (ICER ranged between \$2,411/QALY and \$4,216/QALY across CRE and MRSA models). Probabilistic sensitivity analysis showed that strategies were ICER<willingness-to-pay in 80% of simulations, except for testing plus digestive decolonisation for CRE. At a 20% national hospital coverage at least \$12.2 million could be saved.

Interpretation: Our model suggests that targeted infection control strategies would effectively address rising CRE and MRSA infections. The greatest health-economic gains would be expected from prioritising women. Men disproportionately contribute to transmission.

Keywords: antibiotic resistance, Mathematical modelling, Transmission dynamics, Interventions, Cost-effectiveness

Financing: Asociación Nacional de Investigación y Desarrollo

**VIGILANCIA DE LA RESISTENCIA TRANSMITIDA A DROGAS ANTIRRETROVIRALES EN PERSONAS DIAGNOSTICADAS VIH POSITIVO EN CHILE.**

Veronica Paredes Roldan¹, Nicolas Vergara¹, Barbara Parra¹, Jorge Sein¹, Jorge Fernandez¹, Maritza Rios¹

(1) Instituto de salud Publica, Departamento Biomédico, Maratón 1000, Ñuñoa, Chile

Introducción: La fármacoresistencia del VIH (FRVIH) puede conducir a una rápida falla virológica en personas que se encuentran en Terapia antirretroviral (TARV). El fallo virológico se asocia a la selección de variantes con mutaciones específicas de resistencia, ya sea bajo la presión del tratamiento o por la transmisión de variantes resistentes del VIH a personas sin tratamiento previo (Resistencia Transmitida RTD). La presencia de estas variantes resistentes del VIH puede limitar las opciones y éxito del tratamiento.

Objetivo: Determinar la RTD global y por familias de antirretrovirales en pacientes con sospecha de infección reciente sin tratamiento previo.

Materiales y métodos: Se caracterizaron 172 muestras de pacientes confirmadas VIH positivo en el año 2020, con antecedente de infección reciente. Los ácidos nucleicos fueron extraídos en plataforma automatizada y amplificados por RT-PCR y PCR anidado para obtener dos fragmentos del gen *pol* que codifican para las regiones PR-RT e IN. Los fragmentos fueron secuenciados con tecnología de secuenciamiento masivo (NGS). El análisis de las mutaciones se realizó utilizando la plataforma Hydra/Canadá y la interpretación de la FRVIH se realizó de acuerdo al algoritmo de Stanford para mutaciones de vigilancia de resistencia transmitida.

Resultados: El análisis de las mutaciones detectadas por NGS en una frecuencia $\geq 20\%$ mostró una RTD global de 8.14%. La RTD a INNTR fue de 5,81% de 0,58% a INTR, a IP de 2,33%, y a INSTI de 0,58%. Las mutaciones K103N (confiere resistencia a INNRT) y M46I (confiere resistencia a IP) fueron las más representativas con un 5.2% y un 1.7% respectivamente, seguido de la mutación T215I (NRTI) e Y143H (INSTI).

Conclusión: La proporción de resistencia transmitida encontrada en este estudio y de acuerdo a los niveles de prevalencia señalados por la OMS, evidencia que Chile presenta un nivel moderado de RTD y se ha mantenido estable respecto al último registro publicado en Chile de RTD (prevalencia global de 10.45%), destacando las mutaciones de resistencia asociadas a los INNRT con mayor prevalencia entre las familias de antirretrovirales. En el caso de los inhibidores de Integrasa, la mutación Y143H que causa elevada resistencia a Raltegravir fue la única mutación de interés detectada.



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

CO20

DISBIOSIS INTESTINAL, ACTIVACION LINFOCITARIA E INFLAMACION SISTEMICA COMO OBSTACULOS PARA LA RECUPERACION DE LINFOCITOS T CD4 EN PERSONAS VIVIENDO CON VIH EN TERAPIA EXITOSA

Gabriel Alberto Castillo Rozas^{1,2,3,4}, Hermy Alvarez⁵, Fabian Tempio², Jacqueline Aldridge⁵, Consuelo Merino^{2,3,4}, Marcelo Navarrete^{4,5}, Mercedes Lopez^{2,3,4}, Ricardo Soto-Rifo^{1,3,4}, Andres Soto^{4,6,7}, Erika Rubilar⁶, Claudia P Cortés^{3,4,5,8}

- (1) Laboratorio de Virología Molecular y Celular, Facultad de Medicina, Universidad de Chile
- (2) Laboratorio de Regulación e Inmunomodulación del Cáncer, Facultad de Medicina, Universidad de Chile
- (3) Instituto Milenio de Inmunología e Inmunoterapia
- (4) Center for HIV Integral Research (CHAIR), Facultad de Medicina, Universidad de Chile
- (5) Centro Austral de Tecnología Genómica, Facultad de Medicina, Universidad de Magallanes
- (6) Servicio de Medicina Interna, Hospital del Salvador, Santiago de Chile
- (7) Departamento de Medicina Interna Oriente, Facultad de Medicina, Universidad de Chile
- (8) Departamento de Medicina Interna Centro, Facultad de Medicina, Universidad de Chile

Antecedentes: Existe un grupo de pacientes que viven con VIH (PVVIH) que no logra restablecer el recuento de células T CD4 a pesar del éxito de la terapia antirretroviral (TAR). Planteamos la hipótesis de que un estado proinflamatorio gatillado por la alteración del bacterioma intestinal podría dificultar la reconstitución inmunitaria después del inicio de la TAR.

Objetivos: analizar la composición del bacteria intestinal de PVVIH en terapia exitosa según su estado inmunológico y evaluar si ésta se asocia a marcadores de inflamación sistémica y a alteraciones en la activación y exhaustividad de linfocitos T CD4 y CD8 y sus respectivas subpoblaciones.

Métodos: Realizamos un estudio piloto transversal. Se invitó a participar a pacientes indetectables en controles infectológicos en dos centros de VIH en Santiago (Hospital San Borja Arriarán y del Salvador), así como voluntarios VIH negativos (VS). Los pacientes bajo tratamiento se dividieron en 2 grupos: respondedores inmunes (RI) y no respondedores inmunes (NRI), de acuerdo con su recuento absoluto de CD4 y el aumento de su recuento de CD4 después de 12 meses de iniciada la TAR (RI: alcanzar un recuento CD4 mayor a 500 y aumentar el recuento de CD4 en al menos 150 al año de iniciada la terapia; NRI: recuento histórico de CD4 menor a 350 con un aumento de CD4 al año de iniciada la TAR de menos de 150). La composición del bacterioma intestinal se analizó mediante un hisopado rectal y posterior secuenciación del gen RNA ribosomal de 16S. Se aislaron PBMC de muestras de sangre y se evaluaron los perfiles de activación de los linfocitos T CD4 y CD8 mediante citometría de flujo. Las citoquinas plasmáticas y los marcadores asociados a la translocación microbiana se midieron utilizando un kit Luminex®.

Resultados: Se incluyeron 21 RI, 12 NRI y 20 VS (n=53). La mayoría eran hombres (89%) y HSH (79%). Los VS eran más jóvenes (28,5 frente a 45 y 50 años, $p < 0,0001$), tenían un IMC más bajo y consumían más alcohol y marihuana que las PVVIH. Encontramos citoquinas proinflamatorias elevadas (IL-1 β , IL-6, IL-18) entre las PVVIH, así como marcadores elevados de disfunción intestinal (MMP-7) y translocación microbiana (CD163 soluble), sin diferencias entre RI y NRI. Además, encontramos una mayor abundancia de células T CD8+ IFN- γ + y células T CD4+ activadas (HLA-DR+ CD38+) en los NRI en comparación con los otros dos grupos. Finalmente, al evaluar la composición del bacterioma intestinal: cuando se compararon los NRI y los RI, se observó una mayor abundancia relativa de Prevotellaceae (16,5 frente a 12,8%), Oscillospiraceae (12,7 frente a 7,7%) y Lachnospiraceae (12,7 frente a 8,4%), así como una menor abundancia de Peptoniphilaceae (10,9 frente a 17,6%). Sin embargo, no encontramos diferencias significativas en la diversidad alfa y beta entre los grupos.

Conclusiones: Los resultados descritos en relación a las citoquinas y a los linfocitos T en las personas con peor recuperación inmunológica podrían reflejar fenómenos de inmunosenescencia, así como otras infecciones virales no estudiadas rutinariamente (CMV, por ejemplo). A pesar de la elevación de citoquinas proinflamatorias, de los marcadores de translocación microbiana y un mayor porcentaje de células T CD8+ y CD4+ activadas y productoras de IFN- γ , no encontramos una diferencia relevante en las composiciones del bacterioma intestinal de las PVVIH y los VS. Algunas variables no controladas podrían explicar este resultado (IMC, consumo de sustancias, duchas rectales). Se justifican más investigaciones para dilucidar el papel de la disbiosis intestinal como impulsora de la activación linfocitaria y de la peor recuperación inmunológica en los pacientes que logran la indetectibilidad.

Keywords: disbiosis intestinal, recuperation CD4, activation linfocitaria, inflammaIDS, VIH

Financing: Beca ANID Doctorado Nacional 2119099; Fondef IT19|0061; Fondecyt 1190156; Anillo ATE220016 de ANID

Acknowledgments: Policlínicos de Infectología (HCSBA-HDS), laboratorios de Virología y de Inmunomodulación del cáncer (U de Chile) y al Centro Austral de Tecnología Genómica (U de Magallanes).



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

CO21

ESTUDIO TRANSVERSAL DE RESPUESTA VIROLÓGICA COMPARATIVA ENTRE TRES ESQUEMAS DE ANTIRETROVIRALES COFORMULADOS-UNO DE ELLOS GENÉRICO- EN UN CENTRO DE ATENCIÓN VIH PÚBLICO

Felipe Quilodran^{1,2,3}, Izkia Siches^{1,2,3}, Claudia P. Cortes^{1,2}, Felipe Ayarza¹, Alicia Asenjo¹, Marcelo Wolff^{1,2}

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

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

(3) Residente Programa Infectología Adulto

Introducción: La terapia antirretroviral (TAR) inmediata es el estándar actual en el tratamiento del VIH a nivel mundial (ONUSIDA). En Chile, esta modalidad terapéutica está respaldada por las Garantías Explícitas de Salud (GES) para toda la población residente. Entre las terapias más utilizadas en el sistema público están las coformuladas de toma única: Abacavir/Lamivudina/Dolutegravir (Trium), Tenofovir alafenamida/Emtricitabina/Elvitegravir/cobicistat (Genv) y Tenofovir disoproxil/Lamivudina/Dolutegravir (TLD); las dos primeras, innovadoras de casas farmacéuticas y la última, genérica. A pesar de su amplia masificación global, hay pocos estudios de efectividad de TLD, tanto individual como comparativa, ninguno a nivel nacional.

Objetivos:

1. General: Evaluar el estado inmunológico y virológico en personas adultas que viven con VIH (PVVIH) que reciben cada uno de los tres regímenes coformulados y se atienden en el Hospital San Borja Arriarán.

Específicos:

1. Analizar la respuesta virológica de PVVIH con más de 6 meses en tratamiento independiente de razón de uso.
2. Evaluar la respuesta virológica de aquellos sin TAR previa que iniciaron su tratamiento con una de las tres terapias.

Materiales y Métodos: Estudio transversal en PVVIH adultos bajo control en el Hospital San Borja Arriarán, que estuvieran recibiendo alguna de las tres TAR mencionadas hasta el 1 de Abril del 2024, con carga viral (CV) disponible al último control previo a esa fecha. Se excluyeron aquellos con menos de 6 meses de TAR o en tratamiento con otras terapias. Se realiza un análisis de subgrupo en quienes no habían recibido tratamiento previo, evaluando la última CV antes de abril de 2024.

Resultados: Se identificaron 3990 pacientes en tratamiento con alguna de los 3 regímenes de TAR: 1579 (40%) con Trium, 893 (22%) con Genv y 1518 (38%) con TLD. De ellos, 2844 (71%) tenían CV disponible y más de 6 meses en tratamiento.

Trium: 1084 pacientes, de los cuales 1062 (98%) con CV < 1000 copias/ml y 1056 (97%) con CV <200 copias/ml

Genv: 737 pacientes, con 725 (98%) con CV < 1000 copias/ml y 724 (98%) con CV <200 copias/ml.

TLD: 1023 pacientes, 984 (96%) con CV < 1000 copias/ml y 970 (94%) con CV <200 copias/ml.

En el grupo sin tratamiento previo, se identificaron 761 pacientes, distribuidos en: 229 (30%) con Trium, 230 (30%) con Genv y 302 (39%) con TLD. De estos, 572 (75%) tenían CV disponible y más de 6 meses en tratamiento.

Trium: 192 pacientes, 188 (98%) con CV <1000 y 186 (97%) con CV <200 copias/ml.

Genv: 215 pacientes, 213 (99%) con CV <1000 y <200 copias/ml.

TLD: 165 pacientes, 100% con CV <1000 y <200 copias/ml.

Para los grupos Trium, Genv y TLD, respectivamente, las características basales de estos grupos fueron similares en edad (mediana: 34, 35 y 36 años), porcentaje de hombres (86%, 95% y 87%), carga viral (mediana: 107,000, 75,700 y 105,000 copias/mL) y recuento de CD4 (mediana: 295, 335 y 233 células/mL).

Discusión: Este estudio tiene limitaciones, entre ellas está: diseño transversal que incorpora solamente a quienes estaban con esos tratamientos a la fecha del fin de enrolamiento y no a quienes lo hayan cambiado, abandonado, sido trasladados o fallecido mientras los tomaban; tampoco evaluó la respuesta inmunológica ni efectos adversos comparativos. No se hizo análisis de costo efectividad considerando la amplia diferencia de precio entre los coformulados genérico y de innovación farmacéutica.

Conclusiones: El estudio transversal de la respuesta virológica en PVVIH tratados con los regímenes estudiados, mostró altos y adecuados niveles de efectividad en cuanto a supresión virológica plasmática. El preparado genérico, en creciente uso en Chile, tuvo una efectividad no inferior a la de los coformulados innovadores y cumpliría con los requisitos para ser una alternativa de primera opción terapéutica en terapia antirretroviral. Es el primer paso para una adecuada evaluación sistemática de seguimiento con esas variables para cada uno de los regímenes, tarea que debiera ser coordinada por la autoridad sanitaria a nivel nacional.

Keywords: VIH, ANTIRETROVIRAL, GENÉRICO, SUPRESIÓN, RESPUESTA VIROLÓGICA

Financing: Este trabajo no contó con ningún financiamiento.

Acknowledgments: Pacientes Fundación Arriarán, HCSBA Fundación Arriarán, Hospital Clínico San Borja Arriarán Caribbean, Central and South America network for HIV epidemiology. CCASAnet Chile.



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

CO22

PROFILAXIS PRE-EXPOSICIÓN EN CHILE: A 5 AÑOS DE SU IMPLEMENTACIÓN

Yasna Alarcón ¹, María Teresa Silva Quilodrán ¹, Leonardo Chanqueo ¹, Edith Ortiz ¹

(1) Ministerio de Salud, Depto. Programa Nacional de Prevención y Control del VIH/SIDA e ITS, Monjitas 565, Santiago, Chile

Introducción: La Profilaxis Pre exposición (PrEP) al VIH, consiste en el uso de antirretrovirales (ARV) para reducir el riesgo de adquirirlo. El fármaco utilizado para PrEP en nuestro país es tenofovir/emtricitabina (TDF/FTC). Esta estrategia fue implementada durante el año 2019 en la Red Pública de Salud, inicialmente en centros de atención para personas que viven con el VIH y/o Unidades de atención de Infecciones de Transmisión Sexual (UNACESS). Comenzó en 9 centros en 4 regiones del país, sumándose de manera progresiva otros establecimientos durante los años siguientes. Actualmente está disponible en 37 establecimientos, incluyendo establecimientos de atención primaria (APS), abarcando 14 de las 16 regiones del país.

Basado en la evidencia internacional del momento, las orientaciones técnicas vigentes iniciaron la implementación de PrEP el año 2019, como parte de la estrategia de prevención combinada, indicando dirigir la estrategia a personas mayores de 18 años que fuesen parte de grupos de poblaciones clave: Hombres que tienen sexo con hombres (HSH), personas transgénero, trabajadores/as sexuales y personas con mayor riesgo de exposición al VIH.

La atención de salud incluye atención profesional, educación y consejería para adherencia y prevención de VIH y otras infecciones de transmisión sexual (ITS) mediante entrega de preservativos, lubricantes e inmunoprofilaxis para hepatitis B, hepatitis A, HPV y Mpox, así como tamizaje basal y de seguimiento para VIH, sífilis, hepatitis B y C e infecciones por *Neisseria gonorrhoeae*, para un diagnóstico y tratamiento oportuno de estas condiciones.

Objetivo: Describir el proceso de implementación de la estrategia PrEP en Chile desde su inicio el 2019 hasta el 30 de junio de 2024.

Material y Métodos: Se revisan las bases de datos para monitoreo de la estrategia, disponibles en el Depto. Programa Nacional de Prevención y Control del VIH/SIDA e ITS, la cual se alimenta a través de los reportes trimestrales que realiza cada uno de los establecimientos de salud, desde el año 2019 hasta el 30 de junio de 2024.

Se calcula en número absoluto y porcentaje de personas ingresadas por año a nivel nacional, por género y edad.

Se calcula la modalidad de toma por número absoluto y porcentaje. Se cuantifican las principales ITS diagnosticadas durante el seguimiento clínico de las personas en PrEP, así como la cantidad de casos reportados de seroconversión VIH. Se analizan las principales causas de abandono de seguimiento reportadas por los centros. Se realizan tablas y gráficos con los datos obtenidos.

Resultados: Al 30 de junio de 2024, se han enrolado a 3.983 personas de las cuales 2.113 continúan en PrEP. El detalle de personas ingresadas por año es el siguiente: 2019: 324; 2020: 383; 2021: 607; 2022: 804; 2023: 1196; 2024: 669 (*hasta el 30 de junio 2024). El 90% de los ingresos corresponde a hombres, el 6% a mujeres y el 4% a personas trans. Según edad, el 21% tiene entre 18 y 24 años, el 75% entre 25 y 49 años y el 4% tiene más de 50 años.

Según la modalidad de toma, solo 129 personas utilizaron PrEP "a demanda" y todas las demás personas utilizan PrEP de forma diaria.

Durante la permanencia en PrEP al mismo periodo, 573 personas han presentado una ITS:

- Sífilis: 362
- Gonorrea: 33
- Clamidia: 19
- Otras (no especificadas): 162

Han reportado 8 casos de seroconversión VIH posterior al inicio de PrEP.

Al consultar por las causas por las cuales las personas han abandonado PrEP, los establecimientos reportaron que:

- 89% abandona/decide no continuar
- 2% presentó alteración de la función hepática/renal
- 1% presentó reacción adversa al medicamento
- 8% otras causas

Conclusiones: Se ha visto un incremento progresivo del número de personas que ingresan a PrEP a lo largo del país en la medida en que se han incorporado nuevos centros a la estrategia PrEP, si bien es posible que el incremento se halla visto frenado tras su inicio el 2019 por la pandemia.

El 90% de las personas que han accedido a PrEP son hombres y la modalidad de toma preferente fue la toma diaria (97%).

Al 14% de las personas ingresadas se les ha diagnosticado alguna ITS, siendo la más frecuente sífilis (63%).

La seroconversión VIH ha sido baja, representada por el 0,2% de los casos ingresados.

Del total de personas ingresadas, un 47% ha abandonado PrEP, el 89% de ellos por decisión personal de no continuar y solo el 3% por reacciones adversas o alteraciones de la función hepática renal lo cual se condice con la experiencia de la literatura internacional.

Keywords: VIH, PrEP, Prevención Combinada

Financing: Ministerio de Salud de Chile.

Acknowledgments: A todos los directivos y equipos de los establecimientos que han logrado la implementación local de PrEP en diferentes niveles de la red asistencial en el país.



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

CO23

PREVALENCIA DE RESISTENCIA TRANSMITIDA A DROGAS ANTIRRETROVIRALES EN CHILE: RESULTADOS FINALES DE 11 CENTROS DE SALUD A LO LARGO DEL PAÍS.

María Elena Ceballos Valdovinoso¹, Cinthya Ruiz-Tagle¹, Felipe Castañeda², Marcela Ferrés^{3,4}, Carlos Palma⁴, Angélica Domínguez de Landa⁵, Manuel Espinoza⁵, Alejandro Afani⁶, María Elvira Balcells¹

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

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

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

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

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

(6) Centro VIH Hospital Clínico Universidad de Chile.

Antecedentes: La morbi-mortalidad y la transmisión del Virus de Inmunodeficiencia Humana (VIH) se han reducido en las últimas décadas con la terapia antirretroviral (TARV). No obstante, el tratamiento puede fallar si se adquiere una cepa con mutaciones que confieran resistencia a los antirretrovirales. La última resistencia transmitida a las drogas antirretrovirales (RTD) reportada a nivel nacional fue de 10,45% en 2018 y está en aumento en todo el mundo.

Objetivo: Determinar la prevalencia de RTD global y la necesidad de incorporar el estudio de genotipificación en personas que viven con VIH vírgenes a TARV en Chile.

Material y método: Estudio observacional transversal, realizado en 11 centros de salud, distribuidos en 7 regiones de Chile. La muestra seleccionada es representativa de la población nacional. Se invitó a participar a individuos ≥ 18 años, con fecha diagnóstico de VIH ≤ 12 meses reportado por el Instituto de Salud Pública y sin TARV o PrEP previos. Se excluyeron individuos con carga viral VIH < 1000 copias de ARN/mL. La genotipificación del ácido ribonucleico del gen de transcriptasa reversa, proteasa e integrasa se realizó mediante una reacción en cadena de la polimerasa anidada y posterior secuenciación de Sanger. Se determinó la prevalencia de RTD a nivel nacional y se identificaron mutaciones asociadas a RTD según la "HIV Drug Resistance Database" de la Universidad de Stanford basado en el listado de mutaciones de la OMS.

Resultados: Entre febrero de 2023 y julio de 2024, se secuenciaron 168 participantes. La edad promedio fue de 35,9 años (18-78), con el 89,3% perteneciente a la población chilena. El 84,5% era de sexo masculino, de los cuales el 72,6% tenía sexo con hombres. El 85% de los participantes conocían su posible fecha de infección y de ellos, 62,3% había sido en el último año. La cepa viral más frecuente fue el subtipo B (67,9%). La prevalencia de RTD general (a cualquier familia de TARV) fue de 16,7% (n=28). El porcentaje de RTD para cada familia fue 3% para INTR [n=5], 7,1% INNTR [n=12], 0,6% IP [n=1], 8,9% INSTI [n=15]). Dentro de los INSTI; la resistencia para primera generación fue de un 10,78% y para segunda generación fue de un 1,2%. Se detectaron las siguientes mutaciones asociadas a RTD: INTR (M41L 14,3% [n=1]; D67N 28,6% [n=2]; T69D 14,3% [n=1]; L210W 14,3% [n=1]; T215E 14,3% [n=1]; K219Q 14,3% [n=1]), INNTR (K101E 9,1% [n=1]; K103N 72,7% [n=8]), IP (L10F 100% [n=1]) e INSTI (E92G 5% [n=1]; T97A 5% [n=1]; E138A 5% [n=1]; Q140S 5% [n=1]; Q148H 5% [n=1]; Q148K 5% [n=1]; E157Q 10% [n=2]; G163K 10% [n=2]; G163R 50% [n=10]). Un participante presentó resistencia conjunta a INTR e INNTR, otro a INTR e INSTI y 3 a INNTR e INSTI. Adicionalmente, 9 individuos presentaron la mutación E138A/K que confiere resistencia a rilpivirina, 12 la mutación V106I, 1 la mutación V108I que podrían conferir resistencia a doravirina, 3 la mutación K238T que confiere resistencia intermedia a efavirenz y nevirapina. Estas mutaciones no se incluyeron para calcular el porcentaje de RTD a INNTR, dado que no se encuentran en el listado de mutaciones de vigilancia de RTD de la Organización Mundial de la Salud. En el análisis multivariado se observó que el OR para presentar RTD fue de 5,7 (95% IC 1.3-25.4) en la macrozona norte, respecto a la macrozona centro del país.

Conclusiones: En Chile se observa un aumento de la prevalencia de RTD a TARV respecto a lo reportado históricamente. Las principales familias afectadas son los INSTI (mayoritariamente de primera generación) e INNTR. Los resultados indican que es pertinente incorporar el estudio de genotipificación basal en pacientes que iniciarán TARV con INNTR efavirenz o rilpivirina e INSTI de primera generación o , en su defecto, que la tercera droga de inicio en Chile sea siempre INSTI de segunda generación o IP, evitando INNTR efavirenz o rilpivirina e INSTI de primera generación.

Keywords: VIH, Resistencia transmitida, Chile, Terapia antirretroviral

Financing: Proyecto FONIS SA22I0035, Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo

Acknowledgments: Equipos atención H. Regional Arica, Iquique, Antofagasta, Carlos Van Buren, Red UC-CHRISTUS, Sótero del Río, Barros Luco, San J. de Dios, Concepción, Talcahuano y Puerto Montt



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

CO24

TENDENCIAS DE LA MORTALIDAD POR VIH/SIDA EN CHILE Y SU ASOCIACIÓN CON FACTORES SOCIOECONÓMICOS, ANTES Y DESPUÉS DE LA INCORPORACIÓN UNIVERSAL DE LA TERAPIA ANTIRRETROVIRAL

Andrés Soto^{1,2}, Faustino Alonso³

(1) Unidad de Infectología, Hospital del Salvador y Fundación Arturo López Pérez.

(2) Depto. Medicina Interna Oriente, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

(3) Escuela de Salud Pública, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

Introducción: A pesar de la mejoría de las condiciones sanitarias, la infección por VIH continúa avanzando en Chile, con un aumento de su incidencia, y una tendencia al alza en la mortalidad relacionada a SIDA en forma reciente. No existen estudios recientes que analicen la dinámica de esta última a nivel poblacional.

Métodos: Estudio ecológico mixto (serie temporal/grupos múltiples) analítico, que evaluó la población fallecida ≥ 15 años por VIH/SIDA en Chile, entre 1997 y 2017. Se utilizó la base de defunciones del DEIS para su pesquisa, mediante CIE-10. Se estimaron tasas de mortalidad estandarizadas (TME) por edad y sexo, a nivel nacional y regional, para los años incluidos y según períodos de incorporación de la terapia antirretroviral (TAR) a las GES, pre-GES (1997-2005) y post-GES (2006-2017). La estandarización se hizo con el método directo, utilizando de referencia la población OMS-2000. Se incluyeron como covariables edad, sexo, año de defunción, región de residencia, causas de muerte, y además nivel de educación, actividad laboral y ocupación. Se incorporaron los porcentajes de pobreza multidimensional y por ingresos, desde la encuesta CASEN (2009-2017), y los porcentajes de migración por región, desde el censo 2017 y del Servicio Nacional de Migraciones (2005-2014). Se estimó razón y diferencias de tasas estandarizada (RTE y DTE), y Mann-Whitney para la comparación por período. Se determinaron las tendencias de las TME por año y sus proyecciones hasta 2027, así como la búsqueda de factores relacionados con dichas tendencias a través de un análisis multivariado, utilizando la regresión de Prais-Winsten. Se estimó un modelo por regresión lineal exclusivamente para el período post-GES, para las variables de pobreza y migración. Se utilizó Stata v18.

Resultados: Se pesquisó 9.481 personas fallecidas, 85,9% de sexo masculino. Las principales causas de muerte fueron tuberculosis y linfoma. 87,5% presentó nivel de educación máximo básico/medio. 21,1% eran jubilados y 34,1% cesantes. La TME nacional, para el período pre-GES fue 3,72, y 3,46 por 100.000 habitantes post-GES. En el sexo masculino, la TME fue 6,55 y 5,90, y en el femenino 0,88 y 1,03, para cada período, respectivamente. La edad mediana en años fue 38 (RIC 32-46) pre-GES, y 43 (RIC 34-52) post-GES. En la comparación por período a nivel país, las RTE fue >1 y DTE >0 para las TME globales y en los hombres, que refleja una reducción post-GES, y RTE <1 y DTE <0 para las mujeres, que implica un aumento. Sin embargo, dichas diferencias por período no fueron significativas según sexo, ni globalmente ($p=0,200$). Por el contrario, a nivel regional, se observó un alza significativa en las TME post-GES en Arica ($p=0,023$), Antofagasta ($p=0,021$), Atacama ($p<0,001$) y Coquimbo ($p=0,003$), y descenso en RM ($p<0,001$) y Valparaíso ($p=0,016$). La tendencia anual de la TME a nivel país entre 1997 y 2017 fue al descenso no significativo, con coeficiente -0,01 [IC95% -0,05-0,03], con una proyección hacia el estancamiento, con TME de 3,28 por 100.000 para 2027. Por otro lado, existieron diferencias en las regiones, con aumento en Arica (coef. 0,28 [IC95% 0,08-0,48]), Atacama (coef. 0,25 [IC95% 0,17-0,24]), Antofagasta (coef. 0,15 [IC95% 0,08-0,22]) y Coquimbo (coef. 0,10 [IC95% 0,06-0,15]), y descenso en RM (coef. -0,12 [IC95% -0,20 - -0,04]) y Valparaíso (coef. -0,06 [IC95% -0,09 - -0,02]). Hubo un aumento significativo de la tendencia específicamente en mujeres en el norte, principalmente en Arica. Los factores asociados con aumento en las tendencias fueron tuberculosis (coef. 6,56 [IC95% 2,08-11,03]), *wasting syndrome* (coef. 14,82 [IC95% 7,91-21,74]) y desempleo (coef. 6,66 [IC95% 2,55-10,77]). La migración, específicamente de Perú (coef. 0,10 [IC95% 0,06-0,13]), Bolivia (coef. 0,04 [IC95% 0,02-0,07]) y Haití (coef. 0,06 [IC95% 0,01-0,10]) se asoció con alza de la TME post-GES.

Discusión: La mortalidad por VIH/SIDA se presentó de manera dispar, con tendencias al descenso no significativo a nivel país y una proyección hacia el estancamiento hasta 2027. Sin embargo, hubo un aumento de ésta, principalmente en las regiones del norte y en las mujeres, post-GES. Ello se asoció con enfermedades como la tuberculosis, el desempleo y la migración. Estos resultados revelan enormes diferencias en la distribución de la mortalidad en Chile, a pesar de la incorporación de la TAR en el GES, lo que traduce la relación que tiene el VIH/SIDA con ciertos determinantes sociales y vulnerabilidad.

Keywords: HIV, AIDS, mortality

Financing: No hubo

Acknowledgments: Ninguno



Area: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

CO25

ANÁLISIS DEL CONSUMO DE ANTIBIÓTICOS EN LA ATENCIÓN PRIMARIA EN SALUD EN LA REGIÓN DE ATACAMA DURANTE 2023, UNA MIRADA RESPECTO AL USO Y MAL USO DE ANTIBACTERIANOS.

Piero Guggiana Nilo¹, Roberto Rivero Calderón², Lucía Cleveland Gonzalez¹, Paulina Riveros Trujillos³, Nancy Araya Campillay³, Francisca Bichara Oviedo³

(1) Servicio de Salud Atacama, Departamento de Atención Primaria, Chacabuco 681, Copiapó, Chile

(2) Servicio de Salud Atacama, Departamento de Estadística, Chacabuco 681, Copiapó, Chile

(3) Servicio de Salud Atacama, Departamento de Gestión Hospitalaria, Chacabuco 681, Copiapó, Chile

Introducción: En el contexto de la lucha contra la resistencia antibacterianos, se ha impulsado la iniciativa de conformación de equipos PROA a nivel APS desde 2022. En Atacama se conformo el equipo PROA a nivel del servicio de salud en 2024, con el objetivo de monitorizar e impulsar los equipos PROA en todos los centros de la región. Existe poca información en relación con la indicación y consumo de antibacterianos (ATB) en APS, pero sabe que alrededor del 90 % de las prescripciones ocurren a este nivel, y dentro de ellas es importante señalar que los arsenales de APS cuentan con la presencia de fluoroquinolonas y macrólidos del grupo de vigilancia, existiendo poca o nula supervisión en su uso.

Objetivo: El presente estudio tiene como objetivo determinar y comparar el consumo de ATB presentes en el arsenal farmacológico de uso oral, en todos los centros de APS de la región de Atacama durante el año 2023.

Materiales y Métodos: Para la realización del presente estudio se analizaron todas las recetas emitidas por médicos y odontólogos en consultas de atención abierta en APS en los 17 CESFAM, 2 CES, 1 PSR y 2 hospitales comunitarios de la región. Se consideraron los siguientes ATB presentes en el arsenal farmacológico de APS del servicio de salud Atacama: amoxicilina, amoxicilina-acido clavulánico, flucloxacilina, cloxacilina, cefadroxilo, azitromicina, claritromicina, eritromicina, cotrimoxazol, ciprofloxacino, levofloxacino, nitrofurantoina y metronidazol, en todas las presentaciones orales disponibles. Para determinar el consumo se utilizó el indicador "días de terapia" (DOT) por 1000 morbilidades médicas u odontológicas. Se determino el indicador de manera anual para todos los ATB, considerando los mínimos y máximos por centro. El análisis estadístico se realizó mediante la razón de DOT de un centro vs el DOT regional.

Resultados: A nivel de servicio de salud, se indicaron 100313 días de ATB por médico y 38694 por odontólogos, distribuidos en 146370 consultas médicas y 71532 consultas odontológicas. El DOT regional correspondió a 685,3 (min 236,7 y max 2823,1) de cualquier antibiótico para médicos y de 540,9 (min 145,6 y max 1285,7) para odontólogos. Los ATB de mayor consumo por médicos y odontólogos correspondieron a amoxicilina y amoxicilina-ac clavulánico, con DOT 152,2 y 366,1 para amoxicilina y DOT de 112,2 y 140,8 para amoxicilina ac clavulánico. En el caso de médicos, el ciprofloxacino correspondió al tercer ATB de mayor prescripción con un DOT 85,0 (min 7,4 y max 344,1) en cuarto lugar claritromicina con DOT 73,2 (min 23,3 y max 293,8). En el caso de los análisis de razones de tasas, el promedio con relación al DOT regional corresponde a 1,08 veces la tasa regional, con un min de 0,35 y máximo de 4,12 y en particular en el caso de azitromicina existe 1 centro con una DOT 9,7 veces sobre el DOT regional. En el caso de odontólogos la razón de tasas con relación al regional tuvo un promedio de 1,10 con un min de 0,27 y max de 2,38 y de manera similar existe un centro con un DOT de azitromicina 17,0 veces sobre el DOT regional.

Conclusiones:

1. De los resultados se desprende que el ATB de mayor utilización en APS corresponde a amoxicilina para todos los prescriptores, seguido por amoxicilina ac clavulanico
2. En el caso de médicos el consumo de antibióticos del grupo vigilancia ocupan el tercer y cuarto lugar en las mayores prescripciones, ocupando en conjunto sobre el 20 % del total de DOT en la región.
3. Si bien, el promedio de la razón de tasas lo ubica cercano al promedio regional, existen para ambos prescriptores centros con tendencias a prescripción sobre 2 magnitudes del total promedio regional y en el caso de azitromicina centros con DOT sobre 9 veces el valor regional.
4. El elevado consumo de antibióticos del grupo reserva, tanto de fluoroquinolonas como macrólidos, tiene impacto en los niveles de resistencia y la selección de resistencias a otros tipos de antibióticos, por lo que se debe avanzar en el control del uso de ATB en la APS.

Keywords: PROA, antibacterianos, APS

Financing: Sin financiamiento específico



Area: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

CO26

EVALUACION DEL OBJETIVO FARMACOCINETICO FARMACODINAMICO (PK/PD) DE AMIKACINA MEDIANTE AJUSTE FARMACOCINÉTICO EN PACIENTES CRITICOS ADULTOS

Ruth Rosales¹, Carlos Gallo¹, Claudio González¹, Claudia Monterrosa¹, Macarena Cabero¹, Nadia Curilen¹

(1) Farmacia Clínica UPC, Hospital Barros Luco Trudeau

Introducción: Los aminoglucósidos son parte de la terapia combinada en pacientes hospitalizados. El 2023 el CLSI cambió los criterios interpretativos de la prueba de susceptibilidad in vitro para aminoglucósidos utilizando modelos PK/PD, farmacocinéticos poblacionales, datos de vigilancia de susceptibilidad in vitro, distribuciones de concentración inhibitoria mínima (CIM) de EEUU y de vigilancia mundial. El análisis consideró la evaluación de los regímenes de dosificación de intervalo extendido y evaluó puntos de corte asociados a monitoreo de drogas como una estrategia de mayor logro de objetivos PK/PD. Los índices PK/PD usados como predictores de eficacia y seguridad son área bajo la curva (AUC) sobre la CIM en 24 h ((AUC/CIM)24 h) y concentración máxima (Cmax) dividido por la CIM (Cmax/CIM). De acuerdo con la evaluación realizada por USCAST, la probabilidad de alcanzar el objetivo PK/PD para enterobacterias con CIM 4 en un régimen de extensión de intervalo de 20mg/kg fue de 20,8% para una disminución de 1 log₁₀ UFC y de 1,5% para CIM 8. La evaluación del cumplimiento de target PKPD, considerando estos nuevos cambios de puntos de corte, es escasa en la literatura para pacientes críticos.

Objetivo: Evaluar el logro del objetivo PK/PD de amikacina mediante ajuste farmacocinético en pacientes críticos adultos.

Material y método: Estudio observacional de pacientes hospitalizados en UPC del Hospital Barros Luco entre noviembre 2023 y septiembre 2024. Se incluyeron pacientes en su primer curso de amikacina durante su estadía en UPC y monitorización de 2 niveles tras la primera dosis. La monitorización de niveles plasmáticos está estandarizada (peak y basal). El cálculo de AUC se realizó con el método de Meng y cols.(2019) y a partir de un modelo monocompartimental se proyectó Cmax y Cmin a las 24 h. Se objetivó el cumplimiento del AUC/CIM24h entre 80-100mg*h/L y Cmax/CIM8-10, para CIM 4 y 8 mcg/ml. Se consideró como cumplimiento si se alcanzaba el valor mínimo del rango objetivo. El aclaramiento de creatinina estimado (Clcr) fue determinado por Cockcroft- Gault. Los datos clínicos se extrajeron de la BD de la unidad de farmacia clínica y fueron auditados. No se evaluó toxicidad. Se utilizó mediana y RIC para datos continuos, y se evaluó la correlación entre variables continuas con el coeficiente de Pearson.

Resultados: Ingresaron 50 pacientes, 54%(27) mujeres. La mediana de edad, peso, IMC y Clcr fue: 64,5 años (56-68), 70,0 kg (61-86), 26,5 (23,4-31,1), y 31,9 ml/min/1,73m² (18,5-56,4), respectivamente. La mediana de dosis fue de 17,7 mg/kg (14,3-23,2). El intervalo de dosificación para todos los pacientes fue ≥24 h. El 52% fue hospitalizado en UTI, 44% en UCI y 2 pacientes en UCIC. El 62%(31) tuvo diagnóstico de shock y el 60%(30) DVA, ambos al momento del monitoreo farmacocinético. El 94% de los pacientes tenía sospecha de foco infeccioso, los más prevalentes: urinario(22), intraabdominal(19) y respiratorio(8). En el 58%(29) de los pacientes se aisló un microorganismo, los más frecuentes: *E. coli*(n=26) y *K. pneumoniae*(8), todas con CIM >8. La estadía en UPC de 9 días (4-21) y la mortalidad durante la hospitalización por todas las causas fue de 26%(13). El Cmax proyectado fue 53,7 mcg/ml(44,5-72,1) y el Cmin 24h 6,3 mcg/ml(1,9-11,6). Para CIM 8, 34% de los pacientes cumplió el AUC/CIM y el 40% Cmax/CIM; si la CIM era 4, el 78% cumplió AUC/CIM y 98% logró Cmax/CIM. Se evaluó la asociación de AUC y Cmax con variables registradas. El Clcr presentó correlación lineal inversa con el AUC (r= -0.5659), estimando desde la regresión que Clcr <28 cumplen con el objetivo para CIM 8 y que los Clcr <100 cumplen para CIM4. Cmax presentó una correlación lineal positiva con la dosis por mg/kg, aunque fue débil (r= 0.3006).

Conclusiones: En nuestra muestra de pacientes críticos, los regímenes de dosificación con optimización farmacocinética con niveles plasmáticos y con mediana de dosis 17,7 mg/kg, al compararlos con la evaluación de USCAST con dosificación de intervalo extendido de 20 mg/kg, otorgan una mayor probabilidad de alcanzar objetivos PKPD para CIM 8 (34% vs 1,5%) y para CIM 4 (78% vs 20,8%), targets necesarios para lograr una disminución de 1 log₁₀ en infecciones graves.

Keywords: amikacina, farmacocinética, PK/PD, TMD, Monitoreo farmacocinético

Financing: Sin financiamiento

Acknowledgments: A los equipos de infectología y UPC



Area: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

CO27

MONITOREO DE LA ACTIVIDAD SINÉRGICA ENTRE CEFTAZIDIMA/AVIBACTAM CON AZTREONAM EN ENTEROBACTERIALES MULTIDROGORRESISTENTES PRODUCTORES DE METALO- β -LACTAMASAS.**Nicolás Alejandro Peña Toro**¹, Romina Meléndez Escobar², Patricio Ross Pérez¹, Stephanie Henríquez⁴, Patricia García Cañete^{3,4}

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

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Enfermedades Infecciosas del Niño, Facultad de Medicina, Diagonal Paraguay 362, Santiago Centro, Santiago, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Laboratorios Clínicos, Facultad de Medicina, Diagonal Paraguay 362, Santiago Centro, Santiago, Chile

(4) Red de Salud UC-CHRISTUS, Laboratorio de Microbiología, Servicio de Laboratorios Clínicos, Avenida Vicuña Mackenna N°4686, San Joaquín, Santiago, Chile

Antecedentes: Para el año 2050, se espera que la principal causa de muerte en el mundo sean las infecciones por bacterias multidrogorresistentes (MDR). Entre los patógenos de prioridad crítica de la OMS, los enterobacteriales resistentes a los carbapenémicos y productores de metalo- β -lactamasas (MBL), son particularmente difíciles de tratar, puesto que son capaces de hidrolizar a todos los β -lactámicos (incluido ceftazidima/avibactam), con excepción de aztreonam; sin embargo, aztreonam es fácilmente hidrolizado por β -lactamasas de las clases A y D de Ambler. Afortunadamente, la combinación de ceftazidima/avibactam (CZA) con aztreonam (ATM) ha demostrado una actividad sinérgica contra este relevante subgrupo de enterobacteriales MDR, estimándose una eficacia superior al 90% de acuerdo con las recomendaciones 2024 de la IDSA. Recién este año CLSI ha recomendado un método para la evaluación de la sinergia, por lo que no existen datos en nuestro país respecto del monitoreo de la actividad sinérgica entre CZA y ATM.

Objetivo: Evaluar la actividad de sinergia *in vitro* entre CZA y AZT en enterobacteriales MDR productores de MBL aislados desde infecciones de pacientes hospitalizados en un centro universitario.

Material y Método: Se estudiaron mediante test de elución siguiendo las recomendaciones del CLSI 2024 todos los enterobacteriales MDR productores de MBL que habían sido aislados desde infecciones de pacientes hospitalizados entre agosto de 2023 y agosto de 2024. Los aislados fueron identificados mediante MALDI-TOF, la susceptibilidad se realizó por dilución en agar y la identificación del tipo de carbapenemasa mediante inmunocromatografía. Se excluyeron los aislados que presentaban susceptibilidad para algún β -lactámico (penicilinas, cefalosporinas, carbapenémicos y/o monobactámicos). El test de elución se realizó agregando un inóculo estandarizado de cada aislado a 4 tubos con 5 mL de caldo Mueller-Hinton en los que previamente se agregó a los tres primeros tubos, un disco CZA (30/20 μ g), uno de AZT (30 μ g), ambos discos y sin discos. Se incubaron por 20 horas a 35°C y toda turbidez fue interpretada como desarrollo bacteriano. Se considera un test positivo cuando habiendo desarrollo en los tubos de CZA y AZT solos, no hay desarrollo en el tubo con ambos discos.

Resultados: Se identificaron 57 cultivos de pacientes con 61 enterobacteriales productores de MBL excluyéndose 18 aislados que presentaban susceptibilidad a algún β -lactámico. El 33% de las muestras correspondieron a urocultivos, 19% a hemocultivos y 14% a aspirados endotraqueales. Finalmente hubo 43 aislados para el estudio. El 56% correspondía a *Klebsiella pneumoniae* (24 cepas), seguido por *Klebsiella oxytoca* con un 16% (7 cepas) y por *Enterobacter cloacae* con un 14% (6 cepas). El resto correspondía a *Citrobacter spp.* (7%; 3 cepas), *Klebsiella aerogenes* (2%, 1 cepa), *Morganella morganii* (2%; 1 cepa) y *Serratia marcescens* (2%; 1 cepa). El 100% de las cepas portaba NDM, tanto de forma aislada (63%) como combinada con otra carbapenemasa (2% NDM + VIM y 35% NDM + KPC). Se encontró sinergia en un 93% de los aislados. Los 3 sin sinergia correspondieron a *Citrobacter spp.* (KPC + NDM), *Enterobacter cloacae* (NDM), y *Klebsiella oxytoca* (KPC + NDM).

Conclusiones: Un 93% de los enterobacteriales MDR productores de MBL presentaron sinergia CZA con ATM. La mayoría correspondía a *Klebsiella pneumoniae*, y la MBL más prevalente fue NDM. Por lo anterior, consideramos que es posible recomendar la asociación CZA + ATM como terapia empírica en caso de enterobacteriales productores de MBL.

Keywords: metalo- β -lactamasas, enterobacteriales, carbapenemasas, ceftazidima/avibactam, aztreonam

Acknowledgments: Agradecimientos a Dra. Patricia García C. por su orientación, tutoría y guía en el desarrollo del presente trabajo.



Area: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

CO28

CAPACITACIÓN DE LOS INTEGRANTES DE LOS EQUIPOS PARA OPTIMIZAR EL USO DE ANTIMICROBIANOS DE HOSPITALES DE LATINOAMÉRICA A TRAVÉS UN PROGRAMA DE TELEMENTORÍA

Rodolfo Ernesto Quirós^{1,2}, Javier Santiago Araujo^{2,3}, Alejandra Macchi¹, Eugenia Di Libero⁴, Miranda Teruel², María Fernanda Maldonado⁵, Ana Carolina Barbosa de Lima⁵, Andrea Zurawski⁵, Jorge Mera⁵

(1) Sanatorio Las Lomas, San Isidro, Bs. As., Argentina

(2) PROAnet, CABA, Argentina

(3) Hospital Cuenca Alta Nestor Kirchner, Bs. As., Argentina

(4) Hospital Evita de Lanús, Bs. As., Argentina

(5) Universidad de Nuevo México, Instituto ECHO, Centro de Ciencias de la Salud, Albuquerque, EEUU

Introducción: El Instituto ECHO de la Universidad de Nuevo México, junto a PROAnet y con el apoyo de Pfizer, están colaborando en el desarrollo y aplicación de un programa integral de telementoría para mejorar la capacitación de los integrantes de los Equipos PROA (Programas para Optimizar el Uso de Antimicrobianos) de los hospitales de Latinoamérica.

Objetivo: Identificar las variables asociadas con el nivel de desarrollo de los PROA y evaluar el impacto de un programa integral de telementoría en la capacitación de los equipos PROA.

Material y métodos: A través de un estudio multicéntrico de tipo cuasi experimental, 80 hospitales (51 públicos; 29 privados) de 10 países de Latinoamérica (Argentina, Bolivia, Colombia, Ecuador, El Salvador, Guatemala, México, Panamá, Perú y Paraguay) realizaron en Mar-2024 la autoevaluación de sus PROA utilizando dos instrumentos, previamente validados, uno cualitativo (Organización Mundial de la Salud) y otro cuantitativo (PROAnet). Ambos instrumentos cuentan con 5 secciones. PROAnet estructura los resultados en puntajes de 0-100 puntos para cada sección y como puntaje global. Para identificar las variables institucionales asociadas con el nivel de desarrollo basal de los PROA, se realizó un análisis univariado usando el puntaje global como variable dependiente. Aquellas variables asociadas significativamente fueron incluidas en un modelo de regresión lineal múltiple. Hasta Dic-2024, se planificaron 32 sesiones virtuales de 90 minutos con los integrantes de los equipos PROA de los hospitales participantes (18 sesiones de capacitación con contenido didáctico y 14 sesiones con presentación de casos). A través de encuestas anónimas post-sesión se valoró el aprendizaje y las actividades de capacitación, utilizando los niveles de Moore (*participación, satisfacción, conocimiento, competencia, cambio en las prácticas*) y escalas de Likert de 5 niveles (ej. extremadamente relevante/muy relevante/moderadamente relevante/poco relevante/nada relevante). A partir de la presentación de casos se identificaron las barreras y facilitadores que influyen en la implementación de los PROA. Los indicadores se expresaron como porcentaje de la suma de las dos respuestas más altas (ej. extremadamente relevante + muy relevante) sobre el total de respuestas.

Resultados: Ambas autoevaluaciones fueron coincidentes en sus hallazgos cualitativos. Los hospitales privados alcanzaron puntajes significativamente más altos que los hospitales públicos en el puntaje global (57,7 vs 49,5; $p=0,034$), la implementación de guías clínicas (68,8 vs 50,6; $p=0,006$) y en las estrategias para optimizar la prescripción de antimicrobianos (67,3 vs 58,2; $p=0,049$). En el análisis multivariado ser un hospital privado ($p=0,04$), tener un PROA implementado por más de 5 años ($p<0,01$), sin interrupciones o con interrupciones breves ($p<0,01$), fueron las únicas variables institucionales que se asociaron significativamente con un mayor nivel de desarrollo del PROA. Desde el inicio del proyecto se han realizado un total de 19 sesiones con la participación de 1545 asistentes (32% médicos; 24% farmacéuticos; 19% microbiólogos; 23% otras profesiones), con los siguientes indicadores de aprendizaje: *participación*: 58%; *percepción de relevancia*: 87%; *equilibrio entre contenido y discusión*: 87%; *satisfacción*: 81%; *incremento en la adquisición de conocimientos*: 98%; *aplicación de los conocimientos adquiridos*: 93%; *implementación o cambios de estrategias*: 87%; *cambios en las prácticas del personal asistencial*: 61%. A partir de los casos presentados por los Equipos PROA se identificaron 157 facilitadores y 172 barreras, agrupadas en 21 categorías cada una, en el contexto del desarrollo e implementación de estrategias para optimizar el uso de antimicrobianos en sus hospitales.

Conclusiones: El tipo de financiamiento de la institución y la continuidad en el tiempo de los PROA fueron factores relevantes en el nivel de desarrollo de estos programas. Además, la implementación de un proyecto de telementoría tuvo un impacto positivo en el nivel de capacitación y educación de los integrantes de los Equipos PROA de los hospitales participantes, acompañado del desarrollo e implementación de estrategias para optimizar el uso de antimicrobianos.

Keywords: Programas para Optimizar el Uso de Antimicrobianos. Educación. Telementoría

Financing: Este trabajo cuenta con el apoyo de la Universidad de Nuevo México y de Pfizer

**VIGILANCIA DE HETERORESISTENCIA INTERMEDIA A VANCOMICINA EN AISLADOS DE *Staphylococcus aureus* RESISTENTES A LA METICILINA CAUSANTES DE INFECCIONES INVASORAS**

Valeria Quiroz^{1,2}, Lina María Rivas^{1,2}, María Paz Riquelme^{1,2}, Katherine Soto^{1,2}, Yohanna Antolínez^{1,2}, Valentina Sanfurgo^{1,2}, Anne Peters^{1,2}, Rodrigo Martínez^{1,2}, Rafael Araos^{1,2}, Patricia García^{2,3}, José Manuel Munita^{1,2}, Lorena Díaz^{1,2}

(1) Genomics and Resistant Microbes (GeRM) lab, ICIM, Facultad de Medicina-Clínica Alemana, Avenida La Plaza 680, Las Condes, Santiago, Chile

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

(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Laboratorios Clínicos, Escuela de Medicina, Avenida Vicuña Mackenna 4686, Macul, Santiago, Chile

Introducción: *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (MRSA) es un patógeno prioritario para la OMS. El tratamiento estándar para infecciones severas por MRSA es vancomicina. La resistencia de MRSA a vancomicina continúa siendo muy infrecuente. Sin embargo, estudios previos han asociado fallas terapéuticas con vancomicina frente a infecciones por MRSA catalogados como susceptibles (VSSA), fenotipo denominado hVISA (*S. aureus* con heteroresistencia intermedia a vancomicina). Dicho fenómeno ocurre en cepas de MRSA que presentan subpoblaciones capaces de crecer en concentraciones de vancomicina entre 4-8 µg/mL, pero cuya presencia no es detectable por métodos de susceptibilidad convencionales. En Chile, se ha reportado un 12% de aislados hVISA, haciendo necesario vigilar la presencia de este fenotipo, el que se confirma por la metodología de PAP-AUC. Esta técnica es laboriosa y costosa, por lo que no se realiza en laboratorios clínicos y no existe un método de detección de hVISA disponible para laboratorios clínicos, por lo que el fenotipo pasa desapercibido.

Objetivo: Detectar aislados potencialmente hVISA en cepas de MRSA causantes de infecciones invasoras en Chile.

Métodos: Se realizó el tamizaje para hVISA en 616 aislados de MRSA recolectados en 11 hospitales en Chile (46% en la región metropolitana) entre el 2018 y 2024, causantes de infecciones invasoras (45% recuperados de sangre). Se emplearon placas de agar BHI suplementado con 4 y 6 µg/mL de vancomicina (BHI-VAN4 y BHI-VAN6, respectivamente), en las cuales se sembraron 10 uL de inóculo bacteriano de 1×10^8 CFU/mL. Se incluyeron como control de calidad las cepas *S. aureus* ATCC29213 (VSSA), *S. aureus* Mu3 (hVISA) y Mu50 (VISA). El crecimiento de ≥ 1 colonia se interpretó como positivo. A los aislados con resultado positivo para los dos tamizajes se les determinó la CIM para vancomicina y teicoplanina por microdilución en caldo (CLSI, 2024).

Resultados: Del total, el 95% (n=584) resultaron negativos para el tamizaje con BHI-VAN4 y BHI-VAN6. Sin embargo, el 14% (n=84) de los aislados fueron positivos para el tamizaje de BHI-VAN4 y el 5% (n=32) fueron positivos para ambos tamizajes (BHI-VAN4 y BHI-VAN6), catalogándolos como potenciales hVISA. Los aislados catalogados como potencialmente hVISA provenían de 8 de los 11 hospitales incluidos. El 72% de los aislados potencialmente hVISA provenían de tejido (n=23), 8 de sangre y 1 de líquido estéril. El rango de CIM frente a vancomicina y teicoplanina de los aislados potencialmente hVISA fue de 1-2 µg/mL y 1-8 µg/mL, respectivamente, todos los cuales fueron catalogados como susceptibles.

Conclusiones: El tamizaje con BHI-VAN6 para el fenotipo hVISA en aislados de MRSA causantes de infecciones invasoras en Chile demostró una positividad de un 5%. La confirmación del fenotipo por medio de la metodología de PAP-AUC es parte de nuestros estudios en curso. La asociación de hVISA con falla terapéutica podría amenazar la efectividad de vancomicina por lo que es necesario monitorear su eficacia frente al manejo de infecciones severas por MRSA en el país.

Keywords: MRSA, hVISA, vancomicina, heteroresistencia

Acknowledgments: Para la Red de Laboratorios MICROB-R.



Area: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

CO30

DIVERSIDAD DE CARBAPENEMASAS EN CEPAS DE PSEUDOMONAS AERUGINOSA RESISTENTE A CARBAPENÉMICOS AISLADAS EN HOSPITALES CHILENOS

Paulina González Muñoz ^{1,3}, Luis Amsteins Romero ¹, Andrés Opazo Capurro ^{1,2}, Celia A. Fernandes ^{1,4}, Mario Quezada Aguiluz ^{2,5}, Alejandro Aguayo Reyes ^{2,5}, Sergio Mella Montecinos ^{2,5}, Helia Bello Toledo ¹, **Gerardo Enrique Gonzalez Rocha** ^{1,2}

(1) Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos, Facultad de Cs. Biológicas, U. de Concepción, Concepción, Chile.

(2) Grupo de Estudio en Resistencia Antimicrobiana (GRAM), U. de Concepción, Concepción, Chile.

(3) Departamento de Cs. Biológicas y Químicas, Facultad de Medicina y Ciencia, U. San Sebastián, Concepción, Chile.

(4) Departamento Prevención y Salud Pública Odontológica, Facultad de Odontología, U. de Concepción, Concepción, Chile.

(5) Grupo de Estudio de Enfermedades Infecciosas de la Universidad de Concepción (GrEEn-UdeC), Facultad de Medicina, Departamento de Medicina Interna, Universidad de Concepción.

Introducción: *Pseudomonas aeruginosa* resistente a carbapenémicos (PARC) ha sido recientemente clasificada como un patógeno de alta prioridad por la Organización Mundial de la Salud (OMS). En Chile, es uno de los principales agentes etiológicos de la neumonía asociada a ventilación mecánica (NAV) en adultos, siendo responsable de 11 de los 54 brotes hospitalarios de NAVM registrados entre 2014-2019. Su alta prevalencia se debe principalmente a la dificultad del tratamiento antibiótico. La resistencia a carbapenémicos en *P. aeruginosa* puede estar mediada por diversos mecanismos; sin embargo, las carbapenemasas son actualmente el mecanismo de mayor preocupación debido a su amplio espectro hidrolítico y su capacidad de diseminación.

Objetivo: Determinar la prevalencia de carbapenemasas en aislados de *P. aeruginosa* resistente a carbapenémicos recuperados en diferentes hospitales de Chile.

Materiales y Métodos: Se incluyeron 230 aislados de PARC provenientes de hospitales de las regiones de Antofagasta, Metropolitana, Maule, Biobío, Araucanía y Los Lagos, recuperados entre 2015-2022. Para todos se determinó el perfil de susceptibilidad con el método de difusión en disco, siguiendo las indicaciones del manual M100 del *Clinical & Laboratory Standards Institute*, 2024. La presencia de carbapenemasas, en una primera etapa, se evaluó con la prueba BlueCarba, y posteriormente, mediante PCR pesquisar las familias *bla_{KPC}*, *bla_{VIM}* y *bla_{NDM}*. Finalmente, se secuenció el genoma completo de 100 cepas utilizando la plataforma Illumina, y se determinaron los secuenciotipos (STs) de estas cepas.

Resultados: Los aislados de este estudio provinieron predominantemente de la región de la Araucanía (33,9%), seguido por la del Maule (25,7%), Biobío (23%), Los Lagos (13,5%), Metropolitana (7%) y Antofagasta (0,4%). El 42% de los aislados (98 cepas) fueron BlueCarba (+), siendo catalogadas como productoras de carbapenemasas. Mediante PCR se determinó que 43 eran portadores de *bla_{KPC}*, 52 de *bla_{VIM}* y dos eran co-portadores de *bla_{NDM}* y *bla_{VIM}*, mientras que una de las cepas no portaba ninguna de las carbapenemasas pesquisadas. Geográficamente, las cepas productoras de carbapenemasas provinieron mayoritariamente de las regiones de La Araucanía (43 cepas), Los Lagos (23 cepas), Biobío aportó 14 cepas mientras que la región Metropolitana aportó 13 cepas productoras, la región del Maule solo dio positivo para 4 cepas y Antofagasta solo 1 aislado productor de carbapenemasas, respectivamente. Los antibiogramas de las cepas productoras de carbapenemasas muestran que 93 cepas fueron resistentes a meropenem y 97 a imipenem (IMP). La resistencia a ciprofloxacino (CIP) fue también frecuente, con 86 cepas resistentes. Ceftazidima/avibactam (CZA) y piperacilina/tazobactam (TZP) presentaron resistencia en 56 y 48 cepas, respectivamente, aunque PIP/TAZ fue el antibiótico que mostró mayor cantidad de cepas con susceptibilidad intermedia (24). Las cepas que no portaban carbapenemasas mostraron menor resistencia a IMP, con 77 de 135 cepas resistentes. Para CIP, amikacina, CZA y TZP, se observó una menor proporción de cepas resistentes en comparación con las productoras de carbapenemasas, con 56, 19, 21 y 38 cepas resistentes, respectivamente. El análisis de las secuencias del genoma completo de las cepas productoras de carbapenemasas, dio cuenta de 8 STs distintos, siendo los más representativos el ST654 (34 cepas) y ST111 (12 cepas), mientras que los otros STs identificados fueron ST197 (3 cepas), ST308 (3 cepas), ST815 (2 cepas), ST3348 (2 cepas), ST395 (1 cepa) y ST810 (1 cepa). Las cepas sin carbapenemasas mostraron una mayor diversidad de STs, con una distribución más homogénea: ST3348 (7), ST3302 (6), ST815 (5), ST309 (4), ST313 (3), ST389 (2) y con una cepa para los secuenciotipos ST111, ST395, ST773, ST712, ST245, ST274, ST207, ST1756.

Conclusiones: La alta prevalencia de KPC y VIM en Maule, Biobío y Araucanía contribuye significativamente a la resistencia de *P. aeruginosa* a carbapenémicos. Las cepas con carbapenemasas tienen mayor resistencia a varios antibióticos, limitando las opciones terapéuticas, a diferencia de las cepas sin carbapenemasas, que muestran menor resistencia. La predominancia de ST654 y ST111 sugiere linajes adaptados para diseminar genes de carbapenemasas. Este estudio resalta la necesidad de mejorar la vigilancia y control de infecciones ante la diseminación de carbapenemasas y resistencia múltiple.

Keywords: *Pseudomonas aeruginosa*, carbapenemasas, Secuenciotipos (STs), Vigilancia epidemiológica, resistencia antibiótica

Financing: FONDECYT-Iniciación 11190602, Pfizer Grant Nr 60340625

Acknowledgments: Se agradece a microbiólogos/as de hospitales de Antofagasta, El Salvador, Clínico U. Chile, Clínico PUC, Talca, Concepción, Las Higueras, Temuco y P. Montt por el envío de cepas.

**RENDIMIENTO DE HEMOCULTIVOS ANAERÓBICOS EN SEPSIS NEONATAL PRECOZ**

Aline Larrañaga Jorquera¹, Carolina Guerra², Alejandra Sandoval³, Cecilia Guerra³, Giannina Izquierdo^{2,4}

(1) Programa de formación Especialista en Infectología Pediátrica, Facultad de medicina Universidad de Chile

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

(3) Unidad de Neonatología, Hospital Carlos Van Buren, Valparaíso

(4) Facultad de Medicina Universidad de Chile.

Introducción: La sepsis precoz (SP) es una causa frecuente de uso de antimicrobianos en neonatología siendo los hemocultivos (HC) el estándar de oro para el diagnóstico de recién nacidos (RN) con sospecha de SP. Habitualmente se recomienda la toma de al menos un HC con un volumen mínimo de 1 ml. Se ha descrito en la literatura que el uso HC anaeróbicos aumentaría el aislamiento tanto de microorganismos aeróbicos como de anaeróbicos, pero sobre todo de bacilos gram negativos aerobios facultativos. Hasta ahora no hay consenso de su uso y, la mayoría de las unidades neonatales no utilizan los HC anaerobios para la evaluación de SP.

Objetivo: Evaluar si la toma de HC anaeróbicos aumenta la pesquisa de microorganismos causantes de SP.

Material y métodos: Estudio prospectivo, realizado entre enero del 2021 y diciembre del 2022 en el Servicio de Neonatología del Hospital Barros Luco Trudeau (HBLT) y entre enero del 2020 y diciembre del 2023 en el Hospital Carlos Van Buren (HCVB). Se incluyeron todos los RN con sospecha de SP. A cada RN se le tomó un par de HC periféricos de 1 ml cada uno, sembrados en una botella de HC aerobio y anaerobio respectivamente (Bact-alert), incubados por un período de 5 días.

SP se definió como el aislamiento de un microorganismo en un sitio estéril antes de las 72 horas de vida. Se consideraron contaminantes *Micrococcus* spp, *Staphylococcus coagulasa* negativos (SCN) *Difteroides* spp. u otros. Se consideró un aumento de pesquisa de las botellas anaeróbicas si los microorganismos crecían sólo en dicha botella o al menos 4 hrs antes que en la botella aeróbica.

Se utilizó estadística descriptiva expresando los resultados en medianas y RIQ.

Resultados: Durante el período del estudio nacieron 6497 RNV en el HBLT y 7215 en el HCVB. La incidencia global de SP para HBLT y HCVB fue de 2 por 1000 y 0,97 por 1000 RNV respectivamente. La mediana de peso de nacimiento (PN) y edad gestacional (EG) fue de 2030 gramos (1512-2685) y 33 semanas (31-36) respectivamente, sin diferencias significativas entre los centros. Se tomaron 1258 HC en 619 RN, con una tasa de positividad de 3,25% (41/1258). Se excluyeron 12 HC considerados como contaminantes (0,95%) siendo un 55,5% en botellas de HC aerobio. La tasa de positividad corregida fue de 2,3% (29/1258).

De los HC (+), 22/1258 fueron pareados en botella aeróbica y anaeróbica. La mediana de tiempo de positividad de los HC aeróbicos y anaeróbicos fue 9 hrs. 37 min y 11 hrs 28 min. respectivamente. Los microorganismos aislados en SP fueron *Escherichia coli* (6) 27%, *Streptococcus agalactiae* (4) 18%, *Enterobacter cloacae* (2) 9%, *Listeria monocytogenes* (2) 9%, *Streptococcus pneumoniae* (2) 9%, *Streptococcus mitis* (2) 9 %, *Pseudomonas aeruginosa* (1) 4,5 %, *Enterococcus faecalis* (1) 4,5 %, *Streptococcus pseudoporcinus* (1) 4,5% y *Streptococcus salivarius* spp (1) 4,5%. Los microorganismos aislados exclusivamente en botella aeróbica fueron un 4,5 % (1/22) correspondiente *S. salivarius* spp, mientras que en botella anaeróbica fueron de un 13,6 % (3/22) del total de HC (+) correspondiendo a *E. faecalis*, *P. aeruginosa* y *S. pseudoporcinus*. Un 81 % de los HC (+) fueron microorganismos que crecieron tanto en botella aeróbica como anaeróbica con una concordancia del 100% y con tiempo de positividad de <4 hrs entre ambos cultivos.

Conclusiones: El rendimiento general de los HC en SP fue de un 2,3%. El 13,6 % de las SP se detectaron sólo por HC anaeróbicos, lo que podría aumentar la identificación de microorganismos causantes de SP. No se identificaron anaerobios obligados en esta serie y no se observó un menor tiempo de positividad en el HC anaeróbico en comparación al aeróbico, tal como describe la literatura.

Dado los hallazgos de este estudio, se debería considerar la toma de HC anaeróbicos en la evaluación de SP en unidades neonatales considerando las implicancias de terapéuticas en este grupo de pacientes.



Area: Infecciones asociadas a la atención en salud

CO32

ERRADICACIÓN MICROBIOLÓGICA EN INFECCIONES DE SISTEMA NERVIOSO CENTRAL ASOCIADAS A DISPOSITIVOS DE DERIVACIÓN Y DRENAJE DE LCR EN PACIENTES PEDIÁTRICOS HOSPITALIZADOS

Scarleth Tachoiros¹, Felipe Soto², Claudia Bustos¹, Marcela Gonzalez¹

(1) Hospital Carlos Van Buren, Unidad de paciente crítico pediátrico, San Ignacio 725, Valparaíso, Chile

(2) Hospital Carlos Van Buren, Unidad de paciente crítico adultos, San Ignacio 725, Valparaíso, Chile

Las infecciones del SNC asociadas a dispositivos de derivación y drenaje (DsDD) de LCR son infecciones asociadas a atención en salud que causan un aumento en la morbilidad y estadía hospitalaria de los pacientes afectados. Su manejo puede ser prolongado y costoso. El retraso en la erradicación microbiológica se asocia a resultados neurológicos adversos.

Objetivos:

Principal: Determinar tiempo de erradicación microbiológica tras iniciar tratamiento antibiótico (ATB) en pacientes pediátricos hospitalizados en Hospital Carlos Van Buren (HCVB) con infecciones de SNC asociadas a DsDD de LCR.

Secundarios:

-Comparar tiempo de erradicación microbiológica entre pacientes manejados solo con tratamiento ATB sistémico versus pacientes manejados con tratamiento ATB sistémico más intratecal (IT).

- Determinar variables demográficas, clínicas y microbiológicas de los pacientes estudiados.

Materiales y métodos: Estudio retrospectivo exploratorio.

Población de estudio: Pacientes pediátricos con infecciones del SNC asociadas a DsDD de LCR hospitalizados en HCVB entre enero 2014 y enero 2024.

Criterios de inclusión: Pacientes pediátricos hospitalizados en HCVB con infección de SNC asociada a DsDD de LCR, con cultivo control de LCR 48 h post inicio del tratamiento ATB y que cuenten con acceso a ficha clínica.

Criterios de exclusión: Pacientes con infección del SNC asociadas a DsDD de LCR con limitación de esfuerzo terapéutico.

Variables analizadas: intervalos de tiempo entre: instalación DsDD e infección; diagnóstico infección SNC y retiro DsDD infectado; inicio ATB y erradicación. Microorganismo aislado, tipo y vía de administración del ATB.

Los pacientes se agrupan según vía de administración del tratamiento ATB

Grupo 1 Tratamiento ATB sistémico.

Grupo 2 Tratamiento ATB sistémico más IT.

Análisis subgrupo:

Grupo 2a Tratamiento ATB sistémico más IT precoz.

Grupo 2b Tratamiento ATB sistémico más IT tardío.

El análisis de los datos fue realizado en STATA 15.1.

Resultados

En el período estudiado 28 pacientes cumplen criterios de inclusión y 2 se excluyen. Se diagnosticaron 32 episodios de infección SNC asociadas a DsDD, 2 de estos episodios corresponden a recaídas.

La mediana de edad fue 33 meses (2-162). 15 pacientes (57,7%) fueron mujeres. Hidrocefalia congénita fue la causa de instalación de DsDD en 13 pacientes (50%).

26 episodios de infección (81,2%) se asociaron a dispositivos de derivación y los episodios restantes, a dispositivos de drenaje.

De los episodios de infección, 20 (62,5%) ocurrieron dentro del primer mes tras instalado el dispositivo. El retiro del dispositivo infectado se realizó en 29 episodios (90,6%), 18 dispositivos (62,1%) se retiraron dentro de las primeras 24 hrs.

De acuerdo a los grupos definidos, 18 episodios (60%) corresponden al grupo 1 y 12 (40%) al grupo 2.

La fiebre fue el signo clínico más frecuente, presente en 28 (87,5%) de los episodios.

Respecto a los microorganismos aislados, 15 (46,9%) corresponden a *Staphylococcus epidermidis*.

El tiempo de erradicación microbiológica del LCR fue de 4 (2-6) días.

El tiempo de erradicación en el grupo 1 fue 3,5 días (2-6), mientras que en el grupo 2 fue 4 días (3-6), diferencia no estadísticamente significativa (p 0,918).

El tiempo de erradicación del grupo 2a fue 3 días (2-3,5), mientras que en el grupo 2b fue 6 días (6-6).

Al comparar los tiempos de erradicación, se observa una disminución de 0,5 días en el grupo 2a respecto al grupo 1 (3 vs 3,5), diferencia no estadísticamente significativa (p 0,228).

En el análisis del grupo 2b se observa un aumento de 2,5 días respecto al grupo 1 (6 vs 3,5), diferencia no estadísticamente significativa (p 0,103).

La estadía hospitalaria fue 47 días (37-68). En el grupo 1 fue 44 días (31-57). En el grupo 2a fue 51 días (43-57) y en el grupo 2b fue 68 días (53-76). Se evidenció un aumento en la estadía hospitalaria en los grupos 2a y 2b respecto al grupo 1, sin embargo, esta diferencia no es estadísticamente significativa (p 0,679) (p 0,255).

Conclusiones: El tiempo de erradicación microbiológica de LCR en pacientes pediátricos hospitalizados en el HCVB con infecciones SNC asociadas a DsDD es menor a lo reportado en la literatura. Los pacientes manejados con tratamiento antibiótico sistémico más intratecal precoz evidencian menor tiempo de erradicación, pero los datos no permiten recomendarlo sobre el tratamiento sistémico exclusivo.

Keywords: derivación LCR, ventriculitis, Drenaje LCR, erradicación LCR, NIÑOS



Area: Inmunizaciones

CO33

COQUELUCHES EN LA ERA PRE Y POST INMUNIZACIÓN MATERNA. ANÁLISIS DE 10 AÑOS EN UN CENTRO PEDIÁTRICO DE ALTA COMPLEJIDAD**Rodolfo Villena Martínez**^{1,2}, Natalia Talamona², Paula Leal², Daniela Araya³, Carolina Garay²

(1) Universidad de Chile, Pediatría, Medicina, Gran Avenida 3300, Santiago, Chile

(2) Hospital Dr Exequiel González Cortés, Pediatría, Santiago, Chile

(3) Clínica Indisa, Pediatría, Santiago, Chile

Introducción: El coqueluche es una enfermedad inmunoprevenible altamente contagiosa, para la cual se han adoptado diversas estrategias para disminuir su morbimortalidad, como vacunación en lactantes y adolescentes. A pesar de eso, los lactantes menores de 6 meses se describen como aquellos con mayor riesgo de presentar una evolución grave, por lo que la estrategia de inmunización materna ofrece una posibilidad de contribuir en la protección durante los primeros meses de vida. Chile introdujo la vacuna dTpa para embarazadas en Octubre del 2017.

Objetivo: Describir el perfil clínico-epidemiológico de pacientes menores de 1 año hospitalizados por coqueluche en el periodo pre y post vacunación materna en un hospital pediátrico de alta complejidad en Chile.

Metodología: Estudio descriptivo retrospectivo de pacientes menores de 1 año hospitalizados con diagnóstico de coqueluche confirmada, según criterios del departamento de epidemiología del ministerio de salud en Chile, mediante test de inmunofluorescencia directa y/o reacción de polimerasa en cadena para *Bordetella pertussis*, entre los años 2012 y 2023. Se evaluaron características demográficas, clínicas, radiológicas y de laboratorio. Se consideró periodo prevacunal entre 2012-2017 y postvacunal 2018-2023. El estudio contó con la aprobación de Comité de ética. Los resultados se presentan como mediana, porcentaje y para comparar grupos se utilizó Chi-cuadrado y ANOVA.

Resultados: Durante el período de estudio 157 pacientes fueron evaluados, 85% (n=130) correspondieron a la etapa prevacunal, 54,8% (n=86) eran de sexo masculino, mediana de edad: 1 mes. Los síntomas más frecuentes fueron accesos de tos y dificultad respiratoria. La alteración radiológica más frecuente fue el patrón intersticial (n=86). El 41,4% (n=65) presentó leucocitosis, con linfocitosis relativa. La mediana de hospitalización fue de 6 días. El 33,8% (n=53) requirió ingreso a UPC. Las complicaciones más frecuentes fueron insuficiencia respiratoria (n=95, 73%), apnea (n=68, 43%) y neumonía (n=61, 40%). La letalidad global fue de 4,5% (n=7), ninguna tenía antecedente de vacunación materna, mediana de edad: 1 mes, días de hospitalización: 7, 100% ingresaron a UPC, presentaban leucocitosis y neumonía. Al comparar entre periodos pre y postvacunal se evidenció una disminución del 80% y 82% de los casos e ingresos a UPC, respectivamente. La tasa de ingreso a UPC disminuyó desde 35% a 15%, la de leucocitosis de 47% a 7,5%, la de neumonía de 44% a 2% y la de letalidad desde un 5,4 % a 0%. Los casos con antecedentes de vacunación materna representaron un 32%, la mediana de intervalo entre la inmunización y el parto fue de 42 días (10 - 82 días), mediana de edad 1 mes, 65% sexo masculino, presentaron una disminución de un 96,2% en ingreso a UPC, comparado con aquellos sin vacunación materna, y no se reportaron fallecidos.

Conclusiones: El coqueluche es un problema de salud pública, principalmente en lactantes menores de 2 meses, con alta tasa de complicaciones, ingreso a UPC y letalidad, a pesar de mantener un esquema primario con altas coberturas poblacionales, incluidos los adolescentes. La inmunización materna ha demostrado potenciar de manera efectiva la protección a los lactantes menores de 6 meses, reduciendo la hospitalización, ingreso a UPC, complicaciones y letalidad.

Keywords: Coqueluche, *Bordetella pertussis*, vacunación materna, dTpa

Financing: No



Area: Infecciones en inmunocomprometidos

CO34

COMPLICACIONES INFECCIOSAS Y TIEMPO DE APARICIÓN DURANTE EL PRIMER AÑO POST-TRASPLANTE ALOGÉNICO DE CÉLULAS HEMATOPOYÉTICAS EN PEDIATRÍA

Valentina Gutiérrez^{1,2}, Monica I Ardura^{1,3}, Joseph Stanek⁴, Jessica Copacia¹, Christopher P. Ouellette^{1,3}, Sanya Thomas^{1,3}, Eunkyung Song^{1,3}

(1) Nationwide Children's Hospital, Department of Pediatrics, Division of Infectious Disease and Host Defense Program, Columbus, Ohio, United States of America

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Enfermedades Infecciosas e Inmunología Pediátricas, División de Pediatría, Escuela de Medicina, Santiago, Chile

(3) The Ohio State University College of Medicine, Columbus, Ohio, United States of America

(4) Nationwide Children's Hospital, Division of Hematology/Oncology/Blood and Marrow Transplantation, Columbus, Ohio, United States of America

Introducción: Las infecciones son una causa importante de morbilidad y mortalidad no relacionada a recaída (NRM) posterior a un trasplante alogénico de precursores hematopoyéticos (alo-TPH). El objetivo de este estudio es identificar el espectro y la cronología de las complicaciones infecciosas, como también su impacto en la sobrevida global (SG) y NRM durante el primer año post alo-TPH pediátrico.

Métodos: Análisis retrospectivo de infecciones confirmadas por laboratorio en pacientes pediátricos (0 a <18 años) con alo-TPH entre los años 2014-2020 en un hospital de nivel terciario. Se utilizó estadística descriptiva y se analizó asociación con SG/NRM.

Resultados: Un total de 146 pacientes, con mediana de edad de 8,75 años, se sometieron a un primer alo-TPH en un periodo de 6 años. De estos, 126 (85%) experimentaron al menos una infección. La vigilancia viral de rutina identificó viremia en 113 pacientes (77%), siendo VEB el más frecuente (50%). En el 36% de los pacientes con viremia se detectaron ≥ 2 virus. La mediana de aparición de la viremia varió entre 15 y 55 días dependiendo del virus aislado, siendo CMV el que se presentó más precoz posterior al trasplante. La viremia por AdV precedió al desarrollo de la enfermedad de órgano terminal en un tercio de los casos, mientras que la viremia por VHH-6 fue generalmente transitoria y clínicamente insignificante. Se identificó infección bacteriana del torrente sanguíneo (IBS) en 54 (37%) pacientes, de los cuales 11 (20%) presentaron múltiples IBS; la mediana de aparición de las IBS fue de 12,5 días y predominaron los patógenos gramnegativos. La fungemia fue poco frecuente (3%) y ocurrió en una mediana de 150 días. La mortalidad global fue del 15% (22/146) y el 41% de los pacientes tenían al menos una infección identificada en el momento de la muerte. Solo la fungemia mostró una asociación significativa con una disminución de la SG (25% frente a 87%, $p < 0,0001$) y un aumento de la NRM (50% frente a 5,6%, $p < 0,001$).

Conclusiones: Las infecciones fueron frecuentes durante el primer año posterior al alo-TPH pediátrico. Por tanto, conocer la distribución epidemiológica y de patógenos a nivel local en las fases post-TPH es crucial para guiar las estrategias de monitoreo, aplicar tratamientos preventivos de manera oportuna y seleccionar el tratamiento antimicrobiano empírico adecuado.

Keywords: complicaciones infecciosas, pediátrico, trasplante de precursores hematopoyéticos alogénico

Financing: Sin financiamiento



Área: Infecciones en inmunocomprometidos

CO35

FACTORES DE RIESGO Y AGENTES ETIOLOGÍOS DE INFECCIONES BACTERIANAS EN POST TRASPLANTADOS HEPÁTICOS DEL COMPLEJO ASISTENCIAL DR. SÓTERO DEL RÍO.

Karol Villalobos¹, Cristóbal Levet², Rolando Rebolledo², M.Paz Iturrieta¹, José Morales¹, Elizabeth Rivas², Valeria Galaz², Julio Benítez², Erwin Buckel², José Ruiz², Alejandro Brañes², Marcel Sanhueza², Blanca Norero², Rodrigo Wolff², Edmundo Martínez², Marta Contreras², Milenka Matulic², Natalia Mendoza², Paulina Donato¹, M.Paz Acuña¹, Martín Lasso¹, Álvaro Vera¹

(1) Hospital Sotero Del Río, Unidad Infectología Adulto

(2) Hospital Sotero Del Río, Unidad Trasplante Hepático

Antecedentes: Los trasplantados hepáticos presentan un riesgo de infección bacteriana de 30 a 50% en los primeros 90 días postoperatorios. Aunque se han descrito varios factores de riesgo, en nuestra cohorte de pacientes no contamos con una caracterización de riesgos, ni identificación de agentes etiológicos ni su susceptibilidad.

Objetivo: Caracterizar los factores de riesgo, agentes etiológicos y perfiles de susceptibilidad de infecciones bacterianas en pacientes post trasplantados hepáticos.

Método: Estudio retrospectivo, observacional, descriptivo en pacientes post trasplantados hepáticos del Hospital Sotero Del Río entre octubre 2022 y julio 2024 durante la hospitalización de su trasplante. Se realizó un análisis bivariado usando como variable independiente la presencia o no de infecciones. Las variables dependientes fueron edad, sexo, antecedentes de hipertensión arterial, diabetes, días de estadía en UCI, etiologías del daño hepático, si recibió basiliximab intraoperatorio, si cursó hospitalización en UCI previo al trasplante, unidades de glóbulos rojos recibidos durante el pabellón y la presencia de cultivos positivos pre-trasplante (hasta 6 meses antes, incluido colonizaciones). De los pacientes que presentaron una infección, se recolectaron los cultivos positivos post operatorios que, por criterio clínico, fueron considerados infecciosos al igual que sus respectivos antibiogramas.

Resultados: En total fueron 112 pacientes, 58,9% hombres, promedio de edad 58 años donde 59 presentaron una infección bacteriana. Entre los factores de riesgos de presentar infecciones bacterianas se encontró: hospitalización en UCI pre-trasplante ($p=0.001$; OR 6.61; IC 95% [2,45-17,83]), al menos un cultivo positivo pre-trasplante ($p=0.036$; OR 2.34; IC 95% [1,08-5,07]), ACLF (acute on chronic liver failure) ($p=0.04$; OR 2.89; IC 95% [1,09-7,60]), basiliximab intraoperatorio ($p=0,019$; OR 2,64; IC 95% [1,23-5,66]), ≥ 15 días post trasplante en UCI ($p=0,027$; OR ∞ ; IC 95% [∞ - ∞]) y haber recibido ≥ 4 unidades de glóbulos rojos intraoperatorio ($p=0,004$; OR 1,84; IC 95% [1,10 - 3,22]). Como factores protectores se encontró estadía ≤ 3 días en UCI ($p=0,009$; OR 0,26; IC 95% [0,10-0,69]) y haber recibido ≤ 3 unidades de glóbulos rojos en pabellón ($p=0,0003$; OR 0,28; IC 95% [0,13 - 0,60]). Del total de pacientes, 11 fallecieron, de los cuales 8 fueron pacientes infectados.

De los 59 pacientes infectados, los agentes etiológicos Gram (-) fue *Klebsiella pneumoniae* (83 cultivos), seguido por *Pseudomonas* (31 cultivos) y *Escherichia coli* (26 cultivos). En cuanto a las infecciones causadas por bacterias Gram (+), el principal agente fue *Enterococcus faecium* con un total de 50 cultivos.

En cuanto a las resistencias adquiridas en los aislados de *K.pneumoniae*, 91,8% de los aislados expresaban BLEE, 12,1% KPC y 23,5% NDM. En el caso de las *Pseudomonas*, las resistencias adquiridas por enzimas fueron únicamente por VIM con un 16,1%. De las *E.coli* 42,3% expresaban BLEE, 7,7% KPC y 3,8% NDM. En cuanto a *E.faecium* un 94% presentaban el fenotipo VAN B.

El foco más común fue abdominal con 51 cultivos de los cuales los principales son *E.faecium* (21) y *K.pneumoniae* (17). De las bacteriemias (35 cultivos) los agentes más comunes fueron *K.pneumoniae* (13), *E.faecium* (11) y *P.aeruginosa* (6).

Conclusión: Identificamos varios factores de riesgo asociados a infecciones bacterianas como estadías previas y/o prolongadas en UCI. Otros factores fueron ACLF, tener un cultivo positivo pre-trasplante, recibir basiliximab y ≥ 4 unidades de glóbulos rojos intraoperatorio. Los focos de mayor relevancia fueron abdominal y sanguíneo, destacando en ambos casos *E.faecium* y *K.pneumoniae* como los principales agentes. La mayoría de los patógenos mostraron alguna resistencia adquirida, como VAN B en *E.faecium*, BLEE y carbapenemasas en enterobacterias.

Keywords: Trasplante hepático, Infección bacteriana

Financing: Ninguno



Area: Infecciones en inmunocomprometidos

CO36

"EPIDEMIOLOGÍA DE LAS INFECCIONES EN RECEPTORES DE TRASPLANTE DE PRECURSORES HEMATOPOYÉTICOS ALOGÉNICOS: ESTUDIO RETROSPECTIVO A 15 AÑOS EN UN CENTRO DE SALUD UNIVERSITARIO"**Carolina Núñez Palma**¹, Joaquín Palacios⁴, Oscar Corsi³, María José Ojeda¹, Verónica Jara², Mauricio Sarmiento², Ricardo Rabagliati¹

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

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Hemato- oncología, Facultad de Medicina, Diagonal Paraguay 362, Santiago, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Gastroenterología, Facultad de Medicina, Diagonal Paraguay 362, Santiago, Chile

(4) Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Medicina, Diagonal Paraguay 362, Santiago, Chile

Introducción: El trasplante de precusores hematopoyéticos (TPH) es un tratamiento cada vez más seguro y disponible para el manejo de enfermedades hematológicas y no hematológicas. A pesar de los avances en las estrategias de profilaxis antimicrobiana y la reducción de la toxicidad de las terapias de inducción, la incidencia de infecciones alcanza hasta el 88% en el primer año posterior al trasplante y constituyen la primera causa de muerte en los primeros 100 días. Por su lado, la epidemiología de las infecciones oportunistas ha cambiado en el tiempo, presentando mayores tasas de infecciones por bacilos Gram negativo (BGN) multirresistentes y predominio de infecciones fúngicas invasoras por hongos filamentosos y no por *Candida* spp, como era lo establecido previamente. En cuanto a la severidad de estas infecciones, se describe que sólo un bajo porcentaje (cerca de 20%) requieren manejo avanzado, pero se ha encontrado hasta 50% de los pacientes que requieren ingreso a UCI fallecen por causa de la infección.

En Latinoamérica no existen datos reportados sobre la epidemiología de estas infecciones y su gravedad en pacientes post TPH.

Objetivos: Determinar la incidencia de infecciones post TPH a un año, caracterizándolas según tipo de agente infeccioso y tiempo post TPH. Evaluar la gravedad de estas infecciones y su letalidad en UPC.

Materiales y métodos: Estudio observacional retrospectivo descriptivo realizado en el Hospital Clínico de la Pontificia Universidad Católica de Chile. Se incluyeron todos los pacientes adultos sometidos a TPH alogénico entre 1/2007 y 12/2021. Se procedió a la búsqueda de datos en ficha clínica: datos demográficos, patología de base, número de trasplantes previos y luego se caracterizaron todas las infecciones con requerimiento de hospitalización en un seguimiento a un año post TPH, el cual se detuvo en caso de presentar recaída o muerte. Se estudió si el paciente se encontraba en profilaxis antimicrobiana y se caracterizaron las infecciones según foco, agente microbiológico y tiempo post TPH, definido como: 0-30 días pre-primidamiento (PrP), 31-100 días post- primidamiento temprano (PPTe) y >100 días post primidamiento tardío (PPTa). Se evaluó además el porcentaje de las infecciones requirieron manejo en UCI y su letalidad.

Resultados: Se obtuvo un total de 254 pacientes sometidos a TPH en los 15 años analizados, de los cuales 63% fueron de sexo masculino, con una mediana de edad de 37 años. La primera causa de indicación de TPH fue leucemia mieloide aguda (30%), un 10.7% tuvo al menos un TPH previo y el acondicionamiento fue mieloablatoivo en 51.8% de los casos. El total de las infecciones reportadas fue de 548; presentado una incidencia de 91% en el primer año, con una tasa de infección de 7.86 x 1000 paciente/año. El 63% se presentó como neutropenia febril y en 20% se pesquisó bacteriemia. Un 52% de las infecciones se reportaron en el periodo PrP, 30% en PPTe y 18% PPTa, predominando la etiología bacteriana en el primer periodo (33%) y la viral en los siguientes (64 y 48%). El foco más importante en todo el periodo de observación fue viremia por CMV (26%), seguido de infección respiratoria baja (17%). De todas las infecciones obtenidas, un 43% correspondió a etiología viral, un 29% fue bacteriano, 7 % fue fúngico y un 0.4%, parasitario. De las infecciones bacterianas, el agente aislado con mayor frecuencia fue *Clostridioides difficile*, seguido por *Klebsiella* spp y el 48% de las cepas presentó resistencia antimicrobiana. Requirieron manejo en UPC un 38.5 % de las infecciones, de las cuales un 37.5% tuvieron un desenlace fatal.

Conclusiones: La incidencia acumulada de infecciones post TPH a un año de 91% es similar a lo descrito previamente, con un mayor riesgo de presentar una infección en el PrP. Destaca la viremia por CMV como principal fuente de infección, siendo relevante incluso en el periodo PrP. Por otro lado, la infección por *C. Difficile* tuvo rol importante en nuestro estudio y destaca el gran porcentaje de resistencia bacteriana. Aunque el ingreso a UCI de los pacientes post TPH infectados fue mayor al reportado en la literatura, su letalidad fue menor.

Keywords: Infecciones, Trasplante precusores hematopoyéticos, Citomegalovirus

Financing: Fondos concursables DIDEMUC



PÓSTER



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

P01

CABOTEGRAVIR/RILPIVIRINA EN PACIENTES VIH CON SUPRESIÓN VIROLÓGICA. EXPERIENCIA PRELIMINAR EN EL HOSPITAL MILITAR DE SANTIAGO, CHILE.

Alfredo Díaz Díaz¹, Reinaldo Rosas², Nicolas Nuñez¹

(1) Universidad de los Andes, Medicina, Monseñor Álvaro del Portillo 12455, Las Condes, Santiago, Chile

(2) Hospital Militar de Santiago, Infectología, Av. Alcalde Fernando Castillo Velasco 9100, La Reina, Santiago, Chile

Introducción: La terapia combinada para la infección por VIH es el estándar de oro en el manejo de esta enfermedad, demostrando lograr supresión viral persistente, mejoría de la función inmunológica y sobrevida global.

Los pacientes con VIH son enfermos crónicos que requieren terapia oral diaria, lo que condiciona su adherencia y predispone a fallas en el tratamiento. Por ello se han desarrollado regímenes de larga acción, inyectables, para simplificar la terapia y asegurar adherencia.

La asociación de cabotegravir/rilpivirina (CAB/RPV) ha sido aprobada como tratamiento efectivo en pacientes con supresión virológica demostrada. En este trabajo, se presenta la experiencia inicial de pacientes a quienes se ofreció cambio de terapia oral a inyectable.

Objetivos: Caracterizar a pacientes con VIH con carga viral suprimida, luego del cambio de terapia oral a inyectable. Evaluando efectividad, adherencia, seguridad y calidad de vida.

Materiales y Métodos: Estudio descriptivo, prospectivo, longitudinal en pacientes con VIH que son controlados por infectología en el Hospital Militar de Santiago (HMS). Se incluyó a todo paciente con diagnóstico confirmado, en tratamiento con terapia combinada oral, con supresión virológica en los últimos 6 meses con deseo de cambio a terapia inyectable.

El cambio de ésta se realizó sin fase oral de traslape, definiendo dosis de carga los meses 0 y 1. Posteriormente cada 8 semanas, vía intramuscular (IM) de acuerdo a lo descrito en la literatura, suspendiendo la terapia oral posterior a la primera dosis inyectable. El seguimiento, exámenes de laboratorio y frecuencia de éstos, quedó determinado por el médico tratante. Los datos fueron extraídos de la ficha clínica electrónica, con especial énfasis en datos demográficos, comorbilidades y de control virológico e inmunológico. Además, la presencia de probables efectos adversos, así como la experiencia ante el cambio de ésta. El tiempo de seguimiento inicial será de 1 año a partir de la primera dosis o hasta el cambio de terapia.

Resultados: Se incluyen 9 pacientes, de los cuales 8 (88.8%) son de sexo masculino, promedio de edad 53 años, con un 55% sobre 60 años. La comorbilidad más frecuente fue dislipidemia con un 55%, luego hipertensión arterial, obesidad y diabetes mellitus. El tiempo promedio desde el diagnóstico de la enfermedad fue de 12 años. Dos de los 9 pacientes han recibido un esquema único de tratamiento antiretroviral desde el diagnóstico, mientras que 7 de ellos han experimentado más de uno. De éstos, 3 han sido estudiados con genotipificación, sin demostrar resistencia a RPV. Todos los pacientes se encontraban en tratamiento basado en inhibidor de integrasa.

El primer paciente fue incluido en febrero del 2024 y ha recibido 5 dosis. Ocho pacientes han recibido 3 dosis o más y un paciente dos dosis hasta el momento. Un 100% ha reportado dolor en el sitio de inyección, el que ha durado máximo 2 días. Cuatro pacientes reportaron otros síntomas como: induración en el sitio de inyección (1), somnolencia (1), cefalea (1) y mialgias (1), sólo reportados con la primera dosis. No se registró otros eventos adversos posteriores.

Todos los pacientes se han mantenido con carga viral (CV) indetectable tras los controles, excepto un paciente que presentó CV con 28 copias/ml.

El recuento de linfocitos T CD4+ previo al cambio de terapia era mayor a 500cel/mm³ en 5 de los pacientes incluidos. Ningún paciente ha referido deseo de volver a terapia oral hasta el momento

Conclusiones: La terapia con CAB/RPV es una opción válida y segura para simplificar la terapia en pacientes con VIH, asegurando adherencia y efectividad. En este reporte preliminar, la efectividad en la supresión virológica se mantiene a los 3 meses de tratamiento, sin efectos adversos significativos. La administración IM es bien tolerada, siendo el dolor en el sitio de inyección lo más frecuentemente reportado. Hasta el momento los pacientes reportan alto nivel de satisfacción sin deseos de regresar a la terapia oral.



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

P02

CARACTERÍSTICAS CLÍNICAS DE MUJERES VIVIENDO CON VIH INGRESADAS A UNIDAD DE INFECTOLOGÍA DE UN HOSPITAL UNIVERSITARIO EN SANTIAGO, DURANTE EL AÑO 2020

Catalina Gutiérrez Ruiz ^{1,2}, Felipe Bravo Bravo ^{1,2}, Omar Contreras Chávez ², Alejandra Gavrilovics Becker ^{1,2}, Karina Araneda González ¹, Francesca Volpato Marti ¹, Lorena Rodríguez Alarcón ¹, Magdalena Espejo Herrera ^{1,2}, Patricia Vasquez Toriello ¹

(1) Hospital San Juan de Dios, Unidad de Infectología, Huerfanos 3255, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Medicina, Medicina Occidente, Paseo Las Palmeras 299, Santiago, Chile

Introducción: A nivel mundial, el 53% de todas las personas que viven con VIH son mujeres y niñas; representando, el año 2023, el 44 % de todas las nuevas infecciones por VIH. En Chile, los casos nuevos de VIH en mujeres pasaron de 5 casos por 100 mil habitantes el año 2012 a 7,7 casos por 100 mil habitantes, el año 2021, con un alza de 54%. Este mismo año en Chile, los hombres concentraron el 83,2% de las notificaciones, con una razón de tasas es 5,1 hombres por cada mujer.

Objetivos: Realizar una caracterización inmuno-virológica de las mujeres ingresadas a control en el policlínico de Infectología del Hospital San Juan de Dios durante el año 2020, describir la persistencia del esquema antirretroviral de inicio y seguimiento a 48 meses.

Material y método: Se incluyeron todas las mujeres mayores de 18 años viviendo con VIH ingresadas al policlínico de Infectología durante el año 2020, se excluyeron las previamente tratadas y trasladadas desde otro centro. Se analizaron características: edad, sexo, orientación, recuento de Linfocitos T CD4 (+) y carga viral (CV) de VIH basal al ingreso, co-infección hepatitis B, hepatitis C, sífilis, otras comorbilidades crónicas, antecedentes de uso de drogas, condición laboral al ingreso. Además se registró carga viral y recuento de linfocitos CD4 con un seguimiento hasta 48 meses. El estudio fue aprobado por el Comité de Ética-científico de nuestro Hospital.

Resultados: durante el año 2020, ingresaron a la Unidad de Infectología del Hospital San Juan de Dios 221 pacientes sin terapia antirretroviral (TAR) previa; 45 correspondían a mujeres, lo cual equivale a un 20% de los ingresos. 16 de éstas se encontraban cursando un embarazo. La edad promedio fue de 35.8 años (rango 19 - 66 años). El 100% refería tener orientación heterosexual. El 31% eran chilenas y 69% extranjeras. De los exámenes de ingreso, destacaron una mediana de recuento de linfocitos CD4 de 227 cel/ul (47% (21/45) tenían recuento de CD4 menor a 200). El 75% (34/45) de las mujeres a su ingreso tenían CV VIH menor a 100.000 copias/ml. El 73% de las mujeres (33/45) iniciaron TAR con esquema TDF/FTC + RAL BID, 11% (5/45) con esquema TAF/FTC/EGV/co y 16% (7/45) con otros esquemas. El 18% a su ingreso presentaron infecciones oportunistas, siendo las más frecuentes toxoplasmosis cerebral, neumonía por *P. jirovecii* y tuberculosis. En las coinfecciones destacaron hepatitis B 8%, sífilis 4%, uretritis 11%, De las comorbilidades destacaron 4% (2/45) neoplasias, 6% (3/45) HTA y 4% (2/45) DM2. En relación a hábitos, el 7% de las mujeres refirió consumo alcohol y el 9% de drogas. En cuanto a actividad laboral 47% (21/45) se encontraban sin actividad laboral, 44% (20/45) empleada y 9% (4/45) sin registro. En el control a 6 meses (19/45) 42% registraron CV indetectable. A los 12 meses, el 55% registró (25/45) CV indetectable y la mediana de linfocitos CD4 de los exámenes realizados, fue de 561 (28/45); el 20% de las mujeres realizaron cambio de TAR, con principal causa la simplificación. Ninguna paciente falleció durante este periodo. En el seguimiento, a los 24 meses 58% (26/45) tuvo CV indetectable, 16% (7/45) CV sobre 40 copias y 26% (12/45) no tenían exámenes realizados; a los 36 meses 19/45 (42%) se encontraban con CV indetectable, 16% (7/45) CV sobre 40 copias y 42% (19/45) no tenían exámenes de seguimiento. A los 48 meses, 47% (20/43) tuvieron CV indetectable, 9% (4/43) CV sobre 40 copias y 44% (19/43) no tenían exámenes (se registraron 2 pacientes fallecidas). De los CD4 a los 48 meses, la mediana aumentó a 616 cel/ul.

Conclusiones: Las mujeres ingresadas a la Unidad de Infectología de nuestro hospital, al igual que la población masculina, ingresaron con VIH en etapas avanzadas, 67% tenían CD4 menor a 350 cel/ul. Un 18% presentó infecciones oportunistas, siendo las más frecuentes la neumonía por *P. jirovecii*, toxoplasmosis cerebral y tuberculosis, al igual que lo reportado en la literatura. Posterior al inicio de la TAR hubo una importante alza de linfocitos CD4 (mediana de 222 a 561) al año de seguimiento. A largo plazo, hubo un alto porcentaje de pacientes con pérdida de seguimiento, y en el rescate, fue imposible contactarlas (destaca que, de los abandonos 79% eran extranjeras). Esto representa un importante desafío en relación a la vinculación con la Unidad de Infectología y enfatiza lo importante que es realizar un rescate precoz en pacientes que no se presentan a controles médicos.

Keywords: Mujeres viviendo con VIH, vinculación VIH, carga viral, recuento linfocitos cd4

Financing: Sin financiamiento



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

P03

DISTRIBUCIÓN DE SUBTIPOS DEL VIH 1 EN UNA COHORTE DE PACIENTES EN CHILE

Leonel Eduardo Villavicencio Landeros¹, Felipe Tarque Marquez¹, Luisa Montecinos Perret¹, William Acevedo Muñoz¹

(1) Hospital Dr Lucio Cordova, Laboratorio, Gran Avenida 3204, SANTIAGO, Chile

Introducción: La diversidad genética del virus de la inmunodeficiencia humana tipo 1 (VIH-1) se manifiesta en la existencia de diferentes subtipos y formas recombinantes circulantes (CRF). El conocimiento de la distribución de estos subtipos es fundamental para comprender la epidemiología del VIH y optimizar las estrategias de prevención y tratamiento.

Objetivo: Determinar la distribución de los subtipos del VIH-1 en una cohorte de pacientes chilenos.

Métodos: Se analizaron 223 muestras de plasma de pacientes con VIH-1 procedentes de diferentes centros asistenciales de Chile. La determinación de los subtipos se realizó mediante la plataforma informática asociada a los Kit de ABL diagnostics (**Software ViroScore®-VIH**)

Resultados: El análisis filogenético reveló una predominancia del subtipo B (85.2%), seguido del subtipo F (13.9%). Se identificaron casos aislados de los subtipos D (0.4%) y C (0.4%).

Conclusiones: Los resultados obtenidos confirman la predominancia del subtipo B del VIH-1 en la población chilena, coincidente con estudios previos. Sin embargo, la presencia de otros subtipos, aunque en menor proporción, indica una diversidad viral que debe ser considerada en las estrategias de vigilancia epidemiológica y en la toma de decisiones clínicas. La alta inmigración en Chile podría explicar la detección de subtipos menos frecuentes (tipo C paciente Colombiano y tipo D paciente Boliviano), lo que resalta la importancia de implementar sistemas de vigilancia flexibles y adaptados a la dinámica poblacional. Estos hallazgos sugieren la necesidad de ampliar los estudios de subtipificación para comprender mejor la evolución de la epidemia del VIH en nuestro país y optimizar las intervenciones de salud pública.

Keywords: vih, geno, subtipo



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

P04

EFFECTIVIDAD Y SEGURIDAD A 12 MESES DE DOLUTEGRAVIR + TENOFOVIR DIPROXIL FUMARATO + (EMTRICITABINA O LAMIVUDINA) EN PACIENTES VIH EN EL HOSPITAL REGIONAL DE TALCA

Renato Ocampo Avello^{1,2}, Sebastián Cerro Rocha^{1,2}, Carolina Díaz Medel^{1,2}, Carolina Chacón Fernández^{1,2}

(1) Universidad Católica del Maule, Facultad de Medicina, Chile

(2) Hospital Regional de Talca, C.R. Medicina, Talca, Chile

Introducción: dolutegravir (DTG) asociado a tenofovir (ya sea alafenamida [TAF] o diproxil fumarato [TDF]) más (emtricitabina [FTC] o lamivudina [3TC]) se encuentra dentro de los esquemas de terapia antirretroviral (TAR) de primera línea, para comenzar el tratamiento en pacientes VIH. No existen datos publicados de los resultados de este esquema, en la vida real, en pacientes chilenos.

Objetivos: Evaluar la efectividad y seguridad a 12 meses del tratamiento con TDF/FTC + DTG o TDF/3TC/DTG (TLD) en pacientes VIH, vírgenes a tratamiento, atendidos en el Hospital Regional de Talca (HRT).

Material y método: estudio de cohorte retrospectiva de todos los pacientes VIH adultos, vírgenes a TAR, que iniciaron tratamiento con TDF/FTC + DTG o TLD en el HRT entre enero de 2018 y junio 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.

Resultados: Se incluyó a 56 pacientes (76,8% hombres). Al momento de iniciar la TAR la edad promedio era 39 años (rango 20-75), un 57% de los pacientes estaba asintomático y 53,5% tenía LTCD4 menores a 200/mm³. Un 55,4% estaba en etapa SIDA. La mediana de CV basal fue 129.500 copias/ml y del recuento de LTCD4, 158 céls/mm³. El 67,9% inició esquema TLD y el 32,1% restante, TDF/FTC + DTG. A los 12 meses, 49 pacientes (87,5%) mantenían el mismo esquema de TAR. De éstos, el 84,7% se encontraba indetectable (CV<40 copias/ml). En los pacientes con CV>40 copias/ml, la mediana de CV fue 54 copias/ml (rango 41 – 204). La mediana del recuento de LTCD4 se incrementó en 163 céls/mm³ a 12 meses. Dos pacientes (3,6%) cambiaron esquema por simplificación (de TDF/FTC + DTG a abacavir/3TC/DTG) y 5 (8,9%) abandonaron la TAR (la mediana de tiempo en TAR hasta abandono fue de 4 meses; rango 2 – 12 meses). De 54 pacientes evaluables, 2 presentaron falla renal (3,7%), aunque sólo uno ameritó cambio de TAR por este motivo. No se registró otros cambios de TAR por efectos adversos. Un paciente falleció (a los 5 meses de seguimiento).

Conclusiones: el esquema de DTG + TDF + (FTC o 3TC) resultó en una aceptable efectividad y seguridad a 12 meses. Los resultados de este estudio apoyan el uso de este esquema, en la vida real, en pacientes VIH chilenos vírgenes a TAR.

Keywords: terapia antirretroviral, virgen a tratamiento, TDF/FTC + DTG, TDF/3TC/DTG, efectividad

Financing: Ninguno

Acknowledgments: Funcionarios de la UNACESS del Hospital Regional de Talca



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

P05

EL HOSPITAL COMO HERRAMIENTA DE TAMIZAJE DE VIH: EXPERIENCIA 2022-2023 DE HOSPITAL TERCIARIO DE LA REGION METROPOLITANA SUR

Francisca Morales Jara^{1,2}, Pablo Herrera¹

(1) Hospital Barros Luco Trudeau

(2) Universidad de Santiago

Introducción: Chile presenta una epidemia concentrada de infección por virus de la inmunodeficiencia humana (VIH), por lo que el tamizaje se prioriza en grupos de riesgo. Sin embargo, a nivel mundial las nuevas transmisiones en grupos como mujeres y adultos mayores de 50 años, ha ido en aumento. La pandemia causó una disminución del testeo particularmente en este segmento y la pesquisa de personas no diagnosticadas es fundamental para frenar la transmisión mediante el inicio precoz de terapia antirretroviral. Con la intención de conocer las oportunidades diagnósticas hospitalarias, se caracteriza la solicitud en la toma del examen de VIH de un hospital terciario de la Región Metropolitana (RM) en los años 2022 y 2023.

Objetivos: conocer el perfil del tamizaje de VIH realizado en un hospital terciario, incluyendo servicios claves como urgencias, unidad de cuidados intensivos (UCI) y ambulatorio. Comparar la tasa de confirmación hospitalaria con la tasa de la RM para evaluar brechas diagnósticas y definir sitios estratégicos de optimización del tamizaje.

Material y método: se tomaron datos de la Cuenta Pública del Hospital Barros Luco del año 2022 y 2023, información del laboratorio del hospital con resultados positivos de ELISA VIH confirmados por Instituto de Salud Pública (ISP) y se consideraron las tasas de la región aportadas por el ISP y Reporte Regional de la RM (2023). Con esto se estableció la positividad y tasa de confirmación calculada para el hospital. Se evaluó el perfil de solicitudes de exámenes de VIH en servicios claves de tamizaje como Urgencias, UCI y ambulatorio.

Resultados: en el año 2022, se realizaron 7902 solicitudes de VIH en el Hospital Barros Luco Trudeau. El 62% corresponde a exámenes intrahospitalarios y de Urgencias, mientras que el 38% proviene del Centro de Diagnóstico y Tratamiento (CDT) donde se realiza atención ambulatoria. De este total, 134 resultaron positivos confirmados por ISP (positividad de 1,6%). La tasa de confirmación local es de 41 por 100.000 habitantes, mayor que la reportada para la RM (35 por 100.000 habitantes). Destaca la positividad del subgrupo de pacientes ambulatorios (3,6% versus 0,5% hospitalizados). Al evaluar sitios estratégicos de pesquisa intrahospitalaria, ese año la mayor captura de exámenes positivos fue en la UCI, con una tasa de 3 por 1000 habitantes (positividad del 1%). La Urgencia tuvo una positividad del 0,6%.

En el año 2023, se realizaron 8732 solicitudes de VIH, 54% intrahospitalaria y 46% ambulatorias. Del total, 97 fueron positivas, con una tasa de confirmación de 28 por 100.000 habitantes y positividad del 1,1%, similar a la descrita en operativos de test rápido en la RM (1,3%). Nuevamente las solicitudes ambulatorias tuvieron mayor positividad (1,8% vs 0,5% hospitalizados y urgencias). La UCI aumentó significativamente el número de solicitudes de examen de VIH (de 376 a 628 solicitudes) testeando al 50% de los pacientes egresados de la unidad ese año, con una positividad del 0,3% (2 por 1000 habitantes). La urgencia mantuvo cifras similares al año 2022, con una positividad del 0,5%.

En este análisis de 2 años, los pacientes con resultado positivo fueron principalmente hombres (79%), con una mediana de edad en 33 años (de 17 a 77 años) y sobre el 60% extranjeros.

Conclusiones: Dentro de las estrategias para combatir la epidemia del VIH, el tamizaje tiene un rol fundamental. En este análisis se evidencia el rol del hospital en el testeo. Chile se encuentra con tasas de confirmación entre 26 (2021) y 24 (2023) por 100.000 habitantes y en esta revisión particular de un hospital de la RM, se alcanzaron tasas de 41 (2022) y 28 (2023) por 100.000 habitantes. El perfil de pacientes con resultado positivo es similar al descrito en Chile: hombres, jóvenes, con aumento de la población extranjera. Esta información refuerza la necesidad de siempre considerar al examen de VIH dentro de las solicitudes a los pacientes en el hospital, particularmente en pacientes ambulatorios. Se pueden crear estrategias para optimizar el tamizaje como realización de test rápidos en la sala de espera y entrega de auto test a los pacientes. Se confirma la importancia del tamizaje en pacientes en UCI por la tasa de positividad que presenta, apuntando idealmente al 100% de cobertura. Se deben realizar todos los esfuerzos para mantener el testeo en las Urgencias e insistir en las estrategias extramuro de población focalizada como claves para un tamizaje efectivo y oportuno.

Keywords: Tamizaje, VIH, Hospital, Positividad, Tasa de confirmación

Financing: Sin financiamiento externo

Acknowledgments: Al Laboratorio Clínico del Hospital Barros Luco y a los dres Marcia Guajardo y Marcelo Diaz de Valdes por su aporte con datos locales.



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

P06

EVALUACIÓN DE LA RELACION ENTRE ADHERENCIA FARMACOLOGICA Y EFECTIVIDAD DE TRATAMIENTOS ANTIRRETROVIRALES EN PACIENTES "NAÏVE" DEL PROGRAMA VIH/SIDA DEL HOSPITAL REGIONAL DE TALCA.

Jessica Marisol Rodríguez Cea¹, Fernando Bernal², Yanneth Moya³, Waldo Vergara³

(1) Hospital Regional de Talca, UNACESS, 1 norte 1950, Talca, Chile

(2) Hospital San Juan de Dios, Infectología, Huérfanos 3255, Santiago, Chile

(3) Universidad de Valparaíso, Farmacia, Avenida Gran Bretaña 1093, Valparaíso, Chile

Introducción: A 40 años del inicio de la pandemia del VIH, la formulación de nuevas terapias antirretrovirales (TARV) permiten el control de la replicación viral, mejorar la calidad de vida del paciente, disminuir la probabilidad de contagio y la mortalidad a causa del SIDA. En diciembre 2022 en Chile se confirmaron 5401 de nuevos casos de personas viviendo con VIH; existiendo una mayor tasa de prevalencia en el grupo de 20 – 29 años (36-37% de nuevos casos confirmados). En ellos, es imprescindible la buena adherencia al tratamiento, esto permitiría mejorar su eficacia, evitando el fracaso virológico y el desarrollo de resistencia a fármacos. En el Programa VIH/SIDA del Hospital Regional de Talca (HRT), durante el año 2021 iniciaron terapia 70 personas, de las cuales el 36% corresponde al grupo etario comprendido entre 20 y 29 años, lo que se correlaciona con la estadística nacional.

Objetivo: Evaluar la relación entre la adherencia terapéutica y la efectividad a tratamientos antirretrovirales en pacientes "naïve" de 20 – 29 años atendidos en el Programa VIH/SIDA del Hospital Regional de Talca.

Material y método: Evaluación observacional, descriptivo, cuantitativo y retrospectivo, que forma parte del estudio: "Relación entre adherencia al tratamiento antirretroviral y consumo de drogas, apoyo social y aspectos sociodemográficos en pacientes con VIH/SIDA del Hospital Regional de Talca". Incluyó a pacientes que iniciaron TARV entre el año 2017 – 2021, con edad comprendida entre 20 – 29 años, con al menos 6 meses recibiendo TARV, y que entregaron consentimiento. Se excluyeron a quienes no hablan español, privados de libertad y/o con discapacidad cognitiva. La adherencia farmacológica, se evaluó a través del registro de dispensación de medicamentos y el cuestionario simplificado de la adherencia a la medicación (SMAQ); mientras que para valorar la efectividad de las terapias se utilizó el recuento de linfocitos T⁺ CD4 (CD4), la carga viral (CV) a los 0, 3, 6 y 12 meses de haber iniciado tratamiento. Para el análisis estadístico, las variables cualitativas fueron evaluadas por análisis descriptivo, mientras que en las variables cuantitativas se usó el software estadístico SPSS, donde se efectuaron análisis univariante, bivalente y multivariante, y las pruebas no paramétricas de Wilcoxon, Friedman, Kruskal Wallis, y test de kappa de Cohen.

Resultados: 39 pacientes cumplieron criterios de inclusión (92,3% hombres); el 94,9% está en tratamiento con monodosis, y el 87,2% está con un inhibidor de la integrasa como tercer fármaco. El 15,4% resultó ser adherente según SMAQ y el 74,4% lo es de acuerdo con el registro de dispensación; sin observarse relación entre ambos métodos ($\kappa=0,118$). La principal causa de no adherencia es que el paciente alguna vez olvida tomar su medicación (61,5%). En cuanto a su eficacia, el 92,3% logra CV indetectable (CV LDL) y el 63,2% logra niveles de CD4 sobre 350 células/mm³ al final del período analizado; existen diferencias estadísticamente significativas entre la CV basal y la obtenida a los 3 meses de iniciar TARV (Wilcoxon $p=0,018$), también existe diferencias estadísticamente significativas entre CD4 basales y los obtenidos a los 3, 6 y 12 meses de haber iniciado TARV (Wilcoxon $p<0,05$ en cada período y Friedman $p=0,004$). En cuanto a la efectividad de las terapias el 81,6% de los participantes logra CV LDL a los 3 meses de estar recibiendo terapia. De acuerdo con Kruskal Wallis ($p=0,884$) no existen diferencias estadísticamente significativas entre la adherencia y el tipo de terapia recibida.

Conclusiones: No se pudo establecer una relación entre la adherencia, el éxito terapéutico y el tratamiento antirretroviral, se determinó que la adherencia debe ser evaluada por al menos dos métodos validados para complementar la información obtenida por cada método. Sin embargo, si se pudo establecer que la TARV actualmente usada presenta una alta efectividad.

Keywords: VIH, Adherencia terapéutica, eficacia antirretroviral, pacientes naïve, carga viral



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

P07

HIV-1 RNA BLIPS Y REPLICACIÓN DE VIREMIA DE BAJO NIVEL: SOLAR (CABOTEGRAVIR+RILPIVIRINA DE ACCIÓN PROLONGADA VS. BICTEGRAVIR/EMTRICITABINA/TENOFOVIR ALAFENAMIDA)

Alvaro Melys¹, Christine Latham², Rimgaile Urbaityte³, Kenneth Sutton², William Spreen², Ronald D'Amico D'Amico²

(1) GSK, Recoleta, Chile

(2) ViiV Healthcare, Durham, NC, USA

(3) GSK, Brentford, UK

Antecedentes: Cabotegravir más rilpivirina de acción prolongada (CAB+RPV LA) administrado cada 2 meses (Q2M) es el primer y único régimen completo de LA recomendado para personas virológicamente suprimidas que viven con VIH-1.

Objetivos: Aquí, informamos los blips virales del ARN del VIH-1 y el virus diana no detectado (TND), así como el impacto de los blips del ARN del VIH-1 en las mediciones de la carga viral en el mes 12 y el fracaso virológico confirmado (CVF), en los participantes que cambian a CAB+RPV LA versus continuar con bicitegravir/emtricitabina/tenofovir alafenamida oral diariamente (BIC/FTC/TAF) hasta el mes 12 en el estudio SOLAR.

Material y método: SOLAR (NCT04542070) es un estudio de fase 3b, aleatorizado (2:1), abierto, multicéntrico y de no inferioridad que evalúa el cambio de adultos con supresión virológica a CAB+RPV LA Q2M versus continuar con BIC/FTC/TAF. El análisis se basó en la población expuesta por intención de tratar modificada (mITT-E) (exclusión de un sitio de ensayo por incumplimiento de los criterios de entrada al protocolo). Los blips virales del ARN del VIH-1 se definieron como un valor único del ARN del VIH-1 entre 50 y <200 c/ml con valores adyacentes <50 c/ml. El FVC se definió como dos valores consecutivos de ARN del VIH-1 ≥ 200 c/ml. Se analizaron muestras de plasma para determinar la carga viral del ARN del VIH-1 mediante el ensayo Abbott RealTime VIH-1 y se proporcionaron resultados de TND para el ARN del VIH-1 <40 c/ml.

Resultados: De 670 participantes (mITT-E), 447 (67%) cambiaron a LA y 223 (33%) continuaron con BIC/FTC/TAF. La proporción de participantes con blips virales de VIH-1 hasta el mes 12 fue del 4 % (n=19/447) en el grupo CAB+RPV LA y del 4 % (n=9/223) en el grupo BIC/FTC/TAF. De los participantes con blips virales, el 5 % (n=1/19) y el 11 % (n=1/9) en los brazos CAB+RPV LA y BIC/FTC/TAF, respectivamente, tenían ARN del VIH-1 ≥ 50 c/ml en el mes 12; ningún participante con blips virales del ARN del VIH-1 desarrolló FVC. Las proporciones de participantes con blips virales fueron consistentemente $\leq 1\%$ de los participantes con datos disponibles en ambos brazos de tratamiento en cualquier momento. Los resultados de TND en las visitas individuales del estudio fueron similares entre los brazos del estudio (CAB+RPV LA, 85%-88%; BIC/FTC/TAF, 80%-86%), y las proporciones de participantes con ARN del VIH-1 <40 c/ml (CAB+RPV LA, 90%-97%; BIC/FTC/TAF, 90%-97%) fueron comparables entre los brazos de tratamiento hasta el mes 12.

Conclusiones: Las proporciones de participantes del estudio con blips virales de ARN de VIH-1, TND y ARN de VIH-1 <40 c/mL fueron similares entre CAB+RPV LA y BIC/FTC/TAF hasta el mes 12. Los blips virales de VIH-1 con CAB+RPV LA no parecieron estar asociados con FVC, lo que coincide con datos de estudios clínicos previos de fase 3 de CAB+RPV LA.



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

P08

INCIDENCIA Y CARACTERÍSTICAS DEL PARTO PREMATURO EN AUSENCIA DE TRANSMISIÓN VERTICAL EN 143 EMBARAZADAS CON DIAGNÓSTICO DE VIH EN TERAPIA ANTIRRETROVIRAL

Alejandra Alvestegui^{1,2}, Fernando Abarzúa^{1,3}, Carolina Cerda^{1,2,4}, Vany Sánchez^{1,4}, Claudia Cifuentes^{1,5}, Francisco Letelier^{1,4}, Carol Erices^{1,3}, Carolina Chahin^{2,4}

(1) Hospital Dr Hernán Henríquez Aravena, Comité de Infecciones Perinatales, -, Manuel Montt 115, Temuco, Chile

(2) Universidad de la Frontera, -, Facultad de Medicina, Manuel Montt 118, Temuco, Chile

(3) Hospital Dr Hernán Henríquez Aravena, Servicio Medicina Materno Fetal, -, Manuel Montt 115, Temuco, Chile

(4) Hospital Dr Hernán Henríquez Aravena, Unidad de Infectología, -, Manuel Montt 115, Temuco, Chile

(5) Hospital Dr Hernán Henríquez Aravena, Laboratorio, -, Manuel Montt 115, Temuco, Chile

Introducción: Las intervenciones farmacológicas y obstétricas han logrado reducir la transmisión vertical (TV) de VIH en el mundo. Sin embargo, las embarazadas con diagnóstico de VIH siguen siendo un grupo de alto riesgo de complicaciones perinatales, como el parto prematuro (PP), que es la principal causa de mortalidad perinatal. Se presenta la experiencia de más de dos décadas con las embarazadas tratadas con TAR (terapia antirretroviral) en el único hospital público de alta complejidad de la región de la Araucanía, Chile.

Objetivos: 1) Describir las características y resultados obstétricos en gestantes con diagnóstico de VIH en TAR. 2) Caracterizar al subgrupo con parto prematuro. 3) Evaluar la presencia de transmisión vertical de VIH.

Materiales y métodos: Estudio retrospectivo, que abarca la totalidad de los partos en embarazadas con infección VIH, que recibieron TAR, entre enero 2001 y abril 2024, atendidas por un equipo multidisciplinario. Se evaluaron distintas variables, como sus antecedentes obstétricos, carga viral y edad gestacional al parto, así como TV y mortalidad perinatal. En el subgrupo de parto prematuro, el origen de este, causas, TAR recibida, edad gestacional y peso del RN. El estudio fue aprobado por el Comité de Ética. Los datos fueron obtenidos desde la base de medicina maternofoetal, infectología y laboratorio del hospital.

Resultados: En el periodo de estudio hubo 143 partos de embarazadas con diagnóstico de VIH, todas recibieron TAR. No hubo casos de transmisión vertical (0 %) ni mortalidad perinatal en esta cohorte. En los 143 binomios se aplicó protocolo prevención de TV postparto y se suspendió la lactancia materna. En 15 de 143 (10%) ocurrió parto prematuro. El 60% de los PP (9/15) fue espontáneo. No hubo diferencias en este subgrupo entre uso o no de Lopinavir/ritonavir (5 y 4 ptes). De los PP por indicación médica, la principal causa fue insuficiencia placentaria (HELLP, RCF, DPPNI) (4/6; 67% de los casos). La edad gestacional promedio al parto fue de 35 semanas tanto en los espontáneos como en los indicados. Sin embargo, el peso promedio fue 2620 gr en espontáneos, y 2286 gr en indicados (16% menor). El 93% de todos los PP (14/15) fueron tardíos (mayores a 34 semanas). No hubo prematuros menores a 32 semanas. En 1/15 (5,5%) se presentó infección puerperal.

Discusión: El riesgo de TV de VIH se ha reducido dramáticamente gracias al manejo interdisciplinario, TAR combinada, medición carga viral y vía de parto según los antecedentes de cada binomio. En nuestra serie no hay RN infectados. El análisis del resto de complicaciones, incluido el parto prematuro (principal causa de mortalidad perinatal), cobra cada vez más importancia. El 10% tuvo PP, similar a población general chilena, y menor al 13-14% de prematuridad de nuestro hospital. No hay casos de PP extremo. El 60% de los PP fue espontáneo, similar a población general. En nuestra cohorte, el uso de Lop/rit no aumentó riesgo de prematuridad, a diferencia de lo reportado internacionalmente. La insuficiencia placentaria fue la principal causa de PP indicado. Estas pacientes requieren control en Unidades Especializadas Infectológicas y Materno fetales para manejo de las múltiples variables que influyen en el pronóstico del binomio.

Keywords: Virus de Inmunodeficiencia Humana, Embarazo, Transmisión Vertical, Terapia Antirretroviral, Parto Prematuro

Financing: sin financiamiento

Acknowledgments: Se agradece a la Dra. Chahin su dedicación y esfuerzo, que permitieron el estudio actual y dieron inicio a la Unidad de Infectología del Hospital Dr. Hernán Henríquez Aravena



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

P09

MEJORA EN EL ÍNDICE CD4/CD8 EN PERSONAS QUE VIVEN CON VIH BAJO TRATAMIENTO ANTIRRETROVIRAL A UN AÑO DE SEGUIMIENTO, EN UN CENTRO DE ATENCIÓN CHILENO DE ALTA COMPLEJIDAD.

Omar Contreras C¹, Benjamín Rodríguez S¹, Felipe Bravo B^{1,2}, Alejandra Gavrilovics B^{1,2}, Catalina Gutiérrez R², Fernando Bernal O², Lorena Rodríguez A²

(1) Universidad de Chile, Facultad de Medicina

(2) Unidad de Infectología Hospital San Juan de Dios, Servicio de Medicina Interna, Santiago, Chile

Introducción: En personas que viven con VIH (PVV) se ha documentado que un índice CD4/CD8 bajo, junto con niveles elevados de linfocitos T CD8, puede reflejar un aumento en la activación inmune y asociarse con un mayor riesgo de eventos adversos no relacionados con el SIDA, como enfermedades cardiovasculares y neoplasias. La literatura indica que una proporción CD4/CD8 menor a 0,5 están asociados con una mayor probabilidad de riesgo. El rango normal del índice CD4/CD8 en una población chilena sana se describe entre 0,84 y 3,77.

En el presente estudio, se reporta el valor promedio del índice CD4/CD8 en PVV naïve (sin tratamiento previo) al momento del diagnóstico y después de un año de seguimiento con terapia antirretroviral (TAR), en un centro de atención de alta complejidad en Chile, durante el período 2020-2021.

Objetivos

- Determinar el índice CD4/CD8 en PVV naïve al momento del diagnóstico.
- Evaluar la evolución del índice CD4/CD8 en PVV tras un año de TAR.
- Comparar los valores del índice CD4/CD8 en PVV en TAR con los rangos normales establecidos para la población chilena sin diagnóstico de VIH.

Material y método: Se llevó a cabo un estudio observacional de cohorte retrospectivo en personas mayores de 18 años, con diagnóstico de VIH, sin tratamiento antirretroviral previo (naïve), atendidas en el policlínico de infectología del Hospital San Juan de Dios (HSJD) durante el año 2020. Se incluyeron aquellos pacientes que iniciaron TAR y que completaron al menos un año de seguimiento con pruebas de laboratorio disponibles. Se excluyeron personas menores de 18 años y aquellas que hubiesen recibido TAR previa. La cohorte fue definida a partir de los registros clínicos del hospital, y se evaluaron los índices CD4/CD8 en dos momentos clave: al diagnóstico inicial y tras un año de tratamiento con TAR.

Resultados: Se incluyó a un total de 136 pacientes, con una mediana de edad de 32 años. La cohorte estuvo compuesta por 20,6% mujeres (28) y 79,4% hombres (108). Todos comenzaron TAR en el HSJD durante el año 2020.

Al momento del diagnóstico inicial, el índice CD4/CD8 promedio fue de 0,24. La mediana de linfocitos T CD4 fue de 222 células/mm³, de linfocitos T CD8 fue de 642 células/mm³, y la carga viral de VIH (CV) fue de 62.600 copias/ml. El esquema de TAR más frecuente (44,8 %) fue EVG/c/TAF/FTC (Genvoya ®) y la etapa clínica más común (36 %) en el momento del diagnóstico fue A2.

Después de un año de tratamiento, el índice CD4/CD8 promedio en la cohorte aumentó a 0,48. La mediana de linfocitos T CD4 incrementó a 399 células/mm³, mientras que la de linfocitos T CD8 aumentó a 806,5 células/mm³. La carga viral disminuyó significativamente, con un 86% de los pacientes alcanzando una carga viral indetectable (CV < 50 copias/ml).

Del total, el 9,5% de pacientes presentó valores de linfocitos T CD4 superiores a 500 células/mm³, pero contaban con un índice CD4/CD8 inferior a 0,5, lo que sugiere que, a pesar de tener recuentos de linfocitos T CD4 relativamente normales, la proporción CD4/CD8 sigue indicando una activación inmune elevada.

Conclusión: El índice CD4/CD8 promedio observado al momento del ingreso fue de 0,24, lo cual es significativamente inferior al rango normal establecido para la población chilena sin diagnóstico de VIH, (0,84 a 3,77). El seguimiento tras un año de TAR muestra una mejora significativa en el índice CD4/CD8, acercándose al umbral de 0,5, lo que podría estar asociado con una reducción en el riesgo de eventos adversos no relacionados con el SIDA. Sin embargo, a pesar de estos hallazgos, es necesario realizar seguimiento y estudios adicionales a largo plazo para determinar con mayor precisión la utilidad del índice CD4/CD8 como marcador de severidad en la evolución clínica de personas que viven con VIH en nuestro país.

Keywords: VIH, Relación CD4/CD8

Financing: Sin financiamiento.

**CARACTERIZACIÓN MOLECULAR Y FENOTÍPICA DE CEPAS DE *Klebsiella pneumoniae* RESISTENTES A CARBAPENÉMICOS AISLADAS DEL HOSPITAL REGIONAL DE CONCEPCIÓN ENTRE LOS AÑOS 2020-2023.**

Mario Quezada-Aguiluz^{1,2}, Alejandro Ignacio Aguayo-Reyes^{1,2,3}, Sergio Mella-Montecinos^{1,2,3}, Gisela Riedel Molina^{1,2,3}, Martha Quezada-Siles^{1,2,3}, Felipe Morales-León^{1,4}, Néstor Andrés Herrera Chávez^{1,3}, Andrés Opazo-Capurro^{1,5}, GERARDO ENRIQUE GONZALEZ ROCHA^{1,5}

- (1) Grupo de Estudio en Resistencia Antimicrobiana de la Universidad de Concepción (GRAM), Concepción, Chile.
- (2) Grupo de Estudio de Enfermedades Infecciosas de la Universidad de Concepción (GrEEn-UdeC), Facultad de Medicina, Departamento de Medicina Interna, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.
- (3) Hospital Dr. Guillermo Grant Benavente, Concepción, Chile.
- (4) Facultad de Farmacia, Departamento de Farmacia, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.
- (5) Laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos (LIAA), Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

Introducción: *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos ha sido clasificado por la OMS dentro del grupo de Prioridad Crítica, representando un importante desafío para el tratamiento antibiótico ya que las infecciones producidas por estos aislados se asocian a una elevada mortalidad. En este contexto, el objetivo de este trabajo fue caracterizar fenotípica y molecularmente diversas cepas de *K. pneumoniae* resistentes a carbapenémicos aisladas en el Hospital Regional Dr. Guillermo Grant Benavente (HGGB) de Concepción entre los años 2020 y 2023.

Materiales y métodos: Se estudiaron 43 cepas de *K. pneumoniae* aisladas entre los años 2020 y 2023 en el HGGB. Se determinaron los perfiles de susceptibilidad a antibióticos de estas cepas mediante el método de Kirby-Bauer a imipenem (IPM), meropenem (MEM), ertapenem (ETP), ceftriaxona (CRO), ciprofloxacino (CIP), amikacina (AMK), gentamicina (GEN), piperacilina/tazobactam (TZP), cefotaxima (FOX), mientras que la susceptibilidad a ceftazidima/avibactam (CZA) se realizó mediante epsilometría. Los puntos de corte para determinar la susceptibilidad fueron interpretados de acuerdo al *Clinical & Laboratory Standards Institute* (CLSI) 2024. Posteriormente, se realizó la extracción del DNA genómico (gDNA) por medio de kit de extracción Wizard® (Promega) para secuenciar los genomas de las cepas mediante la plataforma Illumina NextSeq 2000 (SeqCenter LLC Pittsburgh USA). Los genomas secuenciados fueron ensamblados mediante SPAdes (v3.13), y anotados con Prokka (v1.14.6). Adicionalmente, se determinaron los diversos secuenciotipos (STs) utilizando el esquema de PubMLST. Por otro lado, el contenido de genes de resistencia a antibióticos y de virulencia se pesquisaron mediante las herramientas ResFinder y Virulence Finder Database (VFDB), respectivamente. Finalmente, el análisis de *core genome* y la construcción del árbol filogenético se realizaron con Roary e IQ-TREE, respectivamente, mientras que las mutaciones asociadas a resistencia a antibióticos se identificaron con BLAST y sus efectos se predijeron con PROVEAN.

Resultados: De las 43 cepas analizadas, 14 (33%) eran portadoras de carbapenemasas, mientras que 29 (67%) resultaron resistentes a carbapenémicos no productoras de carbapenemasas. Los STs prevalentes fueron el ST25 (46%) y ST11 (42%). El 65% de las cepas fue resistente a IPM, 81% a MEM, 100% a ETP, 94% CRO, 81% CIP, 29% AMK, 65% GEN, 83% TZP, 62% a FOT y 13% a CAZ/AVI. Los principales genes de resistencia a antibióticos detectados fueron de enzimas modificantes de aminoglucósidos (*aac(6')-Ib*, *aph(3'')-Ib*, *aph(6)-Id*), β -lactamasas de espectro extendido (BLEEs) (*bla*_{CTX-M-15}, *bla*_{CTX-M-2}, *bla*_{SHV-110}, *bla*_{SHV-158}, *bla*_{OXA-10}), carbapenemasas (*bla*_{KPC-2}, *bla*_{KPC-18}, *bla*_{NDM-1}, *bla*_{VIM-2}) y resistencia plasmídica a quinolonas (*oqxA*, *oqxB*, *qnrB1*, *qnrB19*). El mecanismo principal de resistencia a carbapenémicos en cepas no portadoras de carbapenemasas fue mutaciones en los genes de porinas *ompK35* y/o *ompK36*. No se detectó la presencia de genotipos hipervirulentos.

El análisis filogenético evidenció la presencia de dos principales grupos clonales estrechamente relacionados (ST11 y ST25). La relación entre estos clones sugiere una expansión clonal de cepas multirresistentes, destacando la dispersión de ST11, asociado frecuentemente con genes de resistencia a carbapenémicos como *bla*_{KPC-2} y *bla*_{NDM-1}.

Conclusión: Los secuenciotipos ST25 y ST11, prevalentes de este estudio, muestran un perfil de MDR, con susceptibilidad a CZA. Concordantemente, presentan un amplio perfil de genes de resistencia a diversas familias de antibióticos. La principal carbapenemasa detectada fue *bla*_{KPC-2}. Aquellas cepas no portadoras de carbapenemasas presentan una alta incidencia de producción de BLEEs junto con mutaciones deletéreas en los genes de porina *ompK35/36* lo que sugiere un mecanismo combinado de resistencia a carbapenémicos donde la impermeabilidad tiene un papel preponderante. La presencia de múltiples clusters hace pensar en una diseminación activa y variable en los procesos de adquisición de mecanismos de resistencia.

Keywords: Enterobacterales, resistencia antibiótica, *Klebsiella pneumoniae*



Area: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

P11

DETECCIÓN Y CARACTERIZACIÓN DE *Enterobacter cloacae* COMPLEX DOBLE PRODUCTOR DE METALO-CARBAPENEMASAS

Katherine Soto ^{1,2}, José RW Martínez ^{1,2}, Camila Solar ^{1,2}, Valeria Quiroz ^{1,2}, Lina Maria Rivas ^{1,2}, Maria Paz Riquelme ^{1,2}, Juan Ugalde ^{1,3}, Anne Petters ^{1,2}, Nicolas Canales ^{1,2,3}, Pamela Rojas ², Rebecca Tenner ¹, Maite Gonzalez ^{1,2}, Lea Maureira ^{1,2}, Rafael Araos ^{1,2}, Aniela Wozniak ^{2,4}, Patricia Garcia ^{2,4}, Lorena Diaz ^{1,2}, Jose Manuel Munita ^{1,2}

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

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

(3) Universidad Andres Bello, Centro de Bioinformática y Biología Integrativa, Facultad de Ciencias de la Vida, Santiago, Chile

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

Introducción: Los Enterobacterales resistentes a carbapenémicos (ERC) son patógenos de prioridad crítica debido a las limitadas opciones terapéuticas. El principal mecanismo de resistencia a carbapenémicos es la producción de carbapenemasas clasificadas como serino- β -lactamasas (e.g. KPC) y metalo- β -lactamasas (e.g. NDM, VIM e IMP). En particular, las metalo-carbapenemasas confieren resistencia a todos los betalactámicos (excepto aztreonam), exhibiendo una alta eficiencia hidrolítica frente a carbapenémicos. Preocupantemente, se han reportado ERC doble productores de carbapenemasas en varios países. En Chile, la frecuencia de ERC productores de carbapenemasas ha aumentado, con reportes esporádicos de aislados doble productores de carbapenemasas, particularmente de la combinación KPC/NDM. Sin embargo, los reportes de ERC productores de dos metalo-carbapenemasas de forma concomitante son mucho más escasos y prácticamente no existen datos respecto de su comportamiento frente a nuevas alternativas terapéuticas.

Objetivo: Caracterizar aislados de *Enterobacter cloacae* complex (ECC) doble productores de metalo-carbapenemasas *bla*_{VIM} y *bla*_{NDM} recolectados de pacientes en un hospital en Chile.

Métodos: Identificamos 12 aislados de ECC resistentes a carbapenémicos doble productores de metalo-carbapenemasas (VIM y NDM) en un hospital de la región metropolitana entre julio de 2022 y julio de 2023. Tres fueron recuperados de orina, tracto respiratorio y tejido óseo, respectivamente y los restantes 8 se aislaron desde hisopados rectales como parte de un protocolo de vigilancia activa. La detección de genes *bla*_{KPC}, *bla*_{VIM} y *bla*_{NDM} se realizó por PCR. La producción de carbapenemasas se confirmó por ensayo inmunocromatográfico (NG-Test CARBA 5). La determinación de concentración inhibitoria mínima (CIM) para ertapenem (ERT), meropenem (MEM), imipenem (IMP), aztreonam (ATM), aztreonam/avibactam (ATM/AVI) y cefiderocol (FDC) se realizó por microdilución en caldo (CLSI 2024). Secuenciamos el genoma completo de los 12 aislados mediante Oxford Nanopore, analizando el secuenciotipo, resistoma, y contexto genómico de las carbapenemasas.

Resultados: Los 12 aislados presentaron resistencia a ETP, MEM, IMP (CIM >256 μ g/mL). El 75% (9/12) fue susceptible a ATM, mientras que 3 aislados exhibieron una CIM a ATM $\geq$ 8 μ g/mL. Todos los aislados fueron susceptibles a la combinación ATM/AVI, con un rango de CIM entre 0,5 y 2 μ g/mL. El rango de CIM a FDC fue de 2 y 4 μ g/mL, con 10 aislados susceptibles y 2 que exhibieron una CIM = 8 μ g/mL, catalogada como susceptibilidad intermedia. Del total, 10 ECC pertenecieron al ST133 y los 2 aislados restantes al ST45. Los análisis genómicos confirmaron la presencia de los genes *bla*_{VIM-1} y *bla*_{NDM-7}, los que se encontraban en plásmidos conjugativos independientes pertenecientes a los grupos de incompatibilidad IncHI2A, IncFIB / IncFII y IncX3, respectivamente. Adicionalmente, todos los aislados portaban *bla*_{CTX-M-9} y 10/12 de ellos (10/12) portaban también *bla*_{TEM-1}.

Conclusiones: Presentamos la caracterización fenotípica y genómica de aislados ECC co-portadores de metalo-carbapenemasas VIM-1 y NDM-7. Además, detectamos ECC no susceptibles a FDC y 3 aislados resistentes a ATM en los que AVI logró restaurar la actividad del antibiótico. La emergencia de ERC doble productoras de metalo-carbapenemasas constituye una amenaza preocupante y destaca la necesidad de una vigilancia activa y una evaluación exhaustiva de la actividad de las nuevas alternativas terapéuticas.

Keywords: DOBLE-PRODUCTOR, METALOCARBAPENEMASAS, VIM-NDM, *Enterobacter cloacae* complex, CEFIDEROCOL

Financing: FONDECYT 1211947

Acknowledgments: Para la red de Laboratorios MICROB-R



Área: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

P12

EL AUMENTO EN LA FRECUENCIA DE ENTEROBACTERIALES PORTADORAS DE METALO- β -LACTAMASA NDM-7 EN CHILE ES MEDIADO POR PLÁSMIDOS INCX3.**Nicolás Canales** ^{1,2,4}, Jose RW Martinez ^{1,2,3}, Lorena Díaz ^{1,3}, Patricia García ³, Rafael Araos ^{1,2,3}, Juan A. Ugalde ^{2,3,4}, José M. Munita ^{1,3,5}

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

(2) GENomic Epidemiology in Emergent Diseases (GENE2DIS), Proyecto Anillo ATE220061, Universidad del Desarrollo, Santiago, Chile.

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

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

(5) Hospital Padre Hurtado, Santiago, Chile

Antecedentes: La resistencia a carbapenémicos es una de las mayores amenazas a la salud global, debido a la escasez de opciones terapéuticas efectivas. En este grupo de resistencia, las metalo- β -lactamasas y en particular New Delhi β -lactamasas (NDM), son de especial preocupación. Las enzimas del tipo NDM confieren resistencia a casi todos los betalactámicos y las variantes más frecuentes globalmente son NDM-1 y NDM-5. Estas enzimas están codificadas por genes *bla*_{NDM}, los que frecuentemente se alojan en elementos genéticos altamente movilizables, favoreciendo su diseminación. Entre los plásmidos portadores de *bla*_{NDM}, los grupos de incompatibilidad más frecuentes son IncFI, IncA/C e IncX3. En Chile, nuestros datos evidencian un aumento sostenido de Enterobacterales portadores de carbapenemasas desde el 2021, en particular de la variante NDM-7. Sin embargo, el contexto genómico de *bla*_{NDM-7} en aislados chilenos no ha sido explorado en profundidad.

Objetivos: Caracterizar los plásmidos portadores de *bla*_{NDM-7} (pNDM-7) asociados a la diseminación de NDM-7 en Enterobacterales causantes de infecciones invasoras en Chile.

Materiales y métodos: Se analizaron 37 plásmidos portadores de *bla*_{NDM-7} identificados en genomas de Enterobacterales resistentes a carbapenémicos aislados en pacientes de 4 centros hospitalarios chilenos. Las secuencias de nucleótidos de los pNDM-7 se compararon por similitud usando la herramienta MGEcluster. Adicionalmente, se comparó la identidad genómica de los pNDM-7 obtenidos desde aislados chilenos con plásmidos portadores de *bla*_{NDM} disponibles públicamente en PLSDb.

Resultados: Todos los plásmidos pNDM-7 de la colección presentaron un tamaño entre 45 y 54 Kpb y pertenecieron al grupo de incompatibilidad IncX3. Además, presentaron múltiples secuencias de inserción, transposasas de la familia Tn3 y elementos del sistema de secreción TipoIV. La resistencia *bla*_{NDM-7} está flanqueada por los genes *IS3000*, *ISAbal25* e *IS5* río arriba y otro grupo de genes río abajo conformado por *ble*, *trpF*, *DsbD*, *IS26*, *UmuD* y *ISKonx3* en la mayoría de los plásmidos descritos. La comparación de similitud genética arrojó 2 grupos de pNDM-7; el grupo I incluyó plásmidos aislados desde el 2018 al 2023 provenientes de 6 especies de Enterobacterales. El grupo II estuvo compuesto principalmente por *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* aisladas entre 2021-2022 y se diferencian del grupo I por la presencia de genes de resistencia a arsénico. La comparación de pNDM-7 de Chile con la base de datos PLSDb arrojó 44 plásmidos portadores de *bla*_{NDM-7} similares a pNDM-7 grupo I, con una distribución global y alta representación de origen asiático no se encontraron plásmidos similares al grupo II.

Conclusiones: Nuestros resultados muestran que la diseminación de *bla*_{NDM-7} en Enterobacterales de diversas especies recuperadas de pacientes en Chile se asocia consistentemente a plásmidos IncX3 con un contexto genético conservado albergando la resistencia, y además existe un grupo de estos plásmidos que portan genes de resistencia a arsénico. El seguimiento de las plataformas móviles que transportan genes de resistencia es fundamental para la búsqueda de estrategias que permitan detener la diseminación de patógenos multiresistentes.

Keywords: Enterobacterales, Metallo-beta-lactamasas, NDM-7, Plásmidos

Financing: Fondecyt kpn 1211947 Proyecto Anillo ATE220061



Area: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

P13

INFECCIONES DEL TORRENTE SANGUÍNEO POR ENTEROBACTERIALES RESISTENTES A CEFALOSPORINAS DE TERCERA GENERACIÓN, FACTORES ASOCIADOS A ESTE PATRÓN DE RESISTENCIA Y/O UNA PEOR EVOLUCIÓN.

Javiera Alborno Valenzuela¹, Paula Chávez¹, Marlon Barraza², Paulina Coria de la Hoz², Maria Elena Santolaya³, Maria Elvira Simian⁴

(1) Universidad de Chile, Programa de Formación de Especialistas en Infectología pediátrica, Facultad de Medicina, Santiago, Chile

(2) Hospital Luis Calvo Mackenna, Unidad de Infectología

(3) Universidad de Chile, Departamento de Pediatría y Cirugía infantil Oriente, Facultad de Medicina

(4) Hospital del Salvador

Antecedentes: Las infecciones del torrente sanguíneo (ITS) representan una carga significativa en pediatría, con tasas de mortalidad que pueden alcanzar el 20%. Con la introducción de vacunas, ha habido un cambio en los agentes causales hacia un aumento en la prevalencia de bacterias gramnegativas, especialmente dentro de los Enterobacterales, que se relacionan con la resistencia a antimicrobianos (RAM). En pediatría, se ha reportado una creciente incidencia de infecciones por Enterobacterales resistentes a cefalosporinas de tercera generación (ERC3G), asociado con peores resultados clínicos. Sin embargo, existe una notable falta de datos sobre la prevalencia de ERC3G en esta población en Chile.

Objetivos: Este estudio tiene como objetivo determinar la prevalencia de ITS causadas por ERC3G en niños, identificar factores asociados a la resistencia y evaluar el pronóstico de los pacientes infectados con estos organismos.

Material y Método: Se llevó a cabo un estudio retrospectivo, observacional en el Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna, recopilando datos de hemocultivos positivos a Enterobacterales entre el 1 de enero de 2019 y el 31 de diciembre de 2023. Los datos demográficos, clínicos y microbiológicos se extraían de las historias clínicas electrónicas. Se realizaron análisis estadísticos con el software EPIDAT y Restudio, considerando un nivel de significancia de $p < 0.05$, para comparar la prevalencia y los factores de riesgo asociados con la ERC3G. Para evaluar el pronóstico de los pacientes con ERC3G se analizará los días de hospitalización, la mortalidad a 30 días y sobrevida libre de eventos al año. La sobrevida libre de eventos fue ajustada usando modelos proporcionales de Cox y se obtuvieron los HR y sus respectivos IC.

Resultados: Identificamos 251 episodios de ITS por Enterobacterales en 219 pacientes. Un 32,7% de estos episodios fueron por ERC3G, observamos que un porcentaje estadísticamente significativo de los pacientes con ERC3G tenía antecedentes de hospitalización (96,2%) y uso previo de antimicrobianos (61%) en comparación con el grupo de episodios de ITS por ESC3G ($p=0,0311$ y $p=0,0017$ respectivamente). Los microorganismos más frecuentemente aislados en general fueron *E. coli*, *K. pneumoniae* y *Enterobacter cloacae* complex, en el grupo ERC3G *K. pneumoniae* fue la etiología causal más frecuente (47,6% de los ERC3G). La mortalidad a 30 días no mostró diferencias significativas entre grupos. El tiempo de hospitalización fue mayor en el grupo ERC3G, con una mediana de 39,5 días versus 29,5 días en el grupo ESC3G.

Conclusiones: La prevalencia de infecciones por ERC3G en nuestra población es alarmante, superando el 30% en este estudio. La exposición previa a antimicrobianos y hospitalizaciones son factores de riesgo significativos para la resistencia a cefalosporinas de tercera generación. Este grupo además se asoció a estancias hospitalarias mayores aumentando los costos y morbilidad. Estos hallazgos refuerzan la necesidad urgente de un uso racional de antimicrobianos y protocolos de vigilancia para prevenir la resistencia en población pediátrica, así como la importancia de la investigación continua para guiar el tratamiento en esta población vulnerable.

Si bien la ERC3G no se asoció a una mayor mortalidad, el número de pacientes que fallecieron fue muy pequeño. La edad de los paciente, la hospitalización en UCI y tener más de una familia de antimicrobianos resistentes fueron variables que se relacionaron de manera independiente con la mortalidad total.

Keywords: Enterobacterales, Resistencia a antimicrobianos, infección del torrente sanguíneo, pediatría

Financing: Sin financiamiento.

**LA RESISTENCIA A CEFIDEROCOL EN AISLADOS CLÍNICOS DE *Pseudomonas aeruginosa* MULTIRRESISTENTE NO SIEMPRE ESTÁ ASOCIADA A MUTACIONES EN LOS TRANSPORTADORES DE HIERRO****Micaela Shinya Hidalgo**¹, Aniela Wozniak^{2,3,4}, Patricia García^{2,3,4}, Patricio Ross⁵

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Alumna carrera de Ciencias Biológicas, Santiago, Chile

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

(3) Red de Salud UC-CHRISTUS, Laboratorio de Microbiología, Servicio de Laboratorios Clínicos

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

(5) Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Medicina, Becado Infectología Adultos

Introducción: Cefiderocol (CFC) es un antibiótico para el tratamiento de *Pseudomonas aeruginosa* resistente a antibióticos de última generación como ceftazidima/avibactam (CZA). CFC está formado por una cefalosporina unida a un grupo catecol (sideróforo) que le permite unir hierro e ingresar a la bacteria a través de los transportadores de hierro; además le confiere estabilidad frente a β -lactamasas. CFC aún no está disponible en Chile. La resistencia a CFC es multifactorial y está asociada principalmente a alteraciones en las proteínas involucradas en el transporte de hierro, pero también a alteraciones en las proteínas de unión a penicilina (PBP-3), VIM, NDM, KPC, variantes de AmpC resistentes a CZA, β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) PER y SHV, y alteraciones de las porinas. La sobreexpresión de bombas de expulsión como MexAB-OprM (por alteración de sus reguladores negativos, MexZ y MexR) contribuye a la multirresistencia en *P. aeruginosa* pero no está claro si contribuye también a la resistencia a CFC.

Objetivo: Evaluar la susceptibilidad a CFC en aislados clínicos de *P. aeruginosa* resistentes a CZA con distintos mecanismos de resistencia, y analizar fenotípicamente el rol de las bombas de expulsión junto con el análisis genómico de aislados resistentes a CFC.

Material y método: Se analizaron 80 aislados clínicos de *P. aeruginosa* resistentes a CZA, de los cuales 31 eran productoras de PER (aislados PER+), 2 5 eran productoras de VIM (VIM+) y 24 eran no productoras de carbapenemasas ni BLEE (NP). Para determinar la concentración inhibitoria mínima (CIM) de CFC se utilizó microdilución en caldo Mueller-Hinton con cationes ajustados y depletado de hierro con concentraciones de CFC desde 0,03 hasta 32 $\mu\text{g/mL}$. Para analizar el rol de las bombas de expulsión se determinó la CIM en presencia de PAbN, un inhibidor de bombas de expulsión; una disminución de 4 veces la CIM en presencia de PAbN fue considerada significativa. Se secuenció el genoma completo de 4 aislados resistentes a CFC.

Resultados: El 11% (9/80) de los aislados de *P. aeruginosa* fueron no susceptibles a CFC: 4 fueron PER+ (2 intermedios), 1 fue VIM+ y 4 fueron NP (1 intermedio). La CIM90 para los aislados PER+ y VIM+ fue de 8 $\mu\text{g/mL}$ y 1 $\mu\text{g/mL}$ respectivamente, mientras que para los aislados NP fue de 32 $\mu\text{g/mL}$. Los aislados no susceptibles a CFC tuvieron una mayor disminución de la CIM en presencia del inhibidor que los aislados susceptibles. El 50% de los aislados VIM+, el 31% de los aislados NP y el 9% de los aislados PER+ tuvieron una disminución significativa de la CIM en presencia del inhibidor. El análisis genómico de los 4 aislados resistentes (1 PER+, 1 VIM+ y 2 NP) mostró que pertenecían a los secuenciotipos ST309, ST3243, ST395 y ST124, de los cuales ninguno es de alto riesgo. Los 4 aislados resistentes disminuyeron su CIM en presencia de PAbN y tenían mutaciones en MexR, lo cual indica que la sobreexpresión de MexAB contribuye a la resistencia a CFC. Los aislados PER+ y VIM+ tuvieron mutaciones en genes asociados al transporte de hierro (PirA y PirS) mientras que los dos aislados NP no tuvieron mutaciones en estos genes.

Conclusiones: Cefiderocol es una opción viable de tratamiento para infecciones causadas por *P. aeruginosa* resistentes a CZA. Los resultados muestran que las cepas VIM+ o PER+ no necesariamente tienen mayor frecuencia resistencia a CFC, de hecho, los aislados NP son los que tienen la mayor CIM90 (32 $\mu\text{g/mL}$). Esto sugiere que de ser posible el tratamiento con CFC, es necesario determinar la susceptibilidad a CFC de todos los aislados clínicos. La resistencia a CFC no siempre está asociada a alteración de los transportadores de hierro y otros mecanismos como la expulsión por bombas podrían tener un rol.

Financing: Departamento de laboratorios clínicos, Escuela de Medicina, Pontificia Universidad Católica de Chile



Area: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

P15

RESISTENCIA A CARBAPENÉMICOS DE CEPAS DE *Pseudomonas fluorescens* AISLADAS DESDE AGUAS RESIDUALES DE CONCEPCIÓN CHILE

Cristóbal Aguayo Garrido ^{1,2}, Claudia Torres Bustos ^{1,2}, Tamara Quilodran Salazar ^{1,2}, Gerardo Gonzáles Rocha ^{1,2}, Andrés Opazo Capurro ^{1,2}, Victoria Mardones Verdugo ^{1,2}, Matías Hepp Castro ³

(1) Universidad de Concepción, Microbiología, Ciencias Biológicas, Barrio Universitario S/N, Concepción, Chile

(2) Universidad de Concepción, Grupo de Estudio en Resistencia Antimicrobiana (GRAM), Concepción, Chile

(3) Universidad Católica de la Santísima Concepción, Medicina, Paicaví 3380, Concepción, Chile

Introducción: El concepto de “Una Salud” sostiene que la salud humana, animal y ambiental están intrínsecamente interrelacionadas, lo que subraya la importancia de un enfoque integral en su estudio. Dentro de este marco, se ha planteado la necesidad de investigar la resistencia a los antibióticos en diversos entornos, incluyendo aguas residuales y potables. En particular, se ha documentado la presencia tanto de bacterias resistentes a los antibióticos como de genes de resistencia en ríos, lagos, océanos, así como en aguas residuales de origen hospitalario, agrícola y en sistemas de aguas servidas. En este contexto, el análisis de estos últimos ofrece una perspectiva innovadora para estudiar la dinámica de la resistencia a los antibióticos en poblaciones específicas. En consecuencia, el objetivo del presente estudio fue detectar la presencia de bacterias Gram negativas no fermentadoras resistentes a carbapenémicos en aguas residuales del Gran Concepción, en la Región del Biobío.

Materiales y Métodos: Se analizaron 21 muestras de aguas residuales proporcionadas por el Centro Centinela de la Universidad Católica de la Santísima Concepción (UCSC). De cada muestra, se extrajo 1 ml y se realizaron cinco diluciones seriadas en una proporción 1:9. De cada dilución, se inocularon 100 µl en placas de agar MacConkey utilizando perlas de vidrio, y posteriormente fueron incubadas a 30°C durante 24 h. Luego, se seleccionaron las placas que presentaban un crecimiento óptimo con distintos morfotipos bacterianos (6 a 10 colonias). Luego, estas colonias se caracterizaron mediante tinción de Gram, siembra en agar *triple sugar iron* (TSI) y prueba de oxidasa. Las cepas correspondientes a bacilos Gram negativos no fermentadores (BGN-NF) y oxidasa (+) fueron identificadas a nivel de especie mediante MALDI-TOF. Adicionalmente, se realizaron antibiogramas para 16 antibióticos diferentes, incluyendo penicilinas, cefalosporinas, fenicoles, aminoglucósidos, tetraciclinas, quinolonas, folatos y carbapenémicos. La detección fenotípica de carbapenemasas se realizó mediante Blue Carba.

Resultados: Del total de las 21 muestras analizadas de aguas residuales, se obtuvieron 47 colonias correspondientes a BGN-NF / oxidasa (+), de las cuales 4 aislados resultaron resistentes a los carbapenémicos imipenem y meropenem, además de ceftazidima y cefepime. Estas cepas fueron identificadas como *P. fluorescens* mediante MALDI-TOF. La detección mediante Blue Carba determinó que no presentan carbapenemasas, sugiriendo la presencia de mecanismos no enzimáticos de resistencia a carbapenémicos.

Conclusiones: Los resultados de este trabajo destacan la presencia de cepas resistentes a carbapenémicos en aguas residuales del Gran Concepción, lo que plantea importantes desafíos sobre su control dado su potencial de diseminación en distintos ambientes. Este hallazgo subraya la necesidad de un monitoreo continuo y de estudios adicionales para evaluar la dinámica de diseminación de la resistencia a antibióticos en entornos extrahospitalarios.

Keywords: Aguas residuales, Concepción, *Pseudomonas*, resistencia a carbapenémicos

Financing: Fondef IDeA ID23I10264

Acknowledgments: Agradezco a todos los integrantes del Laboratorio de Agentes Antibacterianos (LIAA), por el cálido recibimiento y el constante apoyo brindado a lo largo de este estudio.



Area: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

P16

SOBREVIDA DE PACIENTES TRATADOS POR BACTERIAS PRODUCTORAS DE CARBAPENEMASAS, DETECTADAS POR GENEXPERT; UN ESTUDIO DE COHORTE PROSPECTIVO EN HOSPITAL DR. EDUARDO PEREIRA**Ruben Muñoz Rocha** ^{1,2}, Marcelo Alarcón ^{1,2}, Roberto Garham ^{1,2}

(1) 1Equipo Infectología, Hospital Dr. Eduardo Pereira, Valparaíso, Chile 2Facultad de Medicina, Universidad de Valparaíso, Chile

(2) Universidad de Valparaíso, Chile, Medicina Interna, Medicina, Angamos 655, Viña del mar, Chile

Introducción: En 2024 la OMS elevó la alerta de las enterobacterias portadoras de carbapenemasa a nivel crítico y las *Pseudomonas* con carbapenemasa a nivel de prioridad alto.

Existe escasa información nacional del comportamiento a largo plazo de los pacientes portadores y tratados por microorganismos con carbapenemasas. Desde el 2021 se realiza en el Hospital Dr. Eduardo Pereira (HEP) una búsqueda activa de colonización de carbapenemasas en pacientes de alto riesgo, detectando brotes precozmente y evitando mayor diseminación.

Objetivos: Determinar si la condición de infectado disminuye la sobrevida versus estar colonizado. Determinar si el tipo de carbapenemasa portada influye en la sobrevida de los pacientes en comparación con un grupo control y evaluar si el tipo de tratamiento antibiótico utilizado influye en la sobrevida a un año.**Métodos:** Estudio observacional de cohorte prospectiva. Se analizaron todos los pacientes ingresados en HEP entre 2021 a 2023 con presencia de cultivo positivo a carbapenemasas (KPC,VIM,NDM), por hisopado rectal en contexto de búsqueda activa, como por cultivos realizados en contexto de sospecha de infección. La búsqueda activa se realizó mediante hisopado rectal y la detección de carbapenemasas fue realizada por test Carba Blue. Se consideraron sospechosas cuando el sistema automatizado (BD Phoenix) documentó una concentración inhibitoria mínima (CIM) de 2-4 µg/ml para Imipenem y Meropenem. La confirmación fue mediante biología molecular a través de PCR por Genexpert (cepheid, Sunyvale, USA) identificando el gen *bla IMP*, *bla KPC*, *bla VIM*, *bla NDM* y *bla OXA 48*.

Las variables cualitativas se describieron en términos de frecuencias absolutas y porcentajes. Para el análisis de sobrevida, se ajustó un modelo de regresión de Cox, adicionalmente, se generaron curvas de Kaplan-Meier para analizar la sobrevida de los pacientes en función de los diferentes grupos de antibióticos y cepas bacterianas. Para el análisis estadístico se utilizó el software Stata 17.

Resultados: Se incluyeron 124 pacientes con mediana de edad de 61 años, mayoritariamente hombres 78(62,4%), La edad fue identificada como una variable significativa en el modelo (**HR = 1.0438, p = 0.006**); por cada año adicional de edad aumenta el riesgo de muerte en **4.38%**. Encontramos 64 (51.2%) pacientes infectados y 61 (48.8) colonizados. La bacteria aislada más frecuente fue *Klebsiella pneumoniae* n:89 (71%), *Pseudomonas aeruginosa* n:19 (15%), otros bacilos n:9 (7%) y *E.coli* n:8 (7%), se detectaron carbapenemasas: 78KPC (62.4%), 25 NDM (20%) y 22 VIM (17,6%), no se aislaron OXA-48 o IMP. El antibiótico más utilizado fue ceftazidima/avibactam (57.3%) con una media de tratamiento de 10.4 días (Dst ± 4.8). La tasa de sobrevida de pacientes infectados no demostró diferencias significativas en comparación a los pacientes colonizados. En pacientes portadores de VIM la sobrevida fue significativamente mayor (HR: 0.00034, p < 0.001) comparada con KPC o NDM y no se encontró diferencias significativas entre estas últimos. Destacan los tratamientos con Ceftazidima/avibactam/aztreonam (HR=28.61, p=0.054) y quinolonas (HR=16.44, p=0.083), con valores cercanos a la significancia estadística de mortalidad.**Conclusiones:** Cabe destacar que la detección por Genexpert de KPC, VIM y NDM emerge como herramienta molecular que acelera la detección, la confirmación del mecanismo de resistencia, apoyando el manejo clínico. Se concluye que la edad es un factor relevante en la sobrevida, lo que concuerda con la literatura existente sobre el impacto del envejecimiento en la mortalidad en diversas poblaciones. Existe tendencia de mayor mortalidad en 2 grupos de antimicrobianos pero sin lograr significancia estadística. En un futuro un mayor número de pacientes permitirá discernir si los grupos de antimicrobianos son un factor protector de mortalidad. No existió significancia estadística en la sobrevida de pacientes infectados vs colonizados y destaca la mayor sobrevida en pacientes con metalcarbapenemasa VIM en la cohorte del HEP.**Keywords:** Patogenos de prioridad critica oms, sobrevida, carbapenemasas, Genexpert, cohorte prospectiva**Financing:** Sin financiamiento externo.**Acknowledgments:** Equipo de microbiología e Infectología del HEP



Area: Infecciones en inmunocomprometidos

P17

VIGILANCIA DE PORTACIÓN DE BACILOS GRAM NEGATIVO PRODUCTORES DE CARBAPENEMASA EN PACIENTES ONCOHEMATOLÓGICOS: EXPERIENCIA DE 18 MESES Y UTILIDAD PARA PREDECIR RIESGO DE INFECCIÓN

Maria Belen Moscoso¹, Beatrice Hervé Espejo^{1,3}, Andres Soto Silva², Diego Morales⁴, Javier Tinoco², Fernanda Yarad^{1,3}, Soledad Martínez¹, Ricardo Morales², Francisca Sanchez³, Diego Macias³, Daniela Cáceres³, Lissette Guajardo³, Valeria Peña¹

(1) Fundación Arturo López Pérez, Unidad de IAAS

(2) Fundación Arturo López Pérez, Unidad de Infectología

(3) Fundación Arturo López Pérez, Unidad Diagnóstica, Laboratorio de Microbiología

(4) Universidad de Chile, Alumno de Medicina

Introducción: La portación intestinal de bacilos gram negativo portadores de carbapenemasa (BGNPC) es una realidad epidemiológica en la actualidad, y se ha demostrado que es un factor de riesgo para infecciones con letalidad asociada. Este riesgo es aún mayor en pacientes críticos y/o inmunocomprometidos. En FALP se atiende a pacientes adultos oncohematológicos y se cuenta con un programa de vigilancia de portación inguino-rectal de carbapenemasas, con el fin de establecer precauciones de contacto de manera oportuna, así como ajustar la terapia empírica en caso de neutropenia febril.

Objetivos: Determinar el porcentaje de portación de carbapenemasas en pacientes oncohematológicos hospitalizados entre el 01-01-2023 y el 30-06-2024, la distribución y frecuencia de cada tipo de carbapenemasa, así como el riesgo de infección clínica en pacientes colonizados y su prevalencia según diagnóstico.

Material y métodos: se realizó estudio de portación de carbapenemasas mediante PCR múltiple (Genexpert®) a todo paciente trasladado desde otra institución, con factores de riesgo al ingreso definidos (diálisis crónica, antecedente de hospitalización previa los últimos 12 meses), o con más de 5 días hospitalizados en UPC o MQ de nuestra institución. Se analizaron los registros de laboratorio de resultados de PCR para definir pacientes colonizados y de cultivos positivos para establecer qué pacientes presentaron cultivo positivo a BGNPC. Los pacientes fueron clasificados de acuerdo a su diagnóstico oncológico en hematológicos (leucemia aguda, linfoma, mieloma) y no hematológicos (tumores sólidos) y los cultivos fueron separados en bacteriemias (hemocultivos) y otros. Se realizó un análisis descriptivo comparativo mediante chi-cuadrado (X²), y se estableció si la portación se asociaba con presentar bacteriemia y cultivo positivo, mediante RR y un modelo de regresión logística simple.

Resultados: Se realizó vigilancia a 2.172 pacientes (203 hematológicos y 1969 no hematológicos), con 149 (6,86%) portadores de BGNPC (6,89 % en hematológicos y 6,85% en no hematológicos). Las carbapenemasas detectadas fueron 3 VIM, 116 NDM, 8 KPC, 1 OXA-48 y 21 mixtos. Del total de pacientes colonizados, 20 (13,4%) presentaron un cultivo clínico positivo a BGNPC, vs 25 de los no colonizados (1,23%). De éstos, 11 fueron hemocultivos (6 en portadores, 3 en paciente hematológico y 3 en no hematológico). El RR de paciente no hematológico de tener un cultivo por BGNPC al estar colonizado fue de 9,9 y el de paciente hematológico fue de 18. Al analizar la presencia de bacteriemia, los RR fueron de 10,2 y 40,5 respectivamente. En el análisis comparativo tener un cultivo positivo y bacteriemia fue más frecuente en aquellos portadores de BGNPC, en forma estadísticamente significativa ($p < 0,001$), sin embargo, tener una patología hematológica no lo fue. En el análisis univariado, la portación se asoció en forma significativa a mayor riesgo de bacteriemia y tener un cultivo positivo.

Discusión: La portación de BGNPC fue similar en ambos grupos de pacientes, pero el riesgo de una infección clínica en pacientes colonizados fue más del doble en los pacientes con cáncer hematológico. La probabilidad de presentar infección clínica y bacteriemia es significativamente mayor en pacientes previamente colonizados.

Conclusiones: la vigilancia de portación de BGNPC no sólo es útil para establecer precauciones adicionales en portadores y reducir el riesgo de transmisión a otros pacientes, sino que permite definir el riesgo de infección clínica en los pacientes colonizados y ajustar oportunamente las terapias empíricas en ellos.

Keywords: paciente inmunosuprimido, carbapenemasa, infección, portación

Financing: No aplica

Acknowledgments: No aplica

**SUSCEPTIBILIDAD A DROGAS ANTIFÚNGICAS EN LEVADURAS AISLADAS EN MUESTRAS DE SITIO ESTÉRIL EN UN HOSPITAL DE ALTA COMPLEJIDAD DURANTE EL PERIODO 2017-2023.**

Gabriel Arratia Leiva ^{1,3}, Tamara González ³, Ana María Guzmán ¹, Ricardo Rabagliati ², Osvaldo Villarreal ³, Carla Malig ³, Cristian Montecinos ³, Patricia García ^{1,3}

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

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

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

Introducción: Las infecciones fúngicas han cobrado importancia en el último tiempo para la salud mundial, debido al aumento de la resistencia a las drogas antifúngicas y al limitado arsenal terapéutico disponible. En las últimas décadas, se ha observado una mayor prevalencia en infecciones fúngicas invasoras (IFI) asociada al aumento de pacientes inmunocomprometidos (VIH, receptores de trasplantes de órganos y pacientes con cáncer). *Candida* spp. es el patógeno oportunista más frecuente de IFI, siendo *Candida albicans* la principal causa de candidemia a nivel mundial, lo que asociado al aumento de la resistencia a los azoles y equinocandinas, la incluya en el grupo de prioridad crítica de patógenos fúngicos (OMS). *Candida parapsilosis*, *Candida tropicalis* y *Nakaseomyces glabrata* han surgido como otros agentes causales de candidemia, cuya prevalencia varía según la región geográfica estudiada. Actualmente no existen reportes actualizados de la susceptibilidad a drogas antifúngicas en levaduras causante de IFI a nivel local.

Objetivo: Describir la susceptibilidad *in vitro* a drogas antifúngicas en levaduras aisladas desde sitios estériles en un centro universitario entre 2017 y 2023.

Material y método: Estudio de tipo retrospectivo, descriptivo. Se consideraron los antifungigramas procesados entre enero de 2017 y diciembre de 2023. Se incluyó *C. albicans*, *C. tropicalis*, *C. parapsilosis*, *N. glabrata*, *Meyerozyma guilliermondii* y *Pichia kudriavzevii* considerando una cepa por paciente aislada de sitio estéril. Se utilizó el método de microdilución en caldo comercial Sensititre™ Yeast One™ interpretando los resultados según CLSI M27M44S 2022 y M57S 4^{ta} edición 2022.

Resultados: Se consideraron 184 antifungigramas. Las muestras correspondieron a sangre (122), líquido peritoneal (25), bilis (9), tejido óseo (6), líquido pleural (4), líquido cefalorraquídeo (4), absceso peritoneal (3), tejido peritoneal (3), líquido amniótico (2), válvula aórtica (1), colección intracerebelosa (1), absceso hepático (1), líquido articular (1), médula ósea (1) y absceso pancreático (1). Se realizaron estudios de susceptibilidad a 72 cepas de *C. albicans*, 36 cepas de *C. parapsilosis*, 32 cepas de *N. glabrata*, 25 cepas de *C. tropicalis*, 13 cepas de *P. kudriavzevii* y 6 cepas de *M. guilliermondii*. Tanto para *C. albicans* como para *C. parapsilosis* se obtuvo 97% de susceptibilidad a fluconazol, 97% a voriconazol, 100% a anidulafungina y 100% a caspofungina. Para *N. glabrata* se obtuvo 97% de susceptibilidad a anidulafungina y 94% a caspofungina. Para *C. tropicalis* se obtuvo 72% de susceptibilidad a fluconazol, 56% a voriconazol, 100% a anidulafungina y 96% a caspofungina. Para *P. kudriavzevii* se obtuvo un 92% de susceptibilidad a voriconazol, 100% a anidulafungina y 77% a caspofungina. Para *M. guilliermondii* se obtuvo un 100% de susceptibilidad a anidulafungina y caspofungina. En el caso de la anfotericina B, el porcentaje de cepas con CIM menor al punto de corte epidemiológico corresponde al 100% en el caso de *C. albicans*, *C. tropicalis* y *P. kudriavzevii*, 97% para *C. parapsilosis* y *N. glabrata*, y 83% para *M. guilliermondii*.

Conclusión: En nuestro centro, para el periodo 2017-2023 se observó una susceptibilidad superior al 90% para los azoles y equinocandinas testeados en todas las levaduras estudiadas, excepto para los azoles en *C. tropicalis* y para caspofungina en *P. kudriavzevii*. Los datos obtenidos permitirán guiar localmente el inicio del tratamiento empírico en los pacientes con IFI. Sin embargo, el estudio de susceptibilidad a drogas antifúngicas se debe seguir realizando de forma individual para ajustar dicho tratamiento, dada la alta morbilidad de estas infecciones, y para evitar el aumento de la resistencia adquirida en estas levaduras.



Area: Diagnóstico de laboratorio

P19

CARACTERIZACIÓN DE ADENOVIRUS A NIVEL DE ESPECIE Y ASOCIACIÓN CON LA GRAVEDAD DE LA INFECCIÓN RESPIRATORIA AGUDA EN UNA POBLACIÓN PEDIÁTRICA CHILENA (2022-2023)**Gustavo Saint-Pierre Contreras**¹, Luis Lizama¹, Daniela Vargas¹, Dona Benadof fuentes², Sandra Ampuero¹

(1) Universidad de Chile, Virología, Facultad de Medicina, Independencia 1027, Santiago, Chile

(2) Laboratorio Central, Hospital Roberto del Río, Santiago de Chile.

Introducción: Los adenovirus humanos (AdVH), virus ADN doble hebra, se detectan con frecuencia en enfermedades respiratorias agudas en pediatría. Se han descrito 116 tipos de AdVH (7 especies A-G) con algunas diferencias en su tropismo celular y asociación a patologías. El desarrollo habitual de la patología respiratoria por AdVH es leve; sin embargo, hay evoluciones graves y fatales. En la literatura se han descrito cuadros graves asociados a ciertos tipos virales como AdVH-3 y 7. El diagnóstico habitual de la infección por AdVH respiratorio se hace mediante la detección genérica y no tipo específica. No hay antecedentes actuales de la circulación de los tipos de AdVH respiratorios en la población pediátrica chilena.

Objetivo: Evaluar si existe una mayor frecuencia de detección de AdVH-B específicamente los tipos 3 y 7 en población pediátrica chilena diagnosticada con AdVH con cuadros clínicos respiratorios graves en comparación con aquellos con cuadros leves o no graves.

Material y método: Se realiza un muestreo por conveniencia en población pediátrica consultante en Servicio de Urgencia (S.U.) infantil de los hospitales Roberto del Río y Exequiel González entre agosto 2022 a noviembre 2023. Se recolectaron 260 muestras AdVH positivas detectadas en el estudio habitual de virus respiratorios hospitalario. Se extrajo el ácido nucleico de las muestras y se clasificaron según especie AdVH B, C y E mediante PCR convencional. Aquellas positivas para especie B se tipificaron en AdVH 3 y 7 mediante PCR tiempo real amplificando dos zonas génicas (hexón y fibra) para cada tipo viral. Se definió gravedad como todos los casos hospitalizados por AdVH respiratorio durante el periodo en estudio. Se comparó la frecuencia de detección de especie AdVH y tipo viral con parámetros clínicos, hospitalización en sala básica y UPC. El estudio fue aprobado por Comité de Ética SSMS.

Resultados: De los 260 pacientes pediátricos incluidos, 132 presentaron cuadros leves y fueron derivados a domicilio, 128 fueron hospitalizados. El promedio de edad fue de $4,2 \pm 2,3$ años en leves y $2,41 \pm 2,1$ año para graves. La saturación de oxígeno ($p < 0,001$), frecuencia respiratoria ($p < 0,001$) y PMN ($p = 0,04$) presentaron diferencias significativas entre el grupo leve y grave. La distribución estacional mostró más casos leves en verano y más graves en invierno. En 59,2% se detectó infección única por AdVH-B, en 15,4% AdVH-C y en 8,1% coinfección AdVH-B y C. Se detectó una mayor proporción de AdVH-B en el grupo total ambulatorio (87,9%) frente al hospitalizado (46,1%), aunque en ambas categorías, la proporción de casos de AdVH-B fue mayor frente a AdVH-C y otras especies. Los casos con AdVH-B presentaron una menor coinfección con otros virus respiratorios de un 5,2% vs AdVH-C o AdVH no B, C, E de (22,2% y 22,5%) respectivamente ($p < 0,001$). En los resultados evaluados para la especie B, no hubo diferencias significativas al comparar: ambulatorio vs hospitalizado ($p = 0,28$), requerimiento de oxigenoterapia ($p = 0,18$) o ventilación mecánica ($p = 0,75$). En los casos con AdVH-B se detectó AdVH-3 en 84% como infección única y en 2,2% con AdVH-7. No hubo diferencias significativas considerando el tipo viral entre casos ambulatorios y hospitalizados ($p = 0,29$), ingreso a cama básica (73,1%) y UPC (26,9%) ($p = 0,71$), requerimiento de oxigenoterapia ($p = 0,58$) ni ventilación mecánica ($p = 0,76$).

Conclusiones: Los casos AdVH-B positivos se hospitalizaron en menor proporción que los casos AdVH-C positivos; mayoritariamente se detectó AdVH-3 en la especie B, pero no se encontró asociación con gravedad. La menor proporción de coinfecciones observada en los AdVH-B, junto con la baja incidencia de hospitalizaciones en comparación con otras especies, sugiere que AdVH-B actualmente circulante podría tener un comportamiento clínico menos agresivo en la población pediátrica. Las diferencias obtenidas según especie de AdVH estudiadas, sugieren considerar este tipo de clasificación dentro del algoritmo diagnóstico en el S.U. pediátrico en Chile.

Keywords: AdVH-3, Infection, Adenovirus, Fever, Pharyngo-Conjunctival

Financing: Proyecto financiado por fondos concursables colegio médico regional santiago 2023



Area: Diagnóstico de laboratorio

P20

CONCORDANCIA ENTRE CULTIVO CONVENCIONAL Y PANEL FILMARRAY EN INFECCIONES ARTICULARES: EXPERIENCIA DE UN CENTRO TRAUMATOLOGICO DE SANTIAGO**Silvina Lopez**^{1,2}, Luz Maria Fuenzalida^{1,3}, Mabel Aylwin¹, Teresa Bidart¹, Rodrigo Arriagada¹, Michael avendano¹

(1) Clínica MEDS La Dehesa, Santiago de Chile, Av. José Alcalde Délano 10581, 7691236, Lo Barnechea, Región Metropolitana, Chile

(2) Hospital Santiago Oriente- Dr Luis Tisné Brousse, Santiago de Chile

(3) Hospital del Salvador, Santiago de Chile, Av. Salvador 364, Providencia,, Santiago, Chile

Introducción: El reconocimiento y la identificación rápida de microorganismo causales de artritis séptica es vital para aumentar las posibilidades de éxito en el tratamiento. Las técnicas diagnósticas basadas en cultivo son un desafío, en especial cuando los pacientes han sido tratados previamente con antibióticos y/o cuando se encuentran bacterias difíciles de cultivar. El panel molecular de infección articular Biofire® detecta un amplio número de microorganismos causales de infección articular, lo que permitiría mejorar la oportunidad diagnóstica en estos casos.

Objetivo: Evaluar la concordancia entre el cultivo y panel de infección articular Biofire® en muestras de líquido sinovial recolectadas de pacientes con artritis séptica nativa e infección asociada a prótesis.

Material y métodos: Se incluyeron pacientes con criterios clínicos de artritis séptica. Se realizó de manera paralela el panel de infección articular Biofire® y cultivo (cultivo corriente y/o cultivo de líquido estéril en frasco de hemocultivo) en muestras de líquido sinovial.

Resultados: En total se analizaron 18 muestras de líquido sinovial obtenidas de 18 pacientes, 15 con diagnóstico de artritis séptica de articulación nativa y 3 con infección peri protésica. El cultivo y el panel de infección articular Biofire® arrojaron resultados concordantes en 14 muestras (78%), 9 concordantes positivos (7 *Staphylococcus aureus* meticilino sensible, 1 *Neisseria gonorrhoeae* y 1 *Proteus* spp.) y 5 concordantes negativos. Hubo 2 muestras con resultados discordantes, 1 con cultivo positivo para *S. aureus* que no fue detectado en el panel molecular (probablemente debido a baja carga microbiana, ya que solo fue aislado en cultivo de líquido en frasco de hemocultivo) y 1 panel Biofire® que detectó *Streptococcus pneumoniae* que no creció en cultivo (paciente con tratamiento previo con ceftriaxona). 2 muestras tuvieron cultivos positivos para patógenos no incluidos en el panel Biofire® (1 *Cutibacterium acnes* y 1 *Staphylococcus caprae*).

Conclusión: El panel molecular de infección articular Biofire® es una nueva herramienta diagnóstica que permite en forma rápida la detección de los principales agentes causales de artritis séptica.

Keywords: panel de infección articular Biofire®, Artritis septica, Infeccion periprotetica

Financing: No



Area: Diagnóstico de laboratorio

P21

DESCRIPCIÓN DE LA CIRCULACIÓN VIRAL Y BACTERIANA SEGÚN CAMBIOS ESTACIONALES EN UN HOSPITAL DE ALTA COMPLEJIDAD DE LA PATAGONIA CHILENA.

Ariel Figueroa Doren¹, Karin Hueicha Mansilla¹, Soledad Barría Perez¹, Gustavo Uribe Oliva¹

(1) Hospital Clínico de Magallanes Dr. Lautaro Navarro Avaría, CR Laboratorio Clínico, Los Flamencos 01365, Punta Arenas, Chile.

Introducción: El perfil estacional de los principales patógenos respiratorios es un elemento determinante en su comportamiento epidemiológico, permitiendo predecir los puntos más altos de incidencia, de esta forma ayudar a tomar medidas preventivas y subsanar los efectos deletéreos que éstos provocan en la salud pública y funcionamiento de los servicios de Salud.

La evidencia indica que factores ambientales repercuten en el aumento de circulación viral en los meses invernales, repercutiendo en la viabilidad viral y estado inmunitario de los hospederos, entre otras. En la región de Magallanes se observa una variación climática estacional menos marcada respecto al resto del territorio continental, con temperaturas que se mantienen constantemente bajo los 20°C y una humedad sobre el 60%, lo cual no explicaría la estacionalidad de estos agentes.

Objetivos: Describir el comportamiento de agentes respiratorios entre septiembre 2023 y septiembre 2024, con énfasis en la época de menores temperaturas, periodo conocido como "campana de invierno", entre las semanas epidemiológicas (SE) 14 a 39. Además de correlacionar el comportamiento epidemiológico de dichos microorganismos con la evolución de las consultas en el servicio de urgencias del Hospital Clínico Magallanes (HCM) durante 2024.

Materiales y métodos: Se recopilan los resultados de la sección de biología molecular del HCM para la detección de patógenos respiratorios entre las SE 35 de 2023 y SE 36 de 2024, clasificados según patógeno. Para la detección por RT-PCR se utilizó el kit "RV Master" para virus respiratorios; y "Panel Respiratorio 4" para bacterias respiratorias, utilizando ambos kits sondas Seegene - Alatheia. Los datos de consultas hospitalarias son proporcionados por el departamento de Estadística del HCM, se utilizó la clasificación CIE 10.

Resultados: Durante el periodo estudiado se registraron 4 aumentos significativos en las consultas de urgencia por causas respiratorias, en las SE comprendidas entre 11-12, 17-20, 23-24 y 33-34. Todos estos peaks coincidieron con aumentos de la detección de distintos virus respiratorios.

En el 1° peak se detectaron 95 casos de rinovirus (HRV) y leve incremento de SARS-CoV-2 (SC2). El 2° peak se asoció a mayor detección de influenza A (FLU A), junto a un aumento de adenovirus (ADV) y un aumento sostenido de virus respiratorio sincial (VRS). El 3° peak coincidió con la máxima detección de VRS con 87 casos, ADV con 50 casos y un leve aumento de HRV. El 4° peak se asoció al último aumento de HRV con 82 casos y una elevación sostenida de SC2 y metapneumovirus.

Respecto al perfil etéreo de los agentes, destaca que VRS predominó en pacientes de 1 a 4 años y de 55 años en adelante, mientras que en menores de 1 año no superó los 10 casos, contrario a lo sucedido durante el 2023. ADV predominó en usuarios de 4 años o menos, mientras que la detección de FLU A predominó en pacientes entre 15 y 54 años y SC2 en mayores de 55 años.

Respecto a la detección de bacterias respiratorias, se aplicó el test a 226 muestras de pacientes, de los cuales 129 resultaron "No Detectado" en el Panel viral, de estos 45 presentaron detección bacteriana; y de los 97 casos con detección viral, 22 arrojaron detección bacteriana. Destacó *S. pneumoniae* (22%), seguido de *H. influenzae* (16%) y *M. pneumoniae* (8%), con un 54% de casos "No Detectado".

Conclusiones: La coincidencia de peaks de consultas con peaks de distintos virus respiratorios permitiría predecir el comportamiento epidemiológico y tomar medidas preventivas para próximos años.

Respecto a hábitos sociales, se observa que el 1° peak sucede en marzo, previo al inicio de la campana de invierno, donde se retoma la rutina laboral y estudiantil. En cuanto a los periodos con menos consultas y detección viral (SE 26 a 30) coincidieron con el periodo de receso invernal de los establecimientos educacionales.

En el análisis por patógenos, destaca VRS por la baja detección en pacientes menores a 1 año y su desplazamiento en usuarios de mayor edad, de 1 a 4 años y de 55 años en adelante; esto puede interpretarse como un efecto protector debido a la campana de inmunización con NIRSEVIMAB en menores de 6 meses, que inició en abril del 2024.

Keywords: Virus, Infecciones respiratorias, PCR, epidemiología



Area: Diagnóstico de laboratorio

P22

ESTANDARIZACIÓN DE PCR PARA DETECCIÓN DE *Mycobacterium avium* SUBESPECIE *paratuberculosis* EN TEJIDO FIJADO EN FORMALINA E INCLUIDO EN PARAFINARocio Gutierrez ¹, Susana Pineda ^{2,3}, Eliu Elgorriaga ^{2,3}, Karina Badilla ², Katherine Oporto ², Carolina Delgado ³

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Tecnología Médica, Facultad de Medicina, Chacabuco esquina Janequeo, Concepción, Chile

(2) Hospital Guillermo Grant Benavente, Laboratorio Patología Molecular, Unidad Anatomía Patológica, Chacabuco s/n, Concepción, Chile

(3) Universidad de Concepción, Departamento de Especialidades, sección Patología, Facultad de Medicina, Chacabuco esquina Janequeo, Concepción, Chile

Introducción: *Mycobacterium avium* subespecie *paratuberculosis* es un patógeno intracelular facultativo, Gram positivo y de crecimiento lento, cuya pared celular trilaminar lo hace resistente a factores físicos y desinfectantes comunes. Este microorganismo infecta a rumiantes, causando la enfermedad de Johne, que se manifiesta como enteritis crónica. La transmisión se da principalmente por vía fecal-oral a través de alimentos y agua contaminados. *M. paratuberculosis* tiene una distribución global causando pérdidas económicas significativas en la producción pecuaria, especialmente en Estados Unidos. En humanos, se vincula a la enfermedad de Crohn, una patología inflamatoria intestinal crónica que afecta al tracto gastrointestinal. La asociación entre el microorganismo y la enfermedad se basa en la identificación del patógeno en pacientes con enfermedad de Crohn, aunque no se ha confirmado una relación causal directa. La resistencia de *M. paratuberculosis* a la pasteurización y su presencia en productos lácteos contaminados lo señalan como un posible factor etiológico, sin embargo, los estudios son divergentes y se necesitan más investigaciones para establecer si corresponde a una infección zoonótica. La detección de esta bacteria en humanos y animales requiere técnicas específicas como PCR, que pueden identificar ADN de *M. paratuberculosis* con alta especificidad y sensibilidad. La estandarización de metodologías diagnósticas es crucial para un diagnóstico preciso y temprano en posibles enfermedades asociadas con *M. paratuberculosis*, como la enfermedad de Crohn.

Objetivo: Seleccionar y estandarizar un protocolo de PCR para detección específica y sensible de *Mycobacterium avium* subespecie *paratuberculosis* en tejidos fijados en formalina e incluidos en parafina.

Metodología: Estudio enfocado en estandarizar y optimizar 4 protocolos de PCR previamente publicados, designados como: MAP-1 (PCR convencional), MAP-2 (PCR semi-anidado), MAP-3 (PCR anidado) y MAP-4 (PCR anidado). Se emplearon 2 controles positivos de *M. paratuberculosis* y controles negativos de *Mycobacterium* de diferentes especies, otras bacterias gastrointestinales y ADN humano, todos disponibles en el Laboratorio de Diagnóstico Clínico Molecular de la Universidad de Concepción. El enfoque se centró en manipular progresivamente condiciones de termociclado y concentraciones de reactivos en la mezcla de PCR.

Resultados: Se realiza la primera prueba con 2 controles positivos para *M. paratuberculosis* y controles negativos de otros *Mycobacterium* del Complejo de *M. avium*, donde MAP-1 mostró amplificación para los controles positivos sin presentar reacción cruzada; MAP-2 amplificó los controles positivos, pero presentó múltiples bandas inespecíficas, lo que llevó a su descarte; MAP-3 mostró una intensa amplificación de los controles positivos, sin bandas inespecíficas; por último, MAP-4 evidenció amplificación específica solo para un control positivo, siendo descartado debido a su baja sensibilidad. Con base en estos resultados, se realizaron pruebas de especificidad y sensibilidad para MAP-1 y MAP-3 y ambos protocolos mostraron adecuada especificidad; sin embargo, MAP-3 demostró una mayor sensibilidad, siendo seleccionado para su aplicación en tejidos fijados en formalina e incluidos en parafina.

Conclusiones: La estandarización y optimización resulta fundamental no solo para mejorar el diagnóstico del microorganismo, sino también para profundizar en la comprensión de la posible relación entre *M. paratuberculosis* y enfermedad de Crohn. En este contexto, se subraya la importancia de la investigación continua y la adaptación a nuevas tecnologías para mejorar la eficacia de las herramientas diagnósticas en enfermedades infecciosas.

Keywords: *M. paratuberculosis*, PCR, Enfermedad de Crohn

Acknowledgments: Al Dr. Miguel Salgado de la Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad Austral de Chile por su colaboración invaluable al proporcionar ADN de *M. paratuberculosis*.



Area: Diagnóstico de laboratorio

P23

EVALUACIÓN DE AUTOTOMA CON EVALYN BRUSH COMO ESTRATEGIA PARA LA GENOTIPIFICACIÓN DE VIRUS PAPILOMA HUMANO: ANÁLISIS POR REACCIÓN EN CADENA DE LA POLIMERASA EN TIEMPO REAL

Karin Hueicha ¹

(1) Hospital Clínico Magallanes, Laboratorio Biología Molecular, Avenida Los Flamencos 01364, Punta Arenas, Chile

Introducción: El virus del papiloma humano (VPH) causa más del 99% de los casos de cáncer de cuello uterino, pero sólo 13 de los 448 son carcinogénicos, denominados VPH de alto riesgo. En Chile la incidencia de cáncer cervicouterino es de 11.3 por cada 100.000 mujeres, lo que se traduce en aproximadamente 1500 nuevos casos anuales. La genotipificación extendida mediante la reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (RT-PCR) permite identificar estos 13 genotipos de alto riesgo, siendo una técnica más precisa que la citología, ayudando a los clínicos a estimar el riesgo a largo plazo permitiendo un mejor manejo de las pacientes.

Actualmente la citología tiene una baja cobertura tanto en Chile como en otros países, es por esto que se ha implementado la autotoma como una estrategia de screening, especialmente para aquellas pacientes que, por diferentes razones, no pueden acceder a esta. Diversos estudios han demostrado que los resultados de genotipificación extendida obtenidos de muestras de cérvix tomadas en consulta ginecológica son comparables a las muestras vaginales recolectadas mediante dispositivo de autotoma.

Objetivo: El objetivo de este trabajo es evaluar el desempeño del cepillo Evalyn Brush en la autotoma para realizar genotipificación extendida de VPH mediante RT-PCR en funcionarias de la red asistencial de Magallanes con la intención de expandir su uso a todas las usuarias de la red pública de salud en la región.

Materiales y métodos: Se analizaron 109 muestras obtenidas en un operativo de tamizaje con dispositivo de autotoma Evalyn Brush, en funcionarias de la red asistencial de Magallanes, en edades entre los 26 y 60 años. Las muestras fueron resuspendidas en medio Cell Preserv para el rescate celular y posteriormente se realizó la extracción de ADN viral mediante método semiautomatizado con tecnología de nanopartículas magnéticas. Todos los eluidos obtenidos fueron sometidos a RT-PCR multiplex utilizando el kit "Anyplex II HPV HR Detection" de Seegene para la genotipificación extendida, detectando de manera individual cada genotipo y obteniendo además la semicuantificación de su carga viral.

Resultados: De las 109 muestras analizadas, se pudo observar que en todas ellas la calidad de la muestra obtenida por recolección con dispositivo de autotoma Evalyn Brush fue satisfactoria, logrando una semicuantificación de la celularidad entre dos y tres cruces, que es lo óptimo para comenzar con la interpretación de los resultados. Se obtiene un 20.2 % de positividad y se detectaron e individualizaron infecciones de dos o más genotipos en el 6.4% de muestras. Los genotipos individuales más detectados fueron el 35, 52 y 56, todos ellos con la misma positividad de 1,9%, y dentro de las coinfecciones los genotipos que más se repiten son el 16 y 51 con un 2,8% y 3,7% de positividad respectivamente.

Conclusión: Se pudieron analizar todas las muestras ya que la calidad (celularidad) de las muestras fue satisfactoria, lo que indica que se realizó una correcta recolección de la muestra por parte de las usuarias incluidas en este operativo. La positividad del 20.2% obtenida coincide con la prevalencia reportada de VPH en screening en la población de mujeres en Chile, sin antecedentes de patología cervical, que varía entre un 10 y 20%. Además, los genotipos individuales detectados indican que ciertos genotipos presentan una prevalencia superior al genotipo 18, lo que discrepa con lo reportado en países del hemisferio norte, donde es uno de los más prevalentes. Esto resalta la importancia de realizar una genotipificación extendida al realizar screening de VPH. El análisis de los resultados sugiere que la autotoma con dispositivo Evalyn Brush es una opción viable para la recolección de muestras destinadas a la genotipificación extendida para VPH mediante RT-PCR como una estrategia efectiva de screening, especialmente para aumentar la cobertura en aquellas usuarias que por diversas razones no pueden acceder a una consulta ginecológica.

Keywords: virus papiloma humano, Autotoma, RT-PCR, Screening



Area: Diagnóstico de laboratorio

P24

EVALUACIÓN DE UN MÉTODO RÁPIDO PARA IDENTIFICACIÓN Y ESTUDIO DE SUSCEPTIBILIDAD A PARTIR DE HEMOCULTIVOS POSITIVOS.**Francisca Sanchez**¹, Diego Macías¹, Daniela Caceres¹, Lissette Guajardo¹, Eric Matus¹, Beatrice Hervé Espejo¹

(1) Fundación Arturo López Pérez, Unidad de Diagnóstico, Laboratorio de Microbiología

Introducción: El hemocultivo es el examen microbiológico fundamental, que permite mejorar el pronóstico de un paciente séptico, si se entrega una identificación y resultado de susceptibilidad oportuno y confiable. Es fundamental contar con una cadena diagnóstica, que siendo eficiente, permita contención de los costos asociados al proceso del hemocultivo. En nuestro centro realizamos Filmarray BCID 2 (Biomérieux) (FA) a partir del primer frasco positivo de cada episodio bacteriémico, que posteriormente se confirma con el método convencional (MC: observación de tinción de Gram, inoculación en placa de agar sangre, MacConkey y PVX y realización de identificación por espectrometría de masas (EM) a las 18 h y antibiograma automatizado en Vitek 2C, cuando se obtienen colonias visibles). Internamente, diseñamos un método de concentración ("protocolo pellet") a partir de hemocultivos positivos, para identificar mediante EM y realizar estudio de susceptibilidad automatizada directa, sin esperar los tiempos de incubación del método convencional.

Objetivos: Determinar la capacidad del protocolo pellet para identificar diferentes cepas bacterianas, comparando su rendimiento en relación a resultados de método convencional y de FA y determinar la concordancia categórica (CC), esencial (CE) y tipos de errores para estudio de susceptibilidad por Vitek 2 en relación al método convencional, en bacilos Gram negativo (BGN) y cocáceas Gram positivo (CGP).

Material y Método: Se estudiaron los hemocultivos positivos monomicrobianos entre el 1 de enero y el 30 de junio de 2024 en paralelo por MC y protocolo pellet y además se realizó FA al primer frasco de hemocultivo positivo para cada episodio bacteriémico. Nuestro "protocolo pellet" consiste en que a partir del hemocultivo positivo se centrifugan 5 ml a 3250 rpm por 10 minutos, con posterior lavado y resuspensión del pellet con 1 ml de SF más una segunda centrifugación a 13000 rpm por 2 minutos. Con el pellet obtenido se realizó identificación en cuadruplicado por Vitek MS e inoculación de tarjetas AST N249, N250 y AST P663, según el gram observado.

Resultados: se procesó 132 frascos de hemocultivos en el periodo de estudio. De éstos, 56 fueron gram negativo y 76 gram positivo. 52 frascos fueron procesados por FA. Al comparar con MC, el protocolo pellet identificó correctamente 48 gram negativos (85.7%) y sólo 15 gram positivos (19.7%). En relación a FA, se identificó correctamente el 85% de gram negativos y el 15% de gram positivos. En cuanto a susceptibilidad, en BGN se tuvo una CC 93,8%, con 1,9 % de errores mayores (EM) y 4,3% de errores menores (em), sin errores muy mayores (EMM). En CGP, la CC fue 96,6% con 0,92% EM, 1,23% em y 1.23% EMM.

Discusión: tanto al comparar con MC y con FA, la correlación para identificar fue menor a lo que esperábamos, con una mejor evaluación en relación a gram negativos. En cuanto al estudio directo de susceptibilidad, se logró demostrar un buen rendimiento tanto en CGP como en BGN. La principal ventaja de incluir el protocolo dentro del flujograma de estudio de hemocultivos es poder detectar microorganismos no incluidos en FA, así como mejorar la oportunidad de respuesta del antibiograma (18 hrs antes del MC).

Conclusión: el protocolo pellet es confiable y útil especialmente para estudio de susceptibilidad. En base a la información obtenida, pudimos establecer un flujograma de trabajo que permite el diagnóstico oportuno tanto en identificación de BGN, como susceptibilidad de BGN y CGP.

Keywords: hemocultivo, diagnostico rápido, estudio de susceptibilidad

Financing: no aplica

Acknowledgments: no aplica



Area: Diagnóstico de laboratorio

P25

EVALUACIÓN DEL DESEMPEÑO DEL KIT ALLPLEX MENINGITIS V-1 PARA LÍQUIDO CEFALORRAQUÍDEO EN COMPARACIÓN CON OTRAS MUESTRAS BIOLÓGICAS.Felipe Vargas Navarro ², Jorge Dosoli Muñoz ¹, Iván Rodríguez López ¹

(1) Hospital Guillermo Grant Benavente, Laboratorio de Biología Molecular, San Martín 1436, Concepción, Chile

(2) Alatheia, Presicion Diagnostic, Av. del Valle Norte 945, Santiago, Chile.

Introducción: El diagnóstico del agente etiológico de la meningoencefalitis viral se realiza comúnmente usando líquido cefalorraquídeo (LCR) como muestra. Con los kits de PCR actuales, es posible detectar diversos virus implicados que rara vez provocan infecciones en otros compartimentos. Sin embargo, en algunas ocasiones es necesario identificar al agente etiológico en otros tipos de muestras. La mayoría de los kits de PCR están validados exclusivamente para trabajar con LCR. No obstante, estos patógenos también pueden encontrarse en otras muestras biológicas, como lesiones, sangre, biopsias, orina e incluso humor vítreo, especialmente en el contexto de infecciones en pacientes inmunodeprimidos. En consecuencia, surge la necesidad de disponer de kits de PCR validados para trabajar con un rango más amplio de tipos de muestras para la detección de estos patógenos.

Objetivo: El objetivo de este trabajo fue evaluar el desempeño del kit Allplex Meningitis-V1 Assay, el cual detecta simultáneamente en una sola reacción seis virus (HSV1, HSV2, VZV, CMV, EBV, HHV6), en muestras biológicas distintas del líquido cefalorraquídeo (LCR). Los resultados se compararon con los obtenidos con los kits Meningitis Viral 1 ELITE MGB Panel (técnica cualitativa) y CMV ELITE MGB, EBV ELITE MGB y HHV6 ELITE MGB (técnicas cuantitativas), que están validados para su uso en diversos tipos de muestras.

Materiales y métodos: Se analizaron 75 muestras en la plataforma ELITech Ingenius, en las cuales se realizó la extracción de ácidos nucleicos e identificación viral a partir de muestras de líquido cefalorraquídeo (LCR), sangre total, lesiones ulcerosas, orina y biopsias. Los eluidos obtenidos en esta plataforma fueron sometidos a RT-PCR multiplex utilizando el kit Allplex Meningitis V1 de Seegene para comparar los resultados.

Resultados: De las 75 muestras analizadas mediante la plataforma ELITech Ingenius, 6 muestras mostraron discordancia con el kit Allplex Meningitis V1 de Seegene. La sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo (VPP) y valor predictivo negativo (VPN) para las técnicas HSV1, HSV2 y VZV realizadas con el kit ELITE fueron idénticas a las obtenidas con Seegene, alcanzando un 100% en todos los casos. Para CMV, la sensibilidad fue del 93%, la especificidad del 100%, el VPP del 100% y el VPN del 83%. Para EBV, la sensibilidad fue del 90%, la especificidad del 100%, el VPP del 100% y el VPN del 83%. Para HHV6, la sensibilidad fue del 86%, la especificidad del 100%, el VPP del 100% y el VPN del 83%. Las 6 muestras discordantes eran muestras sanguíneas, las cuales fueron cuantificadas con los kits ELITE, y todas se encontraban por debajo de las 10 copias/ml.

Conclusión: Se observaron 6 discrepancias en un total de 75 muestras analizadas. Estas discrepancias correspondían a muestras que resultaron positivas para algún virus con el kit ELITE, pero negativas con el kit Allplex Meningitis V1. Todas estas muestras positivas estaban por debajo de las 10 copias/ml, lo que evidencia la alta sensibilidad analítica del kit ELITE, aunque esto no necesariamente refleja una buena sensibilidad clínica. En general, el desempeño del kit Allplex Meningitis V1 en muestras biológicas distintas al líquido cefalorraquídeo (LCR) mostró una alta sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo (VPP), valor predictivo negativo (VPN) y adecuada concordancia. Es relevante señalar que las muestras discordantes se ubicaron dentro del rango de resultados no significativos, dado que la alta sensibilidad analítica de los kits ELITE no siempre implica significancia clínica. El kit Allplex Meningitis V1 podría ser útil para el análisis de muestras biológicas distintas al LCR, especialmente en el contexto de pacientes inmunodeprimidos, donde los virus implicados podrían infectar otros compartimentos biológicos, haciendo necesario el diagnóstico del agente etiológico.

Keywords: biología molecular, LCR, inmunodeprimido, paneles multiplex



Area: Diagnóstico de laboratorio

P26

EVALUACIÓN DEL TEST RÁPIDO NP BLEE® PARA LA IDENTIFICACIÓN DE ENTEROBACTERIALES PRODUCTORES DE B-LACTAMASAS DE ESPECTRO EXTENDIDO DIRECTAMENTE DESDE MUESTRAS DE ORINA

Susan Arias Donoso¹, Sebastián Martínez Montero¹, Margareta Mühlhauser Peñaloza¹, Diego Cabrera Vila¹, Lidia Miranda Palma¹, Carolina Prieto Castillo¹

(1) HOSPITAL DIPRECA, AVENIDA VITAL APOQUINDO 1200, SANTIAGO, CHILE

Introducción: Las infecciones causadas por Enterobacterales productores de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) tienen un alto impacto en el sistema de salud, considerándose dentro del grupo de patógenos con prioridad crítica para la Organización Mundial de la Salud, debido a su gran prevalencia y resistencia. Esta rápida emergencia se ha objetivado en infecciones del tracto urinario (ITU), siendo patógenos altamente frecuentes, dificultando la selección del apropiado tratamiento antimicrobiano, lo que puede conducir a falla terapéutica y aumento del costo en salud. El retraso en implementar una terapia antimicrobiana eficaz en pacientes con ITU, puede tener consecuencias graves, tales como sepsis, daños renales o estadía hospitalaria prolongada. Los métodos convencionales para la detección de BLEE son realizados a partir de colonias bacterianas, lo que conlleva un tiempo de respuesta prolongado de aproximadamente 48 horas, contribuyendo al retraso en implementar una terapia dirigida y precoz. Debido a esto, existe la necesidad de implementar una técnica rápida de detección de BLEE directamente en muestras de orina, que oriente precozmente la terapia antimicrobiana. En la actualidad existen técnicas que permiten la detección rápida de BLEE a partir de la muestra de orina, una de ellas es el test rápido NP BLEE, el que se basa en la visualización del cambio de coloración de un medio con cefotaxima y visualización de la mantención del color en otro medio con cefotaxima más piperacilina tazobactam, cuando la cepa en estudio produce betalactamasa de espectro extendido. Esta prueba colorimétrica es rápida, confiable y no requiere suministros adicionales.

Objetivos: Evaluar el rendimiento del test rápido NP BLEE en la detección de cepas productoras β -lactamasas de espectro extendido directamente desde muestras de orina.

Materiales y métodos: Se analizaron muestras de orinas de micción media de pacientes adultos, procesadas entre marzo y septiembre de 2024 en el laboratorio clínico del Hospital DIPRECA. Se utilizó un protocolo local basado en la centrifugación de orina para la obtención de un pellet con alto contenido bacteriano, el que se identificó por espectrometría de masa (Vitek MS®). Cuando se identificó *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Klebsiella oxytoca* o *Proteus mirabilis*, se analizó el pellet con el test rápido NP BLEE. Posteriormente se procesaron las cepas aisladas desde los urocultivos correspondientes a la misma orina de donde se obtuvo el pellet con la prueba de combinación de discos para búsqueda de BLEE. Se compararon los resultados de ambos métodos calculando el VPP, VPN, Sensibilidad y Especificidad. Además, se evaluó la variabilidad en la interpretación de los resultados del test rápido NP BLEE entre dos observadores, mediante el cálculo del promedio de acuerdos negativos (ANA) y promedio de acuerdos positivos (APA) con un IC 95%, según lo indicado en el apéndice G del manual CLSI EP12 3era edición.

Resultados: Se analizaron 46 muestras de orina, obteniéndose 14 pellet verdaderos positivos para BLEE utilizando el test rápido NP BLEE, 29 pellet verdaderos negativos para BLEE y 3 pellet falsos negativos para BLEE. No hubo falsos positivos. Se objetivó un alto grado de concordancia con el método de combinación de disco en cepas aisladas desde el urocultivo (93.5%). El VPP de la prueba fue del 100% con una sensibilidad del 82.4%, el VPN fue del 90.6% con una especificidad del 100%. No hubo variabilidad en la interpretación de los resultados con el test rápido NP BLEE entre dos observadores (ANA y APA del 100 %) IC confianza 95% [88%,100%]. Se logró obtener la identificación de una enterobacteria productora de BLEE en promedio en 7 horas.

Conclusión: El test rápido NP BLEE puede lograr la detección de BLEE en muestras directas de orina con un alto grado de especificidad. La técnica tiene una buena reproducibilidad entre los observadores, considerando que los resultados se interpretan en forma visual, ya que los valores de ANA y APA estuvieron sobre el 90% respectivamente. La sensibilidad de la metodología podría aumentar si se analizan una mayor cantidad de muestras positivas. La implementación de pruebas rápidas y sencillas para búsqueda de BLEE, permite adelantarse a informes de susceptibilidad de Enterobacterales causales de ITU y con ello, brindar la oportunidad de iniciar precozmente una terapia antimicrobiana dirigida en pacientes con ITU por enterobacterias productoras de BLEE.

Keywords: ITU, OPTIMIZACIÓN, DIAGNÓSTICO RÁPIDO BLEE

Financing: no requirió financiamiento



Area: Diagnóstico de laboratorio

P27

EVALUACIÓN DEL USO COMBINADO DE RECuentOS DE BACTERIAS Y LEUCOCITOS POR CITOMETRÍA DE FLUJO COMO PARÁMETROS CONFIABLES PARA LA IMPLEMENTACIÓN DE UROCULTIVOS REFLEJOS**Sebastián Martínez Montero**¹, Margareta Mühlhauser¹, SUSAN ARIAS DONOSO¹, DIEGO CABRERA VILA¹, CAROLINA PRIETO CASTILLO¹

(1) HOSPITAL DIPRECA, AVENIDA VITAL APOQUINDO 1200, SANTIAGO, CHILE

Introducción: El análisis de orina es una prueba ampliamente utilizada a nivel hospitalario y ambulatorio, su uso rutinario en pacientes con y sin sospecha de infección del tracto urinario (ITU) puede conducir a un uso inadecuado de antimicrobianos, cuando su indicación se basa en parámetros alterados como piuria o presencia de nitritos asociados a cultivos positivos, sin considerar la clínica del paciente. Un urocultivo positivo no es indicativo de ITU, y en ausencia de manifestaciones clínicas generalmente no está recomendado el tratamiento con antimicrobianos. Sin embargo, se ha objetivado que hasta un 80% de las bacteriurias asintomáticas son tratadas, siendo probablemente el cultivo positivo la causa del inicio de la terapia. Por este motivo, desde el punto de vista del laboratorio clínico, es necesario implementar estrategias de optimización del diagnóstico (diagnostic stewardship), que permitan evitar el sobreuso de exámenes de laboratorio, y con ello, los cultivos que puedan ser positivos en pacientes sin síntomas. Su principio subyace en que un cultivo positivo, incluso en un paciente asintomático, es un estímulo poderoso para el tratamiento y conduce a una reacción instintiva para prescribir antibióticos. En esta línea, el objetivo del diagnostic stewardship en ITU, es optimizar las prácticas del urocultivo, incluyendo estrategias de gestión mediante urocultivos reflejos. Para la aplicación de algoritmos de urocultivos reflejos se pueden utilizar diferentes parámetros, uno de ellos es el recuento de leucocitos (WBC) en la orina completa, lo que puede reducir la cantidad de urocultivos innecesarios hasta en un 21%. Otra estrategia es procesar el urocultivo automáticamente solo cuando la combinación del recuento de WBC más el recuento de bacterias en la orina completa está alterado. Sin embargo, el rendimiento de esta última estrategia en la predicción o descarte de la ITU no ha sido investigada o validada sistemáticamente para diferentes poblaciones.

Objetivos: Evaluar la combinación del recuento de bacterias y leucocitos en la predicción de urocultivos negativos para establecer un algoritmo reflejo confiable que permita evitar la siembra de cultivos innecesarios.

Materiales y métodos: Mediante un estudio prospectivo se analizaron muestras de orina de segundo chorro y de catéter urinario permanente (Desde diciembre 2023 hasta julio 2024) con <100 bact/uL y <10 WBC/hpf obtenidas por citometría de flujo UF-5000 Sysmex y se calculó la probabilidad de que el cultivo fuera negativo (VPN). Para ello, las muestras que cumplieron el criterio de selección se les realizó urocultivo convencional, sembrando las muestras de orina con asa de 1 ul calibrada en placas de agar Cromo UTI/CNA (VALTEK®) e incubando las placas en atmósfera aerobia a 35 °C por 16-24 hrs y posterior lectura y determinación del recuento de colonias. Se consideró un urocultivo negativo el objetivar recuentos menores de 10.000 UFC/mL. Se utilizaron tablas de concordancia para obtener falsos positivos y negativos respecto del urocultivo. Se estimó la cantidad de urocultivos que podrían no ser procesados implementando el algoritmo de urocultivo reflejo, en relación al promedio mensual de urocultivos solicitados al laboratorio. Se calculó el VPN utilizando la fórmula $VPN = (VN / (VN + FP)) * 100$.

Resultados: De las 559 muestras analizadas, 528 (94%) muestras tuvieron urocultivo negativo, lo que da un VPN del 94.3%. Del total de muestras procesadas, un 78% (440) presentó urocultivos en que no hubo desarrollo bacteriano (0 UFC/mL), un 15,7% (88) de las muestras tuvieron un urocultivo negativo con un recuento bacteriano entre 1.000-9.000 UFC/mL y un 5,8% (32) de las muestras se objetivó un urocultivo positivo con un recuento entre 10.000-100.000 UFC/mL. Utilizando este algoritmo se podría reducir en promedio un 13% (80) el procesamiento mensual de urocultivos innecesarios.

Conclusiones: El uso de la combinación del recuento de bacterias y leucocitos en el análisis de orina, cuando su valor es inferior a 100 bacterias/uL y menor de 10 WBC/hbf, tiene un alto valor predictivo negativo (94,3%), permitiendo reducir las tasas de procesamiento de urocultivos de manera confiable. Y es similar a lo reportado en otros estudios. Se puede mejorar la especificidad del método implementando estrategias que permitan al analista conocer la presencia o ausencia de síntomas asociados a ITU, beneficiando el uso adecuado de antimicrobianos.

Keywords: ITU, UROCULTIVO REFLEJO, DIAGNOSTIC STEWARDSHIP, ORINA COMPLETA**Financing:** no requirió



Área: Infecciones emergentes, zoonóticas y parasitarias

P28

CICLOSPORIASIS EN CHILE: ANÁLISIS DE 61 CASOS DIAGNOSTICADOS ENTRE 2015-2024 EN CLÍNICA ALEMANA DE SANTIAGO**Camila Andrea Quiñones Barrios**^{1,2}, Lorena Porte Torre^{3,4}, Thomas Weitzel^{3,4}

(1) Clínica Alemana De Santiago, Unidad Medicina interna, Facultad de Medicina Clínica Alemana Universidad del Desarrollo, Av. Vitacura 5951, Vitacura, Santiago, Chile

(2) Universidad de los Andes, Escuela de Postgrado Especialidad Infectología Adultos, Facultad Medicina, Monseñor Álvaro del Portillo 12455, Las Condes, Santiago, Chile

(3) Clínica Alemana De Santiago, Laboratorio Clínico, Facultad de Medicina Clínica Alemana Universidad del Desarrollo, Av. Vitacura 5951, Vitacura, Santiago, Chile

(4) Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina (ICIM), Facultad de Medicina Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo, Av. Las Condes 12461, Las Condes, Santiago, Chile

Introducción: *Cyclospora cayetanensis* es un protozoo intestinal emergente que puede causar síntomas gastrointestinales prolongados o crónicos. La vía de transmisión es fecal-oral, pudiendo ocasionar brotes de enfermedad transmitida por alimentos o agua. En pacientes inmunocomprometidos causa infecciones oportunistas con enfermedad severa crónica. El diagnóstico habitualmente se realiza mediante tinción de Ziehl-Neelsen modificada (Kinyoun) de deposiciones. En los últimos años, el uso de paneles moleculares gastrointestinales múltiples ha permitido optimizar el diagnóstico en laboratorios de rutina. El tratamiento con trimetoprim/sulfametoxazol (cotrimoxazol) acorta los síntomas y evita complicaciones. La prevalencia de ciclosporiasis en viajeros internacionales está en aumento; sin embargo, existe poca información epidemiológica y clínica publicada al respecto. En Chile, la epidemiología del parásito es desconocida. Existen escasos reportes de casos de infecciones importadas y no hay evidencia de infecciones autóctonas.

Objetivo: Caracterizar los casos de infecciones gastrointestinales con detección de *Cyclospora cayetanensis* en deposiciones entre 2015 y 2024, en Clínica Alemana de Santiago.

Metodología: Identificación de los casos con detección de *C. cayetanensis* en deposiciones mediante panel molecular gastrointestinal múltiple (Panel GI Filmarray, bioMérieux) entre los años 2015 y 2024. Recolección de información demográfica, de viajes y clínica de las fichas clínicas electrónicas y encuesta telefónica estructurada.

Los datos fueron analizados utilizando MS Excel y VassarStats (<http://vassarstats.net>). El proyecto de investigación fue aprobado por el Comité Ético Científico de Clínica Alemana, Universidad del Desarrollo (Nº 2023-39).

Resultados: Entre 2015 y agosto 2024 se realizaron 25.061 paneles moleculares gastrointestinales de los cuales 61 fueron positivos para *C. cayetanensis*. El número de casos por año mostró variaciones relevantes, entre 0 en 2020 y 14 en 2024. En 21/61 (34%) el panel molecular detectó co-infección; la mayoría (9/61; 43%) con *Escherichia coli* enteroagregativa. Se obtuvieron datos de la ficha clínica de todos los pacientes, complementados por encuesta telefónica en 39/61 (63%). La mayoría eran residentes chilenos (55/61; 90%), inmunocompetentes (57/59; 97%) y de una mediana de edad de 41 años (rango 15-81 años). Los 55 casos que contaban con información sobre viaje previo habían realizado un viaje internacional, con un promedio de estadía de 10 días. El motivo principal fue turismo (41/51; 80%), 36/39 (92%) en centros turísticos todo incluido. El destino principal fue México (44/55; 80%), especialmente Riviera Maya/Cancún (26/33; 79%), seguido por República Dominicana y Perú (ambos 6/55; 11%), otros países incluyeron Cuba, Colombia, Guatemala y Estados Unidos. Los síntomas principales fueron diarrea (100%), dolor abdominal (84%), náuseas (69%) y baja de peso (36%). El tiempo promedio desde el inicio de los síntomas hasta la primera consulta, el diagnóstico y el inicio de tratamiento fue 10 días, 16 días y 18 días, respectivamente. Los pacientes con datos disponibles fueron tratados con cotrimoxazol; 26/46 (57%) había recibido otro antibiótico previamente. 3/49 (6%) pacientes requirieron hospitalización. Todos los casos con información disponible presentaron una evolución favorable.

Conclusión: El estudio representa la serie unicéntrica de casos de ciclosporiasis más numerosa reportada a la fecha. Durante el periodo del estudio esta enfermedad afectó principalmente a turistas adultos chilenos que regresaban desde centros turísticos en México, confirmando la alta prevalencia del parásito en esta región. El uso de paneles moleculares permitió evidenciar el cambio epidemiológico de ciclosporiasis importada en Chile, y posibilitó su tratamiento oportuno. Con los resultados de 25.061 paneles moleculares en deposiciones realizados de rutina, el estudio mostró que *C. cayetanensis* no es un parásito endémico en Chile.

Keywords: Cyclospora, Ciclosporiasis, Enfermedades parasitarias, Infecciones gastrointestinales, Epidemiología

Financing: Sin financiamiento



Área: Infecciones emergentes, zoonóticas y parasitarias

P29

DESCRIPCIÓN DEL MICROBIOMA EN PACIENTES INFECTADOS CON ANDES HANTAVIRUS EN ETAPA AGUDA Y CONVALESCIENTE Y COMPARACIÓN CON CONTACTOS SANOS CERCANOS EXPUESTO.

Constanza Martínez-Valdebenito^{1,2}, Aldo Barrera^{1,2}, Jenniffer Angulo^{1,2}, Carolina Henríquez^{1,2}, Javiera Pradenas^{1,2}, Nicole Le Corre^{1,2}, Juan Ugalde³, Marcela Ferres^{1,2}, Catalina Rogers^{1,2}

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Enfermedades Infecciosas e Inmunología Pediátricas, Facultad de Medicina, Avenida del Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile

(2) Red Salud-UC Christus, Laboratorio de infectología y virología molecular, Facultad de Medicina, Marcoleta 391, Santiago, Chile

(3) Universidad Andrés Bello, Center for Bioinformatics and Integrative Biology (CBIB), Facultad Ciencias de la Vida, República 237, Santiago, Chile

Introducción: El virus Andes (ANDV) es el agente etiológico del síndrome cardiopulmonar en Chile. El contagio ocurre principalmente a través de la inhalación de excretas infectadas provenientes del *Oligoryzomys longicaudatus*, su principal reservorio. Sin embargo, la transmisión persona a persona ha sido reportada en casos donde existe una exposición a fluidos de la cavidad oral y nasofaríngea durante la fase prodrómica de la infección entre un individuo infectado y un individuo susceptible. Se ha señalado que el microbioma, presente en estas cavidades juega un rol esencial en la resistencia o susceptibilidad a otros patógenos. Estudios de susceptibilidad en infecciones virales del tracto respiratorio, como influenza, virus respiratorio sincicial y metaneumovirus sugieren la modulación de la gravedad del cuadro asociado a la presencia/ausencia o representación de microorganismos bacterianos en el hisopado nasofaríngeo de esos sujetos.

Objetivo: Evaluar la composición del microbioma en hisopado nasofaríngeo (HNF) de casos positivos para ANDV en etapa aguda y convaleciente, y compararlo con el de sus contactos cercanos sanos.

Metodología: se seleccionaron 90 muestras de HNF correspondientes a: 48 casos durante la etapa aguda de ANDV (primer día de hospitalización) y 32 durante la etapa convaleciente (60 a 360 días post hospitalización), 13 muestras de contactos cercanos expuestos; que no enfermaron y resultaron con RT-qPCR negativas durante el seguimiento. A todas ellas se realizó PCR 16S para V3/V4 y se realizó secuenciación de próxima generación (NSG, por sus siglas en inglés) en el equipo iSeq100 de Illumina. Las secuencias fueron procesadas usando el flujo de trabajo Ampliseq, en donde las lecturas fueron filtradas por calidad y se generaron variantes de secuencias de amplicones (ASV, por sus siglas en inglés) utilizando el software Dada2. Los ASVs fueron clasificados taxonómicamente utilizando la base de datos de SDBI-GTDB (versión R09-RS220-1). Los ASVs posteriormente se filtraron para eliminar secuencias sin clasificación taxonómica y con una baja prevalencia en el set de datos.

Resultados: Para el análisis se agruparon las muestras en agudas, convalecientes, que pertenecen a casos infectados con ANDV, y contactos sanos. De los géneros bacterianos encontrados: *Staphylococcus*, es globalmente el más frecuente en cada uno de los grupos estudiados, 21.3%, 19.2% y 26.6% en muestras agudas, convalecientes y contactos sanos, respectivamente. *Comamonas* se encontró representado en 16.7%, 16% y 29.7% respectivamente. *Corynebacterium* 15.1%; 14.7% y 2.5% en los mismos grupos. *Dolosigranum* y *Moraxella* sólo se encontraron en muestras agudas y convalecientes, pero no en contactos sanos. *Prevotella* por otro lado aparece más en muestras agudas que en convalecientes 6.1% y 1.8%, respectivamente y ausente en sanos.

Se realizó un análisis de un subgrupo de sujetos infectados con muestras pareadas (etapa aguda versus convaleciente 30-60 días (A) o 90-180 días (B)). Este análisis mostró diferencias en la abundancia relativa entre muestras agudas y ambos grupos de convalecientes. Se destaca que la muestra aguda posee un patrón de diversidad mayor (13 géneros) con una abundancia donde domina con un 22.7% el género *Comamonas*; 15.3% *Staphylococcus* 16.3%. Esto cambia durante la etapa de convalecencia en cualquiera de los grupos (A y B), donde la diversidad varía de 9 a 11 en el grupo A y B, respectivamente. En términos de abundancia relativa dominan: *Comamonas* 54.7 y 54.8 %; *Moraxella* 1.5 y 21%, *Staphylococcus* 8.1 y 1.7%, respectivamente.

Conclusión: Este es el primer análisis de microbioma en sujetos infectados con hantavirus en su etapa aguda y convaleciente y sus contactos no infectados. Existen diferencias entre los grupos analizados destacando los géneros *Staphylococcus*, *Comamonas* y *Corynebacterium*. Si bien desconocemos el estado del microbioma antes de la infección, observamos que existe un cambio entre la etapa aguda y convaleciente que puede estar asociado a la estadía en UCI o a consecuencia de la infección. Esto abre una línea interesante a explorar con una mayor cantidad de datos y análisis por individuo que permitan asociar estos hallazgos a pronóstico, evolución, convalecencia en estos sujetos. Este estudio fue financiado por los proyectos FONDECYT Regular N°1161197, 1211825; Anillo: ATE220061.

Keywords: Enfermedades emergentes, Virología, Hantavirus, microbioma

Financing: Este estudio fue financiado por los proyectos FONDECYT Regular N°1161197, 121185; Anillo: ATE220061.



Area: Infecciones emergentes, zoonóticas y parasitarias

P30

ECOLOGÍA DEL TIFUS DE LOS MATORRALES EN CHILOÉ

Constanza Martinez-Valdebenito^{1,4,5}, Gerardo Acosta Jamett², Thomas Weitzel^{3,4}, Katia Abarca¹

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Enfermedades Infecciosas e Inmunología Pediátricas, Medicina, Avenida Libertador Bernardo O'Higgins 340, Santiago, Chile

(2) Universidad Austral de Chile, Instituto de Medicina Preventiva Veterinaria, Facultad de Ciencias Veterinarias, Independencia 631, Valdivia, Chile

(3) Universidad del Desarrollo, Laboratorio Clínico, Clínica Alemana de Santiago,, Facultad de Medicina, Av Vitacura 5951, Santiago, Chile

(4) Universidad del Desarrollo, Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina (ICIM), Facultad de Medicina Clínica Alemana, Av Plaza 680, Santiago, Chile

(5) Red Salud UC-Christus, Laboratorio de infectología y virología molecular, Facultad de Medicina, Marcoleta 391, Santiago, Chile

Antecedentes: En Chile se han confirmado casos de tifus de los matorrales (TM), causado por *Candidatus Orientia chiloensis*, en un amplio rango geográfico en el sur del país, con casi la mitad de ellos adquiridos en la isla de Chiloé. El conocimiento de su reservorio y vector es aún incompleto.

Objetivos: Determinar la prevalencia de ácaros trombicúlidos y de la infección por *Candidatus Orientia chiloensis* en roedores silvestres y ácaros de la isla de Chiloé. Analizar factores asociados a la prevalencia de *Orientia* spp. en roedores y comparar filogenéticamente *Orientia* de ácaros y roedores con secuencias de pacientes infectados.

Material y Métodos: Durante el verano de 2018, se recolectaron ácaros trombicúlidos y tejidos de roedores silvestres capturados en 6 sitios de Chiloé. Se realizó una qPCR específica (gen 16S ARN de *Orientia*) en grupos de 20-30 ácaros trombicúlidos (mismo morfotipo y del mismo roedor) y en tejidos de los roedores. Se compararon las secuencias obtenidas con una PCR doblemente anidada con las de 17 personas con diagnóstico confirmado de TM previamente secuenciadas.

Resultados: Se examinaron 153 roedores, de ellos 38 tuvieron qPCR positiva en tejidos, con una prevalencia de infección por *Orientia* de 24.8% (IC95% 18.7%-32.3%). En 93/153 (60,8%) se encontró presencia de ácaros trombicúlidos.

Los 38 animales con ADN de *Orientia* en tejidos pertenecían a 4 especies de roedores y se encontraron en 5 de los 6 sitios muestreados. 23 de ellos (60,5%) estaban infestados con ácaros y 6/23 (26,1%) con ácaros *Orientia*-positivos.

Entre los 115 roedores sin ADN de *Orientia* en tejidos, 70 (60,9%) estaban infestados con ácaros y 12/70 (17,1%) con ácaros *Orientia*-positivos.

Entre los 50 roedores con ADN de *Orientia* en tejidos (n=38) y/o con ácaros *Orientia*-positivos (n=12), solo 6 (12,0%) mostraron resultados concomitantes, esto es, presencia de ADN de *Orientia* tanto en tejidos como en sus ácaros.

No se encontró asociación de la positividad de *Orientia* con los factores analizados: especie del roedor, sexo, edad ni, como se indicó previamente, con infestación con ácaros.

Debido a que no se logró suficiente ADN amplificado desde los tejidos de los roedores, sólo se compararon las secuencias de un segmento de 875 pares de bases del gen 16S ARN de *Orientia*, obtenidas de 4 pools de *Proschoengastia eloisae* (previamente nombrado *Herpetacarus*) con las de 17 pacientes, mostrando 100% de homología entre ellas.

Conclusiones: Este análisis de la presencia de *Orientia* en roedores y ácaros proporciona nuevos conocimientos sobre la ecología de este patógeno emergente en Chile. Se observó una alta tasa de infestación de roedores con ácaros trombicúlidos (dos tercios) y con *Orientia* en tejidos (un cuarto). Los roedores *Orientia*-positivos se encontraron tanto en animales con o sin presencia de ácaros *Orientia*-positivos, lo que sugiere que la infección en ellos es prolongada o persistente. La homología de secuencias entre las provenientes de sujetos enfermos y ácaros refuerza a *P. eloisae* como vector de la infección en Chile. Dado que se conoce que un ácaro parasita solo una vez en su vida, la presencia de animales *Orientia*-negativos infestados con ácaros positivos, sugiere que estos últimos contraen la infección en forma vertical, sugiriendo que pueden ser un reservorio de la bacteria.

Keywords: Tifus de los matorrales, *Orientia*, infecciones emergentes, zoonosis, vectorial

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



Área: Infecciones emergentes, zoonóticas y parasitarias

P31

ENCEFALITIS EQUINA DEL OESTE: PRIMER REPORTE DE CASO EN CHILE.**Lorena Bastidas Leal**^{1,2}, Yazmin Pinos García Pinos García^{1,2}, Vicente Elgueta Parada¹, Cristian Rosas Rosas³

(1) Universidad Austral de Chile, Facultad de Medicina, Campus Osorno, Chile

(2) Hospital Base San José, Osorno

(3) SEREMI Salud, Región de Los Lagos, Chile

Introducción: La encefalitis equina del oeste (EEO) es una enfermedad zoonótica rara producida por el virus de la encefalitis equina del oeste (VEEO), un arbovirus RNA el cual su principal vector corresponde a los mosquitos *Culex* y *Aedes*, y sus huéspedes incidentales son los humanos y los caballos. Se extiende principalmente en América del norte y del sur, y aparece de forma esporádica en humanos. La presentación clínica, la mayoría de las veces son subclínicas o se presentan como un síndrome febril viral inespecífico. Gran parte de los pacientes se recupera espontáneamente, pero algunos evolucionan a un cuadro severo de encefalitis provocando a incluso la muerte (3-7%).

Objetivos: Describir el caso en presentación clínica, laboratorio, imágenes y sobrevida.

Material y método: Revisión retrospectiva de 1 caso del Hospital Base San José de Osorno, clínica, laboratorio, imágenes y evolución.

Resultados: Paciente de 63 años, sexo masculino, Uruguayo. Con antecedente de viaje desde Uruguay a Chile en enero 2024, presenta después de 6 días de estancia en el país cuadro de 4 días de fiebre de 39°C, náuseas, vómitos y cefalea. Consulta en urgencias, encontrándose en regulares condiciones generales, con deshidratación moderada y sin presentar alteraciones de laboratorio, se da de alta ese día con manejo sintomático. Evoluciona a las 48 hrs con compromiso del estado general y fiebre persistente, con caída a nivel y posterior compromiso de conciencia, por lo que consulta nuevamente en urgencias del hospital. Se encontraba somnoliento, desorientado en tiempo y espacio, inatento, nuevamente sin mostrar alteraciones en el laboratorio, e imágenes de TAC de cerebro, tórax, abdomen y pelvis sin lesiones ni evidencia de foco infeccioso. Al examen destaca rigidez de nuca por lo que se realiza punción lumbar destacando glucosa 52 mg/dL, albúmina 0.6 gr/L, leucocitos 22 xmm³, sin eritrocitos, tinción gram sin bacterias, panel molecular de meningitis (-)

Se hospitaliza y se inicia tratamiento antibiótico empírico con ampicilina y ceftriaxona en dosis meníngea, sin embargo, evoluciona rápidamente con compromiso de conciencia progresivo y apremio ventilatorio por lo que ingresa a UCI para VMI (ventilación mecánica invasiva). Con cultivo de LCR (líquido ceforraquideo) negativo, se decide suspender aciclovir y ceftriaxona, manteniendo ampicilina por 21 días en total. Se rescatan antecedentes epidemiológicos, paciente procedente de zona rural, con contacto de bovinos y equinos. Se envía estudio en sangre y LCR al Instituto de Salud Pública (ISP) *Rickettsia spp.*, *Coxiella burnetii* y *Chlamydia psittaci* mediante reacción en cadena de polimerasa (PCR) que resultaron (-). Para descartar EEO, se toma PCR en sangre y LCR con resultado (-). Se mantiene seguimiento y sospecha clínica de EEO debido a que ELISA IgM y test de neutralización de anticuerpos, no se realizan en Chile. Evoluciona con escasa respuesta a estímulos, se realiza RNM de cerebro al 5º día: "restricción a difusión e hiperseñal en FLAIR de ambos cuerpos estriados, con leve efecto de masa". Permaneció en UCI por 16 días, en lo neurológico con escasa conexión al medio, paresia M3 en las 4 extremidades. Requiere traqueostomía por VMI prolongada. Se traslada a intermedio, evoluciona en regulares condiciones, se mantuvo con terapia de rehabilitación multidisciplinaria intensiva, sin embargo, presentaba importantes secuelas neurológicas como afasia, trastorno de la deglución, tetraparesia. Cursó además con múltiples intercurencias infecciosas por microorganismos multirresistentes.

Tras 50 días de hospitalización el paciente es trasladado a un centro asistencial a su país de origen, para continuar con su manejo y rehabilitación. Allí se le realiza estudio serológico ELISA IgM de EEO en sangre y de LCR el cual resulta (+) para ambas muestras. Finalmente, el paciente fallece tras mantenerse hospitalizado por 53 días en Montevideo, Uruguay.

Conclusiones: Al día de hoy no hay tratamiento efectivo para esta enfermedad. Es fundamental contar con ELISA IgM y test de neutralización de anticuerpos para realizar el diagnóstico. Existe información muy limitada respecto a esta enfermedad, su clínica, su diagnóstico y su sobrevida. Es importante dar a conocer la existencia de este cuadro dentro de los equipos de salud para la sospecha clínica y diagnóstico oportuno.

Keywords: Encefalitis equina del oeste, virus encefalitis equina

Financing: Sin financiamiento externo.

**ENFOQUE DE PRECISIÓN PARA EL CONTROL DE SALMONELLA ENTERICA BASADA EN BACTERIÓFAGOS LÍTICOS****Dacil Rivera**^{1,2}, Andrea Moreno-Switt²

(1) Universidad Andres Bello, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias de la Vida, Republica 440, Santiago, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Facultad de Ciencias Biológicas y Facultad de Medicina, Avenida Vicuña Mackenna 4860, 6904411 Santiago, Macul, Región Metropolitana, Santiago, Chile

Antecedentes: *Salmonella enterica* es una de las principales bacterias transmitidas por los alimentos tanto a nivel mundial como en Chile. *S. enterica* representa un gran desafío para su control debido a su amplia diversidad antigénica más de 2600 serotipos, y debido a su creciente resistencia a antimicrobianos (RAM). En Chile, desde la década de 1950, se ha identificado la presencia de *S. enterica* en casos clínicos humanos, animales, así como en fuentes de agua y alimentos destinados al consumo humano. A pesar de los esfuerzos realizados para optimizar su control, en los últimos 70 años ha persistido *S. Enteritidis*, y han surgido nuevos serotipos, como *S. Infantis*, junto con un preocupante aumento de *S. enterica* RAM. Esta situación subraya la necesidad urgente de desarrollar enfoques alternativos para el control de *S. enterica*. En este contexto, los bacteriófagos (fagos) emergen como una solución prometedora. Estos virus infectan exclusivamente bacterias, actuando como sus depredadores naturales, generalmente inofensivos para animales y plantas. Además, los fagos son ubicuos, presentes en cualquier ambiente donde existan bacterias, ya que dependen de la maquinaria metabólica bacteriana para replicarse. En cuanto a la aplicación de fagos, fagoterapia, es crucial utilizar fagos principalmente líticos, que, tras replicarse dentro de la bacteria hospedera, la destruyen mediante lisis bacteriana. Lo que convierte a los fagos en una herramienta eficaz para el control de *S. enterica*. Considerando todos los antecedentes aportados, este trabajo propone un enfoque que resguarda el proceso desde el aislamiento, caracterización hasta la generación de un banco de fagos

Objetivo: Desarrollar un enfoque de selección de fagos líticos para el control preciso de *S. enterica* prevalentes y emergentes en Chile.

Material y Método: Este estudio se estructuró en las siguientes etapas: 1) Identificación de zonas de estudio para el aislamiento de fagos, abarcando 5 sistemas productivos de animales destinados a la producción de alimentos (aves, cerdos y bovinos), así como aves y entornos silvestres en 6 regiones de Chile; 2) Selección de 4 cepas de *S. enterica* como hospedadoras, representando los serotipos más prevalentes en Chile; 3) Aislamiento de fagos mediante la técnica de cultivo líquido, utilizando un enriquecimiento con *Salmonella*-hospedera, seguido de la identificación de placas de lisis, referidas como partículas similares a virus (VLP), visualizadas en un cultivo sólido de doble agar; 4) Evaluación del perfil de lisis de cada VLP frente a 21 serotipos mediante la técnica de spot-test; 5) Análisis genómico por secuenciación completa del genoma (Illumina HiSeq), complementado con un análisis taxonómico a través de la visualización de cada virión por Microscopía Electrónica de Transmisión (TEM); 6) Selección de fagos para conformar un depósito, basado en un criterio de selección amplio perfil de lisis, seguridad/inocuidad (ausencia de genes de resistencia y/o virulencia), diversidad taxonómica e identidad.

Resultados: Para el aislamiento de bacteriófagos se utilizaron cuatro cepas de *S. enterica*: Enteritidis, Typhimurium, Infantis y Heidelberg. A partir de un total de 965 muestras, se obtuvieron 382 VLP. El perfil de lisis más común fue: Enteritidis, Dublin y Javiana. Posteriormente, se seleccionaron 31 VLP con un amplio espectro de lisis (> 8 serotipos), como una posible herramienta para el control de serotipos emergentes. El banco de depósito fue conformado por 22 VLP con demostrada identidad, inocuidad e integridad de los viriones, y fueron clasificados como 8 myovirus, 6 podovirus y 8 siphovirus. Finalmente, se seleccionaron 22 fagos a partir de las 31 VLP, excluyéndose 8 debido a dificultades de amplificación y/o problemas de inocuidad.

Conclusiones: Este trabajo presenta un enfoque claro y efectivo que posiciona a los bacteriófagos como una solución innovadora y de precisión para el control de serotipos prevalentes de *S. enterica*, así como una alternativa prometedora para combatir serotipos emergentes. Entonces bajo una visión integral, se destaca la importancia de considerar la interacción entre los fagos (agente), los serotipos de *S. enterica* (hospedero) y el entorno objetivo (animal o humano afectado).

Keywords: bacteriófagos (fagos), *Salmonella enterica*, *Salmonella* serotipos emergentes, fagoterapia en Chile

Financing: Proyecto FONDEF IDEA I+D ID23I10093

Acknowledgments: Bacteriophage and Foodborne Pathogens Research Laboratory MedVet-UC



Area: Infecciones emergentes, zoonóticas y parasitarias

P33

EXPLORACIÓN GENÉTICA PRELIMINAR DE *GIARDIA* SPP. EN PERROS ASINTOMÁTICOS DE SANTIAGO, CHILE

Cristian Alvarez ¹, Belén Calderón ¹, Daniela Bobadilla ¹, **Alondra Flores** ¹

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile. , Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Agronomía y Sistemas Naturales, Facultad de Ciencias Biológicas y Facultad de Medicina, Av. Vicuña Mackenna 4860, 7820436 Macul, Región Metropolitana, Santiago, Chile

Introducción: Las infecciones causadas por *Giardia* spp. pueden producir enfermedad caracterizada por diarrea, esteatorrea y malestar abdominal tanto en seres humanos como en animales domésticos y silvestres. La especie *Giardia duodenalis*, también conocida como *G. intestinalis* o *G. lamblia*, agrupa a 8 genotipos (A-H) que muestran cierto grado de especificidad, de los cuales los genotipos A y B concentran la mayor importancia zoonótica. El perro puede ser infectado por los genotipos C y D que presentan alta especificidad, pero también pueden transmitir los genotipos A y B. Según el número de genes amplificados es posible lograr mayor grado de identificación de variantes del parásito. En la actualidad se recomienda estudiar las secuencias de los genes triosa fosfato isomerasa (*tpi*), β -giardina (*bg*) y glutamato deshidrogenasa (*gdh*).

En Chile, *G. intestinalis* es la segunda causa más importante de diarreas en seres humanos. En el caso del perro se ha estimado que la prevalencia basada en examen microscópico de heces es de 21%. Tanto en seres humanos como en perros no se conoce el o los genotipos responsables de estas infecciones. Considerando la gran cercanía entre el perro como mascotas y el ser humano además de la alta población de perros vagos es importante conocer el genotipo de *Giardia* spp infectando perros en Chile.

Objetivos:

- Determinar el grado de infección por *Giardia* spp. en perros de dos refugios animales por PCR
- Secuenciar las muestras positivas y determinar el genotipo de *Giardia* spp. presente
- Hacer recomendaciones al refugio para el control de *Giardia* spp.
- Comparar las diferentes características ambientales y la prevalencia de *Giardia* spp en ambos refugios.

Material y método: Se recolectaron 55 muestras en un refugio de la V región y 100 muestras en un refugio de la región Metropolitana de fecas frescas en perros asintomáticos. Se realizó extracción de ADN a partir de 200 mg de cada muestra y el ADN fue usado para la amplificación del gen triosa fosfato isomerasa (*tpi*) en una PCR anidada, en el caso de las muestras del refugio de región Metropolitana también se realizó la amplificación del gen β -giardina (*bg*). Las muestras positivas fueron enviadas a secuenciación y analizadas con el software Geneious y comparadas con otras secuencias similares en GenBank usando BLAST.

Resultados: En total, en el refugio de la V región, se obtuvieron 13 positivos de 55 animales (23,64%), las secuencias de las 13 muestras positivas presentan 100% de homología con el genotipo A de *G. duodenalis*. Por otro lado, en el refugio de la región Metropolitana, se obtuvieron 4 positivos de 100 muestras (4%), la secuenciación está a la espera de resultados.

Conclusiones: Se encontró una prevalencia de *Giardia* spp. similar a la descrita anteriormente en Chile y otros países en el refugio de la V región. El hallazgo del genotipo A tiene implicancias zoonóticas por lo que es recomendable considerar extremar las medidas de limpieza de los caniles del refugio. A futuro esperamos poder realizar el mismo estudio en otras poblaciones caninas de otras localidades del país hasta completar un número total de 250 perros.

Keywords: Giardia, genotipos, zoonosis

Financing: Laboratorio Zoetis



Area: Infecciones emergentes, zoonóticas y parasitarias

P34

INFECCIONES POR BRUCELLA CANIS EN EL SUR DE CHILE

Yazmín Pinos García¹, Mery Pacheco², Ignacio Delama³, Esteban Teneb³, Loreto Rojas⁴, Lorena Bastidas¹, Juan Carlos Velásquez⁵, Loreto Carrasco⁶, Cristian Rosas⁷, Alberto Fica³

(1) Infectología, Servicio de Medicina, Hospital Osorno

(2) Postgrado Medicina Interna, Universidad Austral de Chile, Valdivia

(3) Infectología, Servicio de Medicina, Hospital Valdivia

(4) Infectología, Servicio de Medicina, Hospital Puerto Montt.

(5) Unidad de Epidemiología Valdivia (6) Laboratorio Histocompatibilidad, Hospital Valdivia. (7) Oficina Epidemiología Provincia Osorno

Introducción: Las infecciones por *Brucella canis* (BC) en seres humanos son poco conocidas, existiendo pocos casos publicados en la literatura internacional. En Chile, se han detectado casos debido a la reciente introducción de herramientas serológicas (Rapid Slide Agglutination Test: RSAT) por parte del ISP, debido al bajo rendimiento de los hemocultivos o técnicas de biología molecular en su diagnóstico.

Objetivos: Comunicar casos con evidencia serológica de infección por BC en pacientes en el sur de Chile identificados a través de un estudio multicéntrico con su descripción clínica, potenciales factores de exposición, tratamiento y desenlace.

Pacientes y Métodos: Estudio observacional retrospectivo de casos identificados en los Hospitales de Valdivia, Osorno y Puerto Montt, según registro de tratantes o notificación epidemiológica. Extracción de datos desde fichas clínicas. Se incluyeron casos con al menos una prueba RSAT positiva, excluyendo patologías autoinmunes, coinfecciones zoonóticas o COVID-19 para depurar la interpretación clínica.

Resultados: Se identificaron 9 casos entre el 2020 y mediados del 2024 (7 de sexo masculino, 77,8%; mediana 52 años, RIQ 38,5-58,5 años). 4 tenían residencia rural, 8 relataban exposición a perros propios o ajenos pero 4 sólo en forma remota (un caso sin información). En 2 hubo exposición a cachorros caninos con mortalidad de la camada y en otro a un aborto canino, todos en forma remota.

Sólo un paciente tenía comorbilidad relevante (linfoma en tratamiento con rituximab).

Los cuadros clínicos correspondieron a fiebre prolongada en 4 casos (44,4%), lumbago en 2 (por espondilodiscitis, 22,2%), 1 dolor torácico (por miopericarditis), 1 meningoencefalitis y 1 hepatitis febril (11,1% c/u). Todos fueron hospitalizados (mediana 16 días; RIQ 12-41 días). Cuatro pacientes tuvieron anemia y/o linfopenia y uno leucopenia. La PCR presentó una mediana de 13,1 mg/dL (RIQ 0,89-19,4; Ref < 0,5 mg/dL) y la VHS una mediana de 36,5 mg/h; RIQ 13,75-70,25). En 8 pacientes se tomaron hemocultivos que fueron negativos (mediana incubación 5 días; RIQ 5-14 días), en otros 2 mielocultivo o cultivo de LCR (ambos negativos), en 8 también serología Fiebre Q (negativa en todos ellos) y en 6 serología IgG *Bartonella henselae* (1 positivo a 1:256, considerada no relevante).

Tratamiento: Nueve pacientes recibieron tratamiento, dos sólo doxiciclina (2 y 6 semanas, respectivamente) y los 7 restantes terapia combinada sea con rifampicina-doxiciclina (5 casos por 6-18 semanas, 2 de ellos con gentamicina de apoyo inicial por una semana), 1 caso doxiciclina-cotrimoxazol (4 semanas) y 1 doxiciclina-hidroxicloroquina (6 semanas). En 2 de los 9 casos se aplicó un tratamiento combinado para evitar una recaída luego de un cuadro autolimitado de fiebre y miopericarditis, respectivamente.

Histología: En uno de 3 casos con biopsias se observaron granulomas.

Desenlace: Siete pacientes que recibieron tratamiento durante la fase aguda mejoraron desde el punto de vista clínico e inflamatorio. Sin embargo, 3 de ellos quedaron con dolores osteomusculares crónicos axiales o periféricos con requerimiento de medicamentos para el dolor y uno requirió pensión de invalidez. Además, el paciente con hepatitis febril inicial tuvo 2 recaídas (al mes y 8 meses del primer tratamiento), una de ellas con sacroileitis, que respondieron a tratamientos prolongados con esquema estándar y luego una combinación de ciprofloxacino, doxiciclina e hidroxicloroquina. Dos pacientes presentaron reacciones adversas probables por el tratamiento inicial o de las recaídas (renal-hepática en un caso y renal en otro). En uno de estos casos se retiró la rifampicina por toxicidad hepática.

Conclusiones: Las infecciones por BC parecen ser pleomórficas, de morbilidad prolongada, con riesgo de recaídas y secuelas. Una exposición zoonótica canina, aunque remota puede ayudar en su sospecha.

El diagnóstico es fundamentalmente serológico, con el desafío de contar con técnicas de mejor rendimiento. Responden a tratamientos similares recomendados para otras especies de *Brucella*.

Este es el primer reporte de casos clínicos descrito en nuestro país por esta especie de *Brucella*.

Keywords: Brucelosis, Cánidos, Tenencia responsable, One health

Financing: Sin financiamiento.



Área: Infecciones emergentes, zoonóticas y parasitarias

P35

INFECCIONES POR COXIELLA BURNETII EN PACIENTES HOSPITALIZADOS EN LA PROVINCIA DE OSORNO. REVISIÓN DE 5 AÑOS.**Vicente Elgueta Parada**³, Lorena Bastidas Leal¹, Gustavo Cárcamo Cotapos², Yazmín Pinos García¹

(1) Hospital Base San José de Osorno, Infectología, Médico internista especialista en infectología, Osorno, Chile

(2) Hospital de Río Negro, Médico cirujano, Osorno, Chile

(3) Universidad Austral de Chile, Facultad de medicina campus clínico Osorno, Alumno de pregrado, Osorno, Chile

Introducción: *Coxiella burnetii* es un coccobacilo gramnegativo intracelular estricto, cuyo reservorio natural son mamíferos del ganado vacuno, ovino y equino, pudiendo infectar humanos. La transmisión de persona a persona es rara. En humanos la clínica es variada, desde pacientes asintomáticos, enfermedad leve tipo gripe, hasta manifestaciones severas como neumonía grave, o inclusive puede presentarse en su forma crónica como endocarditis, osteomielitis u hepatitis crónica. Se transmite por inhalación de aerosoles contaminados con secreciones de un animal infectado. La incubación va desde las 2-3 semanas. En los hallazgos de laboratorio puede haber leucocitosis con desviación a izquierda, alteración de pruebas hepáticas, elevación de proteína C reactiva (PCR) y velocidad de hemossedimentación (VHS), pudiendo presentar en la radiografía de tórax con focos de consolidación pulmonar lobar o multilobar. El diagnóstico es un desafío clínico, confirmándose mediante serología de IgG fase II en etapa aguda y convaleciente, detección de material genético o cultivo positivo en secreciones. El tratamiento es con doxiciclina o cotrimoxazol. Probablemente es una patología muy subdiagnosticada. El último gran brote descrito en Chile ocurrió entre el 2017-2018, donde se confirmaron al menos 126 casos, siendo notificados en la Región de Los Lagos (88%), Los Ríos (10%) y Araucanía (2%).

Objetivos: Caracterizar la serie en presentación clínica, laboratorio, tratamiento y sobrevida.

Material y método: Revisión retrospectiva descriptiva de 12 casos hospitalizados en la provincia de Osorno entre 2019- Agosto 2024. Identificación de casos con serología IgG fase II (+) enviadas al ISP y casos de descarte. Se obtuvieron datos clínicos, de laboratorio y microbiológicos, para lo cual se revisaron las fichas clínicas. Se analizaron los datos tabulados en planilla Excel.

Resultados: Se identificaron 12 pacientes con diagnóstico de Fiebre Q con una edad media de 50 años (de 32 a 65 años), 10 hombres (83%) todos trabajadores cuya labor está relacionada con la ganadería bovina y 2 mujeres (17%), 7 provenientes de Osorno (58%), 2 de Purranque, 1 de Puerto Octay, 1 de Río Negro y 1 de Río Bueno, de los cuales 1 de ellos fue contacto de un paciente con fiebre Q. En 9 pacientes (75%) se detectó serología (+) de IgG fase II para Fiebre Q en el ISP, y uno de ellos presentó PCR de *Coxiella burnetii* (+) en Lavado broncoalveolar (LBA). En la presentación clínica 11 pacientes presentaron fiebre (91%), 9 presentaron mialgias (75%), 7 presentaron cefalea (58%) y 7 presentaron síntomas respiratorios (58%), en menor medida algunos presentaron vómitos, sudoración nocturna (25%), baja de peso, diarrea y dolor lumbar. En los exámenes de laboratorio hubieron 9 con PCR elevada (75%), 8 con condensación pulmonar al TAC de tórax (66%), 7 pacientes presentaron leucocitosis (58%) y 5 con alteración en pruebas hepáticas (41%). Todos los pacientes estuvieron hospitalizados y 2 requirieron hospitalización en UCI, a 8 les diagnosticaron neumonía (66%), 2 con meningitis (16%) y 1 con espondilodiscitis infecciosa (8%). De los 12 pacientes ninguno falleció por el cuadro infeccioso ni por complicaciones posteriores y todos presentaron una evolución favorable al tratamiento con doxiciclina o cotrimoxazol adherente y en los posteriores controles por especialidad.

Conclusiones: Se presenta la caracterización local de los pacientes hospitalizados con infecciones por *Coxiella burnetii* en los últimos 5 años. El reporte de distintos casos permite colaborar en el estudio de la presentación clínica de la enfermedad y aumentar la sospecha y detección ante la presencia de un cuadro clínico, antecedentes epidemiológicos y laboratorio compatible.

Keywords: *Coxiella burnetii*, Zoonosis, Neumonía, Revisión

Financing: Sin financiamiento

Acknowledgments: Cristian Rosas (Epidemiología, SEREMI de Salud Los Lagos)



Area: Infecciones emergentes, zoonóticas y parasitarias

P36

INFECCIONES POR LISTERIA MONOCYTOGENES, UNA EXPERIENCIA DE 8 AÑOS EN LA PROVINCIA DE OSORNO.

Josefa Elmohrez Rosas¹, Gabriel Rivera Delgado¹, Yazmín Pinos García², Lorena Bastidas Leal², Cristian Rosas³

(1) Alumno de Medicina, Facultad de Medicina Universidad Austral de Chile, Campo clínico Osorno, Osorno, Chile.

(2) Médico especialista en Infectología, Servicio de Medicina, Hospital Base San José de Osorno, Osorno, Chile.

(3) TM. Encargado epidemiología SEREMI provincia de Osorno, Chile.

Introducción: *Listeria monocytogenes* (*L. monocytogenes*) es un bacilo grampositivo, anaerobio facultativo, capaz de desarrollarse intracelularmente. Su principal vía de transmisión es a través del consumo de alimentos contaminados y afecta generalmente a personas mayores, mujeres embarazadas e inmunocomprometidos (incluyendo neonatos), aunque también se describen casos en adultos y niños inmunocompetentes. La infección tiene dos formas de presentación, una no invasiva, la cual corresponde a la presentación leve y la forma invasiva, que puede ser grave y presentarse como endocarditis, encefalitis o meningitis bacteriana con bacteriemia. En el embarazo puede provocar abortos y sepsis neonatal. Presenta una elevada tasa de mortalidad (20-30%), por lo cual resulta relevante analizar su relación con los antecedentes demográficos, formas de presentación clínica y manejo a nivel local.

Objetivo: Describir y analizar datos demográficos, clínicos y de laboratorio de infecciones causadas por *Listeria monocytogenes* en un hospital de tercer nivel en un periodo de 8 años en la provincia de Osorno.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo, retrospectivo, de una serie de casos clínicos, utilizando los registros del laboratorio de microbiología del Hospital Base San José de Osorno de cultivos positivos para *L. monocytogenes* entre los años 2017 al 2024, incluyendo cultivos de sitio estéril o exámenes de biología molecular positivos. Además, se correlacionaron los datos con información de la oficina de epidemiología de la provincia de Osorno, y revisión de fichas clínicas. El estudio se centró en variables demográficas, factores de riesgo, manifestaciones clínicas, de laboratorio e imagenología, tratamiento y evolución.

Resultados: Se pesquió un total de 13 casos de pacientes, de los cuales 13% eran hombres y 77% mujeres, el rango de edad iba desde los 0 a los 86 años con un promedio de 40 años, teniendo un 77% de los pacientes el antecedente de ruralidad. Los signos y síntomas que más se reportaron fueron fiebre (92.3%), parto prematuro (53.9%) cefalea (46.1%), mialgias (46.1%) y compromiso de conciencia (46.1%). Respecto a los grupos de riesgo, 46% corresponden a pacientes embarazadas, 15% a adultos mayores, 23% a inmunosuprimidos y un caso a una recién nacida de pretérmino de 30 semanas que se presentó como sepsis neonatal. Del total de pacientes, un 69% cursaron con bacteriemia, siendo los serotipos más frecuentemente encontrados el 1/2b y el 4b en igual proporción. La forma de infección que más se presentó fue la corioamnionitis. Un 77% de los pacientes fue tratado con ampicilina en promedio por 10 días, siendo necesario en algunos casos de meningitis y corioamnionitis el tratamiento combinado con gentamicina. De los pacientes que presentaron meningitis un 40% tuvieron lesiones isquémicas y un 20% cerebritis. Del total de casos 20% de los pacientes fallecieron y 23% desarrollaron secuelas, principalmente neurológicas.

Conclusión: La listeriosis puede afectar a variados grupos de pacientes con un amplio rango de edad, afectando principalmente a aquellos en condiciones de vulnerabilidad como los inmunosuprimidos, embarazadas y adultos mayores. En esta serie las presentaciones clínicas más frecuentes fueron las materno fetales y del sistema nervioso central. Además, tiene una elevada tasa de mortalidad y secuelas, especialmente en pacientes con bacteriemia.

Keywords: Listeriosis, Bacteriemia, Meningoencefalitis, Corioamnionitis

Financing: Sin financiamiento



Area: Infecciones bacterianas

P37

"EFECTO DEL TRATAMIENTO DE ERRADICACIÓN DE *HELICOBACTER PYLORI* SOBRE LOS NIVELES DE MARCADORES PLASMÁTICOS DE DAÑO GÁSTRICO EN ADOLESCENTES ASINTOMÁTICOS CON INFECCIÓN CRÓNICA"

Vicente Rodríguez Silva¹, Camila Cabrera Ampuero¹, Yalda Lucero Alvarez^{1,2,3}, Sergio George Carreño⁴, Lilian Fernandez⁵, Anne Lagomarcino¹, Beatriz Zabala Torres⁶, Jenny Obando Latorre⁶, Mónica Pavez Aguilar⁵, Nayareth Medina⁶, Miguel O'Ryan Gallardo¹

(1) Universidad de Chile, Programa de Microbiología y Micología, Facultad de Medicina, Independencia 1027, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Departamento de Pediatría y Cirugía Infantil Norte, Hospital Roberto del Río, Prof. Zañartu 1085, Santiago, Chile

(3) Clínica Alemana de Santiago-Universidad del Desarrollo, Unidad de Gastroenterología Pediátrica, Facultad de Medicina, Vitacura 5951, Santiago, Chile

(4) Universidad de Chile, Departamento de Pediatría y Cirugía Infantil Oriente, Hospital Luis Calvo Mackenna, Antonio Varas 360, Santiago, Chile

(5) Universidad de La Frontera, Programa Medicina Familiar, Facultad de Medicina, Manuel Montt 174, Temuco, Chile (6) Universidad de Aysen, Laboratorio de Microbiología Molecular, Ciencias de la Salud, Eusebio Lillo 667, Coyhaique, Chile

Antecedentes: *Helicobacter pylori* es una bacteria que afecta el sistema digestivo superior y tiene una alta prevalencia, alcanzando cerca del 70% en adultos chilenos. Puede causar efectos clínicos como gastritis, úlcera péptica y cáncer gástrico, por lo que su diagnóstico y tratamiento temprano son de gran relevancia. El tratamiento de erradicación en pacientes adultos está claramente validado por la evidencia, tanto en pacientes sintomáticos como asintomáticos. En niños y adolescentes, solo existe evidencia que respalda el tratamiento de erradicación en presencia de enfermedad ulcerosa péptica, cuya detección implica la realización de endoscopia. Son pocos los estudios que han explorado el efecto de realizar el tratamiento de erradicación en adolescentes asintomáticos, utilizando la determinación de biomarcadores no invasivos como parámetro de curación de la mucosa.

Objetivo: Determinar el efecto a mediano plazo (1 mes post tratamiento) de la erradicación de *H. pylori* en adolescentes sin síntomas de úlcera péptica sobre los niveles de marcadores plasmáticos de daño gástrico.

Métodos: Ensayo clínico aleatorizado no ciego. Se incluyeron 2 grupos de adolescentes entre 15 y 17 años sin síntomas sugerentes de enfermedad ulcerosa péptica, con y sin infección por *H. pylori* detectada por test de aire espirado con urea marcada con C¹³ (UBT). Se consideró infectado aquel paciente con al menos dos de tres UBT positivos, separados por un mes. El grupo infectado fue aleatorizado a recibir o no recibir tratamiento de erradicación. Se analizaron muestras de plasma pre-tratamiento y un mes después del tratamiento, además de 1 muestra de los no infectados, para determinar niveles de Pepsinógeno I (PG-I), Pepsinógeno II (PG-II) y Gastrina-17 (G-17) mediante el Kit GastroPanel®. También se tomaron muestras de UBT en la etapa pretratamiento y post-tratamiento en conjunto con la muestra de sangre para confirmar erradicación de *H. pylori*.

Resultados (preliminares): Hasta el momento se han analizado las muestras de 62 pacientes tratados/erradicados, 32 pacientes no tratados y 26 no infectados. Se observaron niveles de concentración media más altos de PG-I, PG-II y G-17 en las muestras basales del grupo de pacientes infectados comparado con el grupo no infectado. Luego del tratamiento se observó una disminución en los valores de estos tres biomarcadores en las muestras postratamiento (PG-I = 109.8 µg/L vs 66.92 µg/L; p-value < 0,0001; 95% CI = 20.60 a 65.09, PG-II = 18.49 µg/L vs 7.861 µg/L; p-value = 0.0011; 95% CI = 3.577 a 17.68, G-17 = 14.89 pmol/L vs 5.125 pmol/L; p-value = 0.0031; 95% CI = 2.721 a 16.82). Para la fecha del Congreso se contará con un mayor número de muestras analizadas que permitan dar más robustez a los resultados.

Conclusión: Estos resultados preliminares sugieren que la erradicación efectiva de *H. pylori* en adolescentes asintomáticos logra revertir la elevación de estos parámetros indirectos de daño de la mucosa gástrica. Si se confirman estos resultados al aumentar el número de muestras analizadas, sería razonable proponer una disminución del rango etario en que se recomienda erradicación en individuos asintomáticos, con el fin de prevenir el desarrollo de complicaciones incluido el cáncer gástrico.

Keywords: *Helicobacter pylori*, Adolescentes, Biomarcadores plasmáticos, Cáncer gástrico, Kit GastroPanel®

Financing: FONDECYT regular 1220964



Area: Infecciones bacterianas

P38

BACTERIEMIAS EN NIÑOS: ETIOLOGÍAS, SUCEPTIBILIDAD ANTIMICROBIANA Y TIEMPO DE POSITIVIDAD (2019-2023)**Daniela Martínez**¹, Luis Delpiano¹, Camila Rojas²

(1) Hospital Clínico San Borja Arriarán, Pediatría, Santa Rosa 1234, Santiago Centro, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Pediatría, Medicina, Av Independencia 1027, Independencia, Santiago, Chile

Introducción: El hemocultivo es el método diagnóstico de elección ante la sospecha de bacteriemia a cualquier edad. Si bien la epidemiología de algunos agentes causantes de infecciones invasoras en pediatría ha cambiado por la administración de vacunas, existe un aumento de pacientes con factores de riesgo que ameritan tomar conocimiento a nivel local de la información relacionada a agentes etiológicos y patrones de susceptibilidad de infecciones bacterianas invasoras detectadas por hemocultivos. La positividad global de los hemocultivos en pediatría varía entre 5 a 10%. La existencia de procesamiento automatizado de los hemocultivos entrega información de positividad en un menor tiempo, con identificación de tinción de Gram antes de 24 horas de incubación en un alto número de casos, lo que permite una mejor orientación y gestión terapéutica de antimicrobianos en los pacientes.

Objetivo: Identificar las etiologías de bacteriémias, su patrón de susceptibilidad antimicrobiana y el tiempo de positividad de este examen de laboratorio microbiológico en pacientes pediátricos en los últimos 5 años.

Métodos: Estudio descriptivo, retrospectivo, se revisó los resultados de todos los hemocultivos positivos tomados a pacientes pediátricos desde 2019 a 2023, procesados y registrados en el Laboratorio de Microbiología del Laboratorio Central del Hospital Clínico San Borja Arriarán. Se consideró un agente identificado por fecha de toma de muestra. La información se obtuvo de la base de resultados microbiológicos en plataforma KernMIC. Adicionalmente se revisó en la misma plataforma informática, los registros de cultivos concomitantes de muestras de otros sitios (orina, LCR, líquido pleural, líquido articular, tejido óseo) para identificar probable foco primario de la bacteriemia. Se excluyó segundos exámenes de hemocultivos que identifique similar agente en el periodo de una semana (hemocultivo de control), hemocultivos positivos a patógeno considerado contaminante, en particular *Staphylococcus coagulasa negativo*.

Resultados: En los 5 años revisados, se informó 531 hemocultivos positivos en pacientes pediátricos, y 171 de estos (32%) se excluyeron del análisis por considerarse contaminación. De las 360 muestras analizadas, 173 (48%) se obtuvieron en los servicios de Pediatría y UCIP, 88 (24%) en neonatología y 99 (28%) en el servicio de urgencia infantil. Las etiologías más frecuentemente identificadas fueron, 73 (20%) *Staphylococcus aureus*, 70 (19%) *Staphylococcus coagulasa negativo* (al menos 2 hemocultivos positivos para el mismo microorganismo) 63 (17,5%) a *Escherichia coli*, 26 (7%) a *Klebsiella pneumoniae*, 23 (6%) a *Streptococcus pneumoniae*. Al analizar por separado los hemocultivos positivos en neonatología predominan las bacteriémias por *Staphylococcus coagulasa negativo* (27%) y *S. aureus* (17%). En aquellos casos donde fue posible determinar foco primario (registros microbiológicos en la plataforma), el más frecuente fue el foco urinario (14%), seguido por ITS CVC (11%), meningeo (2%) y osteoarticular (1,5%). El tiempo de positividad promedio de todos los casos fue de 14,2 horas, siendo 15,5 horas para cocáceas Gram positivas y 11,96 horas para bacilos Gram negativos. Respecto al perfil de susceptibilidad, durante el periodo analizado se objetivó que un 12,3% de las bacteriémias por *S. aureus* fueron SAMR, 12,7% de las bacteriémias por *E. coli* fueron BLEE (+) y hubo solo dos casos de bacteriémias por *K. pneumoniae* productoras de carbapenemasas.

Conclusión: En el análisis de los hemocultivos pediátricos positivos entre 2019 y 2023 en el Hospital Clínico San Borja Arriarán, destaca que *S. aureus* y *E. coli* fueron los agentes etiológicos más frecuentes de las bacteriémias en pediatría, con un predominio de *Staphylococcus coagulasa negativo* en la población neonatal. El tiempo promedio de positividad fue de 14,2 horas, lo que resalta la importancia de contar con tecnología automatizada para una rápida identificación, para así comunicar un alerta al clínico y optimizar el manejo antimicrobiano de las infecciones. Los patrones de susceptibilidad antimicrobiana revelaron la presencia de bacterias resistentes, como *S. aureus* resistente a meticilina (SAMR) y *E. coli* productora de BLEE, así como casos aislados de *K. pneumoniae* productora de carbapenemasa, lo que subraya la necesidad de un monitoreo constante que permita un enfoque dirigido en el uso de antimicrobianos en este grupo etario.

Keywords: Hemocultivos, Bacteriémias, Pediatría

Financing: Sin financiamiento



Area: Infecciones bacterianas

P39

CARACTERIZACIÓN CLÍNICA DE LAS BACTERIEMIAS CAUSADAS POR Enterobacterales PRODUCTORAS DE CARBAPENEMASAS EN UN HOSPITAL DE TERCER NIVEL DE CALI, COLOMBIA

Lorena Matta Cortés¹, Juan David Cáceres González^{1,2}, Ernesto Martínez Buitrago¹, Jorge Álvarez¹, Johann Ospina Galindez³, Claudia Paredes Amaya⁴

(1) Universidad del Valle, Departamento de Medicina Interna, Facultad de Salud, CL 4B # 36-00, Cali, Colombia

(2) Hospital Universitario del Valle Evaristo García, CL 5 #36-00, Cali, Colombia

(3) Universidad Autónoma de Occidente, Facultad de Ingeniería, CL 25 # 115-85, Cali, Colombia

(4) Universidad del Valle, Departamento de Microbiología, Facultad de Salud, CL 4B # 36-00, Cali, Colombia

Introducción: La diseminación de *Enterobacterales* resistentes a carbapenémicos es un problema de salud pública global. La producción de enzimas carbapenemasas es uno de los principales mecanismos asociados con esa resistencia. Se han descrito muchos tipos, de los cuales KPC, VIM, IMP, NDM y OXA-48 tienen alta relevancia clínica. Colombia es considerado un país endémico para KPC. En América Latina y en nuestro país se han realizado pocos estudios sobre la infección del torrente sanguíneo por EPC; por ello, este estudio busca obtener información acerca de las características clínicas, epidemiológicas y microbiológicas de las bacteriemias causadas por EPC ocurridas en un hospital de tercer nivel en Cali, para contribuir en el diseño de estrategias terapéuticas locales.

Objetivos: Analizar las características demográficas, microbiológicas y clínicas de las bacteriemias producidas por EPC para contribuir con el diseño de estrategias terapéuticas locales.

Materiales y métodos: Estudio retrospectivo de corte transversal, en el cual se incluyeron los datos de pacientes con bacteriemias producidas por EPC, ingresados en un hospital de tercer nivel en Cali, Colombia entre enero 2016 y diciembre 2021. Se seleccionaron los datos de pacientes que presentarán al menos un hemocultivo positivo para *Enterobacterales*, donde la producción de carbapenemasas fuera confirmada por métodos fenotípicos o métodos moleculares basados en la amplificación de ácidos nucleicos. Los datos demográficos, clínicos y microbiológicos se obtuvieron a partir de las historias clínicas electrónicas. Se aplicaron pruebas estadísticas apropiadas, como la prueba de chi-cuadrado o la prueba exacta de Fisher. El análisis multivariado de los factores de riesgo se realizó estimando el Odds Ratio ajustado (aOR) y los intervalos de confianza (IC) del 95% utilizando un modelo de regresión logística con una variable de respuesta binaria y una función de enlace logit. Todos los análisis estadísticos se realizaron utilizando el software R, versión 4.1.0.

Resultados: En este estudio se encontraron 139 casos de bacteriemias producidas por EPC. *Klebsiella pneumoniae* representó el 58.3% de los casos y la carbapenemasa más frecuentemente identificada fue KPC (46.04%). El análisis multivariado mostró que la edad (aOR = 1.052; IC 95%: 1.027-1.077; $p < 0.001$) y la duración de la estancia en la UCI (aOR = 1.02; IC 95%: 1.004-1.035; $p = 0.013$) fueron factores de riesgo asociados con la mortalidad hospitalaria.

Conclusiones: Este estudio permitió identificar las características clínicas de los pacientes con alto riesgo de mortalidad por bacteriemias producidas por EPC, lo cual es un factor esencial para el reconocimiento y la implementación de tratamientos oportunos de acuerdo con la epidemiología local.

Keywords: Bacteriemia, Enterobacterales, Carbapenemasas, Colombia

Financing: Universidad del Valle. Convocatoria Interna. Proyecto No. 1961.



Area: Infecciones bacterianas

P40

CARACTERIZACIÓN DE LAS INFECCIONES POR BACIOS GRAM NEGATIVOS PRODUCTORES DE CARBAPENEMASAS EN PACIENTES PEDIÁTRICOS DE UN HOSPITAL UNIVERSITARIO EN SANTIAGO, CHILE**Pedro Lopez Castro**¹, Monique Nicole Le Corre Perez¹, Patricia Garcia Cañete^{1,2}, Regina Perez Perez¹

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

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Laboratorio de Microbiología y Parasitología, Av Vicuña Mackenna 4686 Macul, Santiago, Chile

Introducción: Las infecciones por bacilos Gram negativos productores de carbapenemasas (BGN-PC) son una creciente amenaza por su resistencia a carbapenémicos. El uso indiscriminado de antibióticos y hospitalizaciones prolongadas han aumentado su prevalencia. Los patógenos mayormente descritos son la *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Escherichia coli*. En Chile, hasta el 37% de las enterobacteriales resistentes presentan carbapenemasas, siendo KPC y NDM las más comúnmente aisladas en muestras de laboratorio según datos del grupo MICROB-R, pero no existen descripciones en enfermedades clínicas en pacientes pediátricos en nuestro país.

Objetivo: Describir de manera clínica y microbiológica las infecciones por BGN-PC en pacientes pediátricos hospitalizados entre 2018 y 2023.

Material y Método: Estudio descriptivo retrospectivo en el Hospital Clínico UC de Chile. Se incluyeron pacientes de 0 a 18 años con infecciones confirmadas, registrándose edad, comorbilidades, estadía en cuidados intensivos, tipo de infección, microorganismo, carbapenemasa, resistencia y mortalidad.

Resultados: De 54 pacientes identificados, 43 cumplieron los criterios de inclusión. El 51% fueron masculinos, con una mediana de edad de 12 años. El 74% había usado antibióticos en los 30 días previos, el 70% estaba inmunosuprimido y el 33% portación previa de la carbapenemasa. El 53% requirió UCI, con una mediana de estadía de 31 días. El 98% tenía catéter venoso central, y el 30% estaba ventilado. El 44% de las infecciones fueron bacteriemias, 19% urinarias y 16% respiratorias. La mortalidad atribuible fue del 9%, y la general alcanzó 19%.

Las carbapenemasas más comunes fueron KPC (49%), VIM (28%) y NDM (19%). En cepas KPC, el 86% fue *Klebsiella pneumoniae*, con sensibilidad del 100% a ceftazidima/avibactam. Cepas con VIM y NDM fueron multirresistentes. La combinación de ceftazidima/avibactam y aztreonam mostró sinergia en los dos casos en que se realizó en metalo-betalactamasas.

Conclusión: Las infecciones por BGN-PC en pediátricos son un reto. La identificación temprana de grupos de riesgo es clave debido a su alta morbilidad. La ceftazidima/avibactam es eficaz en cepas KPC, y su combinación con aztreonam podría ser útil contra metalo-betalactamasas.

Keywords: Carbapenemasas, resistencia bacteriana

Financing: No aplica

Acknowledgments: Hospital Clínico Universidad Católica Laboratorio Microbiología y Parasitología Red UC Christus



DESCRIPCIÓN CLÍNICA Y MICROBIOLÓGICA DE PACIENTES CON ENDOCARDITIS INFECCIOSA ENTRE 2012 Y 2022 EN UN HOSPITAL PÚBLICO DE LA REGIÓN METROPOLITANA

Karol Villalobos Gallardo ¹ Matías Rau ², Diego Collao ², Camilo San Martín ², José Ortega ², Farah Ediap ², Inés Cerón ³

¹, Servicio de Medicina, Complejo Asistencial Dr. Sótero del Río. ² Residentes Medicina interna P. Universidad Católica. ³ Departamento de Enfermedades Infecciosas, Escuela de Medicina P. Universidad Católica.

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

Introducción: La endocarditis infecciosa (EI) es una enfermedad grave y con alta mortalidad. En Chile la incidencia reportada es de 2-3 casos por 100.000 habitantes al año, con una mortalidad intrahospitalaria de 26,1%. Los principales patógenos responsables incluyen *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus viridans* y otros. La selección del tratamiento antimicrobiano debe basarse en guías clínicas considerando las características del paciente, la microbiología local, y ajustarse caso a caso según los hallazgos microbiológicos. Debido a la falta de datos locales recientes, es necesario contar con información actualizada para mejorar la atención y reducir la morbilidad asociada a esta enfermedad.

Objetivos: Realizar una descripción clínica y microbiológica de los episodios de EI en pacientes del Complejo Asistencial Dr. Sótero del Río (CASR) entre 2012 y 2022.

Métodos: Estudio retrospectivo, descriptivo. Se incluyó a pacientes de 15 años o más hospitalizados con diagnóstico de EI en el CASR de ene/2012 a dic/2022. Se excluyó las endocarditis de causa no infecciosa. Variables recolectadas: edad, sexo, comorbilidades, cardiopatía congénita, valvulopatía, episodio previo de EI, dispositivo intravascular, drogas endovenosas (EV), cirugía valvular previa, dispositivo intracardíaco y cirugía de revascularización miocárdica (CRM). Para cada episodio de EI se evaluó la válvula afectada, microorganismo identificado, presencia de complicación con indicación quirúrgica, tratamiento médico o quirúrgico, duración de la hospitalización y estado al alta (vivo o fallecido). Para el análisis estadístico se utilizó promedio $\pm$ desviación estándar para variables cuantitativas y porcentajes para variables cualitativas.

Resultados

Se incluyó 200 episodios de EI, la edad promedio fue $56,87 \pm 15,28$ (rango 15 a 89 años), 32,5% de 65 años o más, 66% hombres. Promedio de días de hospitalización $40,45 \pm 32,58$ (rango 1 a 188 días).

- 36,5% tenía diabetes mellitus (73/200), 30,5% insuficiencia cardíaca (61/200), 8% daño hepático crónico (16/200), 21,5% en hemodiálisis (43/200), 8,5% inmunosupresión (17/200).
- 13% tenía cardiopatía congénita (26/200) (21/26 válvula aórtica bicúspide), 35% valvulopatía (70/200) (11/70 enfermedad reumática), 4,5% con episodio previo de EI (9/200), 18% tenía un dispositivo intravascular (36/200), sin casos de uso de drogas EV.
- 20% con cirugía valvular previa (40/200), 12,5% dispositivo intracardíaco (25/200) y 8,5% CRM previa (17/200).

Del total de episodios de EI,

- 70,5% fue en válvula nativa (141/200) y 18% en válvula protésica (36/200).
- 71% con afectación de 1 válvula (142/200): 43,6% aórtica (62/142), 43,6% mitral (62/142), 12% tricúspide (17/142), 0,7% pulmonar (1/142). 16,5% con afectación de 2 válvulas (33/200) (29/33 mitro-aórtica).
- 14% EI asociada a dispositivo intracardíaco o catéter intravascular (28/200).

Microorganismos identificados:

- 36% *Staphylococcus* (47/200 *S. aureus* (23,5% del total), 37/47 metilino-susceptible. 25/200 *Staphylococcus* coagulasa negativo (12,5% del total), 9/25 metilino-susceptible)
- 22% *Streptococcus* (21/200 *S. viridans* (10,5% del total), 11/200 *S. gallolyticus* (5,5% del total), 12/200 otros *Streptococcus* (6% del total))
- 10% *Enterococcus* (20/200) (15/20 *E. faecalis* ampicilina-susceptible).
- 8% bacilos Gram negativos (16/200), 6% hongos (12/200), 1% HACEK (2/200). 21% de los casos sin microorganismo documentado en cultivos u otras técnicas de diagnóstico microbiológico (42/200).

78% de los casos tuvo una complicación con indicación quirúrgica (156/200), 50,5% tuvo manejo quirúrgico (101/200) (83/101 con recambio/plastia valvular). La mortalidad intrahospitalaria fue 29,5% (59/200).

Conclusiones: Este estudio proporciona un perfil clínico y microbiológico actualizado de la EI en el CASR, destaca la alta prevalencia de comorbilidades y una elevada mortalidad. Los microorganismos más frecuentemente identificados como agente causal fueron *Staphylococcus aureus* y coagulasa negativo por sobre los *Streptococcus* en su conjunto. La identificación microbiológica y la oportuna instauración de una terapia antimicrobiana apropiada serán fundamentales para mejorar los desenlaces en estos pacientes.

Keywords: Endocarditis infecciosa, Descripción microbiológica

**EDAD MAYOR A 60 AÑOS, SEPSIS AL INGRESO Y COMPROMISO GLENOHUMERAL AUMENTAN MORTALIDAD A CORTO PLAZO EN PACIENTES CON ARTRITIS SÉPTICA**

Martín Cañas Prieto¹, Gabriel Fuenzalida⁴, Maria Spencer³, Sergio Arellano², Eduardo Gardella², Andrés Schmidt-Hebbel^{1,2}

(1) Clínica Alemana - Universidad del Desarrollo, Facultad de Medicina, Santiago, Chile

(2) Hospital Padre Hurtado, Traumatología y Ortopedia, Santiago, Chile

(3) Clínica Alemana - Universidad del Desarrollo, Genomic and Resistance Microbes (GeRM) lab, Facultad de Medicina, Santiago, Chile

(4) Universidad de los Andes, Traumatología y Ortopedia, Santiago, Chile

Introducción: La artritis séptica (AS) es una emergencia médica debido a su alta morbilidad y mortalidad. Los cultivos de líquido sinovial son clave para un diagnóstico etiológico y un tratamiento antibiótico adecuado, lo que evita el desarrollo de resistencia antimicrobiana. Sin embargo, en la literatura, la positividad de los cultivos varía entre 50-90%. En Chile, la información sobre la microbiología de AS en adultos es escasa, lo que impacta directamente en la elección de la terapia empírica, que se basa en datos internacionales.

Objetivo: Determinar factores predictores de mortalidad (FPM) a corto plazo (<90 días) en AS y reportar eventos adversos postoperatorios a 1 año. Como objetivo secundario, realizar un análisis descriptivo de la microbiología aislada.

Materiales y métodos: Cohorte retrospectiva de 126 adultos (16 a 92 años), con AS tratados en Hospital Público de Santiago entre 2013 y 2024. Los datos se obtuvieron de protocolos quirúrgicos de pacientes con diagnóstico de AS. Se registraron antecedentes sociodemográficos y clínicos, diagnóstico primario (artrocentesis > 50.000 leucocitos y/o microbiológico con gram o cultivos positivos) o secundario (sepsis/shock séptico al ingreso) de AS de rodilla, hombro y/o cadera, mortalidad intrahospitalaria y número de eventos adversos al año. Además, se registró el porcentaje de cultivos positivos y microorganismo aislado. Se excluyeron pacientes <15 años, infecciones periprotésicas y cirugía articular previa. Realizamos un análisis estadístico descriptivo, utilizando t de Student para comparar variables continuas y chi-cuadrado para categóricas y una regresión de ridge para identificar factores de riesgo asociados a mortalidad <90 días, con sus respectivos IC (95%) y $p < 0.05$. Los análisis se realizaron utilizando el programa R versión 1.4.1106

Resultados: La tasa de mortalidad a <90 días fue de 10.3% (13 pacientes), de los cuales el 46.2% presentaron infecciones por *Staphylococcus aureus* Metilino Susceptible (SAMS). Los FPM identificados fueron: sepsis/shock séptico al ingreso (OR 27.15; IC 9.71-58.6; $p < 0.05$), edad ≥ 60 años (OR 2.3; IC 1.04-6.62; $p < 0.05$), y AS en hombro (OR 4.03; IC 1.36-13.50; $p < 0.05$). A 1 año de seguimiento, el 8.8% (10 pacientes) desarrolló osteomielitis, el 2.7% (3) requirió artrodesis y el 0.9% (1) fue sometido a amputación, sin repercusión en la mortalidad ($p > 0.05$). Entre los pacientes con osteomielitis, el 51% tuvo infecciones por SAMS. La positividad de los cultivos (artrocentesis o aseó quirúrgico) fue del 80.48% (99/123 casos). De estos, el 61% fue por microorganismos grampositivos (75 casos), 15.4% por gramnegativos (19 casos), 1.6% por hongos (2 casos), y 2.4% polimicrobianos (3 casos). Entre los grampositivos, se aisló *Staphylococcus aureus* Metilino Resistente (SAMR) en 14 casos (11.38% del total), y entre los gramnegativos, *Neisseria gonorrhoeae* fue aislada en 4 casos (3.2% del total).

Conclusión: Los resultados sugieren que sepsis/shock séptico al ingreso, edad ≥ 60 años y tener afección glenohumeral, se asocia a mayor mortalidad <90 días en pacientes con AS. La osteomielitis fue la complicación más frecuente al año, en su mayoría relacionada con infecciones por SAMS. Los resultados muestran que en comparación a la literatura internacional existe una alta positividad de los cultivos en el diagnóstico de la AS y la prevalencia de SAMR es similar a la presentada en países desarrollados, abriendo la puerta a la discusión sobre cuál debe ser la terapia empírica de la AS en Chile.

Keywords: artritis séptica, mortalidad, sepsis, shock séptico.



EPIDEMIOLOGÍA MOLECULAR DE MORGANELLA MORGANII SUBSP. MORGANII PRODUCTORA DE LA CARBAPENEMASA NDM-1 AISLADA EN UN HOSPITAL TERCIARIO DE LA REGIÓN DEL BIOBÍO, CHILE.

Maximiliano Matus^{1,2}, Franco Ilabaca-Carrasco^{1,2}, Néstor Herrera-Chávez^{2,3}, Gerardo González-Rocha^{1,2}, Andrés Opazo-Capurro^{1,2}

(1) Universidad de Concepción, Departamento de Microbiología, laboratorio de Investigación en Agentes Antibacterianos, Facultad de Ciencias Biológicas, Barrio Universitario, Concepción, Chile

(2) Grupo de Estudio en Resistencia Antimicrobiana (GRAM), Universidad de Concepción,, Concepción, Chile

(3) Sección Microbiología Celular y Molecular, Laboratorio Clínico Hospital Guillermo Grant Benavente, Concepción, Chile.

Introducción: *Morganella* es un género bacteriano que incluye bacterias Gram negativas aerobias facultativas perteneciente al orden Enterobacterales, el cual incluye dos especies: *M. psychrotolerans* y *M. morganii*, en donde dentro de esta última se han descrito dos subespecies (subsp. *morganii* y subsp. *sibonii*). *M. morganii* subsp. *morganii* es clasificado como un patógeno humano relacionado con infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS). Si bien la presencia de carbapenemasas en *M. morganii* subsp. *morganii* no es frecuente, se han reportado a nivel mundial cepas productoras de NDM, así como también de KPC y OXA-48-like.

Objetivos: Caracterizar molecularmente la cepa de *M. morganii* subsp. *morganii* 187UDEC productora de NDM-1 aislada en un hospital terciario de Concepción en el año 2024, Región del Bío-Bío.

Materiales y métodos: La cepa 187UDEC, productora de carbapenemasa tipo NDM, se aisló en junio de 2024 de una infección de tejido óseo. Se evaluó su susceptibilidad a antibacterianos utilizando el método de difusión en agar y concentración mínima inhibitoria (CMI) según el documento M100 del *Clinical & Laboratory Standards Institute* (34 Ed., 2024). La secuenciación genómica completa (SGC) se realizó con la plataforma Illumina NovaSeq X Plus y el ensamblaje con la herramienta SPAdes. La identificación bacteriana se determinó mediante *Average Nucleotide Identity* (ANI) e hibridación ADN-ADN *in silico*. El resistoma se estudió utilizando las herramientas AMRFinderPlus y el viruloma con VFDB sumado a un set de 129 genes de virulencia de *M. morganii* reportados en literatura. El análisis del plasmidoma se realizó con PlasmidFinder. Los genomas utilizados para construir el árbol filogenómico se anotaron mediante Bakta, mientras que el árbol se diseñó con IQ-Tree, alineando los *core-genomes* de genomas obtenidos desde NCBI, en donde además se incluyó la cepa 187UDEC. Finalmente, el árbol se editó y visualizó en iTOL.

Resultados: La cepa 187UDEC resultó resistente a los antibacterianos ceftriaxona, ceftazidima, cefotaxima, piperacilina/tazobactam, ceftazidima/avibactam, ciprofloxacino, levofloxacino, sulfametoxazol/trimetoprim; intermedia a cefepime e imipenem, y susceptible a ertapenem, meropenem, aztreonam, gentamicina y ampicilina. Por otro lado, esta cepa es portadora de genes de resistencia a β -lactámicos (*bla*_{CTX-M-30}, *bla*_{NDM-1}); aminoglucósidos (*aadA1*, *aph*(3')-Ib y *aph*(6)-Id); fenicoles (*catA2* y *florR*); quinolonas (*qnrD1*); sulfametoxazol (*sul2*); trimetoprim (*dfrA1*) y tetraciclinas (*tetY*). Por otro lado, no pudo asociarse la plataforma genética portadora del gen *bla*_{NDM-1} a ningún plásmido mediante el flujo de trabajo utilizado. Sin embargo, se logró identificar los grupos IncN y ColM3 en la secuencia genómica, los que fueron clasificados como movilizables, cabe destacar que el gen *bla*_{NDM-1} se encontró inserto en un transposón Tn91, flanqueado por dos secuencias de inserción ISPPs1 en cis.

El análisis *in silico* de los genomas incluidos (209), demostraron la presencia de 145 genes de resistencia y de 139 genes de virulencia. Adicionalmente, el 54,1% fueron portadoras de *bla*_{NDM-1}, 19,1% de *bla*_{KPC}, 12,9% de *bla*_{IMP}, 2,4% de *bla*_{OXA-48-like}, 4,8% de *bla*_{VIM} y 0,5% de *bla*_{GES}. La mayoría de las cepas incluidas en el análisis filogenético provenían de Francia (30,1%), seguido de USA (17,2%), Alemania (12,9%), República Checa (10,5%), Reino Unido (7,7%) y China (5,7%), mientras que el 96,7% fueron aislados desde humanos. Por otra parte, en el estudio del plasmidoma se obtuvieron 199 grupos de incompatibilidad (Inc), de los cuales, IncL, ColM3, IncR, IncQ1, IncX3 e IncN, fueron los más prevalentes con un 13,1%, 12,6%, 11,6%, 10,6%, 9% y 6,5% respectivamente.

Finalmente, fue posible determinar que la cepa 187UDEC presentó un origen evolutivo común a cepas provenientes de Europa y USA.

Conclusiones: La cepa 187UDEC presentó un perfil de resistencia intermedio para imipenem y susceptible para meropenem y ertapenem, lo que fue un hallazgo inusual respecto a la portación de *bla*_{NDM-1}. Además, se evidenció una alta carga de genes de resistencia y de virulencia en las cepas estudiadas. Por otra parte, se sugiere que 187UDEC está relacionada genéticamente a otras cepas de la misma subespecie del mundo portadoras de genes de carbapenemasas, correspondiendo a un linaje global de alto riesgo.

Keywords: *Morganella morganii*, Resistencia antimicrobianos, Virulencia, Epidemiología, Bioinformática.



Area: Infecciones bacterianas

P44

FACTORES DE RIESGO ASOCIADOS A INFECCIÓN DEL TORRENTE SANGUÍNEO POR BACILOS GRAM NEGATIVOS MULTIDROGO RESISTENTES EN PACIENTES PEDIÁTRICOS**Martha Avilés Robles**¹, Luis Eduardo Pacheco Medina¹, María del Carmen Castellanos Cuz²

(1) Hospital Infantil de México Federico Gómez, Departamento de Infectología, Universidad Nacional Autónoma de México, Dr. Márquez 162, Ciudad de México, México

(2) Hospital Infantil de México Federico Gómez, Laboratorio de Bacteriología Clínica, Dr. Márquez 162, Ciudad de México, México

Antecedentes: La infección del torrente sanguíneo (ITS) por bacilos Gram negativos (BGN) multidrogo resistentes (MDR) en pacientes pediátricos, representa un desafío significativo para la salud pública y la práctica clínica. La creciente incidencia de estas infecciones, combinada con la limitada efectividad de los tratamientos disponibles, subraya la necesidad urgente de comprender mejor los factores que contribuyen a su desarrollo.

Objetivo: Describir los factores de riesgo (FR) asociados a ITS por BGN-MDR en pacientes pediátricos.

Material y método: Estudio ambispectivo, observacional y analítico, de casos y controles, de enero 2016 a diciembre 2021 en un hospital de tercer nivel en la Ciudad de México. Muestreo por conveniencia. Los *casos* fueron pacientes con bacteriemias documentadas con hemocultivos positivos para BGN MDR, con base en el patrón de resistencia propuesto por el Instituto de Estándares Clínicos y de Laboratorio. Los *controles* fueron aquellos con bacteriemia por BGN no-MDR. Incluimos niños menores de 18 años de edad y bacteriemias por *E. coli*, *K. pneumoniae* o *P. aeruginosa*; se excluyeron contaminados o con aislamiento de más de un microorganismo. En el análisis estadístico se emplearon χ^2 y t-Student según el tipo de variable. Posteriormente, con las variables estadísticamente significativas ($p < 0.05$) se realizó una regresión logística múltiple y se calculó la razón de momios con intervalos de confianza del 95% (software prisma GraphPad). No se requirió consentimiento informado.

Resultados: Analizamos 262 pacientes con ITS por BGN: 102 casos y 160 controles. El sexo femenino representó el 50.7%. La edad promedio fue de 5.9 años. Aquellos con enfermedades oncológicas tuvieron la frecuencia más alta (35%), seguidos de los pacientes con cirugías mayores (19.6%) y los neonatos (11.1%). La frecuencia de presentación de las ITS por BGN-MDR fue: *E. coli* 52.9%, *K. pneumoniae* 32.3% y *P. aeruginosa* 14.7%. La estancia previa en terapia intensiva (OR 7.5, IC 95% 2.49-22.77) ($p < 0.001$) el uso de antibióticos de amplio espectro en los últimos 30 días (OR 78.4, IC 95% 25.09-245.15) ($p < 0.001$), uso de esteroides (OR 6.3, IC 95% 1.33-30.17) ($p < 0.02$) y cirugía mayor (OR 9.33, IC 95% 2.98-29.20) ($p < 0.001$), se asociaron a ITS por BGN-MDR. Dentro de las complicaciones, las ITS por BGN-MDR presentaron una mayor frecuencia de choque séptico (50% VS 11.2%, $p < 0.001$) e ingreso a unidad de terapia intensiva (52% VS 13.7%, $p < 0.001$), comparados con las ITS por BGN no MDR.

Conclusión: El presente estudio ofrece un panorama epidemiológico institucional que alerta al personal de salud sobre aquellos FR asociados a ITS por BGN-MDR (estancia previa en terapia intensiva, antecedentes de cirugía mayor, uso previo de esteroides y antibióticos de amplio espectro), para encaminar esfuerzos hacia estrategias que puedan impactar en la reducción de incidencia y morbi-mortalidad de estas ITS por BGN-MDR.

Keywords: infección del torrente sanguíneo, bacteriemia, multidrogo resistente, niños

Financing: Sin financiamiento



Area: Infecciones bacterianas

P45

IMPACT OF INAPPROPRIATE EMPIRICAL ANTIBIOTIC THERAPY ON IN-HOSPITAL MORTALITY: A RETROSPECTIVE MULTICENTRE COHORT STUDY OF PATIENTS WITH BLOODSTREAM INFECTIONS IN CHILE, 2018-2022**Kasim Allel**^{1,2}, Anne Peters³, Luis Furuya-Kanamori⁴, Maria Spencer- Sandino³, Emma Pitchforth⁵, laith Yakob⁶, Jose Munita³, Eduardo Undurraga⁷

(1) University of Oxford, Nuffield Department of Population Health, Oxford Medical Sciences, UK

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

(3) Universidad del Desarrollo, Instituto de Ciencias e Innovación en Medicina, Facultad de Medicina Clínica Alemana, Santiago, Chile

(4) University of Queensland, UQ Centre for Clinical Research, School of Medicine, Brisbane, Australia

(5) University of Exeter, Department of Health and Community Health Sciences, Exeter, UK

(6) London School of Hygiene and Tropical Medicine, Department of Disease Control, Faculty of Infectious and Tropical Diseases, London, UK

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

Introduction: Empirical antibiotic therapy is essential for treating bloodstream infections (BSI), yet there is limited evidence from resource-limited settings. We quantified the association of inappropriate empirical antibiotic therapy (IEAT) with in-hospital mortality and the associated burden.

Methods: We used a retrospective multicentre cohort study of BSI cases in three Chilean tertiary hospitals (2018-2022) to assess the impact of IEAT on 30-day and overall in-hospital mortality and quantify excess disease and economic burdens associated with IEAT. We determined the appropriateness of pathogen-antimicrobial pairings based on in-vitro susceptibilities and pathogen-corresponding antibiotic treatment, allowing a 48-hour window after the initial blood culture. We addressed confounding using propensity scores and inverse probability weights (IPW). We used IPW-weighted logistic competing-risk survival models, including time-varying independent variables after blood tests as controls.

Results: Among 1,323 BSI episodes, 432 (33%) received IEAT, with an average time to adequate therapy of 4.6 days. Compared to adequate treatment, IEAT was associated with 30-day and overall mortality risks that were 1.31 and 1.24 times higher, respectively. These risks were further inflated between 2- and 4-fold when ARB was included. Competing-risk models showed associations between IEAT and IEAT-ARB combinations with in-hospital mortality. Accounting for time-varying variables yielded similar results. The economic burden of IEAT resulted in an additional cost of ~\$9,900 from premature mortality and 0.46 DALYs per patient with BSI.

Conclusion: Approximately one in three patients received IEAT, often associated with ARB. IEAT was linked to increased mortality risk and higher economic costs. Timely appropriate treatment, early pathogen detection, and resistance profiling are likely to improve health and financial outcomes at the population level.

Keywords: antibiotic resistance, empirical antibiotic treatment, burden of disease, mortality, bloodstream infections

Financing: Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo ANID, Chile.



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

P46

ANÁLISIS DE CASOS Y ABANDONO DEL TRATAMIENTO DE LA TUBERCULOSIS EN PERSONAS CON COINFECCIÓN POR VIH/SIDA EN UNA PROVINCIA DE LA REGIÓN CENTRO-OESTE DE BRASIL

Letícia Silveira Goulart¹, Tiago Silva Peixoto¹, João Eduardo Cabral Figueiredo¹, Ana Clara Campos Schuster¹, Amanda Gabriela de Carvalho¹

(1) Universidad Federal de Rondonópolis, Facultad de Ciencias de la Salud, Av. dos Estudantes, 5055 - Cidade Universitária, Rondonópolis - MT, Brasil

Introducción: la tuberculosis es una enfermedad infecciosa causada por *Mycobacterium tuberculosis* con alta probabilidad de desarrollarse en personas diagnosticadas con VIH/SIDA. La coinfección tuberculosis/VIH es causa de alta mortalidad, por lo que es necesario conocer el perfil epidemiológico de estos casos para apoyar y mejorar las políticas de control de ambas enfermedades.

Objetivos: describir el perfil y la tasa de abandono del tratamiento antituberculoso en casos de coinfección tuberculosis/VIH en una provincia de la región centro-oeste de Brasil.

Material y método: se trata de un estudio ecológico con datos secundarios recopilados directamente del Sistema de Información de Enfermedades de Declaración Obligatoria mediante de la base de datos nacional del Ministerio de Salud de Brasil. Se incluyeron nuevos casos de tuberculosis (todas sus formas) con coinfección por VIH/SIDA, diagnosticados en la provincia de Mato Grosso, región centro-oeste de Brasil, en el período de 2007 a 2022. Este período se definió como el comprendido por los años con disponibilidad de datos nacionales. Los datos fueron tabulados en una hoja de cálculo mediante el programa Microsoft Excel y analizados en el programa Stata 16.0. La tasa de abandono del tratamiento se calculó a partir del número total de casos de abandono en individuos VIH/SIDA dividido por el número total de nuevos casos de tuberculosis con coinfección por VIH/SIDA en el período, multiplicado por 100. Para determinar el riesgo de abandono del tratamiento se aplicó análisis bivariado.

Resultados: En la serie temporal analizada, se registraron 19.038 nuevos casos de tuberculosis. De estos, 1350 (7,1%) fueron coinfección tuberculosis/VIH, los años con mayor número de notificaciones tuberculosis/VIH fueron 2017 (n=113) y 2016 (n= 112). Las personas con coinfección tuberculosis/VIH eran en su mayoría del sexo masculino (70,9%), con edades entre 20 y 39 años (47,5%), mestizos (60,3%) y con nivel de escolaridad de 4 a 8 años de estudio (28,1%). De esta población, 3% se encontraba en situación de calle, 3,5% era beneficiario de un programa gubernamental de transferencia de ingresos y 5% se encontraba privado de su libertad. La forma clínica más prevalente fue la pulmonar (73,6%). La tasa de abandono del tratamiento fue del 13,6%, con predominio en los años 2021 (19,5%) y 2016 (18,7%). Las personas con coinfección por VIH tenían mayor riesgo de abandonar el tratamiento (OR:1,14; IC95% 1,28-1,55).

Conclusiones: La coinfección tuberculosis/VIH ocurre predominantemente en hombres adultos, mestizos y con bajo nivel educativo y aumenta el riesgo de abandonar el tratamiento. La pandemia de COVID-19 contribuyó al abandono del tratamiento de la tuberculosis. Es fundamental que se realicen acciones de atención de salud y prevención de tuberculosis y VIH/SIDA en este grupo socialmente vulnerable.

Keywords: tuberculosis, VIH, COINFECCIÓN, epidemiología

Financing: Universidade Federal de Rondonópolis, CNPq, DECIT, Ministério da Saúde do Brasil.



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

P47

PREVALENCIA DE MUTACIONES EN EL GEN DE INTEGRASA DEL VIH 1 MEDIANTE TÉCNICA IVD QUE SE ASOCIAN A RESISTENCIA A ANTIRRETROVIRALES EN CHILE DESDE SEPTIEMBRE 2023 A SEPTIEMBRE 2024

Leonel Eduardo Villavicencio Landeros¹, Felipe Tarque Marquez¹, Luisa Montecinos Perret¹, William Acevedo Muñoz¹

(1) Hospital Dr Lucio Córdova, Laboratorio de Microbiología y Medicina Molecular, Avenida Jose miguel Carrera 3204, SANTIAGO, Chile

Introducción: La vigilancia a la resistencia a los antirretrovirales es fundamental para el manejo óptimo del VIH/SIDA. Las mutaciones en el gen de la integrasa del VIH-1 confieren resistencia a dichos fármacos, lo que compromete la eficacia del tratamiento antirretroviral de primera línea.

Objetivos: Caracterizar el perfil genotípico de las mutaciones en el gen de la integrasa del VIH-1 en una cohorte de pacientes en Chile, utilizando la técnica de secuenciamiento IVD-CE del gen de integrasa (**DeepChek® Assay Integrase Genotyping and Drug Resistance CE-IVD**). Los resultados obtenidos permitirán evaluar la prevalencia de variantes virales resistentes a INIs y contribuir a la optimización de las estrategias de tratamiento en nuestro país.

Materiales y Métodos: Se analizaron 243 muestras de plasma obtenidas entre septiembre de 2023 y septiembre de 2024 de pacientes con VIH-1 provenientes de diversos centros hospitalarios públicos de Chile. El ARN viral se extrajo mediante técnica semiautomatizada (PSS MagLead) y se amplificó mediante kit PCR **DeepChek® Assay Integrase Genotyping and Drug Resistance CE-IVD**, seguido de secuenciación de Sanger. El análisis de secuencia se hizo utilizando la plataforma del kit basada en el algoritmo de Stanford para identificar y clasificar las mutaciones.

Resultados: De las 243 muestras analizadas se observaron mutaciones de resistencia a inhibidores de integrasa en un total 58 muestras. Las mutaciones encontradas son: **E138A** (3/58), **E138K** (8/58), **E92Q** (17/58), **G118R** (1/58), **G140A** (1/58), **G140S** (5/58), **L74M** (8/58), **N155H** (13/58), **Q148H** (4/58), **Q148R** (3/58), **R263K** (4/58), **S147G** (8/58), **T66I** (1/58), **T97A** (13/58), **143C** (1/58) y **Y143R** (5/58).

Conclusiones: Este estudio revela que existe alta prevalencia de mutaciones que comprometen la eficacia de los inhibidores de integrasa de primera generación en nuestro país. Estos resultados son concordantes con los estudios realizados en Chile hasta ahora. En base a lo anterior destacamos la importancia de una vigilancia continua para el control y la administración de los recursos públicos, además del manejo óptimo de la terapia de primera línea que incluye esta familia de antirretrovirales.

Keywords: VIH, inhibidores de integrasa, genotipo, resistencia



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

P48

PREVALENCIA DEL VIRUS PAPILOMA HUMANO EN MUJERES ATENDIDAS EN LA UNIDAD DE INFECCIONES DE TRANSMISIÓN SEXUAL DEL HOSPITAL SAN JOSÉ Y SAN JUAN DE DIOS, SANTIAGO, CHILE

Montserrat Balanda Apey¹, Nicole Bruneau Leyton¹, Héctor San Martín Baró¹, Alejandro Ramírez Acharán², Ester Santander Cabello³, Eugenio Ramírez Villalobos¹

(1) Instituto de Salud Pública de Chile, Sección Virus Oncogénicos, Marathon 1000, Ñuñoa, Santiago, Chile

(2) Hospital San Juan de Dios, Sección Biología Molecular, Laboratorio Clínico, Portales 3239, Santiago, Santiago, Chile

(3) Hospital San José, Unidad de atención y control en salud sexual (UNACESS), San José 1196, Independencia, Santiago, Chile

Antecedentes: El Virus del Papiloma Humano (VPH) es la enfermedad de transmisión sexual más común a nivel mundial. El VPH está asociado a diversas patologías incluyendo: verrugas, condilomas acuminados y múltiples malignidades que afectan el epitelio escamoso, como el cáncer cervical y el cáncer anal. La prevalencia de los genotipos de VPH varía ampliamente entre los países, las poblaciones analizadas, géneros y los sitios anatómicos asociados a las infecciones virales.

Materiales y métodos: Este estudio se realizó entre febrero de 2014 y diciembre de 2023 en la zona norte y central de Santiago, Chile; enfocándose en mujeres atendidas en la Unidad de Atención y Control en Salud Sexual (UNACESS) perteneciente al Hospital San José (HSJ) y la Unidad de epidemiología del Hospital San Juan de Dios (HSJD). Se analizaron muestras de células exfoliadas de la zona anogenital de 688 mujeres, entre 18 y 80 años de edad. La detección del genoma del VPH en las muestras fue evaluada mediante Q-PCR utilizando los partidores genéricos Gp5/Gp6+. En las muestras positivas a VPH se realizó la genotipificación viral mediante PCR e hibridación reversa en línea (PCR-RLB).

Resultados: La prevalencia total de VPH en este grupo de mujeres fue del 49,9%. La prevalencia de VPH encontrada en cada establecimiento fue de 53,8% para el HSJ y de 46,2% para el HSJD, existiendo una diferencia estadísticamente significativa entre ambas prevalencias. El genoma de VPH de alto riesgo y bajo riesgo se detectó en el 37,2% y 17,2% del total de las muestras respectivamente. Los genotipos de alto riesgo más frecuentes en el HSJ fueron el VPH16, VPH59 y VPH66 y en el HSJD fueron VPH16, VPH52 y VPH66. Los genotipos de bajo riesgo más prevalentes en el HSJ fueron VPH6, VPH42 y VPH84 y en el HSJD fueron los VPH6, VPH44, VPH42 y VPH70. En el 21,1% del total de las muestras se detectaron infecciones únicas, siendo los genotipos más frecuentes VPH16 (17,2%) y VPH6 (14,1%). En el 23% del total de las muestras se detectó infecciones múltiples con diferentes genotipos de VPH, siendo la coinfección más frecuente (22,7%) de VPH6 y algún VPH de alto riesgo. Las mayores prevalencias de VPH se encontraron en los rangos de edad de 26-30 con 66,3%, 21-25 con 66,2% y 56-60 con 52,5%.

Conclusiones: Los hallazgos de este estudio aportan información epidemiológica relevante sobre la prevalencia y los genotipos circulantes en la población femenina que asiste a centros de control de infecciones de transmisión sexual (ITS) en Chile. Los resultados son esenciales para orientar las medidas de salud pública que se deben tomar en la población estudiada para la prevención de las infecciones con VPH y las patologías asociadas.

Keywords: Virus Papiloma Humano, Infecciones de transmisión sexual, Prevalencia



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

P49

PROTOCOLO DE ATENCIÓN FARMACÉUTICA EN PACIENTES VIH/SIDA Y PREP EN HOSPITAL DR. FRANCO RAVERA ZUNINO

Lucas Carrasco Martínez¹, Carla Muñoz Villarroel^{1,2}

(1) Hospital Dr. Franco Ravera Zunino, Infectología, Rancagua, Chile

(2) Hospital Dr. Franco Ravera Zunino, Unidad de Farmacia, Rancagua, Chile

Introducción: El tratamiento antirretroviral (TARV) es el pilar fundamental del control de la infección por VIH. Mantener una terapia farmacológica crónica en el tiempo, es un desafío no solo para el paciente sino también para el equipo de salud. Al ser esta una terapia permanente y dada la heterogeneidad de los pacientes, estos enfrentan diversas dificultades para seguir un régimen tan estructurado, que además no está exento de generar efectos adversos y afectar su calidad de vida. Ante esta problemática, los equipos de salud deben contar con estrategias de trabajo para intervenir de manera individualizada en los pacientes y mejorar su adherencia a la terapia. La atención realizada por el profesional químico farmacéutico, juega un rol muy relevante que impacta de manera positiva en la optimización de la TARV.

Objetivos: Estandarizar la atención farmacéutica en pacientes pertenecientes al programa VIH/SIDA y PreP a través de un protocolo, con la finalidad de mejorar la calidad de vida de los pacientes, mediante la obtención de mejores resultados clínicos cuantificables de manera cualitativa y cuantitativa.

Materiales y métodos: La elaboración de un protocolo de atención farmacéutica estandariza la atención de nuestros pacientes. Este utiliza una serie de métodos y herramientas validadas internacionalmente que facilitan la realización de esta. El protocolo contempla a los pacientes de inicio de terapia, cambios de tratamientos y seguimiento para pacientes con posible falla de TARV. Además, se implementó una guía de seguimiento farmacoterapéutico, que permite la evaluación de manera continua de la terapia farmacológica de cada uno de los pacientes, con el fin de prevenir detectar o resolver algún problema relacionado a fármacos, donde para facilitar su aplicación se diseñó un portal web de uso online, la cual a su vez es capaz de detectar interacciones farmacológicas entre cada uno de los medicamentos.

Resultados: Los datos recopilados corresponden a un total de 32 pacientes, donde en cada uno de ellos se realizó la AF en base al protocolo planteado. En las evaluaciones se detectaron un total de 41 problemas relacionados a medicamentos (PRM) entre los pacientes, de estos 23 corresponden a interacciones medicamentosas, entre la TARV y la terapia farmacológica no antirretroviral de los pacientes. Cada PRM pesquisado se resolvió de manera posterior con una intervención, por parte del equipo de salud.

Conclusiones: La implementación y desarrollo de un protocolo de atención farmacéutica enfocado en pacientes VIH/SIDA y PreP, es una herramienta eficaz, que tiene como finalidad la mejoría en la terapia farmacológica de cada uno de los pacientes, y por consiguiente mejorar en la calidad de vida de cada uno de ellos. La implementación de este protocolo permite una gestión y estandarización eficaz de cada uno de los procesos a realizar, permitiendo así un enfoque continuo y adaptativo en cada uno de los pacientes que se logran atender.

Keywords: Atención farmacéutica, VIH, Protocolo, Químico Farmacéutico

Financing: Sin financiamientos

Acknowledgments: Agradezco sinceramente a todo el equipo de infectología y farmacia del Hospital Dr. Franco Ravera Zunino, por el apoyo y colaboración otorgados en este protocolo.



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

P50

RELACIÓN ENTRE ADHERENCIA AL TRATAMIENTO ANTIRRETROVIRAL CON CONSUMO DE DROGAS, APOYO SOCIAL Y ASPECTOS SOCIODEMOGRÁFICOS EN PACIENTES CON VIH/SIDA DEL HOSPITAL REGIONAL DE TALCA

Jessica Marisol Rodríguez Cea¹, Malva Vergara¹, Liliana Nuñez¹, Jorge León^{1,2}

(1) Hospital Regional de Talca, UNACESS, 1 norte 1950, Talca, Chile

(2) Universidad Católica del Maule, Medicina, Avenida San Miguel 3605, Talca, Chile

Introducción: Actualmente el VIH/SIDA se ha convertido en una enfermedad crónica, tratable y controlable. Para un óptimo control, es necesario que los pacientes adhieran en forma correcta al tratamiento antirretroviral.

En Chile, entre los años 2020 y 2021, el Instituto de Salud Pública (ISP), confirmó 6836 nuevos casos, de estos pacientes el mayor número de diagnosticados se encuentran entre 20 - 39 años, destacando un mayor porcentaje (36 - 37%) en el grupo etario entre 20 - 29 años, misma situación visualizada en los pacientes nuevos ingresados al Programa VIH/SIDA del Hospital Regional de Talca (HRT)

Sólo el 66% de pacientes a nivel nacional ha logrado cargas virales indetectables, esto podría estar asociado a diversos factores, tales como: propios del paciente, sociales, de la enfermedad, farmacológicos y del equipo asistencial.

A raíz de lo anterior, resulta relevante analizar las variables que podrían influir en la adherencia a TARV y de esta forma, desarrollar estrategias específicas que permitan favorecerla.

Objetivos: Analizar la relación de la adherencia al tratamiento antirretroviral (TARV), con el consumo de drogas, el apoyo social funcional y aspectos sociodemográficos en pacientes de entre 20 - 29 años, que se encuentran en tratamiento antirretroviral en el Programa VIH/SIDA del Hospital Regional de Talca.

Materiales y método: Estudio cuantitativo, no experimental, transversal correlacional, aprobado por el Comité de ética del Servicio Salud Maule. La muestra estuvo conformada por pacientes de entre 20 y 29 años, del Programa VIH/SIDA del Hospital Regional de Talca que a marzo 2022 se encontraban en tratamiento antirretroviral hace mínimo 6 meses, que hablen español, sin discapacidad intelectual, ni privados de libertad, que hayan dado su consentimiento. Se aplicaron el Cuestionario simplificado de adherencia a la medicación (SMAQ), Prueba de detección de consumo de alcohol, tabaco y sustancias (ASSIST versión 3.0), Cuestionario de apoyo social funcional DUKE-UNC-11, además, se recopilaron antecedentes sociodemográficos tales como: edad, sexo, orientación sexual, escolaridad, ocupación, estado civil, año de diagnóstico, tiempo en tratamiento. Para las variables cualitativas se efectuó un análisis descriptivo y para las cuantitativas se utilizó el software estadístico SPSS, aplicándose la prueba no paramétrica de Kruskal Wallis.

Resultados: Participaron del estudio 58 personas, 91,4% hombres, 5,2% mujeres y 3,4% mujeres trans. El 10,3% resultó ser adherentes a TARV y el 89,7% no adherentes. De las personas consideradas no adherentes el 65,4% se encuentra en el rango de adherencia del 95 - 100%. La principal causa de no adherencia es el olvido de tomar alguna vez la medicación. El 89,7% de los participantes declara haber consumido al menos una vez algún tipo de droga en los últimos 3 meses, se encuentra mayor consumo de alcohol (86,2%), tabaco (53,4%), marihuana (34,5%) y cocaína (13,8%). El 89,7% considera contar con un buen apoyo social funcional, el 86,2% considera tener un buen apoyo afectivo y el 89,7% con buen apoyo confidencial. No se encontró relación entre la adherencia lograda por el paciente y la gran mayoría de las características sociodemográficas, el consumo de alcohol, otras drogas y el apoyo social funcional y sus subescalas.

Se encontró que el estado civil ($p=0,013$) y el nivel máximo de estudios ($p=0,014$) alcanzados podrían condicionar la adherencia lograda por el paciente, siendo los solteros y las personas con nivel de estudios superior los que tienen menor adherencia. Los homosexuales y bisexuales tuvieron mayor rango de adherencia, también se encontró relación del rango de adherencia con el nivel de riesgo de consumo de alcohol, tabaco, marihuana, cocaína e inhalantes, donde los pacientes con riesgo de consumo bajo tienen mejor rango de adherencia.

Conclusiones: el consumo de drogas, el apoyo social funcional y los aspectos sociodemográficos no fueron determinantes de la adherencia lograda por el grupo de pacientes estudiados, por lo cual no fue posible considerarlas como un factor predictor, sin embargo, se encontró relación entre algunas variables y el rango de adherencia que podría alcanzar cada paciente, por lo que resulta fundamental su evaluación en la planificación de estrategias que refuercen ésta.

Keywords: VIH, Antirretroviral, Adherencia, consumo de drogas, apoyo social



TRATAMIENTO ALTERNATIVO DE NEUMONÍA GRAVE POR PNEUMOCYSTIS JIROVECI: EXPERIENCIA EN UN HOSPITAL DE ALTA COMPLEJIDAD ENTRE LOS AÑOS 2022-2024

Pamela Torres Villegas¹, Daniela Guzman Duran¹, Daniela Carrasco Castillo¹, Joaquín Ramírez Herrera¹

(1) Hospital Víctor Ríos Ruiz, Los Angeles, Chile

Introducción: La neumonía por *Pneumocystis jirovecii* (PCP) es una de manifestaciones pulmonares infecciosas más frecuentes e importantes en pacientes inmunosuprimidos (con y sin infección por el virus de inmunodeficiencia humana, VIH) por la morbimortalidad asociada, con una mortalidad descrita de hasta 30%. El tratamiento de primera línea consiste en cotrimoxazol endovenoso en dosis altas, para el cual se han reportado efectos adversos medicamentosos (RAM) mucocutáneos, neurológicos, hematológicos, renales y endocrino-metabólicos, entre ellos algunos potencialmente mortales como reacciones por hipersensibilidad cutánea (síndrome de Stevens-Johnson, necrosis epidérmica tóxica), toxicidad medular, úlceras orales, meningitis aséptica, hiperkalemia e hipoglicemia. Las alternativas de segunda línea de tratamiento son primaquina más clindamicina, atovaquone, dapsona más primaquina o pentamidina, poco disponibles en Chile. Existe literatura reportada que refuerza la utilidad de equinocandinas combinadas con cotrimoxazol y/o clindamicina. Se presenta a continuación una serie de casos de pacientes tratados con anidulafungina y clindamicina endovenosa en pacientes que presentaron RAM grave a la terapia de primera línea.

Objetivos: Describir un tratamiento alternativo de neumonía grave por PCP en un centro sin disponibilidad de terapia alternativa ante reacción adversa como salvataje, en el Hospital Víctor Ríos Ruiz de Los Angeles entre los años 2022 y 2024.

Material y métodos: Estudio retrospectivo, descriptivo, de casos reportados entre enero 2022 y agosto 2024 que presentaron neumonía grave por PCP. Se obtuvieron datos microbiológicos, clínicos y epidemiológicos desde ficha electrónica y laboratorio.

Resultados: Se analizaron 3 casos de pacientes con neumonía grave por *P.jirovecii* hospitalizados en unidad de cuidados intensivos de un hospital terciario, tratados con anidulafungina y clindamicina como alternativa a la terapia estándar. El rango de edad abarcaba entre 23-74 años (media 50.3 años), todos hombres, dos de ellos de nacionalidad venezolana. Dentro de sus comorbilidades presentaban dislipidemia, linfoma no Hodgkin en quimioterapia de segunda línea, 2 de ellos tenían diagnóstico de infección por VIH, uno de ellos con terapia antirretroviral, el otro paciente estaba en espera de confirmación por ISP. El tercer paciente cursó con neumonía grave por COVID, con requerimiento de ventilación mecánica invasiva, bloqueo neuromuscular, prono y corticoides en dosis altas; posteriormente evoluciona con neumonía por PCP. Todos ellos tuvieron el diagnóstico confirmado con PCR de PCP en lavado broncoalveolar.

Los tres pacientes cursaron con reacción adversa mucocutánea asociado a eosinofilia posterior al inicio de cotrimoxazol, fueron evaluados por inmunología, sin posibilidad de desensibilización en agudo, y al no contar con dapsona, caspofungina ni primaquina en nuestro centro se indicó terapia con anidulafungina y clindamicina. A la fecha, 2 de los pacientes están vivos (66,6%). El tercer paciente cursó con infección fúngica invasora, absceso de ganglio cervical e hipercalcemia maligna, falleciendo a los 20 días de finalizar terapia antimicrobiana.

Conclusiones: La terapia con equinocandina y clindamicina se ha descrito como tratamiento de salvataje en pacientes con neumonía por PCP y RAM severa al cotrimoxazol; y ante la falta de disponibilidad de terapia de segunda línea parece ser un esquema razonable, aunque con poca evidencia. Se ha descrito en la literatura su uso ante RAM a primaquina, con una equinocandina en monoterapia o en combinación con otros agentes como clindamicina. En algunas series se comparan los niveles de beta D glucano como predictor del éxito del tratamiento y su seguimiento para evaluar la respuesta del paciente a éste.

Las equinocandinas tienen un perfil de seguridad razonable y pueden ser consideradas como terapia de salvataje luego del fallo o intolerancia a terapia de primera o segunda línea, aunque se recomienda su uso en combinación con otro antimicrobiano basado en su mecanismo de acción.

Keywords: inmunosuprimidos, Neumonia, *Pneumocystis jirovecii*, Cotrimoxazol, Anidulafungina

**CARACTERIZACIÓN CLÍNICA Y MICROBIOLÓGICA DE ENFERMEDADES FÚNGICAS INVASIVAS EN PACIENTES CON NEOPLASIAS HEMATO-ONCOLÓGICAS EN UN CENTRO DE ALTA COMPLEJIDAD DE PARAGUAY**

Miguel Angel Montiel Alfonso ^{1,2}, Jorge Ávalos Larroza ^{1,2}, Mauricio Dos Santos García ^{1,2}, Santiago Troche Von Glasenapp ^{1,2}, José García Machado ^{1,2}

(1) Hospital Central del Instituto de Previsión Social, Departamento de Medicina Interna, Servicio de Clínica Médica I., Asunción, Paraguay

(2) Universidad Católica Nuestra Señora de la Asunción, Departamento de Postgrado, Facultad de Ciencias de la Salud, Asunción, Paraguay

Introducción: Las enfermedades fúngicas invasivas (EFI) representan una causa importante de morbilidad y mortalidad en pacientes con neoplasias hematológicas y trasplantes de progenitores hematopoyéticos, ya que producen infecciones graves, además de generar un consumo elevado de recursos para su prevención, diagnóstico y tratamiento. La disponibilidad de datos es variable, siendo especialmente escasa en los países en vías de desarrollo. En el caso de América Latina en particular, existe una muy escasa literatura científica respecto a la epidemiología de los diferentes tipos de EFI en pacientes hemato-oncológicos adultos.

Objetivo: Realizar una descripción clínica y microbiológica de los episodios de Enfermedad Fúngica Invasiva en pacientes adultos con neoplasias hemato-oncológicas en un centro de alta complejidad, de Asunción-Paraguay, para generar datos locales y actualizar los datos regionales.

Materiales y métodos: Estudio descriptivo, retrospectivo, de cohorte, realizado en el Hospital Central del Instituto de Previsión Social, Asunción-Paraguay, entre julio de 2022 hasta junio de 2024. La población estuvo conformada por pacientes adultos mayores de 18 años, portadores de una neoplasia hemato-oncológica o que hayan presentado un antecedente de trasplante de progenitores hematopoyéticos, quienes hayan presentado una enfermedad fúngica invasiva probada o probable. Para el diagnóstico micológico se utilizaron protocolos estandarizados. Las muestras de tejidos fueron analizadas por el servicio de Anatomía Patológica de la institución empleándose tinciones de hematoxilina y eosina, PAS y Gomori-Grocott para identificar elementos fúngicos. Se utilizó el programa SPSS para el análisis estadístico. Las variables categóricas se informaron mediante la frecuencia absoluta y porcentaje; para las variables continuas se utilizaron medidas de centralidad y dispersión adecuadas según la distribución de las variables.

Resultados: Se identificó un total de 34 pacientes quienes cumplieron con los criterios de inclusión, donde la mayoría estuvo representada por mujeres. Las neoplasias más frecuentes fueron leucemia mielooblástica aguda y linfoma no Hodgkin, en su mayoría asociadas al debut o a la inducción. El 35.2% había recibido un trasplante progenitor hematopoyético, predominantemente alogénico (TPH). La mayoría recibía profilaxis antifúngica, con una mediana de días desde el inicio de la profilaxis hasta la EFI de 22, siendo similar entre hongos filamentosos (HF) y levaduriformes (HL). Los factores de riesgo más frecuentes fueron el uso de antimicrobianos en los últimos 30 días, la quimioterapia reciente, la presencia de catéter venoso central y dosis altas de corticoides. Un gran porcentaje de pacientes presentó neutropenia profunda y prolongada, encontrándose más frecuentemente en aquellos con EFI por HF. Las etiologías más comunes de las EFI fueron aspergilosis invasiva de localización pulmonar y fungemias por *Candida parapsilosis*. Los patrones tomográficos más frecuentes en las aspergilosis pulmonares fueron infiltrado alveolar y vidrio esmerilado. Los senos paranasales más afectados fueron los senos maxilar y esfenoidal. La mayoría de los pacientes recibió tratamiento con voriconazol. La tasa de mortalidad intrahospitalaria fue de 17.6%; de los cuales el 83.3 tuvo como EFI a la aspergilosis invasiva.

Conclusiones: Las EFI presentan características diferentes con base a los factores de riesgo del paciente y de los antimicrobianos disponibles en cada centro o región. Se deben plantear nuevas estrategias epidemiológicas que conduzcan a aumentar la profilaxis más apropiada para las especies fúngicas que predominan en cada institución de salud. Por lo anterior, el conocimiento de estas micosis, su diagnóstico e instauración precoz del tratamiento permitirán disminuir las tasas de morbilidad y mortalidad a nivel nacional y regional.

Keywords: enfermedad fúngica invasora; neoplasias hematológicas, neutropenia febril, infectología

Financing: Proyecto autofinanciado por los autores

Acknowledgments: Agradecimientos cordiales a los servicios de Infectología y Hematología Adultos del Hospital Central del Instituto de Previsión Social



CARACTERIZACIÓN DE CANDIDEMIAS EN LA PROVINCIA DEL BIOBIO EN LOS ÚLTIMOS 8 AÑOS

Pamela Torres Villegas ¹, Daniela Guzman Duran ¹, Daniela Carrasco Castillo ¹, Joaquin Ramirez Herrera ¹

(1) Hospital Victor Rios Ruiz, Los Angeles, Chile

Introducción: La infección del torrente sanguíneo por *Candida* (candidemia) es la candidiasis invasora más grave; afecta pacientes con mecanismos de defensa alterados y está dentro de los patógenos más frecuentes en unidades de paciente crítico (UPC).

Candida albicans es la especie más prevalente, sin embargo, las infecciones por *Candida* no *albicans* han ido aumentando, incluyendo *Candida parapsilosis*, *Nakaseomyces glabratus* y *Candida auris*.

Existen factores de riesgo como trasplante; enfermedad oncohematológica, ingreso a UPC, cirugía, nutrición parenteral o dispositivos intravasculares.

Su diagnóstico es desafiante y el tratamiento es complejo por resistencias intrínsecas entre las distintas especies de *Candida*.

Objetivo: El objetivo de esta revisión es describir la epidemiología de las candidemias en un hospital de alta complejidad en un periodo de 8 años, conocer especies involucradas e identificar sus cambios, características de los pacientes, su evolución, y susceptibilidad antifúngica.

Material y método: Se realizó una revisión retrospectiva descriptiva en el Hospital Víctor Ríos Ruiz de Los Ángeles, se evaluaron desde el laboratorio de microbiología los hemocultivos con desarrollo de *Candida* spp desde 01/2016 a 12/2023. A partir de los hemocultivos se analizaron las historias clínicas.

Resultados: Se obtuvieron 66 muestras, de las cuales hubo 27 *C.albicans* (40.9%), 38 *C.no albicans* (57.5%); 1 caso era género distinto de *Candida* (*Kefyr*). Las especies de *C.no albicans* más frecuentemente identificadas fueron *C.parapsilosis* y *N.glabratus*. Entre otras especies identificadas se incluyeron *C.orthopsilosis*; *C.lusitaniae* y *Pichia kudriavzevii*.

El promedio de edad fue 55.3 años (0-91 años), 30 hombres (45.4%). Del total, 32 pacientes (48,4%) estuvieron en UPC.

Dentro de las etiologías de la candidemia, la más frecuente fue infección del torrente sanguíneo asociada a catéter venoso central (27 casos, 40.9%). La segunda etiología más frecuente fue de foco abdominal (17 casos, 25,1%) por perforación de víscera hueca o pancreatitis aguda. Otras causas incluyeron endocarditis infecciosa y absceso cervical.

Entre las comorbilidades asociadas, 31 pacientes (46.9%) eran diabéticos; 42 hipertensos (63.6%) y 21 (31.8%) presentaban inmunocompromiso (definido como neoplasia activa, quimioterapia, cirrosis hepática, enfermedad renal crónica, enfermedad autoinmune, trastorno por abuso de alcohol).

De las susceptibilidades no hubo patrones de resistencia a los antifúngicos testeados; hubo 9 aislamientos clasificados como sensible dosis dependiente a fluconazol, todos correspondientes a *N.glabratus* (no tiene definida la categoría susceptible).

De los 66 pacientes, a la fecha se registraron 45 fallecidos (68.1%). La mortalidad a 30 días desde el inicio de la terapia fue de 43.9%.

Discusión: Esta es la primera revisión que describe incidencia, distribución de especies y susceptibilidad en pacientes con candidemia en la provincia del Biobío.

La incidencia de candidiasis invasora ha ido aumentando en los últimos años, dado por el aumento de cirugías complejas; trasplantados, presencia de dispositivos intravasculares e inmunosuprimidos. La incidencia es aproximadamente 20 infecciones por 10.000 egresos.

Se observa un cambio en la epidemiología, con un aumento de infecciones por especies de *C. no albicans*, siendo complejo por su impredecible susceptibilidad a los antifúngicos.

Nuestra revisión confirma el cambio epidemiológico, con un aumento de las especies de *C. no albicans*, sin embargo, dichas cepas mantienen su susceptibilidad. En relación a la distribución de estas especies predomina *C.parapsilosis*, dado por un brote en un centro de diálisis; lo que coincide con el foco identificado de las candidemias. La cirugía abdominal como factor de riesgo se ha demostrado extensamente; coincidiendo con la segunda causa más frecuente en nuestra cohorte.

A pesar de los avances en la terapia, la mortalidad de las candidemias siendo elevada. En nuestra casuística fue mayor a otro estudio hecho en Chile, pero similar a otros estudios en Latinoamérica.

Esta revisión cuenta con limitaciones, representan una realidad en un sólo hospital, no es representativo de la región ni del país; y no se evaluó la presencia de factores de riesgo clásicos como nutrición parenteral. El número de pacientes es pequeño, sin embargo, permite abarcar un importante número de años, pudiendo reflejar la tendencia actual en la provincia.

Keywords: Candidemia, Candida

Financing: Ninguno

**SERIE DE 13 CASOS DE MUCORMICOSIS RINO – ORBITO – CEREBRAL (MROC) EN EL HOSPITAL DR. FRANCO RAVERA ZUNINO (HFRZ) EN 10 AÑOS.****Benjamin Puente Martinez**¹, Sonia Correa Fuentes², Cristian Matamoros Rojo¹

(1) Hospital Dr. Franco Ravera Zunino, Cirugía Maxilofacial (2) Hospital Dr. Franco Ravera Zunino, Infectología

Introducción: La MROC es una infección fúngica potencialmente mortal en pacientes inmunocomprometidos. El causante es el *Mucor spp*, un hongo filamentoso de la familia *Mucorales*. Entre los factores predisponentes, el 60 – 80% de los casos se da en pacientes con cetoacidosis diabética (CAD). Desde el año 2000 la incidencia mundial se incrementó, en Chile es la tercera infección por hongos más frecuente y hubo un aumento en la frecuencia de pacientes atendidos en HFRZ de Rancagua, Chile.

Objetivos: Se presenta un estudio retrospectivo de pacientes con diagnóstico confirmado de MROC en periodo del año 2014 al 2024 en el HFRZ con el objetivo de identificar síntomas y signos, factores de riesgo en común, su evolución clínica, diagnóstico etiológico y tratamiento.

Material y método: Se incluyó a los pacientes diagnosticados con MROC con biopsia y estudio histopatológico. Se analizaron las fichas clínicas físicas y electrónicas del hospital y de centros de salud primarios. Se registraron los siguientes fechas claves: (1) inicio de síntomas, (2) ingreso al sistema de salud, (3) ingreso al HFRZ, (4) comienzo hospitalización, (5) desenlace (alta o muerte) y (6) toma de biopsia. Se identificaron las siguientes variables: sexo, edad, comorbilidades, signos y síntomas, procedimientos terapéuticos, efectos, mortalidad y secuelas.

Resultados: Se identificaron 13 pacientes, 7 hombres y 6 mujeres. Con rango de edad de 46 a 75 años, promedio de 62 años. Todos los pacientes padecían Diabetes Mellitus Tipo 2 (DMT2), 11 pacientes presentaban HTA, 2 pacientes tenían cardiopatía coronaria, 1 paciente tenía asma y 1 paciente con daño hepático crónico. Todos tenían la glicemia fuera de rango, 12 con hiperglicemia y 1 diagnosticado con CAD, rango de glucosa de 132 a 743 mg/dL, promedio de 251 mg/dL. Todos los pacientes eran de la VI región. Los signos y síntomas se dividieron en oculares, faciales y otros. Dentro de los oculares, los más frecuentes fueron la paresia ocular en 6 pacientes y la anisocoria en 5 pacientes. En los faciales, el más frecuente fue el dolor con 8 pacientes y la cefalea con 6 pacientes. En la categoría de otros, el más frecuente fue la tos en 2 pacientes. Se realizaron 18 TAC en 13 pacientes. 9 mostraban indemnidad de los tejidos y 9 mostraban algún tipo de cambio inflamatorio infeccioso. En 5 AngioTAC los resultados fueron normales. Se realizaron 12 Resonancias Magnéticas: 3 mostraron normalidad y 9 exámenes evidenciaron compromiso infiltrativo infeccioso o isquémico. Se les realizó toma de biopsia y estudio histopatológico a todos los pacientes; 3 pacientes cuentan con cultivo positivo. A 12 pacientes se le realizó terapia médica para estabilizar comorbilidades y terapia con Anfotericina B liposomal o deoxycolato, a 8 pacientes se le realizó tratamiento quirúrgico. Se realiza análisis de la historia de atención: los pacientes acudieron al centro de salud primario en un promedio de 9,2 días, con un rango de 2 a 22 días. La mayoría de los pacientes (n=6) fueron tratados inicialmente en centros de salud primarios, pero fueron referidos al HFRZ y 3 pacientes llegaron directo al hospital. El tiempo entre la primera consulta y el ingreso al HFRZ fue de 3,3 días en promedio, con un rango de 0 a 8 días. La duración de la hospitalización varió de 1 a 61 días, con un promedio de 18,3 días. Los pacientes que fallecieron (46,2%, n=6) lo hicieron en un promedio de 12,6 días, con un rango de 1 a 39 días. Por otro lado, los pacientes que sobrevivieron (23,1%, n=3) tuvieron una hospitalización promedio de 29,3 días, con un rango de 2 a 61 días. La confirmación diagnóstica de mucormicosis ocurrió en promedio 1,4 días después del ingreso al HFRZ, con un rango de 0 a 3 días, utilizando técnicas de biopsia rápida y análisis histopatológico. 3 pacientes sin análisis de ficha.

Conclusiones: Los signos y síntomas iniciales son similares a los de la celulitis periorbitaria y la sinusitis, por lo que suele ser confundida hasta sus estadios tardíos. El diagnóstico temprano es un gran desafío para los profesionales, por su progresión rápida y potencialmente mortal. Es necesario instaurar un protocolo de exámenes complementarios y realizar la combinación de tratamiento médico y quirúrgico precoz, que aumenta la tasa de supervivencia. Hay que recalcar que el factor de riesgo más importante es una glicemia fuera de rango, se debe sospechar de esta infección en pacientes con DMT2 con celulitis periorbitaria y/o sinusitis de rápida evolución.

Keywords: Mucormicosis, Serie de casos, Mucormicosis rino-orbito-cerebral, Infección Fúngica

Financing: Autofinanciamiento

Acknowledgments: Al Dr. Matamoros y a la Dra. Correa por toda la guía entregada y a toda la gente del Hospital Dr. Franco Ravera Zunino que aportó para este trabajo.



Area: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

P55

CAMBIOS EN LOS PERFILES DE SUSCEPTIBILIDAD ANTIMICROBIANA DE E. COLI Y ENTEROCOCCUS SP. INTESTINALES TRAS EL TRATAMIENTO DE LA INFECCIÓN POR HELICOBACTER PYLORI EN ADOLESCENTES.

Marcela Villegas^{1,2,8}, Miguel O'Ryan³, Camila Cabrera³, Yalda Lucero³, Lilian Fernandez⁵, Sergio George⁴, Beatriz Zavala⁶, Jennifer Obando⁷, Mónica Pavez^{1,8}

- (1) Centro de Excelencia en Medicina Traslacional, CEMT-BIOREN, Universidad de La Frontera, Temuco, Chile.
- (2) Doctorado en Ciencias mención Biología Celular y Molecular Aplicada, Universidad de La Frontera.
- (3) Programa de Microbiología y Micología, Instituto de Ciencias Biomédicas, Universidad de Chile.
- (4) Departamento de Pediatría y Cirugía Pediátrica, Hospital Luis Calvo Mackenna. Facultad de Medicina, Universidad de Chile.
- (5) Departamento de Pediatría y Cirugía Infantil, Universidad de La Frontera
- (6) Universidad de Aysén
- (7) Servicio de Salud Aysén
- (8) Laboratorio de Investigación en Microbiología Clínica.

Introducción: *Helicobacter pylori* es una bacteria Gram negativo que puede infectar de forma crónica el estómago humano y está vinculada a diversas enfermedades gástricas. En América Latina, su prevalencia es especialmente alta en niños y adolescentes, en gran parte debido a factores socioeconómicos y sanitarios, lo que aumenta el riesgo de complicaciones a largo plazo. El tratamiento estándar para su erradicación incluye terapias combinadas de inhibidores de la bomba de protones (IBP) y antibióticos como amoxicilina, claritromicina, metronidazol, levofloxacino y/o tetraciclina por 2 semanas. La exposición a estos antimicrobianos puede alterar la microbiota intestinal y favorecer la selección de cepas resistentes. Este estudio tiene como objetivo analizar los cambios en los perfiles de susceptibilidad antimicrobiana de aislamientos fecales de *E. coli* y *Enterococcus* sp. en adolescentes antes y después de un tratamiento de erradicación de *H. pylori*.

Metodología: Se recolectaron 3 muestras de heces de 26 adolescentes en 3 etapas: Grupo 1 (previo al tratamiento de *H. pylori*), Grupo 2 (un mes después del tratamiento) y Grupo 3 (seis meses después del tratamiento). Las muestras fueron sembradas en diferentes medios selectivos para *E. coli* y *Enterococcus* sp., y se evaluó el perfil de susceptibilidad de cada aislado mediante el método de Kirby Bauer, siguiendo las pautas de CLSI. La expresión de betalactamasas AmpC se detectó usando el método de sinergismo con ácido borónico. Los resultados se analizaron con el Test Exacto de Fisher.

Resultados: Se aisló *E. coli* en 78% de las muestras obtenidas, con 100% de susceptibilidad a cefalosporinas de 3° y 4° generación, carbapenémicos y aminoglucósidos en todos los grupos de estudio. Se observó una tendencia a la disminución de susceptibilidad a ampicilina (AMP), ampicilina-sulbactam (SAM) y amoxicilina-ácido clavulánico (AUG) entre los grupos 1 y 2, que se revierte post seis meses de tratamiento, salvo para AUG que mantuvo la susceptibilidad disminuida ($p=0,046$). Se confirmó la expresión de AmpC en todos los aislamientos resistentes a AMP, SAM y AUG. *Enterococcus* sp., se aisló en 85% de los pacientes. Solo se observó 100% de susceptibilidad a teicoplanina en todos los grupos de estudios. Se detectó una disminución de susceptibilidad estadísticamente significativa a la vancomicina al comparar los grupos 1 y 2 ($p=0,021$), que se revierte post seis meses de tratamiento. Sin embargo, también se observó una disminución de susceptibilidad para linezolid, gentamicina y ciprofloxacino que fue persistente post seis meses de tratamiento ($p<0,05$).

Conclusión: Para *E. coli*, se observaron cambios en el perfil de susceptibilidad solo para Penicilinas e inhibidores de betalactamasas, probablemente asociado al aumento de expresión de AmpC en relación con el uso de amoxicilina en estos pacientes. Sin embargo, la exposición a antibióticos en *Enterococcus* sp. afecta la susceptibilidad a antimicrobianos de manera mucho más significativa, produciendo perfiles de multiresistencia que se mantuvieron durante el período de estudio.

Financiamiento: FONDECYT REGULAR 1220964, DIUFRO DI24-0078

Keywords: Susceptibilidad antimicrobiana, *E. coli*, *Enterococcus* sp., *Helicobacter pylori*

Financing: Fondecyt Regular 1220964DI24-0078 (DIUFRO, 2024)

Acknowledgments: Laboratorio de Investigación en Microbiología Clínica (LIMC-CENT-UFRO). Programa de Doctorado en Ciencias mención Biología Celular y Molecular Aplicada.



Area: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

P56

CARACTERÍSTICAS Y DESENLACE DE BACTERIEMIAS POR BACILOS GRAM NEGATIVOS PRODUCTORES DE CARBAPENEMASAS EN UN HOSPITAL PÚBLICO CHILENO.

Demian Ignacio Martínez Pardo², Felipe Andrés Bravo Bravo¹, Alejandra Gavrilovics¹, Michel Serri¹, Lorena Rodríguez Alarcón¹, Alejandra Céspedes¹, Catalina Gutierrez Ruiz¹

(1) Hospital San Juan de Dios, Servicio de Medicina Interna, Unidad de Infectología, Huérfanos 3255, Santiago, Chile.

(2) Universidad de Chile, Medicina Interna Occidente, Medicina, Independencia 1027, Santiago, Chile

Introducción: Las infecciones por bacilos gram negativos productores de carbapenemasas (BGN-CP) representan un desafío terapéutico, albergando una elevada morbilidad y costos a los sistemas de salud. El auge de la resistencia antimicrobiana con el uso sostenido de antibióticos exige conocer la realidad local en términos descriptivos a nivel microbiológico y clínico para poder actualizar y orientar las directrices en el manejo antibiótico hospitalario.

Objetivos: Describir las características generales de bacteriemias asociadas a BGN-CP, hospitalizados en un centro de alta complejidad, terapias antimicrobianas prescritas, desenlace clínico y sobrevida.

Metodología: Se revisaron los registros de pacientes adultos mayores de 18 años con bacteriemias BGN-CP internados en el Hospital San Juan de Dios (Santiago, Chile) entre 2021 al 2023. Se registraron antecedentes demográficos generales de los pacientes y condiciones como cirugía u hospitalización previa en últimos 6 meses, inmunosupresión y falla renal. En cuanto al tratamiento antimicrobiano, se definió como apropiado si el paciente recibió al menos un antimicrobiano activo in vitro durante el curso de la infección, ya sea en monoterapia o uso combinado, y su duración. Se registró si hubo control de foco infeccioso primario como origen de bacteriemia si correspondía, por ejemplo: aseo quirúrgico o drenaje de colección, retiro de catéter infectado. Se documentó el desenlace luego del tratamiento: falla clínica a 14 días de inicio de terapia (muerte o falta de mejoría clínica y/o microbiológica), shock séptico o falla renal nueva con diálisis durante o posterior a tratamiento, mortalidad a 30 días de diagnóstico. En caso de ocurrencia de más de un episodio de bacteriemia por paciente, se registró solo el primero. El manejo de la base de datos y análisis se realizó utilizando estadística descriptiva Excel y Stata.

Resultados: Se incluyeron 40 pacientes, hombres 67,5%, edad media 58,5 años (DS $\pm$ 16,64). Del total de pacientes, un 32,5% había tenido una hospitalización en los últimos 6 meses previo a la hospitalización actual, un 45% tenía una condición de inmunosupresión, 40% presentó falla renal durante su estadía y un 22,5% requirió hemodiálisis, 7,5% requiriéndola durante el tratamiento antibiótico. Los microorganismos con más frecuencia aislados fueron: *Klebsiella pneumoniae* 82,5%, *Enterobacter cloacae* 5%, *Pseudomonas aeruginosa* 5%, *Morganella morganii* 2,5%, *Proteus mirabilis* 2,5% y *Proteus vulgaris* 2,5%. Los mecanismos de resistencia más frecuentes fueron KPC 82,5%, NDM 17,5%. Se logró constatar el foco infeccioso en un 57,5% de los casos, lo más frecuentes: foco abdominal 20%, respiratorio 15%, secundario a dispositivos 12,5% y partes blandas y urinario 5% respectivamente. Un subgrupo de pacientes cursó con una nueva infección por BGN-CP, siendo el 12,5% por el mismo microorganismo y 12,5% por otro agente, con un 10% presentando una infección por un foco diferente a la inicial. Dentro del nivel de hospitalización, el lugar de origen más común de la bacteriemia fue UCI quirúrgica 35%, seguido de sala básica 22,5%, intermedios 20%. Respecto al tiempo de desarrollo de la bacteriemia desde el ingreso hospitalario, la mediana fue de 24 días con rango (0-160 días, DS $\pm$ 38,03).

El tratamiento empírico fue adecuado en un 15% de los pacientes dado que incluía amikacina, donde un 20% de los pacientes recibió un tratamiento ajustado en las primeras 24 horas de la infección, 7,5% entre 24-48 horas y 62,5% después de 48 horas, siendo ceftazidima/avibactam (CAZ/AVI) recibido por 62,5% de los pacientes y en 5% en combinación con aztreonam. Del total de 40 pacientes un 57,5% falleció durante su hospitalización y un 62,5% a los 30 días.

Conclusiones: Existe una elevada mortalidad secundaria a bacteriemias por BGN-CP, siendo las CP KPC dentro de los mecanismos enzimáticos más frecuentes en nuestro medio. Existe un retraso no menor en el inicio de terapia antimicrobiana adecuada lo que podrá plantear la necesidad de evaluar los protocolos antibióticos empíricos en ciertos grupos de pacientes (colonizados, inmunosuprimidos).

Keywords: Carbapenemasas, bacilos gram negativos, antibióticos, desenlace clínico

Financing: Sin financiamiento



CARACTERIZACIÓN DE BACTERIEMIAS Y PRÁCTICAS DE DESESCALADA EN 13 HOSPITALES PÚBLICOS DE CHILE: RESULTADOS DEL PPS CHILENO 2022-2023

Mirta Acuña Ávila ^{1,2}, Dona Benadof ^{1,2}, Paola Lichtenberger ⁶, Tania Herrera Martínez ⁴, José Pablo Díaz-Madriz ⁶, José Luis Busto Mejías ⁶, Francisco Zamora ⁵, Ruth Rosales ⁵, Maria Alejandra Lobos Floody ⁹, Loreto Rojas ³, Rodrigo Orellana Bravo ⁸, Ricardo Soto ⁷, Catalina Gutiérrez ¹⁰

- (1) Universidad de Chile, Pediatría, Medicina, Chile
- (2) Hospital de Niños Roberto del Río, Chile
- (3) Hospital Regional de Puerto Montt, Puerto Montt
- (4) Ministerio de Salud, Chile
- (5) Hospital Barros Luco
- (6) OPS
- (7) Hospital de Angol
- (8) Hospital de Peñaflor
- (9) Hospital de Castro
- (10) Hoapital San Juan de Dios

Introducción: La resistencia a los antimicrobianos (RAM) es una preocupación mundial. La recopilación de datos y la implementación de intervenciones para optimizar el uso de antimicrobianos (AM) tiene un potencial significativo para reducir la RAM. No hay información en la región de América Latina sobre cómo los prescriptores están utilizando los datos de los resultados positivos de los hemocultivos para reducir la AM. Presentamos un subanálisis del Latin-PPS 2022-2023 realizado en Chile, que incluye la caracterización de la bacteriemia y las prácticas de reducción de la intensidad.

Métodos: 13 hospitales públicos chilenos se unieron al grupo Latin-PPS, invitados por el Ministerio de Salud de nuestro país, contando con las autorizaciones de los respectivos Directores y comités de ética. Este PPS se basó en la metodología PPS de la OMS. Cada hospital realizó una encuesta en la que se recopilaban datos diarios de las prescripciones de AM por sala entre los años 2022 y 2023. Incluimos solo a los pacientes que recibieron AM relacionados con una bacteriemia documentada. El propósito de este estudio es describir los agentes etiológicos que causaron bacteriemia, el uso de AM y comparar el resultado del hemocultivo con la prescripción adecuada de AM.

Resultados: El PPS chileno incluyó 3.342 camas, donde se administraron 1.302 tratamientos de AM y se administraron 1.928 AM, con una prevalencia nacional de uso de AM de 38,84%. La bacteriemia es el sexto diagnóstico más común relacionado con el uso de AM y corresponde al 3,76%. Encontramos 49 episodios de bacteriemia, 9 ocurrieron en UCI. El agente etiológico más común fue *Staphylococcus aureus* (16/49), seguido de *Staphylococcus coagulasa negativo* (7/49), *K. pneumoniae* (6/49), *E. coli* y *P. aeruginosa* (5/49 cada una). 37/49 (75,5%) bacteriemias tenían un organismo que coincidía con un AM apropiado, dentro de éstos los más prescritos fueron: cefazolina (16%), vancomicina (14%), amikacina (11%), cloxacilina (11%) y linezolid (11%). 10 de los episodios de bacteriemia perdieron una oportunidad de desescalada y 7 posiblemente representaron contaminaciones en las que se podría suspender el AM.

Conclusión: La prescripción de AM en pacientes hospitalizados en Chile es menor en comparación con otros países de bajos y medianos ingresos. Encontramos oportunidades para optimizar la administración de antibióticos al reducir o detener la administración de antibióticos cuando los resultados de los hemocultivos están disponibles en casos de bacteriemia. Planeamos recomendar la implementación de estrategias basadas en evidencia que apunten a reducir la administración de antibióticos a un régimen más específico mediante auditoría y retroalimentación respaldada con pautas. También para generar conciencia sobre la posibilidad de contaminación cuando los hemocultivos aíslan *Staphylococcus coagulasa negativos* como una oportunidad para suspender los antimicrobianos. PPS es un método eficaz para detectar hábitos de prescripción de antimicrobianos y priorizar las actividades de administración de antimicrobianos con datos locales.

Keywords: PPS, PROA, Resistencia antimicrobiana, antimicrobianos, bacteriemia

Financing: No hubo

Acknowledgments: Agradecemos a los equipos PROA que trabajaron en la realización de este PPS

**DESARROLLO DE UN PUNTAJE DE CALIDAD PARA EVALUAR LA IMPLEMENTACIÓN DE PROGRAMAS DE OPTIMIZACIÓN DE ANTIMICROBIANOS EN CHILE**

Emilia Infante¹, María Spencer-Sandino², Ruth Rosales³, Tomás Reyes⁴, Kasim Allel⁵, José M. Munita¹, Eduardo A. Undurraga²

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

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

(3) Hospital Barros Luco.

(4) Departamento de Enfermedades Infecciosas del Adulto, Facultad de Medicina, P. Universidad Católica de Chile.

(5) Health Economics Research Centre, Oxford, Nuffield Department of Population Health, University of Oxford, UK.

Introducción: La resistencia antimicrobiana (RAM) es una crisis de salud pública en crecimiento en Chile, impulsada por el uso inadecuado de antibióticos, que aumenta la morbilidad y los costos para el sistema de salud. El Plan Nacional Contra la RAM en Chile establece la creación de Programas de Optimización de Antimicrobianos (PROA) en hospitales de mediana y alta complejidad para mitigar este riesgo. Es importante comprender los principales desafíos en la implementación efectiva y desempeño de estos programas, para facilitar su mejora continua, y asegurarse que las prácticas estén alineadas con las recomendaciones y estándares nacionales e internacionales.

Objetivo: Desarrollar una métrica estandarizada (puntaje de calidad, 'QS') para evaluar la calidad de implementación de los PROA en hospitales que fue construida con base en sistemas de puntuación publicados siguiendo Ashiru-Oredope et al. (2019), Howard et al. (2015), Buyle et al. (2013), Pollack et al. (2016) y Fabre et al. (2023), e identificar los factores asociados a puntuaciones QS más altas.

Métodos: Usamos datos de una encuesta nacional pseudo-randomizada por clústeres de complejidad hospitalaria y geografía realizada en 2023 a 153 coordinadores de programas PROA en hospitales de Chile. A partir de la revisión de la literatura internacional, se construyó un puntaje de calidad QS basado en los elementos centrales de un PROA efectivo y se aplicó para evaluar la implementación de los PROA en hospitales en Chile. Usamos estadísticas descriptivas y modelos de regresión lineal múltiple para identificar los factores asociados a mayores puntajes QS. Los principales factores evaluados fueron la complejidad del hospital (definida por la capacidad total de camas, disponibilidad de camas de cuidados críticos, recursos de profesionales de la salud –incluyendo especialidades y subespecialidades médicas– y el rango de intervenciones clínicas ofrecidas, como procedimientos invasivos y capacidad quirúrgica), el nivel socioeconómico de la municipalidad (Pobreza Multidimensional 5 dimensiones), las políticas de autorización de antimicrobianos y el tiempo de funcionamiento (en años) del programa PROA.

Resultados: El puntaje QS se basó en seis elementos clave de un PROA efectivo, según la literatura internacional: (i) liderazgo institucional, (ii) coordinación y supervisión, (iii) apoyo farmacéutico, (iv) educación continua, (v) participación de especialistas en enfermedades infecciosas, y (vi) seguimiento y evaluación. El puntaje varía de 0 a 30, siendo 30 el de mayor calidad. De los 153 hospitales, 99 (64,7%) tenían un PROA activo, con un QS promedio de 15.93 (IQR = 11, 20). Los QS más altos se encontraron en hospitales de alta complejidad (QS = 18.4 vs 9 en baja complejidad, Chi2 test $p < 0.001$). La regresión sugiere que los PROA con más de cinco años lograron en promedio 3.82 puntos más que los de menor duración ($\beta = 3.82$, $p = 0.02$). También, un mayor control de antimicrobianos se asoció a mejor QS ($\beta = 0.091$, $p = 0.02$). Se realizó una regresión logística para analizar la probabilidad de implementar un PROA considerando recursos, complejidad y factores organizacionales.

Conclusión: Los resultados muestran que los hospitales con mayor complejidad y programas PROA más antiguos tienen mejores puntajes QS, indicando una mejor implementación. Los hospitales con más de cinco años de PROA y los de alta complejidad destacaron con mayores QS. La implementación de PROA varía según la complejidad del hospital y la duración del programa, identificando barreras clave para mejorar su efectividad y sostenibilidad.

Keywords: PROA, RAM, Implementación hospitalaria, Quality Score



DESCRIPCIÓN DE PACIENTES COLONIZADOS POR BACTERIAS PRODUCTORAS DE CARBAPENEMASAS EN LA UNIDAD DE PACIENTE CRÍTICO DEL HOSPITAL HERNÁN HENRÍQUEZ ARAVENA DE TEMUCO

María Ibar¹, Rocío Danton², Luis Bustos³, Leonardo Santander^{4,5}, Gonzalo Rivera^{4,5}

- (1) Universidad de la Frontera, Programa de Formación en Medicina Interna, Temuco, Chile
- (2) Universidad de la Frontera, Alumna carrera Medicina, Temuco, Chile
- (3) Universidad de la Frontera, GICES, Temuco, Chile
- (4) Hospital Hernán Henríquez Aravena, Departamento Gestión Clínica, Temuco, Chile
- (5) Universidad de la Frontera, Departamento Medicina Interna, Profesor Asistente., Temuco, Chile

Introducción: La resistencia antimicrobiana es un desafío urgente en la salud pública global, limitando opciones terapéuticas y empeorando el pronóstico de los pacientes. Las carbapenemasas otorgan resistencia a carbapenémicos en bacilos gramnegativos. La detección temprana de bacterias productoras de carbapenemasas (BPC) es esencial para prevenir su propagación en hospitales, especialmente en unidades de cuidados críticos. Sin embargo, los factores de riesgo asociados a la colonización por BPC no están completamente definidos.

Objetivo: Describir las características clínicas y de laboratorio de pacientes adultos positivos al tamizaje de carbapenemasas durante su estadía en la Unidad de Paciente Crítico (UPC) del Hospital Hernán Henríquez Aravena (HHHA) entre octubre de 2022 y abril de 2024.

Material y métodos: Estudio transversal descriptivo en pacientes adultos ingresados en la UPC del HHA con tamizaje rectal positivo para BPC. Criterios de inclusión: hospitalización en UPC por más de cinco días o transferidos desde otros hospitales. Criterios de exclusión: hospitalización en UPC que cursa con BPC antes de positividad de tamizaje. Se recopiló información sociodemográfica, clínica (comorbilidades, puntaje APACHE II, uso de dispositivos invasivos, intervenciones quirúrgicas, uso de drogas vasoactivas, exposición a antibióticos e infecciones previas) y microbiológica (especie bacteriana aislada, tipo de carbapenemasa identificada por inmunocromatografía, tiempo hasta la positividad del cultivo). Análisis estadístico con STATA CORP 18, aplicando pruebas de Fisher exacta, análisis de varianza y Kruskal-Wallis.

Resultados: Se incluyeron 46 pacientes positivos para BPC. El 28,3% portadores de dos BPC, 10,9% de tres y 2,17% de cuatro, indicando alta colonización múltiple. La Edad promedio fue de $61,6 \pm 13,9$ años, de predominio femenino 56,5%, con un 39,1% de ascendencia mapuche. El 58,7% ingresó por motivos quirúrgicos y 32,6% había estado hospitalizado en los últimos seis meses. El 80,4% presentaba comorbilidades, Índice de Charlson de 2 en 39,1% y puntaje APACHE II promedio de $20,5 \pm 9,9$. Todos requirieron dispositivos invasivos; línea arterial y sonda foley lo más frecuente. El 80,4% necesitó drogas vasoactivas antes de la positividad del cultivo y 71,7% tuvo intervenciones quirúrgicas. El 84,8% presentó infecciones previas, con exposición a antibióticos. Las bacterias más aisladas fueron *Enterobacter cloacae* complex y *Pseudomonas aeruginosa* (25% cada una). Las carbapenemasas más comunes identificadas fueron KPC y NDM (43% cada una). Tiempo promedio desde el ingreso hasta la positividad del cultivo fue de $35,7 \pm 57,0$ días; estancia hospitalaria posterior de $52 \pm 65,9$ días. Mortalidad global fue de un 30,4%.

Conclusiones: Los pacientes colonizados por BPC en la UPC del HHA presentan características similares a reportes internacionales: exposición a dispositivos invasivos, uso prolongado de antibióticos y estancias hospitalarias extendidas. La alta mortalidad de un 30,4% subraya la gravedad y la necesidad de implementar medidas efectivas de control, como protocolos estrictos de higiene, optimización del uso de antibióticos y vigilancia microbiológica continua. La identificación de *Enterobacter cloacae* y *Pseudomonas aeruginosa* como principales especies, junto con carbapenemasas KPC y NDM, resalta la importancia de adaptar estrategias de prevención y control a nivel local. Este estudio aporta información crucial para desarrollar políticas de salud orientadas a reducir la propagación de BPC y mejorar los resultados clínicos en pacientes críticos, siendo el inicio de una investigación más profunda en nuestro hospital para identificar factores de riesgo y optimizar estrategias de control de BPC.

**EFFECTO IN VITRO DE CIPROFLOXACINO MÁS CARVEDILOL SOBRE BIOPELÍCULAS MADURAS DE STAPHYLOCOCCUS AUREUS.****José Gregorio Martínez Bolívar**^{1,2,4}, Claudia Lefimil², Juan Carlos Salazar³

(1) Universidad de Santiago de Chile, Facultad de Ciencias Médicas

(2) Universidad de Chile, Laboratorio de Bioquímica y Biología Oral, Instituto de investigación en Ciencias Odontológicas (ICOD), Facultad De Odontología

(3) Universidad de Chile, Programa de Microbiología y Micología, Instituto de Ciencias Biomédicas (ICBM), Facultad de Medicina

(4) Universidad de Chile, Magister de Microbiología, Facultad de Medicina

Introducción: Las biopelículas son sistemas complejos formados por comunidades microbianas adheridas a un sustrato o interfase y embebidas en una matriz polimérica extracelular. El 99% de los microorganismos forman biopelículas en condiciones naturales; encontrándose en ambientes hospitalarios y de atención en salud. Se relacionan con infecciones adquiridas en la comunidad o asociadas con la atención de salud y ofrecen ventajas a los microorganismos como una mayor tolerancia al sistema inmune, a los antibióticos y a los sistemas de desinfección. También pueden afectar dispositivos médicos ocasionando su disfunción y posibilitando la diseminación de la infección a distancia. *Staphylococcus aureus* puede colonizar hasta el 30 y el 50% de los individuos en ambientes comunitarios u hospitalarios, respectivamente. Se comporta como patógeno oportunista generando infecciones comunitarias o nosocomiales, asociadas o no a dispositivos médicos y es capaz de producir biopelículas sobre superficies bióticas y abióticas. Su tratamiento es un reto, no sólo por su variedad de factores de virulencia, sino por la expansión de la resistencia antimicrobiana y la poca disponibilidad de fármacos efectivos sobre la capacidad de formar biopelículas. Este problema se ha abordado con diferentes enfoques: desarrollo de nuevos antimicrobianos, asociación de drogas antibacterianas y uso combinado de antibióticos con fármacos no antibióticos pero con potencial efecto antibacteriano o anti-biopelícula. Carvedilol, un bloqueador no selectivo de receptores β adrenérgicos, ha demostrado actividad antimicrobiana a altas concentraciones y sinergia con ciprofloxacino contra el crecimiento y la formación de biopelículas de *S. aureus*; quedando por responder si esta acción sinérgica existe contra biopelículas maduras, ya formadas.

Objetivo: Evaluar el efecto de la combinación ciprofloxacino más carvedilol sobre biopelículas maduras de *S. aureus*.

Material y Método: Se utilizó *S. aureus* ATCC 25923. Las biopelículas maduras se realizaron a partir de un cultivo de 24 h en medio líquido TSB, que fue inoculado en placas de 96 pocillos de fondo plano y crecido a 37°C en aerobiosis y sin agitación por 30 h. Posteriormente, a las biopelículas maduras se les eliminó el sobrenadante y se les repuso nuevo medio TSB líquido, medio líquido más ciprofloxacino 2,5 mg/L o 1,25 mg/L, medio líquido más carvedilol 21 mg/L o 11,5 mg/L y medio líquido más la combinación ciprofloxacino 2,5 mg/L y carvedilol 21 mg/L. En esas condiciones, las biopelículas maduras de *S. aureus* se incubaron por 16 h adicionales. La cuantificación de las biopelículas en las diferentes condiciones se realizó mediante tinción con cristal violeta.

Resultados: Se evaluó la existencia o no de disminución en la cuantificación final de biopelículas entre las distintas condiciones con fármacos y el control sin adición de fármacos; esto como expresión de la capacidad de disrupción de biopelículas maduras. Los resultados muestran que los tratamientos con ciprofloxacino o carvedilol en dosis altas generaron disrupción de las biopelículas ya formadas (15% y 13%, respectivamente) pero no se logró obtener una diferencia con significancia estadística. En tanto que el tratamiento con ciprofloxacino más carvedilol, ocasionó disrupción de las biopelículas maduras con significancia estadística al compararlo con la situación sin adición de fármacos (48,03%, $p < 0,0001$) o con las condiciones en las que se añadieron los fármacos ciprofloxacino o carvedilol por separado a altas concentraciones (33 y 35% menos biopelículas, $p < 0,005$).

Conclusiones: La combinación ciprofloxacino con carvedilol posee *in vitro* un efecto anti-biopelícula sinérgico sobre biopelículas maduras de *S. aureus*, al ser capaz de generar disrupción en biopelículas ya formadas sobre una superficie y en concentraciones alcanzables con dosis terapéuticas de dichas drogas; teniendo correlación con antecedentes de otras investigaciones sobre el efecto de la combinación en la formación de biopelículas.

Keywords: Staphylococcus aureus, biopelícula, terapia sinérgica, ciprofloxacino, carvedilol



Area: Antimicrobianos y resistencia bacteriana

P61

ESTRATEGIAS DE PROGRAMAS DE OPTIMIZACIÓN DE ANTIMICROBIANOS EN ATENCIÓN PRIMARIA DE SALUD, SANTIAGO, CHILE

Mirta Acuña Ávila ^{2,3}, Belén Araujo ⁴, **Alexandra Torrales** ¹

(1) Servicio de Salud Metropolitano Norte, Santiago

(2) Hospital de Niños Roberto del Río

(3) Universidad de Chile, Departamento de Pediatría y Cirugía Infantil, sede Norte, Facultad de Medicina

(4) Universidad de Chile, Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéutica

Introducción: La resistencia a los antimicrobianos es un problema de salud pública mundial, por lo que la OMS ha desarrollado un Plan Global contra la Resistencia a los Antimicrobianos. En este contexto, el plan nacional de Chile dentro de uno de sus objetivos, incorpora la regulación y vigilancia del uso de antimicrobianos a través de los Programas de Optimización de Antimicrobianos (PROA) aplicado también en el ámbito de la Atención Primaria de Salud (APS).

Material y Métodos: El equipo PROA del Servicio de Salud Metropolitano Norte (SSMN) dio un impulso a los equipos locales de PROA de APS dependientes de su jurisdicción. Para ello, el año 2023 se llevó a cabo una estrategia que consistió en realizar visitas presenciales en terreno por parte de la referente de farmacia de APS del SSMN y la referente de laboratorio del SSMN, hacia los equipos PROA de los CESFAM, con una primera supervisión, formativa, que incluyó capacitación y retroalimentación, a cada centro de atención primaria del Servicio de Salud Metropolitano Norte y un mes después una segunda supervisión, evaluativa, determinando en ella el porcentaje de cumplimiento, basados en la guía elaborada por el Ministerio de Salud de la Región Metropolitana, para este fin.

Resultados: La estrategia fue implementada en los equipos PROA de 25 Centros de Salud Familiar y se encontró que el cumplimiento global base en la supervisión formativa fue de $37,1\% \pm 17,3$, mientras que el cumplimiento global final en la supervisión evaluativa fue de $59,6\% \pm 21,4$. En cuanto al cumplimiento final por eje evaluado destacan: formación del equipo PROA 77% (+10%), formalización de plan de trabajo 57,7% (+26,5%), control del uso de antimicrobianos 53,1% (+24,7%) e indicadores para el seguimiento 50,2% (+27,8).

Conclusiones: Esta estrategia de supervisión, liderada desde el Servicio de Salud, innova en el desarrollo de los PROA en APS, fortaleciendo su instalación y desarrollo, con resultados favorables en ejes de proceso que puede ser replicada en otros Servicios de Salud como estrategia de apoyo para los PROA en APS. Nos deja el desafío de evaluar el impacto que esta estrategia tendrá en el consumo de AM en APS.

**EXPERIENCIA DE USO DE CEFTAZIDIMA-AVIBACTAM EN PACIENTES CRÍTICOS CON INFECCIONES POR BACTERIAS GRAM NEGATIVAS RESISTENTES A CARBAPENÉMICOS EN UN HOSPITAL TERCIARIO DE SANTIAGO.**

Natalia Díaz Hernández¹, Fernanda Undurraga¹, Patricia Mazzoni¹

(1) Hospital Félix Bulnes, Infectología, Mapocho Sur 7432, Santiago, Chile

Introducción: Las infecciones causadas por bacterias Gram negativas multidrogoresistentes (MDR) se asocian con alta morbimortalidad, en parte debido a las pocas opciones terapéuticas eficaces y seguras. Ceftazidima-avibactam, aprobado por la FDA el 2015 es eficaz para el tratamiento de infecciones causadas por bacterias Gram negativas MDR, incluyendo Enterobacterales resistentes a carbapenémicos y *Pseudomonas aeruginosa* MDR. Estudios del mundo real, han demostrado su eficacia y seguridad. Sin embargo, la mortalidad reportada fluctúa entre el 23% y 40% aproximadamente. Factores como la gravedad, tipo de infección (bacteriemia, neumonía, infección intraabdominal), edad >80 años, y terapia combinada con colistin agravan el pronóstico. El inicio del tratamiento dentro de las primeras 48 horas se asocia a un mejor desenlace.

Objetivos:

Primario: Evaluar la mortalidad a 30 días en pacientes críticos con bacteriemia o infección pulmonar por bacterias Gram negativas resistentes a carbapenémicos tratadas con ceftazidima-avibactam.

Secundario: Describir los patrones de uso de ceftazidima-avibactam en pacientes críticos en nuestro hospital.

Materiales y método: Estudio retrospectivo, observacional de pacientes hospitalizados en Unidad de Cuidados Intensivos (UCI) y Unidad de Terapia Intensiva (UTI) en un hospital terciario desde enero de 2022 a julio de 2024, con infección respiratoria o bacteriemia, por bacterias Gram negativas resistentes a carbapenémicos por producción de carbapenemasas. La detección de carbapenemasa se realizó mediante inmunocromatografía con NG-Test CARBA5.

Desde la base de datos del laboratorio de microbiología, se seleccionaron cultivos de muestra respiratoria y hemocultivos que cumplieran los requisitos del estudio, correspondientes al primer episodio de bacteriemia o infección de foco pulmonar durante la estadía en UCI o UTI.

Luego se revisó la ficha electrónica para obtener datos demográficos y clínicos, correlacionar cultivos con el cuadro clínico, gravedad de los pacientes, establecer las características del tratamiento con ceftazidima-avibactam (indicación, terapia combinada, duración, dosis) y el desenlace.

Es importante mencionar que ceftazidima-avibactam se incorporó al arsenal terapéutico de nuestro hospital en julio de 2022.

Resultados: Se recolectaron un total de 13 muestras: 4 hemocultivos y 9 cultivos cuantitativos de aspirado endotraqueal. La bacteria predominante fue *Klebsiella pneumoniae* y luego *P. aeruginosa*. La carbapenemasa KPC fue la predominante, seguida de NDM. 6 muestras respiratorias se correlacionaron con cuadro clínico de neumonía. Se obtuvo un total de 10 pacientes con una edad media de 55,5 años, 80% hombres, 70% con comorbilidades, 80% con score SOFA >4, 2 pacientes (en grupo de bacteriemias) contaban con hospitalización previa en los últimos 3 meses y se incluyeron 2 pacientes con inmunosupresión. De los 4 pacientes con bacteriemia, 2 correspondían a foco urinario y 2 por catéter venoso central. 7 pacientes (70%) recibieron tratamiento con ceftazidima-avibactam, en sólo 2 el inicio fue <48 hr de establecido el cuadro clínico. Todos recibieron dosis iniciales de 2,5 gr c/8 hr ev. En 2 casos se usó terapia combinada (ciprofloxacino). La media de duración de tratamiento antibiótico fue 12 días en infección de foco pulmonar y 32 días en bacteriemias (por no control de foco). La mortalidad global fue de 50% y la mortalidad en el grupo que recibió ceftazidima-avibactam fue de 28,6% (ningún fallecido en grupo de bacteriemia). Como factores de peor desenlace se observó: gravedad, inicio tardío del antibiótico efectivo y uso no adecuado de ceftazidima-avibactam (según mecanismo de resistencia).

Conclusiones: El número de muestras es insuficiente para conclusiones significativas, pero se observa una tendencia a la disminución de mortalidad en el grupo tratado con ceftazidima-avibactam, especialmente al comparar con el 40% de mortalidad previo a su uso. El aumento de las infecciones por bacterias con carbapenemasa tipo NDM, resalta la necesidad de optimizar el uso de antimicrobianos. Es crucial mejorar los protocolos de uso de ceftazidima-avibactam y las pruebas diagnósticas en nuestro centro.

Keywords: ceftazidima-avibactam, carbapenemasa, paciente crítico, resistencia a carbapenémicos, bacterias Gram negativas

Financing: No

Acknowledgments: Servicio de infectología y laboratorio de microbiología Hospital Félix Bulnes.



IMPACTO DEL CONSUMO DE ANTIMICROBIANOS MEDIDOS POR DDD EN LA SUSCEPTIBILIDAD BACTERIANA DURANTE QUINQUENIO 2019-2023

Javier Tinoco Cahuana^{1,2,3}, Flores Ivonne³, Tinoco Javier¹, Charpentier Paulo¹, Soto Andrés¹, Manríquez Macarena², Canals Andrea², Trejos Cristian³, Ramos Nicolás³, Morales Catalina³, Olea Diego³, Yarad Fernanda⁴, Sánchez Francisca⁴, Selman Carolina⁴

- (1) FALP
- (2) Unidad de Infectología
- (3) Unidad de Investigación Epidemiológica Clínica
- (4) Unidad de Farmacia y Farmacovigilancia
- (5) Unidades de Diagnóstico, Instituto Oncológico

Introducción: La resistencia antimicrobiana es una de las mayores amenazas para la salud mundial y cobra más importancia por una mayor incidencia, limitando las alternativas terapéuticas para cuadros infecciosos. La pandemia COVID-19 aceleró el problema debido al aumento del consumo de antibióticos para tratar a pacientes graves, quiebras en las prácticas de control de infecciones en sistemas de salud desbordados, entre otros. El programa de optimización de antimicrobianos (PROA) de FALP se mantuvo activo en estos años.

Objetivo: Evaluar la asociación entre consumo de antimicrobianos medido por dosis diaria definida (DDD) y susceptibilidad bacteriana en pacientes hospitalizados en las unidades de Paciente Crítico (UPC) y Médico-Quirúrgico (MQ) de FALP, en el quinquenio 2019-2023.

Material y Método: Se realizó un estudio transversal seriado de la evolución del consumo de antibióticos por DDD y susceptibilidad bacteriana. Se seleccionaron antibióticos de relevancia para FALP por su espectro y frecuencia de uso en UPC (imipenem, meropenem, piperacilina/tazobactam y vancomicina) y MQ (levofloxacino, cotrimoxazol y cefazolina). Los datos sobre consumo de éstos en DDD fueron obtenidos desde la Unidad de Farmacia Clínica. Los agentes trazadores seleccionados para análisis de sensibilidad fueron *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Staphylococcus aureus*. Esta información se obtuvo desde Sistema Informático de Laboratorio (Bioslis®), en los años 2019-2023. Se calculó coeficiente de correlación de Spearman para evaluar asociación entre susceptibilidad bacteriana y consumo de antibióticos, y se ajustó modelos de regresión lineal para evaluar tendencia de susceptibilidad y consumos en el tiempo. Los análisis se realizaron con software STATA 18 y se consideró un nivel de significación de 0,05.

Resultados: Se observó una disminución del consumo de imipenem en UPC del 79,7% (6,9 a 1,4 DDD/100 días-cama, $p=0.01$), sin embargo no hubo alguna correlación con la sensibilidad a este compuesto en *K. pneumoniae* y *P. aeruginosa* que bajó (100 a 65% y 100 a 53%, respectivamente). Por otra parte, no se vió disminución significativa en el consumo de piperacilina/tazobactam que bajó un 56,8% (9,5 a 4,1 DDD/100 días-cama, $p=0.15$) y meropenem que bajó un 77,4% (9,3 a 2,1 DDD/100 días-cama, $p=0.14$), si bien la sensibilidad a éste antibiótico bajó en forma significativa en *K. pneumoniae* ($p=0.02$) y *P. aeruginosa* ($p=0.03$). El consumo de vancomicina se redujo 84,4% (7,7 a 1,2 DDD/100 días-cama, $p=0.08$), con una incidencia estable de *S. aureus* meticilino-resistente (SAMR) (50% en 2019 y 37% en 2023). En MQ, hay un aumento significativo de consumo de levofloxacino de 69,7% (4,3 a 7,3 DDD/100 días-cama, $p=0.04$) y cotrimoxazol de 26,8% (4,1 a 5,2 DDD/100 días-cama, $p=0.02$), con tendencia a la disminución de susceptibilidad a ciprofloxacino (59% a 28%, $p=0.008$) y cefalosporinas de 1a. generación (67 a 4%, $p=0.006$) en *K. pneumoniae*, en este caso con correlación inversa y significativa del consumo de levofloxacino y cotrimoxazol con sensibilidad de *K. pneumoniae* a cefalosporinas de 1a. generación por correlación de Spearman ($p=0.024$). No se observó asociación de consumo de antibióticos con sensibilidad de *E. coli*.

Conclusiones: En UPC se observó una disminución significativa del consumo de imipenem, sin embargo se observó menor susceptibilidad a éste y meropenem en *K. pneumoniae* y *P. aeruginosa*, con probable influencia de otros factores (impacto de otros antibióticos, control de infecciones o aumento de complejidad de pacientes). Se redujo consumo de vancomicina con una incidencia de SAMR estable, por lo que se presume reducción de indicación empírica. En MQ se observó aumento en consumo de antibióticos orales como levofloxacino o cotrimoxazol que está influyendo en sensibilidad a otros compuestos como cefalosporinas de 1a. generación como efecto colateral.



Área: Infecciones asociadas a la atención en salud

P64

CARACTERIZACIÓN DE BROTE EXTENDIDO POR *KLEBSIELLA PNEUMONIAE* PRODUCTORA DE CARBAPENEMASA TIPO KPC EN PACIENTES QUIRÚRGICOS EN UN HOSPITAL BASE REGIONAL**Sonia Correa Fuentes**¹, Paula Nuñez¹, María José Cautin¹, Roxana Gonzalez¹

(1) Hospital Regional Dr. Franco Ravera Zunino de Rancagua (HFRZ), Departamento Infectología -Laboratorio bacteriología - IAAS, Alameda 3065, Rancagua, Chile

Antecedentes: Los Enterobacterales resistentes a carbapenémicos son considerados patógenos de alta prioridad por la OMS. En Chile, la cepa predominante es *Klebsiella pneumoniae* (KPN) resistente a carbapenémicos por carbapenemasa tipo KPC (KPN KPC). Nuestro Hospital Regional, de alta complejidad para pacientes adultos, pediátricos y neonatales, con camas críticas y de cuidados medios, presentaba hasta abril 2024 una endemia de 2 a 3 casos mensuales de aislamientos de KPN KPC (excluyendo portación rectal). En mayo 2024, se detecta un aumento del número de casos por sobre el doble de la endemia, en pacientes quirúrgicos, por lo que el Programa Control Infecciones (PCI) realiza la investigación epidemiológica correspondiente, declarándose un brote epidémico.

Objetivo: Caracterizar un brote epidémico extendido (> 28 días) por KPN KPC en pacientes quirúrgicos adultos del HFRZ.

Material y método: Estudio retrospectivo descriptivo. Se identificaron los casos de pacientes quirúrgicos con cultivos positivos a KPN KPC (excluye hisopados rectales), obtenidos en el Laboratorio de Microbiología del HFRZ por MALDI-TOF BD, antibiograma por método automatizado BD Phoenix™M50, y detección de carbapenemasas por mCIM y luego confirmación con ensayo inmunocromatográfico de flujo lateral CORIS® o por RT-PCR, desde el 03/05 en adelante. Las cepas se envían a ISP para estudio de clonalidad de brote y se informa su resultado. Se instauran las medidas inmediatas de control de brote. Se obtienen datos epidemiológicos, clínicos, microbiológicos y se revisan fichas clínicas. Se analizan los datos tabulados en planilla Excel. Se informa las acciones realizadas en la pesquisa de la fuente de origen y las medidas de control implementadas por el PCI.

Resultados: Se notifica brote en sistema Sicars MINSAL. Se ingresan a estudio inicialmente 34 pacientes quirúrgicos, hospitalizados en servicios quirúrgicos o UPC, con cultivos positivos KPN KPC; con la investigación de casos, finalmente se identifican 23 pacientes en el brote: 10 en mayo, 6 en junio, 3 en julio y 4 en agosto. La mediana de edad de los pacientes es de 67 años, (15 a 87 años), 14 son hombres (60.9%). De los cuadros clínicos, 8 casos (34.8%) corresponden a ITU, 6 a infecciones de piel y tejidos (26.1%), 3 a peritonitis terciaria (13%), 1 con bacteremia asoc. a CVC (4.3%) y 5 corresponden a colonización de la vía urinaria (21.7%). 100% corresponde a pacientes operados 1 o más veces, 17 pacientes presentan estadias > 2 semanas o reingresos (73.9%), 16 pacientes (69.6%) presentan uso de ATB de 2da o 3ra línea. 3 pacientes fallecen (13%), 1 con mortalidad tipo 2, y 2 con mortalidad tipo 3, según definición IAAS MINSAL. El último reporte de clonalidad del ISP del 22/08/24, informa a la fecha 25 cepas. La subtipificación molecular por PFGE identificó 9 subtipos genéticos: Cl-Kpn-Spe-033 (15 cepas) y 10 cepas de 8 subtipos diferentes. Las cepas pendientes se incluyen como casos positivos hasta descartar por informe clonalidad ISP. Hipótesis de origen: transmisión vía mano portada y fómites, con quiebres en higiene de manos y técnica aséptica. Las medidas implementadas por el PCI son: aislamiento de contacto de casos individuales o en cohortes, supervisión de cumplimiento de medidas de aislamiento en servicios clínicos, informe diario de cultivos con KPN KPC a Infectología y PCI, capacitación al personal médico y no médico, capacitación y difusión de normativa aseo pabellones a auxiliares, supervisión de aseo de superficies en Pabellón., toma de bioluminiscencias, cambio de dispensadores de clorhexidina en pabellón, difusión en reuniones de IAAS y de tabla quirúrgica. La adherencia inicial a las medidas de control de brote es regular, mejorando con la supervisión continua en Pabellones y servicios clínicos. No se logra identificar un factor en específico, probable origen multifactorial. Se establece endemia de 4 casos mensuales, el último informe de ISP da cuenta de diferentes subtipos genéticos en las últimas cepas enviadas, y se da por cerrado el brote.

Conclusiones: Se presenta la caracterización de un brote extendido por *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos por carbapenemasa tipo KPC y su manejo en un Hospital base de alta complejidad.

Keywords: Brote - *Klebsiella pneumoniae* - Carbapenemasa - KPC - IAAS

Financing: sin financiamiento externo



Area: Diagnóstico de laboratorio

P65

EVALUACIÓN PRELIMINAR DEL PANEL BIOFIRE® SPOTFIRE® RESPIRATORY/SORE THROAT EN MUESTRAS NASOFARÍNGEAS Y FARÍNGEAS**Dominique Yañez**¹, Jocelyn Rocco¹, Francisca Zamora¹, Paz Tabilo², Francisca Valdivieso², Mauricio Farfan^{1,3}

(1) Hospital Dr. Calvo Mackenna, Laboratorio de Biología Molecular

(2) Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna, Laboratorio de Microbiología

(3) Universidad de Chile, Departamento de Pediatría y Cirugía Infantil, CICA Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna, Facultad de Medicina

Antecedentes: La infección respiratoria es una de las principales causas de carga de enfermedad y mortalidad en todo el mundo. La identificación rápida del agente etiológico puede orientar el manejo óptimo del paciente y las medidas oportunas de control de la infección. Recientemente, ha sido aprobado por la FDA el Panel *BIOFIRE® SPOTFIRE® Respiratory/Sore Throat* (SPOTFIRE R/ST) que permite detectar los patógenos respiratorios más prevalentes utilizando como muestra una tórula nasofaríngea o faríngea, en un periodo de 15 minutos.

Objetivo: Evaluar el rendimiento del panel SPOTFIRE R/S en el laboratorio clínico, utilizando muestras respiratorias nasofaríngeas y faríngeas.

Material y Método: Se analizaron un total de 100 muestras, 60 corresponden a hisopado nasofaríngeos y 40 a hisopados faríngeos, obtenidas durante el mes de Agosto del 2024 analizadas por un RPC múltiple para virus respiratorios (mRPC; Allplex™ RV Master Assay) o test rápido más cultivo para *S. pyogenes*, respectivamente. Todas las muestras utilizadas fueron anonimizadas y codificadas sin información de los pacientes, siguiendo el protocolo de verificación de técnicas del Hospital Dr. Luis Calvo Mackenna.

Resultados: Para el caso de los hisopados nasofaríngeos, de las 19 muestras negativas, 7 de ellas fueron negativas por el Panel SPOTFIRE R/S; en el resto de las muestras se encontró al menos un virus respiratorio incluido en la mRPC. Para el caso de las 41 muestras positivas, en 19 muestras se identificaron los mismos virus respiratorios detectados por mRPC; en el resto de las muestras se identificaron adicionalmente otros virus respiratorios, incluidos o no en el mPCR. Para el caso de las muestras de hisopado faríngeo, se encontró que en las 19 muestras negativas para *S. pyogenes* por test rápido y cultivo, en 18 de ellas se encontró al menos un virus respiratorio; en 3 de ellas se detectó *M. pneumoniae*. De las 21 muestras positivas para *S. pyogenes*, solo 8 de ellas se cultivó el microorganismo; en todas estas muestras se detectó este microorganismo por el Panel SPOTFIRE R/S. De las 13 muestras positivas para *S. pyogenes* por test rápido, pero negativas por cultivo, 6 de ellas fueron positivas para *S. pyogenes* por el Panel SPOTFIRE R/S; en el resto, con excepción de 1 muestra, se identificó al menos un virus respiratorio.

Conclusiones: La evaluación del panel SPOTFIRE R/S permite una rápida identificación de virus respiratorios en muestras nasofaríngeas. Al comparar con el panel mPCR, el panel SPOTFIRE R/S mostró una mayor detección de virus respiratorios. Para el caso de los hisopados faríngeos, el panel SPOTFIRE R/S mostró un 100% concordancia con las muestras en que fue posible cultivar *S. pyogenes*, a diferencia de lo observado en muestras positivas por test rápido, pero negativas por cultivos, donde menos del 50% de las muestras se identificó la presencia de este patógeno. Nuestros resultados preliminares apuntan a que el panel SPOTFIRE R/S es un test molecular rápido útil para la identificación de patógenos virales y bacterianos en muestras de hisopados nasofaríngeos y faríngeos.

Keywords: Diagnostico molecular, patogenos respiratorios, hisopado nasofaringeo, hisopado faringeo, SPOTFIRE



Area: Infecciones asociadas a la atención en salud

P66

INCIDENCIA INFECCIONES ASOCIADAS A ATENCIÓN EN SALUD EN PACIENTES DURANTE EL PROCEDIMIENTO DE OXIGENACIÓN POR MEMBRANA EXTRACORPÓREA**Gloria Marin Torres**¹, QF. Mariana Arias², Valentina Peralta², Alexander Matus¹

(1) Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias y Cirugía Torácica, Infectología. Unidad de IAAS, Jose Manuel Infante 717 Providencia, Santiago, Chile

(2) Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias y Cirugía Torácica, UPC, Unidad de Farmacia, Jose Manuel Infante 717 Providencia, Santiago, Chile

Introducción: La terapia de oxigenación extracorpórea (ECMO) es una intervención crítica en pacientes con falla respiratoria y/o cardíaca catastrófica. Sin embargo, este procedimiento no está exento de riesgos y complicaciones, siendo uno de ellos las infecciones; las cuales pueden contribuir a un aumento de la morbilidad y mortalidad de estos pacientes. Se han descrito diversos factores de riesgo para desarrollar infecciones en ECMO, siendo el principal una duración del procedimiento mayor a 7 días. Existe información limitada y variable en la literatura nacional e internacional respecto de las infecciones en pacientes en ECMO, con incidencias reportadas desde un 30% hasta un 80%, siendo las infecciones respiratorias las más frecuentes

Objetivo principal: Determinar la incidencia de infecciones asociadas en atención en salud en pacientes durante el procedimiento de ECMO.

Material y método: Se realizó un estudio de cohorte descriptivo retrospectivo, que incluyó pacientes adultos conectados a ECMO, durante los años 2022 a 2024. Se excluyeron los pacientes con neumonía SARS-COV-2 y pacientes que estuvieron en ECMO por menos de 24h. El estudio fue aprobado por el comité de ética del Servicio de Salud Metropolitano Oriente.

Resultados: Se incluyeron 79 pacientes, de los cuales 58,2% fueron hombres, con un a mediana de IMC de 27,3 kg/m². El 64,6% de los pacientes estuvieron en modalidad venoarterial, la mediana de duración del procedimiento de ECMO fue de 7 días (1-113 días), la mortalidad global de los pacientes en ECMO fue del 49,4%. Respecto de, el 48,1%(n=38) de los pacientes tuvieron una infección confirmada, principalmente de foco respiratorio (84,2%), la mediana de duración del ECMO en pacientes con infección confirmada fue de 14 días (2-113) respecto de 4 días (1-79) en pacientes sin confirmación microbiológica. La incidencia global de infecciones en ECMO fue de 43,5 pacientes por 1000 días de exposición al procedimiento. Se aislaron 72 microorganismos, 21 Cocáceas Gram positivas (45% fueron *Staphylococcus aureus* sensible a oxacilina), 49 Bacilos Gram negativos, la más frecuente fue *Pseudomonas spp* 32,6%; y 2 hongos: *Candida albicans*. El 38,8% de los bacilos Gram negativos fueron resistentes a carbapenémicos (10 de estos microorganismos fueron productores de carbapenemasas).

Conclusiones: La incidencia de infecciones de pacientes sometidos a ECMO es bastante significativa debido a la naturaleza invasiva del procedimiento, nuestra incidencia se encuentra dentro de los rangos descritos en la literatura. En nuestra serie los agentes nosocomiales son los más relevantes como causa de infección, es así que *Pseudomonas aeruginosa* fue el principal agente aislado y de los gram negativos, un 20% fueron agentes MDR, esto también coincide con lo descrito en otras series y posiblemente influye en los resultados de mortalidad obtenidos. La duración de ésta terapia es uno de los factores de riesgo mas relevantes para el desarrollo de infecciones en ECMO, no encontramos una diferencia significativa entre los infectados y no infectados, posiblemente porque nos falta extender el estudio a mas años de observación.

Keywords: Infecciones, ECMO

Financing: sin financiamiento

Acknowledgments: Equipo de IAAS instituto Nacional del Tórax, Base de datos de IAAS notificadas Equipo de UCI, Base de datos pacientes en ECMO



Area: Infecciones asociadas a la atención en salud

P67

MEDICIÓN PERIÓDICA DE LA HIGIENE DE MANOS POR BIOLUMINISCENCIA EN EL PERSONAL DE SALUD COMO MEDIDA DE EDUCACIÓN DURADERA PARA LA PREVENCIÓN DE INFECCIONES NOSOCOMIALES.

López Miguel ¹, Otárola Daniela ¹, Mella Daniela ¹

(1) Hospital de Enfermedades Infecciosas Dr. Lucio Córdova, Programa de Control de IAAS

Antecedentes: La higiene de manos es la medida más eficaz para prevenir las infecciones nosocomiales. Se ha descrito que el uso de la técnica de bioluminiscencia para demostrar el nivel de higiene de manos del personal de salud puede influenciar el nivel de transmisión de agentes causantes de infecciones. El año 2022 se realizó un estudio en el Hospital Dr. Lucio Córdova (HDLC) en el que se midió en forma periódica el nivel de contaminación biológica en las manos del personal mediante bioluminiscencia pre y post higiene de manos (preHM y postHM), observando una disminución progresiva de la contaminación basal (preHM) a medida que progresaba el estudio. Se planteó que los trabajadores mejoraron su higiene de manos posiblemente por efecto de la vigilancia del estudio (efecto Hawthorne). Se desconoce si hubo cambio en la contaminación de manos del personal a largo plazo tras dejar de realizar las mediciones.

Objetivos: Medir el nivel de contaminación biológica de manos del personal clínico del HDLC preHM y postHM mediante bioluminiscencia en junio y agosto de 2024, y compararlos con valores del 2022. Evaluar la eficacia de la técnica de higiene de manos. Comparar la contaminación biológica de manos en distintas unidades de hospitalización del HDLC considerando meses de ambos años.

Material y método: Se obtuvieron muestras de hisopado de manos del personal en atención clínica con tórula UltraSnap™ preHM y postHM. Se midió el ATP con fotoluminómetro EnSURE® Touch de Hygiena, con meta de ≤ 100 unidades relativas de luz (URL) para definir piel limpia. Se registraron los valores por mes y unidad hospitalaria. El análisis estadístico consideró un p significativo < 0.05 .

Resultados: Se realizaron 126 mediciones (63 preHM, 63 postHM) incluyendo junio y agosto de 2024, y se compararon con 224 mediciones (112 preHM, 112 postHM) de enero, marzo, julio y octubre de 2022. El valor promedio de URL preHM de los meses de junio y agosto 2024 fue 129 ± 120 vs 91 ± 150 URL ($p=0.194$), y postHM 14 ± 19 vs 8 ± 13 URL ($p=0.194$), sin diferencia entre ambos meses. Al comparar los valores preHM de enero 22 (853 ± 1265), octubre 22 (128 ± 138), junio 24 (129 ± 120) y agosto 24 (91 ± 150), hubo diferencia significativa entre enero-octubre 22 ($p=0.000$), enero 22-junio 24 ($p=0.000$), enero 22-agosto 24 ($p=0.000$), pero no entre octubre 22-junio 24 ($p=0.308$) ni octubre 22-agosto 24 ($p=0.549$).

La contaminación preHM y postHM en junio 24 resultó 129 ± 120 vs 14 ± 19 URL ($p=0.000$), y en agosto 91 ± 150 vs 8 ± 13 URL ($p=0.000$). En ambos meses hubo diferencia significativa pre y postHM, manteniendo la media postHM en la meta de piel limpia, como se observó el 2022. Al comparar las mediciones preHM en UTI, medicina y oncohematología (UOH) organizando grupos sucesivos: A (enero y marzo 22), B (julio y octubre 22) y C (junio y agosto 24), encontramos valores en UTI 1908 ± 2046 , 201 ± 244 y 68 ± 76 URL respectivamente; medicina 574 ± 782 , 134 ± 156 y 123 ± 137 URL; UOH 419 ± 581 , 202 ± 216 y 102 ± 164 URL. Diferencias significativas en UTI A vs B ($p=0.005$), A vs C ($p=0.005$), B vs C ($p=0.006$), medicina A vs B ($p=0.000$), A vs C ($p=0.000$), y UOH A vs B ($p=0.003$) y A vs C ($p=0.000$).

Conclusión: La medición periódica de la contaminación de manos por bioluminiscencia tuvo un efecto sobre la higiene de manos basal del personal, disminuyendo su nivel de contaminación en forma progresiva en el tiempo. Al dejar de realizar la intervención por un período mayor a un año y reanudar las mediciones se mantuvo el efecto, lo que sugiere que tuvo un impacto educativo en el personal más que efecto Hawthorne.

La estrategia tuvo resultados trascendentes especialmente en UTI, que tuvo la mayor contaminación de manos preHM al inicio del estudio y actualmente presenta los valores más bajos entre los grupos evaluados.

La medición mensual postHM se mantuvo en la meta para piel limpia, lo que indica que el personal de las distintas unidades domina una buena técnica de higiene de manos.

La medición periódica de la contaminación de manos por bioluminiscencia puede tener un efecto educativo duradero para la mantención de una buena higiene de manos en el personal de salud, lo que podría contribuir a la reducción de la incidencia de infecciones nosocomiales.

Keywords: Higiene, Manos, Infecciones, Nosocomiales, Bioluminiscencia

Financing: No se tuvo financiamiento para este estudio



Area: Diagnóstico de laboratorio

P68

MOLÉCULAS BIORECEPTORAS PARA LA DETECCIÓN DEL VIRUS DENGUE: EVALUACIÓN DE POSIBLES LIGANDOS EN LA DETECCIÓN DE PROTEÍNA NS1.**Cindy Aida Peña Moreno**^{1,2}, Jaime Mella Rapain³, Ximena Collao Ferrada^{1,2}

(1) Universidad de Valparaíso, Escuela de Medicina, Laboratorio de virología, Departamento de Preclínicas, Facultad de Medicina, Angamos 650,, Viña del Mar, Chile

(2) Universidad de Valparaíso, Centro Interdisciplinario de Investigación Biomédica e Ingeniería para la Salud,, Facultad de Medicina, Ciencias e Ingeniería, Angamos 650,, Viña del Mar, Chile

(3) Universidad de Valparaíso, Instituto de Química y Bioquímica, Facultad de Ciencias, Avenida Gran Bretaña 1111, Valparaíso, Chile

Resumen: El virus dengue (DENV) es un arbovirus cuyo vector es el mosquito *Aedes aegypti*. Los casos de DENV han ido en aumento, según la Organización Panamericana de la Salud hasta la semana N° 30 del 2024 hay 6,250 muertes, incremento de 235% en comparación al mismo periodo del 2023 y 418% con respecto al promedio de los últimos 5 años. En Chile, DENV es autóctono en Rapa Nui encontrándose el vector desde el 2002. El territorio continental está libre de DENV autóctono pero el vector se encuentra en las regiones de Arica- Parinacota y Tarapacá desde el año 2016 y 2019 respectivamente. El año 2023 se detectó por primera vez en la provincia de los Andes, región de Valparaíso, comunicándose alerta sanitaria, aún vigente. El control del DENV es difícil debido a múltiples factores, por ello el desarrollo de nuevos enfoques para su detección y control es prioridad en salud pública. En Chile *Ae. Aegypti* ha iniciado una circulación activa, por ello la evaluación de nuevas moléculas con potencial de detección del DENV son de importancia para la evaluación de alternativas innovadoras. En este contexto, los aptámeros han demostrado su utilidad y versatilidad diagnóstica. Estos son ácidos nucleicos monocatenarios que tienen una excelente especificidad por una gran cantidad de moléculas diana, siendo sustitutos potenciales de los anticuerpos. Este tipo de interacciones moleculares se evalúan mediante estudios *in silico* utilizando modelos informáticos y simulaciones para estudiar sistemas biológicos o químicos. Las técnicas de acoplamiento molecular inducido o Docking y las simulaciones de dinámica molecular son herramientas fundamentales para estos estudios. Esta investigación es financiada por ANID-proyecto Anillo ATE220020.

Objetivo: Determinar si la proteína NS1 de DENV tiene afinidad por el aptámero de ARN 2AU4, mediante estudios de docking y dinámica molecular.

Materiales y método: se contemplaron 4 etapas: - Conocer los fundamentos teóricos de las moléculas, técnicas y programas a utilizar. - Preparación de moléculas elegidas y realización del Docking. - Análisis y selección, resultados de docking y ejecución de la dinámica molecular. - Análisis del resultado de la dinámica molecular.

Resultados: Se obtuvo la estructura de la proteína NS1 desde Protein Data Bank con código 4OIG, validada con método de difracción de rayos X. Esta proteína consta de 4 cadenas con estructura β plegada. En cada cadena se encuentra identificado el residuo aminoacídico que será utilizado como centro de la caja de docking. En estudios de docking, se logran realizar 7 estudios, obteniéndose para cada uno de ellos el scoring de "pose energy" correspondiente. En las interacciones intermoleculares, se realizó un análisis entre la proteína y el aptámero, para determinar que interacciones moleculares se establecían entre ambas biomoléculas. A través del programa "Maestro" pudimos identificar interacciones de puentes de hidrogeno y puentes salinos entre residuos de aminoácidos y los nucleótidos del aptámero. Se identificaron también interacciones de puentes salinos entre los átomos de nitrógeno de residuos de lisina 211 y 192 y los átomos de oxígeno de los grupos fosfato de los nucleótidos de guanina 31 y 6 respectivamente. Según análisis de la dinámica molecular se muestra estabilidad del complejo proteína- aptámero en el tiempo de simulación. Se estudiaron las interacciones y se evidenció la presencia de interacciones del tipo π Stacking, y π Catión.

Conclusiones: - Se determina que existe afinidad entre proteína NS1 del DENV y el aptámero de ARN estudiado. - Las interacciones moleculares identificadas, incluyendo puentes de hidrógeno, puentes salinos y π stacking, explican la alta afinidad del aptámero por NS1. - Los resultados obtenidos, muestran una evolución estable del sistema aptámero-NS1, destacando el potencial del aptámero 2AUI como una molécula reconocedora prometedora en la detección de DENV, abriendo nuevas vías para su desarrollo y aplicación.

Keywords: dengue, Proteína NS1, Aptámero, Docking, Dinamica molecular

Financing: ANID-proyecto Anillo ATE220020

Acknowledgments: ANID-proyecto Anillo ATE220020



Area: Infecciones asociadas a la atención en salud

P69

PERFIL EPIDEMIOLÓGICO DE LAS IAAS EN LA UPC MÉDICA DEL HOSPITAL DOCTOR HERNÁN HENRÍQUEZ ARAVENA DURANTE EL AÑO 2022 Y SU IMPACTO ECONÓMICO.

Tisha Rubinstein Acevedo ¹, Luis Bustos Medina ², Jaime Contreras Bizama ¹, Leonardo Santander Hess ¹, Gonzalo Rivera Mendoza ^{1,3}

(1) Hospital Doctor Hernán Henríquez Aravena, Unidad de Paciente Crítico, Montt 115, Temuco, Chile

(2) Universidad de la Frontera, CIGES, temuco, Chile

(3) Universidad de la Frontera, Departamento de Medicina Interna, temuco, Chile

Introducción: Las Infecciones Asociadas a la Atención en Salud (IAAS) son uno de los mayores problemas para la seguridad del paciente durante su estadía hospitalaria. Se estima que en unidades de pacientes críticos su incidencia varía entre 7-15% dependiendo del nivel de complejidad y recursos del centro hospitalario, pudiendo fallecer hasta un 10% de los pacientes afectados. En nuestro país las IAAS se deben notificar en forma obligatoria según criterios establecidos a nivel nacional, lo que permite consolidar dicha información a nivel de centros hospitalarios y a nivel central; sin embargo existe limitada información a nivel nacional acerca de la relación entre este grupo de infecciones y el costo económico para los sistemas hospitalarios. Por otra parte, el Sistema de Grupos Relacionados al Diagnóstico (GRD) es un mecanismo a través del cual se une la complejidad del estado de salud del paciente con el consumo de recursos hospitalarios. En el presente estudio se describen epidemiológicamente las IAAS detectadas en el año 2022 en la Unidad de Paciente Crítico del Hospital HHHA, relacionando este grupo de patologías infecciosas con outcomes clínicos, de recursos y gestión hospitalaria, mediante su análisis por sistema GRD.

Objetivos: Conocer el perfil epidemiológico de las IAAS en la Unidad de paciente crítico-médica del Hospital Doctor Hernán Henríquez Aravena durante el año 2022. Describir la relación entre IAAS y GRD, exceso en estancia hospitalaria y costo monetario para la institución de salud.

Material y método: Estudio descriptivo retrospectivo de corte transversal. Población: Adultos en UPC médica con alguna IAAS notificada. Criterios Inclusión: Todo paciente de 15 años o más que haya estado hospitalizado en UPC médica del HHHA durante el año 2022 y que haya tenido una (as) IAAS notificada. Criterios Exclusión: Pacientes sin estudio microbiológico y/o sin MO identificado. Para el análisis estadístico se utilizó STATA CORP 18.

Resultados: La mortalidad, la estadía en UPC y hospitalaria en los pacientes que cursaron con IAAS fue mayor a la registrada por el departamento de Gestión Clínica durante el año 2022 para pacientes sin IAAS con estancia en dicha unidad. La IAAS más frecuente fue la Neumonía asociada a ventilación mecánica (39,53%), cuyo principal MO etiológico fue *Pseudomonas* spp. (22,99%) con una baja resistencia a antimicrobianos. Existe una asociación entre días de hospitalización y el desarrollo de NAVM ($p=0,01635$). Además, existe una asociación estadísticamente significativa entre los pacientes outlier y el desarrollo de NAVM y bacteriemia asociada a catéter ($p=0,0432$). La mortalidad del total de pacientes con alguna IAAS diagnosticada fue de 22,8%.

Conclusiones: De acuerdo con este trabajo, el perfil epidemiológico de las Infecciones Asociadas a la Atención de Salud (IAAS) en la Unidad de paciente crítico médica del Hospital Doctor Hernán Henríquez Aravena durante el año 2022 es similar a lo encontrado en la literatura internacional. Conocer el perfil epidemiológico nos permitirá tomar conductas dirigidas a la prevención de las IAAS, específicamente a la Neumonía asociada a ventilación mecánica y generar un impacto en nuestra realidad local. La mortalidad, la estadía en UPC y hospitalaria en los pacientes con IAAS notificada fue mayor a la registrada por el departamento de Gestión Clínica durante el año 2022. La IAAS más frecuente en UPC fue Neumonía asociada a ventilación mecánica, cuyo principal MO etiológico fue *Pseudomonas* spp. con una baja resistencia a antimicrobianos. Podemos decir que existe una asociación entre días de hospitalización y el desarrollo de NAVM. Finalmente, respecto a la relación entre IAAS y peso GRD podemos plantear que existe una relación estadísticamente significativa entre los pacientes outlier y el desarrollo de NAVM y bacteriemia asociada a catéter.

Keywords: IAAS, NAVM, Bacteriemia, ITU asociada a CUP, GRD

Financing: Sin financiamiento.

Acknowledgments: Agradecimientos de Unidad de IAAS del Hospital Doctor Hernán Henríquez Aravena y a los estudiantes de medicina de la Universidad de la Frontera.



Area: Diagnóstico de laboratorio

P70

UTILIZACIÓN DEL TEST RÁPIDO PARA STREPTOCOCCUS PYOGENES EN HEMOCULTIVOS POSITIVOS, RESULTADOS PRELIMINARES**Stephania Passalacqua Hidalgo** ^{1,2}

(1) Hospital Base Osorno, Osorno, Chile

(2) Universidad Austral de Chile

Introducción: El *Streptococcus pyogenes* del grupo A (SGA) es una bacteria causante de infecciones benignas en niños y adultos, pero con la posibilidad de producir una enfermedad invasora potencialmente mortal. Desde el 2022 se ha observado un aumento inusual de infecciones, lo que ha generado alerta mundial incluido nuestro país. Por este motivo, en el Hospital Base de Osorno, se generaron una serie de medidas para optimización de diagnóstico y terapia, que incluyó el uso del test rápido para SGA, comúnmente utilizado en muestras de exudado faríngeo de pacientes con faringitis o amigdalitis aguda, pero en muestras de hemocultivos positivos, para así obtener una identificación más rápida en pacientes con bacteriemia.

Objetivos: Evaluar la implementación del test rápido inmunocromatográfico para SGA en la identificación inmediata de infecciones invasoras por SGA en niños y adultos hospitalizados, tras resultado de hemocultivo positivo, para el inicio precoz de antibioterapia y manejo dirigido.

Material y métodos: Se elaboró un protocolo interno, para el uso de una prueba de test inmunocromatográfico para SGA (Rapid Test Strep A Ecotest de Alatheia) en hemocultivos, con sangre de la botella positiva y que presentó tinción de gram sugerente, considerando dos morfotipos para ello: Cocos gram positivo en cadenas, y Cocos gram positivo en pares y cadena. La lectura de resultados se realizó a los 5 minutos. Las muestras fueron obtenidas de pacientes pediátricos y adultos hospitalizados en el Hospital Base de Osorno. Se realizó posterior identificación con técnica convencional para realizar confirmación de los resultados y validar el uso del test en sangre de hemocultivos positivos, realizándose traspaso en agar sangre de la botella positiva testeada, incubándose las placas en estufa de cultivo a 36° con 5% de CO₂ por 24 horas y tras el desarrollo de la cepa se identificó con Vitek MS (MALDI-TOF de BioMérieux), obteniendo la identificación a los 5-10 minutos. Se realizó envío de cepas a ISP según Norma vigente. Los antecedentes epidemiológicos fueron obtenidos de la ficha clínica electrónica.

Resultados: Del 1 de febrero al 15 de septiembre del 2024 han resultado positivos 12 hemocultivos con gram sugerente para infección por SGA. Las muestras fueron procedentes desde el Servicio de Urgencia en un 41,6% y desde UCI en un 33%. La mitad de las muestras fueron de pacientes pediátricos con una mediana de edad de 7,5 años (1-15 años), 66% sexo masculino y el diagnóstico más frecuente de presentación fue shock séptico con un 50% de los casos. En pacientes adultos la mediana de edad fue 66,5 años (23-68 años), 100% sexo masculino y el diagnóstico de ingreso más común fue también shock séptico en un 66,6%.

A las 12 muestras se les realizó test rápido, resultando 6 positivas para SGA, confirmándose luego mediante Vitek MS, 5 de las 6 muestras y en una el resultado fue no concluyente, confirmándose el resultado positivo en ISP, al igual que en las otras muestras enviadas. Las muestras negativas restantes, fueron analizadas mediante Vitek MS, resultando ser *Streptococcus pneumoniae* en 5 de ellas y una positiva para *Streptococcus mitis/oralis*.

Conclusiones: El test inmunocromatográfico para SGA es un examen de bajo costo y fácil adquisición que se utiliza rutinariamente en muestras obtenidas de secreción faríngea de pacientes con amigdalitis aguda, con elevada sensibilidad y especificidad. Nosotros hemos observado un excelente rendimiento al ser utilizado en muestras de hemocultivos positivos sugerentes de pacientes que se presentaron habitualmente muy graves, donde la identificación precoz del agente permite una rápida adecuación de tratamiento y manejo, en especial si se considera que la presentación clínica puede ser muy similar en cuadros producidos por distintas bacterias gram positivas, pero la evolución en pacientes que cursan con infección por SGA invasor puede ser mucho más grave y mortal, requiriendo un tratamiento dirigido, que puede incluir diferente esquema antibiótico o uso de terapia adyudante, como administración de inmunoglobulinas ev. Con estos resultados prometedores, podría ser una herramienta a utilizar en laboratorios para la identificación rápida de SGA.

Keywords: test rapido SGA, Streptococcus pyogenes, hemocultivos positivos

Financing: Sin financiamiento



Area: Diagnóstico de laboratorio

P71

VIGILANCIA DE VIRUS RESPIRATORIO SINCICIAL EN CHILE, TEMPORADA 2024, RESULTADOS PRELIMINARES

Alejandra Acevedo Contreras¹, Jorge Fernandez Órdenes², Paulo Covarrubias Pizarro², Constanza Campano Romero², Patricia Bustos Alister¹, Rodrigo Fasce Pineda¹

(1) Instituto de Salud Publica, Laboratorio Virus Respiratorios y Exantemáticos, Subdepartamento Enfermedades Virales., Marathon 1000, Ñuñoa, Santiago, Chile

(2) Instituto de Salud Publica, Laboratorio de Genética Molecular, Subdepartamento de Genómica y Genética Molecular., Marathon 1000, Ñuñoa, Santiago, Chile

Antecedentes: El Virus Respiratorio Sincicial (VRS) es uno de los principales agentes responsables de infecciones respiratorias en menores de un año, ocasionando largas hospitalizaciones y una alta carga de enfermedad. En Chile, el Instituto de Salud Pública (ISP) como centro nacional de referencia de virus respiratorios, formó parte de un estudio piloto global de la Organización Mundial de la Salud (OMS) entre los años 2017 y 2023 para establecer la estacionalidad de la circulación mundial del virus y contar con una mejor caracterización clínica de los casos. A partir de los resultados del piloto se pudo establecer que en Chile los subgrupos de VRS-A y VRS-B circulan periódicamente, alternándose las proporciones entre ambos. En el año 2021 y 2022 hubo una mayor circulación de VRS-A y en 2023 de VRS-B (más del 90% de los casos). En 2024 se ha visto una disminución en la hospitalización por VRS, en base a datos de la vigilancia, así como su circulación (con niveles similares a los del año 2019). En 2024, La OMS invitó al ISP a participar en un nuevo piloto con el fin de usar protocolos estándar para NGS del VRS.

Objetivos: Continuar con la vigilancia de VRS durante temporada 2024 y obtener datos de secuenciamiento genómico completo del virus para una mejor caracterización, complementado con la información de administración del anticuerpo monoclonal Nirsevimab.

Materiales y método: Se solicitó a todos los laboratorios del país, que forman parte de la red de vigilancia de virus respiratorios del ISP que enviaran muestras positivas para VRS en menores de edad. El estudio se diseñó como casos y controles: los casos corresponden a pacientes menores de un año que recibieron Nirsevimab, mientras que los controles son pacientes de hasta cinco años que no lo recibieron. Los laboratorios participantes proporcionaron los datos de la administración del monoclonal. Las muestras pueden ser de hisopado o aspirado nasofaríngeo, según la disponibilidad técnica, y deben ser enviadas en medio de transporte viral (MTV) o PBS. A todas las muestras se les realizó aislamiento viral en líneas celulares (PH, Hep-2 y MRC-5) de acuerdo a protocolo de aislamiento de ISP. Para la PCR en tiempo real tipo multiplex se utilizó un protocolo del CDC y para secuenciamiento completo por NGS un protocolo entregado por la OMS.

Resultados: La recolección de datos comenzó en la semana epidemiológica 20, coincidiendo con los primeros casos de VRS en pacientes que recibieron Nirsevimab. Hasta la fecha, se han recibido 389 muestras (222 casos y 167 controles). De estas, 372 han sido analizadas mediante PCR, y 115 han sido secuenciadas. Los resultados preliminares muestran que 143 muestras corresponden a VRS-A, 220 a VRS-B, y dos muestras VRS-A/B. Se aislaron cuatro muestras de VRS-B, tres de ellas enviadas en MTV. A nivel país, VRS-B se ha detectado en el 59% de los casos, excepto en Maule, Ñuble y Los Ríos. En relación a la diversidad genómica se han identificado ocho linajes de VRS-A y dos de VRS-B, siendo los más frecuentes VRS-A A.D.1.5 y HRSV-B B.D.E.1 respectivamente. Del total de muestras, el 34,8% corresponde a pacientes hospitalizados.

Conclusiones: Este año, al igual que en años anteriores, circulan ambos subtipos de VRS en el país, con un predominio del subtipo VRS-B (59%). Los análisis genómicos en curso proporcionarán información adicional sobre la variabilidad genética del VRS y podrán entregar datos que permitan comprender la dinámica de este virus en Chile. Se podría evaluar mediante análisis genético dirigidos a regiones del virus específicos, fenómenos como la presión selectiva de ciertos linajes producto de la administración del monoclonal. Aportando con datos etiológicos para la aplicación de estrategias de control de brotes en cada temporada. Para esto, es necesario continuar con el análisis genético de todos los datos que se recolecten para poder tener conclusiones más precisas.

Keywords: genotipificación VRS, VIRUS RESPIRATORIO SINCICIAL, VRS 2024, SUBTIPOS DE VRS

Financing: Este piloto es una invitación de la Organización Mundial de la Salud.

Acknowledgments: A la red de laboratorios del ISP para la vigilancia de virus respiratorios y al ISP, junto a los funcionarios del Laboratorio de Virus Respiratorios y Exantemáticos.

**IMPACTO EN EL TAT DE LA IMPLEMENTACIÓN DE DIAGNÓSTICO RÁPIDO DE VIRUS RESPIRATORIOS POR MÉTODO POC EN INVIERNO 2024, URGENCIA PEDIÁTRICA DEL HOSPITAL ROBERTO DEL RÍO**

Dona Benadof fuentes ^{1,2,3}, Mirta Acuña ^{1,2,3}, Pascale Clement ^{1,2,3}, Agustin Zamorano ¹, Barbara Muñoz ⁴, Yennybeth Leiva ^{2,3}, Susan Castillo ¹, Camila Astudillo ¹

(1) Hospital de niños Roberto del río, Laboratorio clínico/ servicio de urgencia / infectología, av profesor zañartu 1085. Independencia, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Pediatría y cirugía norte, Facultad de medicina, Santiago, Chile

(3) Universidad de Chile, CICA Hospital Roberto del río, Facultad de medicina, Santiago, Chile

(4) Pontificia Universidad Católica, Departamento de Kinesiología, Santiago, Chile

Introducción: Las pruebas rápidas tipo point of care (POC) para virus respiratorios, incluidos los paneles multiplex, están más disponibles en los servicios de emergencia (SU). Las infecciones respiratorias virales en sus formas más severas como la neumonía se asocian a morbilidad y mortalidad, pero durante la temporada de invierno los servicios de urgencia se ven también afectados por una alta carga asistencial de morbilidad respiratoria cuyo manejo etiológico representa eventualmente una atención de mejor calidad, eficiente, y efectiva.

Objetivos: Describir el impacto en Tiempo de respuesta (TAT) en la implementación de diagnósticos de infecciones respiratorias agudas por Spotfire R en niños que consultan en SU Hospital Roberto del río (HRR) durante los meses de mayo-junio y julio 2024 y compararla con el mismo periodo 2023.

Material y método: Estudio comparativo, antes y después, considerando el período intervencional mayo-junio y julio 2024 con introducción del método diagnóstico SPOTFIRE R/ST como estándar de cuidado bajo algoritmo de uso consensuado con médicos del SU, más PCR en tiempo Real de 8 patógenos respiratorios marca Seagene[®] que ya estaba implementada desde octubre de 2023 por discontinuación de reactivos de IFD, comparada con el mismo periodo 2023 en que solo se tenía disponible diagnóstico IFD Light Diagnostic Merck Millipore utilizando estrategia de dos fluoróforos en screening. Los datos del TAT se obtuvieron del sistema informático CLARION. El IFD detectaba con dos fluoróforos VRS en rodamina y resto de virus respiratorios con fluoresceína (TAT 1,5 a 3 horas). PCR multiplex 8 patógenos detecta VRS, ADV, Infl A Y B, Metapneumovirus, parainfluenza, SARS COV 2 y Rinovirus (TAT 3 horas), SPOTFIRE R/ST detecta los mismos 8 virus (TAT 15 min.).

Resultados: Durante el periodo evaluado del año 2023 se procesaron 2507 muestras /pacientes en estas en TAT promedio fue de 11.7 horas, con moda de 3,1 y mediana de 7.7 horas. Con la estrategia de PCR multiplex Seagene 8 patógenos se procesaron 1782 muestras/ paciente tiempo respuesta promedio 18.4 horas, con una moda de 6.5 y mediana de 16,4 horas. Por último, se procesaron en el año 2024 por SPOTFIRE R/ST 766 muestras con un tiempo promedio de 2.2 horas, moda de 1.8 y mediana de 1.5 horas (ver Gráfico 1). Al comparar los tiempos de respuesta entre IFD y SPOTFIRE R/ST por un lado, y entre PCR 8V y SPOTFIRE R/ST por otro, estos fueron estadísticamente significativos según test Mann-Whitney ($p < 0.000$ y $p < 0.000$, respectivamente). Con respecto a la positividad, entre ambos periodos llama la atención la disminución en % de positividad de VRS de 66,2% 2023 a 33% 2024 y el aumento de % de positividad de adenovirus de 3,3% 2023 a un 15% 2024.

Discusión: Se encuentra una diferencia estadísticamente significativa entre el TAT de IFD, PCR multiplex de 8 patógenos y el POC SPOTFIRE R/ST. Esta diferencia en tiempos no solo significa una oportuna atención del paciente resolviendo la incertidumbre de la etiología de su diagnóstico, sino que permite al clínico desde la perspectiva de su accionar dar recomendaciones específicas de manejo y seguimiento, uno de los ejemplos planteados por los clínicos en los momentos de la implementación de este POC era prevenir la hospitalización de pacientes lactante con síndrome febril que resultaba ser de origen respiratorio viral. Otros outcomes que estos autores esperan abordar en la siguiente fase de la investigación es el tiempo de espera en urgencia, reducción de estadía hospitalaria, reducción de hospitalización, reducción de uso de antibióticos, optimización de uso oseltamivir, eficiencia de aislamiento de pacientes, uso de tests diagnósticos complementarios y prevención de reconsulta en urgencia. Se espera además evaluar la costo eficiencia de esta herramienta diagnóstica de manera de justificar plenamente su implementación. La incorporación de estas nuevas tecnologías diagnósticas podría modificar las políticas públicas asociadas a la gestión de las campañas de invierno en el futuro, en el escenario de vacunación con Nirsevimab que se puede observar en el cambio de % de positividad de ambos periodos, y el aumento de detección de adenovirus eventualmente por la sensibilidad de la técnica de PCR. Estos cambios en el escenario epidemiológico de circulación de virus respiratorios y de demanda de atención ambulatoria versus hospitalización en pediatría cambian los paradigmas de la gestión en salud pública.

Keywords: Point of care, virus respiratorios, tiempo de respuesta

Financing: Antimicrobial Stewardship Centers of Excellence (CoE) across the globe in partnership with hospitals

**CARACTERIZACIÓN DE LA PRÁCTICA DE LA MEDICINA DEL VIAJERO ORIENTADA EN LA CONSEJERÍA PRE-VIAJE EN CHILE Y LATINOAMÉRICA****Maximiliano Ramírez**¹, Cecilia Perret², Thomas Weitzel³

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

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Enfermedades Infecciosas e Inmunología Pediátrica, Facultad de Medicina, Santiago, Chile

(3) Clínica Alemana - Universidad del Desarrollo, Programa de Medicina del Viajero, Facultad de Medicina, Santiago, Chile

Introducción: La Medicina del Viajero (MV) es un área cuya demanda ha crecido a nivel mundial, incluida Latinoamérica (LATAM). Si bien se cree existe una gran heterogeneidad en la región, no existen estudios que evalúen las condiciones para la práctica de la consejería pre-viaje en LATAM, así como la disponibilidad de recursos para viajeros tales como vacunas, quimioprofilaxis para malaria y repelentes.

Objetivo: Caracterizar las condiciones para la práctica de la Medicina del Viajero y disponibilidad de recursos para viajeros en Chile y países de LATAM.

Materiales y métodos: Se envió una encuesta por correo electrónico a profesionales que practican MV en Chile y otros 16 países de LATAM, con preguntas orientadas a la práctica de la consejería pre-viaje. Se exploraron las condiciones para la práctica general y formación en MV, disponibilidad de vacunas para viajeros, disponibilidad de fármacos antimaláricos para su uso en profilaxis, así como repelentes y otras medidas para prevención de enfermedades transmitidas por artrópodos. Se incluyeron para el análisis descriptivo solo aquellos países de los cuales se obtuvo al menos una respuesta.

Resultados: Se obtuvo respuesta de 23 médicos provenientes de 15 países: Argentina, Brasil, Chile, Colombia, Costa Rica, Ecuador, El Salvador, Guatemala, Honduras, México, Panamá, Perú, República Dominicana, Uruguay y Venezuela. En todos los países, con excepción de Costa Rica y Panamá, existen centros y/o médicos que se dedican a la MV, sin embargo, solo en Argentina, Colombia, México y Perú hay médicos que dedican la mayoría de su tiempo a ello. Chile, junto a varios de los países encuestados, no poseen guías nacionales sobre inmunizaciones para viajeros o profilaxis de malaria. En menos de la mitad de los países existen cursos o formación de postgrado para MV. Sólo Colombia reportó la existencia de una red nacional de MV. En todos los países se refirió la disponibilidad de recursos únicamente en grandes urbes. Las vacunas con mayor disponibilidad corresponden a hepatitis B, hepatitis A, fiebre amarilla y varicela (disponibles en todos los países); tres vírica y dT en 14; polio en 13; rabia PrEP y meningocócica ACWY en 11. Las vacunas con menor disponibilidad corresponden a dengue en 2 países; cólera y tifoidea oral en 1 cada uno (con dificultad o stock irregular). La vacuna para encefalitis japonesa no se encuentra disponible en LATAM. En Chile se encuentran disponibles la mayoría de las vacunas encuestadas, sin embargo algunas de ellas con dificultad. Respecto a los antimaláricos para profilaxis, doxiciclina y cloroquina se encontraban disponibles en 13 países; mefloquina en 7; atovacuona/proguanil y primaquina en 5; tafenoquina en 1. Guatemala y Panamá no reportaron disponibilidad de antimaláricos para su uso como profilaxis. La disponibilidad de repelentes con certeza fue reportada para IR3535 en 8 países; DEET >30% en 6; e Icaridina >20% en 5. Tres países no reportaron la disponibilidad de ninguno de los repelentes encuestados. En Chile existe disponibilidad de cloroquina, doxiciclina y atovacuona/proguanil, sin embargo no se encuentran fácilmente DEET >30% o Icaridina >20%. Para casi la totalidad de las vacunas, antimaláricos y repelentes encuestados, se observaron países en que la disponibilidad de éstos se reportó únicamente en forma intermitente o con dificultad para el acceso.

Conclusiones: Existen importantes diferencias y gran heterogeneidad en el acceso a recursos para MV en LATAM. Las vacunas requeridas poseen buena disponibilidad general, sin embargo destaca el regular acceso a rabia PrEP. Chile dispone de la gran mayoría de vacunas para viajeros, pero algunas de ellas con difícil acceso. Pocos países de LATAM disponen de atovacuona/proguanil, siendo Chile uno de ellos. Si bien varios países de LATAM poseen enfermedades transmitidas por artrópodos endémicas, se observó una regular disponibilidad de recursos generales para su prevención. Factores en común a todos los países son la escasez de profesionales dedicados a MV, y la falta de instancias de formación en el área.

Keywords: Medicina del Viajero, Vacunas, Repelentes

Acknowledgments: Agradecimientos a todos los médicos de Latinoamérica y miembros de la Sociedad Latinoamericana de Medicina del Viajero (SLAMVI) que colaboraron en la realización de este estudio.



Área: Infecciones emergentes, zoonóticas y parasitarias

P74

INTELIGENCIA ARTIFICIAL PARA LA IDENTIFICACIÓN AUTOMÁTICA DEL MOSQUITO AEDES AEGYPTI, VECTOR DE ARBOVIRUS.

Jean Luis Zúñiga Montenegro¹, Matías Salinas Salazar¹, Débora Buendía¹, Andres Vilches Rivera¹, Diana Martínez Ruiz³, Daira Velandía³, Ma. Elizabeth Guerra Z², Ximena Collao Ferrada^{2,4}, Rodrigo Salas Fuentes^{1,4}

(1) Universidad de Valparaíso, Ingeniería Civil Biomédica, Ingeniería, General Cruz 222, Valparaíso, Chile

(2) Universidad de Valparaíso, Medicina, Medicina, Angamos 655, Viña del Mar, Chile

(3) Universidad de Valparaíso, Estadística, Ciencias, Av. Gran Bretaña 1091, Valparaíso, Chile

(4) Universidad de Valparaíso, Centro Interdisciplinario de Investigación Biomédica e Ingeniería para la Salud - MEDING, Ingeniería, Angamos 655, Viña del Mar, Chile

Introducción: El mosquito *Aedes aegypti* es un importante vector de virus como el dengue, zika y chikungunya, con un grave impacto global. En 2024, las Américas registraron un aumento devastador de casos de dengue, superando los 11 millones de sospechosos y casi 6 millones confirmados, con 14,915 casos graves y 6,250 muertes, lo que representa un incremento del 235% respecto a 2023. En Chile, la presencia de *Aedes aegypti* se detectó en las regiones de Arica-Parinacota y Tarapacá en 2016 y 2019, y en 2023 se reportó en la provincia de Los Andes, región de Valparaíso, lo que activó una alerta sanitaria renovada en 2024. Esto subraya la urgencia de identificar al mosquito rápidamente para prevenir la propagación de arbovirus. El monitoreo actual mediante ovitrampas, aunque efectivo, es lento, retrasando las acciones preventivas. El avance del mosquito hacia la zona central de Chile resalta la necesidad de mejorar los métodos de monitoreo. La inteligencia artificial surge como una herramienta innovadora que puede automatizar la detección y clasificación de mosquitos, procesando datos en tiempo real y optimizando el análisis manual, lo que permitiría una identificación temprana de *Aedes aegypti* y otros vectores.

Objetivo: El objetivo de este estudio es desarrollar una aplicación basada en inteligencia artificial para la identificación automática del mosquito *Aedes aegypti* frente a otras especies de mosquitos vectores de arbovirus. Esta aplicación de inteligencia artificial busca apoyar la vigilancia epidemiológica y proporcionar herramientas avanzadas para el control de vectores en Chile, optimizando las metodologías actuales y mejorando la respuesta ante la expansión del mosquito.

Material y métodos: Se desarrollaron tres modelos utilizando técnicas de inteligencia artificial para detección de objetos y clasificación: un modelo de detección y dos modelos de clasificación. Para el modelo de detección se utilizó el modelo F-RCNN con *backbone Resnet50*, por otro lado, para los modelos de clasificación se utilizaron 3 *backbone* distintos, *Resnet50*, *VGG16* y *MobileNetV2* optando por métricas que favorezcan a las clases *Aedes Aegypti* y *Culex* que son las que habitan en el territorio nacional. El primer modelo de detección fue entrenado con las bases de datos *IP 102* y *Mosquito Alert* y tiene como objetivo detectar el mosquito y descartar insectos en la imagen, para luego generar un recorte del área circundante al mosquito. De esta manera se elimina el fondo y otros elementos irrelevantes de la imagen centrándonos solo en el mosquito. La siguiente etapa de clasificación se encarga de filtrar malas detecciones. Los objetos identificados como clase *Mosquito* pasan a un segundo modelo de clasificación que tiene por objetivo discriminar entre mosquitos de la familia *Aedes* y *Culex*. Para este modelo se entrenó con 3 bases de datos: *Mosquito Alert*, *Mosquito-on-human-skin*, *Aedes Mosquitos Dataset*.

Resultados: Para validar el modelo de detección se le presentó al modelo 130 imágenes, 65 de mosquitos y 65 de peste insecto, logrando 141 detecciones (65 y 76 respectivamente). Con este modelo generamos 7482 recortes de la base de datos de *Mosquito alert* y 3513 de la base *IP 102* para el modelo de clasificación. A partir de esto, se emplearon 3528 recortes de *Mosquito* y 1297 de *Peste Insecto* para evaluar el rendimiento de las CNN *ResNet50*, *VGG16* y *MobileNetV2*, obteniendo precisiones globales del 90%, 92% y 94%, respectivamente. Una vez identificados los *Mosquitos*, se seleccionaron muestras de la familia *Aedes* y *Culex* para el modelo de clasificación entre diferentes especies. Se evaluaron los diferentes *backbones*, destacando *VGG16* con el mejor desempeño global (82%). *MobileNetV2* mostró mayor sensibilidad para las especies *Aedes aegypti* y para *Culex* con f1-scores de 94% y 84% respectivamente.

Conclusiones: El modelo desarrollado ha demostrado una alta sensibilidad en la clasificación de la especie *Aedes aegypti* frente a la especie *Culex*, que permite hacer una correcta separación de las características identificadas por el modelo para cada clase, lo cual es fundamental, dado que, cohabitan en las mismas áreas. El sistema basado en *MobileNetV2* se perfila como una herramienta prometedora para el monitoreo de mosquitos vectores acelerando los controles de prevención y manejo de enfermedades transmitidas por vectores.

Keywords: Mosquito, machine learning, Detección de especies

Financing: Proyecto Anillo ATE220020

Acknowledgments: Investigación financiada por proyecto anillo ATE220020 de Anid.



Area: Infecciones emergentes, zoonóticas y parasitarias

P75

INVESTIGACIÓN EPIDEMIOLÓGICA DE CAMPO ANTE CASO DE RABIA ANIMAL EN EL MUNICIPIO DE LA VEGA, CAUCA, COLOMBIA, 2023

Carolina Poulain Zapata ¹, Irene Alejandra Pinilla ², Flavio Enrique Garzón ^{2,3}

(1) Instituto Nacional de Salud, Programa de entrenamiento de Epidemiología de campo (FETP) Colombia Cohorte 2022 – 2024, Cohorte 2022 – 2024, Avenida calle 26 No. 51-20 - Zona 6 CAN, Bogotá D.C., Colombia

(2) Instituto Nacional de Salud, Dirección de Vigilancia y Análisis del Riesgo en Salud Pública, Avenida calle 26 No. 51-20 - Zona 6 CAN, Bogotá D.C., Colombia

(3) Instituto Nacional de Salud, Tutor Programa de entrenamiento de Epidemiología de campo (FETP) Colombia, Avenida calle 26 No. 51-20 - Zona 6 CAN, Bogotá D.C., Colombia

Antecedentes: La rabia es una enfermedad zoonótica, viral, letal y prevenible mediante vacunación, que a nivel mundial genera cerca de 59 000 muertes humanas en el mundo. Se presenta en dos ciclos urbano y silvestres y en Colombia se presenta solo este último desde hace 20 años. El 9 de agosto de 2023, se emitió una alerta por un caso de rabia animal en un área rural del Cauca.

Objetivo: describir la investigación epidemiológica de campo (IEC) y la caracterización del brote.

Material y método: Se realizó un estudio de brote en el área de foco y peri - foco. Se establecieron definiciones de casos y contactos de agresiones por animales potencialmente transmisores de rabia (APTR). Se efectuó una búsqueda activa comunitaria (BAC) e institucional (BAI), recopilando información sobre las personas y los animales. Se analizaron variables de persona, animal, tiempo y lugar, calculando frecuencias, porcentajes y coberturas de vacunación.

Resultados: El único caso confirmado fue un gato con variante genética de murciélago hematófago. El 27 de julio de 2023, este gato semiconfinado agredió a su dueño, quien consultó en un centro de salud. El caso falleció espontáneamente el 3 de agosto. Se identificaron tres contactos animales y cuatro humanos, tres recibieron profilaxis. Ningún contacto desarrolló rabia. La BAC abarcó 978 casas, caracterizando 1 754 personas y 902 animales. La cobertura de vacunación animal alcanzó 83,6 %. Se reportó alta presencia de murciélagos (43,8 %) y zarigüeyas (42,7 %). La BAI identificó cuatro casos con diagnóstico de exposición a un APTR de 2023 no notificados en el sistema de vigilancia.

Conclusiones: Este brote evidencia el riesgo persistente de rabia en Colombia, incluso en zonas con silencio epidemiológico prolongado. Se confirmó el origen silvestre, con un gato como vínculo entre el medio silvestre y el área rural poblada. Esto concuerda con la situación del país y resalta la necesidad de fortalecer la vigilancia y mantener acciones de prevención y control bajo la estrategia de Una Salud, incluso en áreas sin casos durante más de una década.

Keywords: rabia, brote, epidemiología

Financing: Instituto Nacional de Salud, Bogotá D.C., Colombia.



Area: Infecciones emergentes, zoonóticas y parasitarias

P76

NUEVO AISLADO DEL VIRUS ANDES OBTENIDO DURANTE SEGUIMIENTO PROSPECTIVO DE CONTACTOS CERCANOS DE UN CASO FATAL DE SÍNDROME CARDIOPULMONAR POR HANTAVIRUS.

Aldo Barrera^{1,2}, Hade Ramos^{1,3}, Eugenia Fuentes-Luppichini^{1,3}, Constanza Martínez-Valdebenito^{1,2}, Javiera Pradenas^{1,2}, Catalina Rogers^{1,2}, Carlos Palma², Claudia Campillo⁴, Nicole Le Corre^{1,2}, Jenniffer Angulo^{1,2,3,5}, Marcela Ferrés^{1,2,5}

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Departamento de Enfermedades Infecciosas e Inmunología Pediátricas, Medicina, Av. Libertador Bernardo O'Higgins 340, 8331150, Santiago, Chile

(2) Red Salud UC-CHRISTUS, Laboratorio Infectología y Virología Molecular, Marcoleta 391, 8330024, Santiago, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica de Chile, Facultad de Ciencias Biológicas, Av. Libertador Bernardo O'Higgins 340, 8331150, Santiago, Chile

(4) Ministerio de Salud, Seremi de Salud Región de los Ríos, Chacabuco 700, Valdivia, Chile

(5) Co-correspondientes

Introducción: El virus Andes (ANDV) es un *orthohantavirus* zoonótico que causa el síndrome cardiopulmonar por hantavirus. La mayoría de los contagios ocurren a través de la exposición ambiental a heces y orina de roedores infectados, y en menor frecuencia, a la transmisión de persona a persona desde casos a contactos cercanos. El aislamiento viral desde muestras humanas ha sido un desafío; a la fecha, sólo se ha reportado una cepa de ANDV aislada desde suero humano (CHI-7913, 2002). Esta dificultad se debe a la complejidad de obtener muestras durante la fase virémica precoz, en la que aún no hay presencia de anticuerpos específicos, así como complejidad de mantener la producción de partículas infecciosas a largo plazo a través de pasajes en cultivos celulares de laboratorio.

Objetivo: Aislar ANDV desde una muestra precoz de un caso diagnosticado de manera prospectiva.

Metodología: A partir del seguimiento virológico de contactos cercanos de un caso primario, se identificó un caso secundario de ANDV (#137) de manera prospectiva, previo al inicio de síntomas. Este caso formaba parte de un conglomerado de cuatro individuos. Utilizando muestras de suero con un RT-qPCR ANDV positivo (+) de este caso, se evaluó la presencia de anticuerpos anti-Hantavirus en diferentes fracciones serológicas usando técnica de ELISA (Euroimmune), y se cultivó en células Vero E6 durante 6 semanas en un laboratorio de bioseguridad nivel 3 (Unidad de Virología Aplicada, Facultad de Medicina, PUC). Durante este período se realizó una detección periódica de la producción de ARN viral mediante RT-qPCR ANDV, y de partículas infecciosas mediante ensayo de inmunofluorescencia usando un anticuerpo primario anti-nucleoproteína de ANDV. El genoma de partículas virales contenidas en los sobrenadantes de cultivo RT-qPCR ANDV (+) fueron secuenciadas utilizando la técnica de *whole-genome sequencing* (WGS) en un iSeq100 de Illumina.

Resultados: La serología IgG/IgM para la muestra inicial de #137 resultó negativa, mientras que la detección del genoma viral y de partículas infecciosas en el cultivo celular de esta muestra fue positiva luego de 3 semanas post incubación, positividad que fue aumentando progresivamente hasta el pasaje 2 (6 semanas total). La secuenciación reveló una divergencia genómica total del 3,46% (pasaje 1; 2,55% segmento S; 3,71% segmento M; 3,57% segmento L) respecto al aislado CHI-7913.

Conclusiones: Se documenta el hallazgo de un nuevo aislado de ANDV a partir de una muestra humana obtenida durante el seguimiento prospectivo de un contacto cercano de un caso ANDV (+). El éxito del cultivo se atribuye a que la muestra fue recolectada antes de la producción de anticuerpos. Este nuevo aislado corresponde al único reportado en más de 20 años y su obtención facilitará el estudio de sus características moleculares, permitirá determinar si las variaciones genéticas encontradas impactan en la antigenicidad, así como en la reactividad cruzada con sueros de individuos infectados en el pasado. Comité de Ética en la Investigación UC (ID 200625067).

Keywords: Virus Andes, Orthohantavirus, Hantavirus, transmisión persona-persona, aislamiento viral

Financing: FONDECYT 1211825, ATE220061, FONDECYT 1230718, FONDECYT 3220310.

Acknowledgments: Laboratorio de Infectología y Virología Molecular, Red Salud UC-CHRISTUS, Unidad de Virología Aplicada UC, Epidemiología del Hospital Regional de Valdivia, y MINSAL.

**SERIE DE CASOS DE LEPTOSPIROSIS EN UN HOSPITAL DEL SUR DE CHILE**Sofía Villalobos ¹, Yazmín Pinos García ^{2,3}, Lorena Bastidas Leal ^{2,3}

(1) Pregrado Universidad Austral de Chile, Facultad de Medicina, Osorno, Chile

(2) Hospital San José de Osorno, Unidad infectología, Osorno, Chile

(3) Docencia Universidad Austral de Chile, Facultad de Medicina, Osorno, Chile

Introducción: La leptospirosis es una zoonosis bacteriana de notificación obligatoria, causada por espiroquetas del género *Leptospira*. El cuadro clínico se presenta en dos fases: la séptica y la inmune. Dentro de esta última, el Síndrome de Weil o manifestación icterohemorrágica tiene una mortalidad de hasta el 50%.

Aunque esta enfermedad se asocia comúnmente a climas tropicales y subtropicales, en Chile se han registrado 99 casos entre 2012 y 2021. Existen escasos datos clínicos publicados en nuestro país de leptospirosis en humanos, sólo reportes epidemiológicos y de seroprevalencia.

Objetivos: Describir y caracterizar una serie de casos de leptospirosis entre los años 2022 y 2024 en un hospital terciario del sur de Chile.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo, retrospectivo, observacional de los casos de leptospirosis diagnosticados en el Hospital Base San José de Osorno entre los años 2022 y 2024. Se revisaron fichas clínicas, exámenes de laboratorio e imagenológicos, reportes de la oficina de epidemiología de la provincia de Osorno y resultados del Instituto de Salud Pública (ISP).

Resultados:

Caso 1: Varón de 22 años, de Osorno. Trabajaba en sector sin agua potable. Presentó síntomas respiratorios, vómitos y debilidad muscular. En urgencias hemodinámicamente inestable, con rash eritematoso y papular extenso. Hemograma con leucocitosis (24.200/ μ L), PCR elevada (179.4 mg/L), Creatinina 0.78 mg/dl y bilirrubina total de 4.72 mg/dL. Se diagnosticó sepsis de foco abdominal. Requirió drogas vasoactivas y tratamiento con ampicilina-sulbactam por 7 días. Evolucionó favorablemente, al alta con Amoxicilina/Ac. Clavulánico por 7 días más. La serología inicial de leptospirosis fue indeterminada y no acudió a toma de 2° muestra.

Caso 2: Varón de 54 años, de Purranque. Consultó por dolor abdominal, vómitos, diarrea, cefalea e ictericia. Se descartó litiasis biliar con TAC de abdomen. Se evidenció creatinina elevada (3.13 mg/dL), PCR de 435.5 mg/L y bilirrubina total de 3.95 mg/dL. La PCR en sangre para leptospirosis fue positiva, además de ELISA IgM y microaglutinación (MAT) positivas. Se indicó tratamiento con Ceftriaxona por 7 días, con mejoría clínica. Fue dado de alta con Doxiciclina oral y seguimiento ambulatorio.

Caso 3: Varón de 20 años, de Purranque, hijo de paciente con leptospirosis (caso 2). Presentó dolor abdominal en hipocondrio derecho, fiebre de hasta 39.2°C, náuseas y vómitos. Se encontraba estable, con plaquetas de 121.000 / μ L, PCR de 62.7 mg/L y creatinina de 0.83 mg/L. Pese a que síntomas ya habían cedido, se solicitó serología ELISA IgM para leptospirosis, que resultó (+), con MAT (-). Evaluado en urgencias, se indicó tratamiento ambulatorio con doxiciclina por 7 días.

Caso 4: Varón de 23 años, de Puerto Octay. Ingresó con fiebre de hasta 39°C, cefalea, mialgias y vómitos, sin síntomas respiratorios. Refería contacto con roedores. Los exámenes mostraron creatinina 1.59 mg/dL, bilirrubina total de 1.68 mg/dL, PCR elevada (278 mg/L), con test rápido para hantavirus (-). Se inició tratamiento con Ceftriaxona y Doxiciclina por sospecha de leptospirosis, la cual se confirmó con ELISA IgM y MAT (+). Con evolución favorable, completó 7 días de antibiótico intravenoso y 14 días de doxiciclina oral.

Caso 5: Varón de 72 años, de Purranque, trabajador de lechería, con contacto con roedores. Cuadro de 2 días de cefalea, fiebre hasta 39°C, tos, náuseas, dolor abdominal y deposiciones diarreicas. Se encontraba estable, destacando trombocitopenia de 47000/ μ L, creatinina en 0.97 mg/dL, PCR 177 mg/L y Bilirrubina total 0.48 mg/dL. Test rápido Hantavirus (-). Se trató 7 días con ceftriaxona y 14 días con doxiciclina, con buena evolución. ELISA IgM y MAT resultaron (+) para leptospirosis.

Conclusiones: Realizamos el primer reporte de casos clínicos de leptospirosis en Chile en un periodo de 2 años en un hospital terciario del sur de Chile. De los casos descritos el 60% presentaba hiperbilirrubinemia y el 40% falla renal. 2 de los casos corresponden a un brote intrafamiliar (padre e hijo). Todos vivían en sector rural o presentaban factores de riesgo clásicos como contacto con roedores, no contar con agua potable o sumergimiento en fuentes de agua.

Es crucial realizar una anamnesis exhaustiva que incluya estos antecedentes de exposición de riesgo, para una adecuada sospecha, un diagnóstico oportuno y el tratamiento adecuado para evitar complicaciones y mortalidad.

Keywords: Leptospirosis, Síndrome de Weil, Zoonosis, ruralidad

Financing: Sin financiamiento.

**SOBREVIDA Y TENDENCIAS DE MORTALIDAD EN PACIENTES CON ENFERMEDAD DE CHAGAS EN CHILE (2007-2021): UN ESTUDIO DE COHORTE RETROSPECTIVO.**

Franco Fernández Guardiola ^{1,3}, Natalia Vergara Mallegas ⁴, Christian García Calavaro ⁴, Diego Sandoval Vargas ⁵, Inés Zulantay Alfaro ⁶, Werner Apt Baruch ⁶, Mauricio Canals Lambarri ², Kasim Allel Henríquez ⁷

(1) Programa de Doctorado en Salud Pública. Universidad de Chile, Escuela de Salud Pública, Facultad de Medicina, Av. Independencia 939, Santiago, Chile

(2) Universidad de Chile, Escuela de Salud Pública, Facultad de Medicina, Av. Independencia 939, Santiago, Chile

(3) Universidad de Chile, Departamento de Tecnología Médica, Facultad de Medicina, Av. Independencia 939, Santiago, Chile

(4) Ministerio de Salud, Departamento de Epidemiología, Subsecretaría de Salud Pública, Enrique Mac Iver 541, Santiago, Chile

(5) Universidad de Chile, Centre for Biotechnology and Engineering (CeBiB), Department of Chemical Engineering, Biotechnology and Materials, Beaucheff 851, Santiago, Chile

(6) Universidad de Chile, Laboratorio Básico – Clínico de Parasitología. Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Av. Independencia 939, Santiago, Chile

(7) University of Oxford, Health Economics Research Centre, Nuffield Department of Population Health, Richard Doll Building, Old Road Campus, Oxford OX3 7LF, Oxford, United Kingdom

Introducción: La enfermedad de Chagas, causada por el protozoo *Trypanosoma cruzi*, es una infección parasitaria endémica de América Latina que se ha convertido en un problema de salud global debido a su compleja dinámica de transmisión. A pesar de la reducción de la prevalencia global (11.3% de 1990 al 2019) sigue siendo una causa significativa de morbilidad y mortalidad. En Chile, la enfermedad representa un considerable impacto económico (\$25,47 - \$18.823,74 USD-PPA anuales) y enfrenta desafíos en la vigilancia y tratamiento, como la baja cobertura diagnóstica (1.2% de la población en riesgo) y la escasez de acceso a terapias efectivas. Además, el cambio climático está alterando la distribución del vector, complicando aún más su control.

Objetivo: El estudio busca evaluar la supervivencia y la mortalidad acumulada de pacientes hospitalizados con enfermedad de Chagas en Chile, utilizando modelos de sobrevida y análisis de series temporales. Se pretende estimar la función de supervivencia, analizar la mortalidad acumulada a lo largo del tiempo e identificar las tendencias en la mortalidad asociada a la parasitosis.

Material y método: Se realizó un estudio de cohorte retrospectivo, nacional, que incluyó 17,510 casos confirmados de Chagas en Chile entre 2007 y 2021. Se utilizaron registros del sistema de notificación obligatoria, complementados con datos de defunciones y egresos hospitalarios. Se aplicaron modelos de sobrevida de Kaplan-Meier y riesgos proporcionales de Cox, así como modelos paramétricos log-normales para evaluar el efecto de variables sociodemográficas (e.g., sexo, edad, región, etc.) respecto a la mortalidad. Se analizaron interacciones entre variables, sexo-edad, utilizando el modelo AFT (Modelos de Tiempo de Falla Acelerado) log-normal para evaluar sobrevivencia por subgrupos poblacionales.

Resultados: De los 17,510 pacientes, 261 (1.49%) fallecieron. La hospitalización fue un factor crítico; 652 (3.72%) pacientes fueron hospitalizados, con una diferencia significativa en la mortalidad respecto a pacientes no hospitalizados ($p < 0.001$). La estancia hospitalaria fue significativamente más larga en fallecidos (mediana de 15 días) en comparación con pacientes vivos al final del periodo de estudio ($p < 0.001$). El modelo de riesgos proporcionales de Cox reveló que las mujeres tenían un 45.21% menos de riesgo de muerte en comparación con los hombres (razón de riesgos 'HR'=0.55, intervalo de confianza 'IC' 95%: 0.44-0.69, $p < 0.001$). Los pacientes de 70 años o más tenían un riesgo 8.69 veces mayor de muerte en comparación con los menores de 70 años (HR=8.69, IC 95%: 6.79-11.13, $p < 0.001$). La hospitalización se identificó como un factor de riesgo importante para la mortalidad, con pacientes hospitalizados teniendo más del doble de riesgo de muerte en comparación con los no hospitalizados (HR=2.13, IC 95%: 1.77-2.56, $p < 0.001$). La etapa crónica de la enfermedad mostró un efecto negativo (coeficiente = -0.6764), indicando una menor probabilidad de sobrevida para pacientes en esta etapa. Esto se traduce en un ratio de tiempo de supervivencia de 0.51, indicando que los pacientes en etapa crónica tienen aproximadamente un 49% de reducción en el tiempo de supervivencia esperado en comparación con el grupo de referencia. En términos de riesgo, esto equivale a un HR de 1.96, es decir, los pacientes en etapa crónica tienen casi el doble de riesgo de experimentar el evento, comparado con los pacientes en etapa aguda. Además, se encontró una interacción significativa entre la etapa crónica y la región (coeficiente = 1.09, $p = 0.025$). Este resultado sugiere que el efecto de la etapa crónica en la sobrevida de los pacientes difiere según la región. La interacción de etapa crónica y región metropolitana está asociada con un aumento en el tiempo de supervivencia esperado, en comparación con la etapa aguda y otras zonas del país. En términos de riesgo, esto se traduce en un HR de 0.3362, indicando que el riesgo instantáneo de experimentar el evento se reduce en aproximadamente un 66.38%.

Conclusiones: La edad avanzada y el sexo masculino son factores de riesgo significativos para la mortalidad en pacientes con Chagas. Aunque se observó una tendencia decreciente en la tasa de mortalidad anual, se destaca la necesidad de vigilancia continua, detección temprana y estrategias de prevención dirigidas a reducir la carga de la enfermedad, especialmente en grupos de alto riesgo como hombres de mayor edad.

Keywords: Enfermedad de Chagas, Infecciones parasitarias, Sobrevida, Mortalidad, Salud Pública

Financing: Agencia Nacional de Investigación y Desarrollo (ANID): Beca de Doctorado Nacional (Folio 21230267).

Acknowledgments: Agradecemos al Departamento de Epidemiología del Ministerio de Salud de Chile por su ayuda en la recolección de datos y la interpretación de los resultados.



Area: Infecciones emergentes, zoonóticas y parasitarias

P79

VARIABILIDAD GENÉTICA Y PRESIÓN EVOLUTIVA EN EL GEN NSS DE ORTHOHANTAVIRUS ANDESENSE: IMPLICANCIAS EN LA PATOGENESIS Y VIRULENCIA DEL SÍNDROME CARDIOPULMONAR POR HANTAVIRUS.**Denisse Alegria** ^{1,3}, Yarabi Concha ¹, Romina Sepulveda ¹, Lisette Olloa ^{2,3}, Cecilia Vial ^{2,3}, Juan Ugalde ^{1,3}

(1) Universidad Andrés Bello, Centro de bioinformática y biología integrativa, Ciencias de la Vida, República 330, Santiago, Chile

(2) Universidad del Desarrollo, Ciencias e innovación en Medicina, Av. la plaza 680, Santiago, Chile

(3) Genomic Epidemiology in Emergent Diseases, Proyecto anillo ATE220061, Universidad del Desarrollo, Av. la plaza 680, Santiago, Chile

El Hantavirus Andes (ANDV) es el único hantavirus conocido que se transmite de persona a persona, causando el síndrome cardiopulmonar por hantavirus (SCPH) en Sudamérica, con una alta mortalidad (30-40%). La proteína no estructural NSs, codificada por el segmento S del genoma viral, es un determinante crítico en la patogénesis, facilitando la evasión inmune. La relación entre la variabilidad genética de NSs y la severidad clínica del SCPH aún no se comprende completamente. Este estudio explora cómo las mutaciones en el gen NSs afectan la virulencia y la respuesta inmune, proporcionando una perspectiva sobre la influencia de la variabilidad genética en la manifestación clínica del SCPH. Se secuenció el segmento S del ARN viral de 72 pacientes con SCPH mediante Illumina. El análisis de variantes de nucleótido único (iSNV) se realizó con iVar. Además, se emplearon 130 secuencias nucleotídicas del gen NSs en el programa HyPhy para identificar sitios bajo presión selectiva positiva. Un heatmap ilustró los cambios en la estabilidad estructural ($\Delta\Delta G$) de la proteína NSs debidos a mutaciones. Identificamos 7 variantes sinónimas y 23 no sinónimas en NSs. Variantes no sinónimas, con frecuencias variables, podrían estar relacionadas con la capacidad del virus para alterar la respuesta inmune del huésped y aumentar la gravedad del SCPH. Los análisis revelaron presión selectiva en los codones 3, 12, 40 y 46, y un $\Delta\Delta G$ positivo indicó desestabilización de la estructura 3d de la proteína NSs. La variabilidad genética en NSs de ANDV tiene implicaciones significativas para la patogénesis del SCPH. Las mutaciones que desestabilizan la proteína pueden influir en la virulencia y la evasión inmune del virus, resaltando la importancia de la genética viral en la evolución clínica del SCPH.

Keywords: hantavirus andes, Síndrome cardiopulmonar por hantavirus, proteína NSs, variabilidad genética

Financing: Proyecto Anillo ATE220061 / Proyecto Fondecyt 1221209 / Beca de Doctorado Nacional

Acknowledgments: Programa Hantavirus y Zoonosis, UDD/ Centro de Bioinformática y Biología Integrativa, UNAB/ Beca de Doctorado Nacional (ANID)



Area: Infecciones en inmunocomprometidos

P80

INFECCIONES INVASORAS POR CAPNOCYTOPHAGA SPP EN PACIENTES INMUNOCOMPROMETIDOS: EXPERIENCIA DE UN HOSPITAL PÚBLICO**Camila Diez de Medina Rojas** ^{1,2}, Andrés Soto ^{1,2}, Erika Rubilar ¹, María Elvira Simian ³, Luz María Fuenzalida ³

(1) Hospital del Salvador, Unidad de Infectología, Av Salvador 364, Santiago, Chile

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

(3) Hospital del Salvador, Laboratorio de Microbiología, Av Salvador 364, Santiago, Chile

Introducción: *Capnocytophaga* spp. corresponde a un bacilo Gram negativo, fermentador, anaerobio facultativo. Este agente tiene 9 especies, las que se clasifican en dos categorías, las zoonóticas y las pertenecientes a la microbiota oral humana, dentro de las están *C. sputigena*, *C. gingivalis*, *C. granulosa*, *C. haemolytica*, y *C. leadbetteri*, entre otras. Estas especies se asocian en forma infrecuente con infecciones localizadas e invasoras, principalmente en inmunocomprometidos. En Chile, no existen estudios recientes que analicen la epidemiología de esta infección.

Objetivos: Determinar las características clínicas de los pacientes con bacteriemia por *Capnocytophaga* spp., en un centro hospitalario de alta complejidad.

Métodos: Estudio observacional, retrospectivo, tipo serie de casos, realizado en el Hospital del Salvador, en Santiago. La búsqueda de casos se realizó por medio de la pesquisa de hemocultivos positivos, desde los registros del Laboratorio de Microbiología, entre 01/07/2013 y 31/06/2024. Desde la ficha clínica de cada paciente, se recopiló información sobre variables epidemiológicas, clínicas, microbiológicas, terapéuticas y pronósticas. Los resultados se expresaron en frecuencias absolutas y porcentajes para las variables cualitativas, y en medianas y rangos intercuartiles (RIC) para las cuantitativas. El estudio fue aprobado por el Comité de Ética del SSMO.

Resultados: En el periodo señalado, se identificaron 9 pacientes con hemocultivos positivos, 2 para *Capnocytophaga* spp. y 7 para *C. sputigena*. Del total, 6 eran mujeres y 3 hombres. La mediana de edad fue de 34 años (RIC 26 – 50). 7/9 pacientes tenían una comorbilidad hematológica bajo quimioterapia (QT) o terapia inmunosupresora, incluyendo 2 con aplasia medular, 1 linfoma de Burkitt, y 4 pacientes con leucemia mieloide aguda (LMA). Uno de estos últimos, tenía trasplante de progenitores hematopoyéticos alogénico. En todos ellos, existió una neutropenia febril de alto riesgo (NFAR), con mediana de RAN de 10 cels/mm³ (RIC 0 – 25), 5 de foco orofaríngeo, ya sea por mucositis y/o compromiso periodontal y 2 infecciones asociadas a catéter venoso central (CVC). Además, un paciente presentó bacteriemia en contexto de COVID-19 grave bajo terapia con corticoides, y otro tenía el antecedente de lupus grave, cuyo hemocultivo se consideró colonización del CVC de hemodiálisis. Estos dos últimos pacientes se encontraban hospitalizados en UCI al momento de la toma de los hemocultivos. El resto no requirió traslado a unidades de mayor complejidad. Entre los casos, hubo dos pacientes con antecedentes de diabetes y uno VIH+. La mediana de tiempo de positividad en los hemocultivos fue de 49,55 hrs. (RIC 42,03 – 57,9). 8 pacientes recibieron terapia antibiótica dirigida, siendo piperacilina/tazobactam o carbapenémicos los más utilizados, con traslape a vía oral con amoxicilina/ácido clavulánico en 2 pacientes. La mediana de duración de la terapia antibiótica efectiva fue de 12 días (RIC 8,5 – 14). Sólo una paciente con LMA en QT con pericoronaritis de terceros molares, tuvo una bacteriemia recurrente por *C. sputigena*, con estudio de diseminación negativo. No hubo pacientes fallecidos a 30 días, como consecuencia de la infección.

Discusión: En esta serie, la bacteriemia por *Capnocytophaga* spp. fue poco frecuente. La única especie documentada fue *C. sputigena*, que forma parte habitual de la microbiota oral humana. Hubo 2 casos, en que no fue posible la confirmación de especie, dado que no se contaba con MALDI-TOF al momento del diagnóstico. Todos los pacientes fueron inmunocomprometidos, principalmente oncohematológicos con neutropenia posterior a QT. Ninguno de los pacientes evolucionó con shock séptico, ni falleció, y tuvieron buena respuesta a la terapia antimicrobiana. Sólo hubo un caso con bacteriemia recurrente en un paciente con severo compromiso periodontal.

Keywords: Capnocytophaga, Capnocytophaga sputigena, inmunocomprometidos



"ANÁLISIS DE FACTORES ASOCIADOS A RESULTADO CLÍNICO DESFAVORABLE EN ADULTOS HOSPITALIZADOS POR INFECCIÓN POR VIRUS RESPIRATORIO SINCICIAL"

Paulina Vergara Pinto ¹, Valeria Pizarro ¹, Verónica Salas ¹, Claudio González ¹, Mauricio Cofré ¹, Mariella Raijmakers ¹

(1) Hospital Barros Luco Trudeau, Infectología, Medicina, Gran avenida José Miguel Carrera 3122, San Miguel, Santiago, Chile

Introducción: El virus respiratorio sincicial (VRS), es un virus responsable de infecciones respiratorias en todos los grupos etarios. Recientemente reconocido como agente causal de importante morbilidad en adultos mayores de 60 años. La mayoría de las infecciones son leves, asociándose a mayor gravedad aquellos en edades extremas de la vida y con mayor carga comórbida.

Objetivos: Evaluar las características clínico-epidemiológicas asociadas a un resultado clínico desfavorable en adultos hospitalizados por infecciones por VRS, en un hospital terciario de la región metropolitana.

Metodología: Estudio observacional de una cohorte de adultos hospitalizados que cursaron con infección respiratoria por VRS. Se realizó recolección de información en base de datos de uso clínico de equipo de infectología. Se definió resultado clínico desfavorable, una variable compuesta por ingreso a unidad de paciente crítico (UPC) y/o muerte a 30 días, ambos de causa respiratoria. Se excluyeron los pacientes que presentaron estos desenlaces por otras causas. Se recopilaban las distintas variables clínicas a través de la revisión de fichas clínicas con anonimización de datos. Se estudió la relación entre variables mediante una regresión logística. Se consideró significancia estadística para valores de $p < 0,05$. Los análisis estadísticos se realizaron utilizando el programa STATA.

Resultados: De una muestra inicial de 53 pacientes, se incluyeron 43 pacientes. Los excluidos fueron 2 por no encontrarse hospitalizados, 2 por no contar con sus datos clínicos y 6 por ingresar a UPC o morir por causa no relacionada a la infección por VRS. De la muestra general destacan una mediana de edad de 70 años, predominantemente de sexo femenino (72%), alto índice de comorbilidad (88%), principalmente diabetes mellitus, enfermedad pulmonar obstructiva crónica (EPOC), insuficiencia cardíaca y enfermedad renal terminal. El 72% cursó con neumonía, 23% con EPOC exacerbado, 93% con insuficiencia respiratoria, 30% requirió ingreso a UPC y 11% falleció. En relación al análisis por outcome combinado, el resultado desfavorable se encontró en 16 casos, estos se diferenciaron de forma significativa del otro grupo en mayor prevalencia de EPOC (OR 4.17) y mayor coinfección bacteriana objetivada (OR 9,23). Mientras que se observaron tendencias a una asociación positiva con mayor proporción de personas en el grupo de resultados desfavorables, con las siguientes características clínicas mayores de 60 años, tabaquismo, mayor índice de comorbilidad de forma proporcional a su puntaje y presentación como neumonía. Por otro lado, no hubo asociación con la magnitud de elevación de parámetros inflamatorios ni la coinfección viral.

Conclusiones: Actualmente se reconoce que la infección por VRS constituye un problema importante en determinadas poblaciones adultas. En el presente estudio se evidencia que en los pacientes hospitalizados por infección por VRS, la coexistencia de comorbilidades, especialmente EPOC, y la coinfección bacteriana son factores determinantes en la evolución desfavorable de estos pacientes. A pesar de que no se estableció una correlación estadísticamente significativa con otros factores, como la edad avanzada y el tabaquismo, estos muestran una tendencia hacia peores desenlaces. Estos hallazgos aportan a la evidencia nacional y enfatizan en la importancia de la identificación temprana de los factores que podrían permitir una estratificación más precisa del riesgo y la implementación de intervenciones dirigidas en busca de mejorar los resultados clínicos en dichos grupos, quienes además se beneficiarían de medidas preventivas de la infección por VRS como la inmunización y el desarrollo de nuevos antivirales para su tratamiento.

Keywords: Virus respiratorio sincicial, adultos, mortalidad, inmunización, antivirales

Financing: Sin financiamiento

Acknowledgments: Equipo de infectología, microbiología y farmacia clínica HBLT

**ANÁLISIS DE LOS FENOTIPOS Y GENOTIPOS DE RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS DE ENTEROBACTERIALES AISLADOS DESDE DEPOSICIONES DE AVES SINANTRÓPICAS COSTERAS DE LA REGIÓN DE COQUIMBO**

Dagianna González Cabello^{1,2}, Camila Guerrero¹, Álvaro Avilés¹, Mauricio Oyanadel³, Gabriela Rossi⁴, Nicole Urriola², Daniel Herrera¹

(1) Universidad Santo Tomás, Escuela de Tecnología Médica, Facultad de Salud, Ruta 5 1068, La Serena, Chile

(2) Universidad Católica del Norte, Departamento Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina, Larrondo 1281, Coquimbo, Chile

(3) Pontificia Universidad Católica del Valparaíso, Escuela de Bioquímica, Instituto de Química, Facultad de Ciencias, Avenida Universidad 330 - Curauma, Valparaíso, Chile

(4) Universidad Católica del Norte, Doctorado en Biología y Ecología, Facultad de Ciencias del Mar, Larrondo 1281, Coquimbo, Chile

Introducción: Las infecciones causadas por enterobacteriales multirresistentes se encuentran entre las más frecuentes de la población humana, en especial las provocadas por *Escherichia coli*, bacteria perteneciente a la microbiota habitual del humano. Estas bacterias multirresistentes han aumentado en los últimos 30 años, generando problemas a la hora de elegir un antibiótico adecuado para combatir infecciones, esto debido a la transferencia de genes entre bacterias que portan no solo genes de resistencias a antimicrobianos, sino que también genes de virulencia y de resistencia a metales. La población humana se encuentra habitualmente en contacto con animales de vida silvestre, asunto relevante puesto que pueden transferir genes de resistencia a la microbiota del ser humano o viceversa. En este sentido, encontramos a las aves sinantrópicas costeras, quienes estarían implicadas como vectores de estos genes a nivel internacional, ya que podrían estar colonizadas por enterobacteriales con resistencias provenientes de humanos.

Objetivo: Analizar fenotípica y genéticamente el perfil de resistencia a antibióticos de enterobacteriales aislados desde deposiciones de aves sinantrópicas costeras de la región de Coquimbo.

Material y método: Se recolectaron 102 muestras de deposiciones frescas de aves costeras, tales como, *Larus dominicanus*, *Cormorán Guanay* y *Pelecanus Thagus* de 8 costas de la región de Coquimbo. Estas se transportaron en medio Cary Blair, se identificaron por técnicas de microbiología tradicional, para las pruebas de susceptibilidad a antibióticos se realizó la técnica de difusión en agar para los antibióticos, ampicilina, cefazolina, ceftazidima, gentamicina, ciprofloxacino, cotrimoxazol y nitrofurantoína. Para el análisis genotípico se realizó extracción de DNA genómico con el kit Wizard y se estudió la presencia de genes *bla*_{TEM}, *bla*_{CTX-M} y *bla*_{SHV}, se visualizaron los productos de PCR mediante electroforesis en gel de agarosa al 2%.

Resultados: Se aislaron 91 cepas de las cuales 74 fueron de interés, se identificó *E. coli* con un 47.3 %, *Proteus mirabilis* con un 19.8 %, *Proteus vulgaris* con un 6.6% y por último *Klebsiella pneumoniae* con un 5.5%. También se identificó un aislado de *Salmonella* spp. y un aislado de *Shigella* sp. Se evidenció que ampicilina fue el antibiótico con mayor resistencia con un 52.1%, seguido de un 28.2% de resistencia a cefazolina, respecto a cotrimoxazol obtuvo un 8,5% de resistencia junto con 7% y 4,2% de resistencia a ciprofloxacino y a nitrofurantoína respectivamente. Por otro lado, el 100% de las cepas fue susceptible a gentamicina y ceftazidima. Respecto a patrones de resistencia se detectó en *E. coli*, *P. vulgaris*, *Salmonella* spp., *Shigella* spp., *K. pneumoniae* y *P. mirabilis*, el patrón ampicilina-cefazolina, seguido por el patrón ampicilina-cefazolina-cotrimoxazol, entre otros. Se aisló una *E. coli* multirresistente. Se realizó la detección de genes de betalactamasas en 22 cepas en estudio, la presencia de genes CTX-M se observó en 15 de los 22 aislados bacterianos, de los cuales 9 corresponden a *E. coli*, 1 a *Shigella* spp., 1 a *Salmonella* spp., 1 a *K. pneumoniae* y 3 a *Proteus* spp. La presencia de genes TEM se observó en 1 aislado de *E. coli* y en 3 cepas de *Proteus* spp. No se detectaron betalactamasas de tipo SHV.

Conclusión: Las actividades antropogénicas han influido en el ecosistema de las aves que habitan las costas de la región de Coquimbo, las muestras analizadas muestran que las aves son reservorio de enterobacteriales con resistencia a los antibióticos cuyos genes pueden ser transferibles y que pueden actuar como un potencial diseminador de estos agentes que afectan la salud de la población, por lo que es crucial implementar estrategias para el manejo ambiental y sanitario desde un enfoque UNA SALUD.

Keywords: Resistencia Antimicrobiana, Aves sinantrópicas costeras, Enterobacteriales, Una Salud

Financing: Tecnología Médica Universidad Santo Tomás Facultad de Medicina Universidad Católica del Norte



CARACTERÍSTICAS DE LA CIRCULACIÓN DE VIRUS RESPIRATORIO SINCICIAL: ANTES Y DESPUES DE NIRSEVIMAB

Constanza Fernandez Morande¹, Marcela Ferres^{1,2}, María Victoria Moreno⁶, Pablo Vial³, Valeska Vollrath⁴, Luisa Montecinos⁵, Cecilia Perret¹

(1) Departamento Enfermedades Infecciosas e Inmunología Pediátricas. Escuela de Medicina. Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago, Chile

(2) Laboratorio Infectología y Virología Molecular, Pontificia Universidad Católica de Chile y Red de Salud UC CHRISTUS, Santiago, Chile

(3) Facultad de Medicina Clínica Alemana Universidad del Desarrollo, Santiago, Chile

(4) Laboratorio Clínico Clínica Alemana, Santiago, Chile

(5) Laboratorio Virología Hospital Lucio Córdova, Santiago, Chile

(6) Laboratorio Clínico BUPA Lab parte de Clínica Bupa, Santiago, Chile

Introducción: El virus respiratorio sincicial (VRS) es causa importante de morbimortalidad en lactantes, con una incidencia global de 9,5% y una tasa de mortalidad de 2,2%. Esto implica una sobrecarga considerable del sistema de salud, especialmente durante la campaña de invierno. En 2024, Chile se convirtió en el primer país del hemisferio sur en usar el anticuerpo monoclonal de larga vida media Nirsevimab para prevenir el VRS en menores de 1 año. Este anticuerpo neutraliza la conformación de prefusión de las subunidades F1 y F2 de la proteína F del VRS, evitando que el virus ingrese a la célula. Su administración universal y gratuita comenzó el 1 de abril de 2024, dirigiéndose a todos los niños nacidos desde el 1 de octubre de 2023, incluyendo a todos los recién nacidos (RN) entre abril y septiembre de 2024, así como a los niños beneficiarios de la Ley Ricarte Soto. La cobertura alcanzada fue 98,3% en RN y 90% en lactantes.

Objetivos: Describir la circulación del VRS entre 2017 y 2024 en la población general y por grupos etarios. Evaluar el impacto del Nirsevimab en la distribución proporcional de VRS en comparación con otros virus tradicionales en menores de 1 año durante 2024 respecto a 2022.

Materiales y Métodos: Se usaron datos de circulación de VRS por semana epidemiológica (SE) desde enero de 2017 hasta la SE 35 de 2024, obtenidos de la Red de Vigilancia Metropolitana. Esta red recoge resultados de pruebas diagnósticas de virus respiratorios provenientes de cuatro centros de salud: Red Salud UC CHRISTUS, Clínica Alemana-UDD, BUPA Lab (ex Integramédica) y Hospital Lucio Córdova. Se seleccionaron muestras de VRS A y B, adenovirus, parainfluenza 1 a 4, influenza A y B y metaneumovirus, identificadas mediante métodos inmunocromatográficos, inmunofluorescencia y ensayos moleculares, usados en más del 90% de las muestras. Se establecieron tres categorías etarias: <1 año, 1 a 14 años y >14 años. Se compararon los picos de circulación de VRS en 2022 y 2024 debido a que el número de muestras en ambas semanas fue similar. Finalmente, se comparó la proporción de VRS respecto a otros virus en los años 2022 y 2024 durante la temporada de invierno entre abril y agosto.

Resultados: En la población general, durante el periodo prepandemia (2017-2019), la máxima circulación de VRS se observó entre las SE 27 y 29. En 2020, el VRS desapareció, y en 2021 se notó un retraso en el pico de circulación hasta la SE 35. Desde 2022, la mayor circulación se registró entre las SE 21 y 26. Al comparar 2022 y 2024, se encontró que el pico de VRS mostró 353 casos en 2022 y 375 en 2024, con una positividad de 20,8% y 21,8%, respectivamente.

Por grupo etario, la curva de circulación de VRS entre 2017 y 2023 fue similar a la observada en la población general, determinada principalmente por los <1 año y los de 1 a 14 años. En 2024, el grupo <1 año mostró un pico significativamente menor que en años anteriores, mientras que la curva de circulación general se asemejó a la del grupo de 1 a 14 años.

En 2022, la proporción de VRS respecto a otros virus respiratorios en <1 año fue del 53%, frente al 33% en 2024 (95% CI 16.5%-23.4%, $p < 0.0001$). En el grupo de 1 a 14 años, la proporción fue del 29% en 2022 y del 28% en 2024, sin diferencias significativas. En el grupo >14 años, la proporción de VRS descendió del 12% en 2022 al 6% en 2024 (95% CI 4,3%-7,8%, $p < 0.0001$).

Conclusiones: La introducción de Nirsevimab resultó en una disminución significativa de la identificación de VRS en consultantes ambulatorios u hospitalizados por cuadros respiratorios menores de 1 año; adicionalmente se observa que disminuye la proporción de infecciones por VRS comparado con otros virus respiratorios en este grupo etario. Nirsevimab no tuvo efecto en la temporalidad del brote estacional de VRS, el que postpandemia ha estado más adelantado comparado a prepandemia. La reducción de la proporción de VRS en >14 años con el uso de Nirsevimab podría hablar de efecto rebaño, pero requiere de mayor tiempo de observación para una correcta interpretación.

Keywords: VRS, circulación viral, Nirsevimab

Financing: no aplica

Acknowledgments: Cecilia Perret Red de Vigilancia Metropolitana

**CARACTERIZACIÓN NACIONAL DE GENOTIPOS DEL VIRUS DE LA HEPATITIS C EN CHILE****Eduardo Godoy Cid**¹, William Acevedo Muñoz¹

(1) Hospital Dr. Lucio Córdova, Laboratorio de biología molecular, Gran Av. José Miguel Carrera 3204, San Miguel, Santiago, Chile

En la década pasada la identificación de los genotipos circulantes del virus de la hepatitis C (VHC) en personas afectadas era un indicador crucial para la selección del tratamiento adecuado, incluyendo el esquema, la dosificación y la duración del mismo. Este conocimiento permitía personalizar la terapia antiviral optimizando así los resultados clínicos y mejorando la eficacia del tratamiento. Actualmente, con el uso de los antivirales de acción directa de última generación, los esquemas de tratamiento pueden enfocarse en un genotipo específico o adoptar un enfoque pangenómico. Sin embargo, la genotipificación del VHC sigue siendo importante para caracterizar el genotipo viral antes del tratamiento, lo que facilita la distinción entre recaídas y reinfecciones, estas últimas implican un nuevo contagio por un genotipo diferente las cuales son cada vez más frecuentes. Además, siempre se debe considerar la posibilidad de insuficiencia terapéutica en pacientes coinfectados con más de un genotipo del virus de la hepatitis C.

En el hospital Dr. Lucio Córdova entre el 1 de enero de 2020 y el 31 de diciembre de 2023, se analizaron 873 genotipos de virus de la hepatitis C (VHC) mediante PCR en tiempo real, en pacientes entre 6 y 91 años, de los cuales 656 eran hombres y 217 mujeres. Los resultados mostraron que el genotipo más prevalente fue el genotipo 1, con 476 casos (54%), seguido por el genotipo 4 con 213 casos (24%), el genotipo 3 con 152 casos (17%), el genotipo 2 con 25 casos (3%) y el genotipo 5 con 1 caso, (0%). Se registraron 10 muestras con genotipificación indeterminada. Se encontraron 2 casos de coinfección con los genotipos 1a y 4, un caso de coinfección de 1a y 1b, y un caso de coinfección de genotipos 2 y 3.

En cuanto a los subtipos del Genotipo 1, el más común fue el 1b, representando el 55% (262), seguido por el subtipo 1a, con el 40% (189), y un 5% restante (25 muestras) que correspondieron al genotipo 1 sin subtipo definido.

En la Región Metropolitana, el genotipo más prevalente del virus de la hepatitis C es el 1b, con 169 casos, seguido de cerca por el genotipo 4, que presenta 167 casos. En la zona norte del país, se observa una distribución similar a la de la región metropolitana. Sin embargo, en la zona sur se destaca un aumento significativo en la prevalencia del genotipo 3, que ha llegado a igualar al genotipo 1b.

Keywords: virus de la hepatitis c, genotipificación, chile**Financing:** sin financiamiento.**Acknowledgments:** sin agradecimientos.



Area: Inmunizaciones

P85

COSTO-EFECTIVIDAD DE LA ESTRATEGIA COMPLEMENTARIA RSVpreF MATERNA CON NIRSEVIMAB VERSUS NIRSEVIMAB SOLO PARA LA PREVENCIÓN DEL VIRUS RESPIRATORIO SINCICIAL EN LACTANTES EN CHILEJuan Francisco Falconí ², Rafael Bolaños ¹, Ahuva Averin ³, Erin Quinn ³, Amy Law ⁴, Diana Mendes ⁵

(1) Pfizer, Value & Evidence, Lima, Perú

(2) Pfizer, Vaccines Medical and Scientific Affairs, Santiago, Chile

(3) Avalere Health, Boston, MA, USA

(4) Pfizer Inc, New York, NY, USA

(5) Pfizer Ltd, Tadworth, Surrey, UK

Introducción: El virus respiratorio sincicial (VRS) es una de las principales causas de enfermedades del tracto respiratorio inferior (ETRI) entre los lactantes en Chile. En 2023 se recomendó el uso del anticuerpo monoclonal de acción prolongada, nirsevimab, en los lactantes para abordar la elevada carga de VRS-ETRI. Se espera que pronto se autorice una vacuna bivalente contra la proteína prefusión F (RSVpreF) de su uso en mujeres embarazadas para proteger a sus bebés.

Objetivo: Evaluar la relación costo-efectividad de la estrategia complementaria vacuna RSVpreF materna con nirsevimab en lactantes versus nirsevimab solo para la prevención de VRS-ETRI en lactantes en Chile.

Material y método: Se desarrolló un modelo de cohorte para estimar los resultados clínicos y económicos asociados con VRS-ETRI en lactantes desde el nacimiento hasta 1 año y de la muerte relacionada con VRS. Los resultados del modelo se generaron en función de las tasas de enfermedad/letalidad, eficacia de la intervención, pérdida de utilidad relacionada con la enfermedad, costos directos y costos indirectos. El costo de Nirsevimab fue de \$260,00. El costo de RSVpreF se basó en el valor económicamente justificable (VEJ) de RSVpreF versus ninguna intervención acorde con la disponibilidad a pagar de un producto interno bruto per cápita. La cobertura de las intervenciones fue del 90% (RSVpreF administrada durante todo el año; nirsevimab administrado de abril a septiembre); en la estrategia complementaria, nirsevimab se limitó a los bebés nacidos de madres no vacunadas. Se asumió que la eficacia de las intervenciones disminuiría gradualmente hacia los 12 meses. Los análisis se realizaron desde la perspectiva social con costos en dólares estadounidenses para 2023; los costos, los años de vida (AV) y los AV ajustados por calidad (AVAC) se descontaron un 3% anual.

Resultados: Sin intervención, se estimaron 10.457 casos de VRS hospitalizados (VRS-H) y 39.460 casos de VRS atendidos en el departamento de emergencias (VRS-DE), con costos totales directos e indirectos correspondientes de \$21,0 millones. La vacuna RSVpreF evitaría el 45% (n=4.666) de los casos de VRS-H y el 27% (n=10.466) de VRS-DE, al tiempo que reduciría los costos en \$9,3 millones en comparación con ninguna intervención. Nirsevimab solo prevendría el 52% (n=5.418) de los casos de VRS-H y el 39% (n=15.317) de VRS-DE con un costo total de 58,8 millones de dólares (incluidos 48,7 millones de dólares para nirsevimab). La vacunación materna RSVpreF y el uso complementario de nirsevimab prevendría el 54% (n=5.635) de los casos de VRS-H y el 34% (n=13.423) de los casos de VRS-DE. Utilizando un VEJ de \$94,34 por dosis de RSVpreF, los costos totales de la estrategia complementaria son menores en \$24,1 millones (incluida una reducción de \$23,6 millones en los costos de intervención). Con 9 AVAC ganados, la vacunación con RSVpreF y nirsevimab complementario ahorró costos y fue más efectiva en comparación con nirsevimab solo.

Conclusiones: El uso de RSVpreF con nirsevimab complementario lograría un impacto en salud pública similar al de nirsevimab solo y generaría ahorros sustanciales de costos en Chile.

Keywords: VRS, vacunación, análisis costo-efectividad, virus sincicial respiratorio

Financing: Estudio financiado por Pfizer

**ESTACIONALIDAD DE LA INCIDENCIA DE ENFERMEDAD DE KAWASAKI EN CHILE: ANÁLISIS DE 2.636 CASOS.****Jaime Cerda**¹, Andrea Saldívar²

(1) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Salud Pública, Medicina, Diagonal Paraguay 362, Piso 2, Santiago, Chile

(2) Pontificia Universidad Católica de Chile, Escuela de Medicina, Medicina, Diagonal Paraguay 362, Piso 2, Santiago, Chile

Antecedentes: A la fecha, la etiología de la Enfermedad de Kawasaki (EK) permanece desconocida, siendo una enfermedad que resultaría de la exposición de individuos genéticamente susceptibles a desencadenantes infecciosos o ambientales. El análisis de lugares situados en los extratropicos del hemisferio norte reveló fluctuaciones estacionales estadísticamente significativas y consistentes en el número de casos de EK, con un incremento en invierno y una disminución a fines del verano y en otoño. En el hemisferio sur, la variación estacional de la incidencia de EK ha sido escasamente investigada.

Objetivo: determinar y caracterizar la existencia de variación estacional en la incidencia de EK en Chile, mediante el análisis de sus egresos hospitalarios. **Material y métodos:** Estudio epidemiológico de base poblacional. La estacionalidad de la incidencia por EK (código CIE-10 M30.3) en Chile durante el período 2002-2019 fue analizada mediante un modelo de regresión binomial negativo y un modelo geométrico asumiendo un patrón cíclico sinusoidal.

Resultados: durante el período estudiado se registró un total de 2.636 egresos hospitalarios por EK, correspondientes a 2.614 egresos hospitalarios ponderados por duración del mes. De estos últimos, 27,9% ocurrieron en primavera, 23,9% en verano, 21,9% en otoño y 26,3% en invierno. Tomando como referencia la estación meteorológica con el menor número de egresos hospitalarios (i.e. otoño), el modelo de regresión binomial negativo estimó que el riesgo de presentar casos en primavera e invierno fue significativamente mayor, siendo su $RR = 1,25$ (IC95% 1,07-1,46) y $RR = 1,19$ (IC95% 1,02-1,39), respectivamente, sin alcanzar significancia estadística en verano. El modelo geométrico demostró un patrón sinusoidal; para los datos agregados del período en estudio la razón *peak-to-low* de egresos hospitalarios fue 1,37 (IC95% 1,23-1,53), situándose el *peak* de egresos hospitalarios en primavera o invierno en 17 de 19 años analizados (fecha de estimación del peak: 21 de septiembre).

Conclusión: en Chile, la ocurrencia de egresos hospitalarios por EK sugiere un patrón estacional, caracterizado por un mayor número en primavera e invierno. Ello refuerza la hipótesis que vincula la ocurrencia de EK con desencadenantes infecciosos (virus respiratorios invernales) o medioambientales.

Keywords: Kawasaki, Estacionalidad, Incidencia

Financing: Estudio no requirió financiamiento.

**MÁS ALLÁ DEL COVID-19: CARACTERIZACIÓN SINTOMATOLOGÍA POST COVID-19 EN DOS CIUDADES DE CHILE****Xaviera Molina**¹, Loreto Nuñez², Camila Awad¹, Paola Rubilar¹, Muriel Ramirez³, Cristobal Carvajal⁴

(1) Universidad del Desarrollo, Centro de Epidemiología y Políticas de Salud, Facultad de Medicina, Santiago, Chile

(2) Universidad de Talca, Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Talca, Chile

(3) Universidad Católica del norte, Departamento de Salud Pública, Facultad de Medicina, Coquimbo, Chile

(4) Universidad del Desarrollo, Centro de Informática Biomédica, Instituto de Ciencias e Innovación, Facultad Medicina, Santiago, Chile

Introducción: Desde el inicio de la pandemia de COVID-19 a finales de 2019, el mundo ha enfrentado una crisis sanitaria sin precedentes, con más de seis millones de muertes y 700 millones de casos a nivel global en los primeros tres años. En Chile, el primer caso se identificó en marzo de 2020 y hasta la fecha se han registrado más de 5 millones de casos y alrededor de 64 mil muertes. A pesar de los esfuerzos de vacunación que han alcanzado una cobertura de un 74.5% para la segunda dosis de refuerzo en mayores de 18 años, la aparición de nuevas variantes y la baja cobertura de la vacuna bivalente han continuado desafiando la gestión de la pandemia. Un fenómeno relevante en este contexto es el "COVID prolongado" o "Condición post COVID-19", caracterizado por la persistencia de síntomas más allá de la fase aguda de la enfermedad. Aunque a nivel mundial se estima que entre el 10% y el 20% de los infectados desarrollan esta condición, en Chile predominan estudios centrados en la población hospitalizada, dejando un vacío en el entendimiento de los efectos a largo plazo en la población general. El objetivo de este estudio es caracterizar la sintomatología de la condición post COVID-19 en una muestra representativa de dos ciudades chilenas, Coquimbo-La Serena y Talca, para identificar los síntomas prevalentes y evaluar su impacto en la calidad de vida de los individuos afectados.

Metodología: Se utilizó una muestra representativa de un estudio de seroprevalencia realizado entre mayo y agosto de 2022, que incluyó a individuos de 7 años o más en las ciudades de Coquimbo-La Serena y Talca. El diseño del estudio incluyó muestreo aleatorio bietápico estratificado para asegurar una muestra representativa de la población. Se llevaron a cabo entrevistas para identificar síntomas de la condición post COVID-19, evaluar antecedentes médicos, factores de riesgo, estado de vacunación, y acceso a programas de rehabilitación. La muestra final constó de 83 individuos diagnosticados con COVID-19, con un análisis de la sintomatología post COVID-19 basada en entrevistas estructuradas.

Resultados: De los 83 participantes con antecedentes de COVID-19, el 65.1% eran mujeres y el 34.9% eran hombres, con una edad promedio de 44 años. La mayoría pertenecía a FONASA y contaba con educación profesional completa. La patología más prevalente fue hipertensión (20.5%), seguida de hipotiroidismo (14.5%) y prediabetes/diabetes (9.6% y 8.4%, respectivamente). Un 80.7% de los participantes presentaron síntomas de la condición post COVID-19, de estos ninguno estaba inscrito en GES "Rehabilitación Post COVID-19". Los síntomas más prevalentes incluyeron ansiedad y alteraciones del sueño (59.7%), problemas de memoria (58.2%), dificultades de concentración (52.2%), fatiga en actividades diarias (49.3%), y depresión (46.3%). Otros síntomas notables fueron hormigueo (49.3%), caída del cabello (44.8%), tinnitus (41.8%), sequedad ocular (37.3%) y cambios visuales (35.8%). Un 28.4% de los participantes indicó que el COVID-19 impactó su ocupación laboral, mientras que la mayoría de los 842 individuos no contactados en el estudio no participó por falta de diagnóstico previo o rechazo a participar.

Discusión: Los resultados muestran que una alta proporción de individuos con COVID-19 experimenta síntomas persistentes de la condición post COVID-19, con un impacto significativo en su calidad de vida. La falta de acceso a programas de rehabilitación especializados como el GES "Rehabilitación Post COVID-19" para esta población subraya una brecha crítica en la cobertura sanitaria para quienes han desarrollado síntomas prolongados. La prevalencia de síntomas como ansiedad, alteraciones del sueño, y dificultades cognitivas destaca la necesidad de estrategias de intervención más inclusivas y accesibles para abordar la condición post COVID-19. Los hallazgos también reflejan una oportunidad para mejorar las políticas de salud pública y expandir los recursos disponibles para el manejo de esta condición a nivel nacional, especialmente en poblaciones no hospitalizadas. La información recabada contribuye a la comprensión de la prevalencia y el impacto de la condición post COVID-19 en la población general, proporcionando una base para futuros estudios y la formulación de políticas sanitarias efectivas.

Keywords: condición post covid-19, covid-19, sintomatología, epidemiología**Financing:** Universidad de Talca**Acknowledgments:** Equipos de terreno Universidad de Talca, Universidad del Desarrollo y Universidad Católica del Norte

**PREVALENCIA DE VIRUS PAPILOMA HUMANO EN MUJERES ATENDIDAS EN CENTROS DE ATENCIÓN PRIMARIA EN LA REGIÓN METROPOLITANA ENTRE 2017 AL 2023**

Nicole Bruneau¹, Monserrat Balanda¹, Héctor San Martín¹, Francisco Roldán¹, Daniela Hernández¹, Jorge Fernández², Eugenio Ramírez¹

(1) Sección Virus Oncogénicos, Subdepartamento de Enfermedades Virales, Instituto de Salud Pública de Chile, Ñuñoa, Santiago, Chile.

(2) Subdepartamento de Genética Molecular, Genética Molecular, Instituto de Salud Pública de Chile, Ñuñoa, Santiago, Chile

Antecedentes: El cáncer cervicouterino (CaCu), es el cuarto cáncer más frecuente en mujeres en todo el mundo. La infección persistente con Virus Papiloma Humano (VPH) de alto riesgo es la causa de CaCu, y cerca del 70% de los casos a nivel mundial se asocian a infecciones con VPH-16 y VPH-18. En Chile, 13.093 mujeres murieron por esta causa entre 2002 y 2022, siendo la segunda causa de muerte, después del cáncer de mama, en mujeres entre 25 y 64 años. Desde el año 2019, el Ministerio de Salud (MINSAL) ha promovido el tamizaje molecular del VPH en mujeres de 30 a 64 años como estrategia para disminuir la incidencia y mortalidad por CaCu.

Objetivos: Determinar la prevalencia y tipificación de VPH en muestras cervicales de mujeres atendidas en centros de atención primaria de salud de la comuna de Huechuraba, Región Metropolitana, entre los años 2017 y 2023.

Materiales y métodos: Se estudió un total de 4.655 hisopados cervicales de mujeres entre 25 a 64 años de edad, atendidas en cinco diferentes centros de atención primaria de la comuna de Huechuraba. El ADN celular fue purificado por métodos automatizados y el genoma viral fue amplificado a través de PCR en tiempo real. Las muestras positivas fueron genotipificadas mediante los métodos de PCR-RLB y secuenciamiento genético Sanger.

Resultados: Un total de 933 muestras resultaron positivas para VPH (20.04%). Las infecciones por VPH aumentaron a través del período estudiado, desde 17,22% para el año 2017, hasta 23,43% en el año 2023. Los genotipos de alto riesgo más frecuentes fueron el VPH-16 (21,56%), VPH-59 (9,13%) y VPH-31 (8,93%). Los genotipos VPH-16 y VPH-18 en conjunto solo se detectaron en el 26,68% de los casos positivos; sin embargo, la mayoría de las mujeres positivas estaban infectadas con otros VPH de alto riesgo (73,32%). En cuanto a los genotipos de bajo riesgo, los más frecuentes fueron VPH-53 (14,59%), VPH-42 y VPH-54 (13,79%). Las infecciones únicas (63,34%) fueron más frecuentes que las múltiples (36,66%). En cuanto a estas últimas, las más frecuentes fueron aquellas causadas por dos genotipos (23,37%), seguido de las de tres genotipos (8,68%), y finalmente, de cuatro o más (4,61%). Las mujeres de 25 a 34 años presentaron el mayor porcentaje de infección (26,73%), y éste fue disminuyendo a medida que avanzó la edad, con una positividad de 16,39% para el grupo de 55 a 64 años.

Conclusiones: En las mujeres positivas se detectó la circulación mayoritaria de genotipos de VPH de alto y bajo riesgo que no están actualmente incorporados en la vacuna utilizada en Chile. Esta información es crucial para la selección de estrategias para el tamizaje y para la elección de las vacunas que serán administradas en mujeres residentes en Chile, con el objetivo de disminuir la incidencia de CCU.

Keywords: Virus Papiloma Humano, VPH Alto Riesgo, VPH Bajo Riesgo, Infecciones únicas, Infecciones múltiples

Acknowledgments: Estamos muy agradecidos del trabajo del Subdepto. de Genética Molecular del ISP por su contribución técnica, y de los trabajadores de centros de APS de Huechuraba participantes.



Area: Diagnóstico de laboratorio

P89

GENOTIPIFICACIÓN DE VIRUS PAPILOMA HUMANO (HPV) DE ALTO RIESGO ONCOLÓGICO EN MUJERES CHILENAS SANAS PREVALENCIA Y PERSISTENCIA DE LA INFECCIÓN

Marjorie Morales ¹, Hugo Hidalgo ¹, Constanza Hidalgo ²

(1) Inmunomedica, CASTELLON 316, CONCEPCION, Chile

(2) Universidad San Sebastian, Facultad de Medicina

Antecedentes: El cáncer cervicouterino (CaCu) es un problema de salud significativo en Chile, con más de 1.500 diagnósticos anuales. La detección temprana es clave. La mayoría de los casos de CaCu son diagnosticados en mujeres sin tamizaje o bien un PAP negativo (por su baja sensibilidad). El tamizaje para el virus del papiloma humano (VPH) es fundamental, dado que más del 90% de los casos de CaCu están relacionados con infecciones por VPH de alto riesgo. Detectar la presencia de VPH permite un seguimiento más efectivo y la implementación de medidas preventivas. La persistencia de esta infección requiere un monitoreo regular, ya que puede aumentar el riesgo de desarrollar cáncer cervical.

Objetivo: Conocer la prevalencia y persistencia de VPH de alto riesgo en población de mujeres sanas que se atienden en la zona centro sur de Chile entre Enero y Junio del 2024; comparando resultados obtenidos 2023. Metodología: Se reclutaron 2.737 muestras endocervicales de mujeres sanas que procedían a realizarse un examen preventivo en 19 comunas diferentes de Chile. Se realizó la genotipificación de 14 serotipos de VPH mediante PCR real time con un kit Anyplex HPV HR de Seegene (Alathea). Se analizaron resultados obtenidos este año 2024 entre enero y junio; se comparó con pacientes que repitieron el tamizaje obtenido durante el año 2023.

Resultado: La positividad fue de 44 % el año 2024 versus 42.6% el año 2023, la distribución de genotipos prevalentes fue VPH 16 (13%), 31 (12%), 39 (10%), 51 (9%); desplazando el resto de los 14 de alto riesgo. La mayor positividad se observó en mujeres de entre 15-30 años de edad. La mayor persistencia se observó en los genotipos 16, 31, 39.

Conclusión: Al analizar data de dos años realizando tamizaje por biología molecular para prevenir el CaCu es claro que se requiere de mejoras efectivas en el manejo y prevención; se requiere cambiar las pruebas actuales de tamizaje por pruebas más sensibles que permiten modificar el algoritmo de manejo. Además, la implementación de estas pruebas más avanzadas puede contribuir a una reducción en la incidencia de CaCu, al permitir intervenciones más tempranas y eficaces. La actualización de los métodos de tamizaje es un paso esencial hacia la mejora de la salud pública en este ámbito.

Keywords: HPV, Papiloma, Genotipificación, Cáncer Cervicouterino

Financing: Inmunomedica

Acknowledgments: Laboratorio Clínico Inmunomedica



PROGRAMA CIENTÍFICO



MIÉRCOLES 13		
	SALÓN BAQUEDANO	SALÓN LASTARRIA
14:00 - 17:15	RESISTENCIA BACTERIANA Moderadores: MARÍA PAZ ACUÑA - JAIME LABARCA	INFECCIONES EN PACIENTES TRASPLANTADOS DE ORGANOS SÓLIDOS Moderadores: CECILIA VIZCAYA - MARTHA QUEZADA
14:00 - 14:20	Vigilancia nacional de BGN multirresistentes: la experiencia Argentina - FERNANDO PASTERAN	Gestión del donante / estado actual de los trasplantes MAGDALENA VERA
14:20 - 14:40	Información del GCRB 2023 MARIA PAZ ACUÑA	Evaluación pre-TOS ¿Qué estudio y estrategias preventivas deben considerarse antes del trasplante? - MARIELLA RAIJMAKERS
14:40 - 15:00	Investigación del impacto de la resistencia bacteriana - KASIM ALLEL	¿Cuándo decir que sí? Seleccionando donantes con infecciones conocidas - GLORIA MARIN
15:00 - 15:15	Discusión	Preguntas y respuestas
15:15 - 15:45	Café	Café
15:45 - 16:05	Estudio de susceptibilidad de antibióticos claves para BGN difíciles de tratar - PATRICIA GARCIA	Optimizando la prevención en el TOS ¿Cuándo usar profilaxis antifúngica y antiviral? - RICARDO RABAGLIATI
16:05 - 16:25	Tratamiento actual de infecciones por BGN productores de Metalobetalactamasas: ¿Qué alternativas tenemos en Chile? - PATRICIO ROSS	Manejo de la infección por CMV en paciente trasplantado de órgano sólido - JOSE MARIA AGUADO
16:25 - 16:45	El futuro en resistencia antimicrobiana; nuevas amenazas y nuevas soluciones - ANA GALES	Inmunizaciones en el TOS ¿Que vacunas indicar pre y/o post trasplante? - VERONICA CONTARDO
16:45 - 17:15	Discusión y conclusiones finales	Preguntas y respuestas
17:30 - 18:00	Palabras de bienvenida - ERNESTO PAYÁ Presidente SOCHINF - FRANCISCO SILVA Presidente Comité científico	
18:00 - 18:15	Homenaje a Dra. Alejandra Fernández Valdés, Médica microbióloga MÓNICA LAFOURCADE	
18:15 - 19:00	CONFERENCIA INAUGURAL: Inteligencia artificial y sus aplicaciones JAIME DE LOS HOYOS	
19:00 - 20:00	COCTEL INAUGURAL	



JUEVES 14

SALÓN BAQUEDANO		SALÓN LASTARRIA	
8:30 - 9:10	CONFERENCIAS PLENARIAS Moderadores: LORENA TAPIA - PABLO VALENZUELA Evaluación de la estrategia nacional para uso de Nirsevimab JUAN PABLO TORRES		
9:10 - 9:50	Actualización en Diagnóstico y susceptibilidad en M TBC y No TBC FABIOLA ARIAS		
9:50 - 10:20	Café		
10:20 - 11:50	MÓDULO MICOBACTERIAS - Moderadores: MARÍA ELVIRA BALCELLS - ANDREA SEARLE	10:20 - 11:50	MÓDULO IAAS - Moderadores: FERNANDA COFRE - GLORIA MARÍN
10:20 - 10:45	Micobacterias NO TBC: ¿En qué estamos? PABLO VALENZUELA	10:20 - 10:45	Visita terapéutica hospitalaria de mascotas: ¿Es posible sin aumentar las IAAS? LEONOR JOFRE
10:45 - 11:10	Avances en el tratamiento de la TBC Multiresistente - FRANCISCO PINTO	10:45 - 11:10	PICC y MID lines. Una mirada desde IAAS MICHEL SERRI
11:10 - 11:35	TBC en pediatría: Lo que todo infectologo debe saber - MARILUZ HERNANDEZ	11:10 - 11:35	En carbapenemasas ¿Como y cuando realizar estudio de portación? ¿Qué medidas tomar? INES CERON
11:35 - 11:50	Preguntas y respuestas	11:35 - 11:50	Preguntas y respuestas
12:00- 13:30	Presentación trabajos científicos	12:00- 13:30	Presentación trabajos científicos
13:40 - 14:40	Simposium industria	13:40 - 14:40	Simposium industria
14:45 - 16:15	MÓDULO MICROBIOLOGIA CLINICA Moderadores: MARÍA ELVIRA SIMIAN - DONA BENADOF	14:45 - 16:15	MÓDULO INMUNOCOMPROMETIDOS Moderadores: VALENTINA GUTIÉRREZ - ANDRÉS SOTO
14:45 - 15:10	SAMR comunitario: novedades en epidemiología y el diagnóstico microbiológico-molecular ALEJANDRO AGUAYO	14:45 - 15:10	Infiltrados pulmonares en el paciente inmunocomprometido - EDUARDO LOPEZ
15:10 - 15:35	Nuevas aplicaciones de las tecnologías MALDI-TOF MS e infrarrojo en la detección de resistencia antimicrobiana - CLEDIR SANTOS	15:10 - 15:35	Programas de uso racional de antimicrobianos (PROA) en niños con fiebre y neutropenia. Es posible en América Latina? MARIA ELENA SANTOLAYA
15:35 - 16:05	Novedades del “Clinical Microbiology procedures handbook” - CAREY ANN BURNHAM	15:35 - 16:05	Programas de uso racional de antimicrobianos (PROA) en adultos con fiebre y neutropenia. Es posible en América Latina? FABIAN HERRERA
16:05 - 16:15	Preguntas y respuestas	16:05 - 16:15	Preguntas y respuestas
16:15 - 16:45	Café		
16:45 - 18:15	MÓDULO ANTIMICROBIANOS Guía GRADE Chilena para el tratamiento de BGN multiresistentes - Moderadores: DANIELA PAVEZ - LUIS BAVESTRELLO	16:45 - 18:15	MÓDULO MICOLOGIA Moderadores: CECILIA TAPIA - RICARDO RABAGLIATI
16:45 -17:05	Gram negativos productores de BLEE y carbapenemasas ¿Como estamos en Chile? JOSE MANUEL MUNTA	16:45 - 17:10	Epidemiología de las infecciones por hongos filamentosos en Chile - DONA BENADOF
17:05 - 17:25	Manejo de Bacilos Gram Negativos: Primera parte - CATALINA GUTIERREZ	17:10 - 17:40	Novedades en manejo de la Aspergilosis JOSE MARIA AGUADO
17:25 - 17:40	Manejo de Bacilos Gram Negativos: Segunda parte - LORETO ROJAS	17:40 - 18:05	¿Cómo optimizar el uso de los antifungicos? QF MARLON BARRAZA
17:40 - 17:55	Implicancias Pk/Pd RUTH ROSALES	18:05 - 18:15	Preguntas y respuestas
17:55 - 18:15	Manejo de BGN MR en niños y Conclusiones REGINA PEREZ		
18:30	ASAMBLEA DE SOCIOS SOCHINF - PRESENTACIÓN DE NUEVOS SOCIOS - ELECCION DE DIRECTORIO		



VIERNES 15			
SALÓN BAQUEDANO		SALÓN LASTARRIA	
8:30 - 9:10	CONFERENCIAS PLENARIAS Moderadores: VALENTINA GUTIERREZ - YASNA ALARCON COVID, persistencia viral y manejo en inmunocomprometidos JONATHAN LI		
9:10 - 9:50	Epidemiología y estrategias de prevención contra el Dengue EDUARDO LOPEZ MEDINA		
9:50 - 10:20	Café		
10:20 - 11:50	MÓDULO VIH - Moderadores: JOCELYN CASTILLO - MACARENA SILVA	10:20 - 11:50	Streptococcus pyogenes - Moderadores: CAROLINA RIVACOBIA - ALVARO ROJAS
10:20 - 10:45	Nuevas estrategias de profilaxis pre exposición PABLO HERRERA	10:20 - 10:45	Microbiología y epidemiología mundial S. pyogenes - MARIA LUISA RIOSECO
10:45 - 11:10	Salud cardiovascular en pacientes VIH RODRIGO MUÑOZ	10:45 - 11:10	Manifestaciones clínicas y tratamiento de S. pyogenes - JUANITA ZAMORANO
11:10 - 11:35	Viremia de bajo nivel y reservorios del VIH JONATHAN LI	11:10 - 11:35	Vacuna contra S. pyogenes ¿ En que estamos? ANIELA WOSNIAK
11:35 - 11:50	Preguntas y respuestas	11:35 - 11:50	Preguntas y respuestas
12:00- 13:30	Presentación trabajos científicos	12:00- 13:30	Presentación trabajos científicos
13:40 - 14:40	Simposium industria	13:40 - 14:40	Simposium industria
14:45 - 16:15	MÓDULO NEONATOLOGIA - Moderadores: FERNANDA COFRE - GIANNINA IZQUIERDO	14:45 - 16:15	AMENAZAS EPIDEMIOLÓGICAS VIRALES Moderadores: FRANCISCO ALCALDE - THOMAS WEITZEL
14:45 - 15:10	PROA en UCIN: conociendo datos nacionales LUIS DELPIANO	14:45 - 15:10	Mpox 2024 ¿Por qué una emergencia sanitaria? FRANCISCO ZAMORA
15:10 - 15:35	Antibióticos en UCIN desde la mirada PROA MARIA EUGENIA CASTRO	15:10 - 15:35	Rebotes Sarampión y Rubeola ¿Como abordar el desafío? - CECILIA PERRET
15:35 - 16:00	Estrategias no farmacológicas en prevención de BGN - ALEJANDRA SANDOVAL	15:35 - 16:00	Reintroducción del Dengue en Chile ¿Cuestión de tiempo? - MAURICIO CANALS
16:00 - 16:15	Preguntas y respuestas	16:00 - 16:15	Preguntas y respuestas
16:15 - 16:45	Café		
16:45 - 18:15	MÓDULO INMUNIZACIONES - Moderadores: CAROLA ESCOBAR - NICOLE LE CORRE	16:45 - 18:15	MÓDULO INFECCIONES EMERGENTES Moderadores: YAZMIN PINOS - YASNA ALARCÓN
16:45- 17:10	Vacunas y embarazo, nuevos desafíos y oportunidades - JAIME RODRIGUEZ	16:45 - 16:55	Caso Clínico
17:10 - 17:35	Nuevas vacunas y esquemas de inmunización anti neumococica - RODRIGO BLAMEY	16:55 - 17:30	Infecciones por complejo B. cepacia ¿Qué hemos aprendido? - MAURO ORSINI
17:35 - 18:00	Vacuna Influenza ¿Momento de reevaluar la estrategia? - CECILIA PERRET	17:30 - 17:40	Caso Clínico
18:00 - 18:15	Preguntas y respuestas	17:40 - 18:15	Pasasitosis en Chile: Resultados del ISP MARIA ISABEL JERCIC
20:30	CENA DE CLAUSURA		



SÁBADO 16

SALÓN BAQUEDANO - SALÓN LASTARRIA

9:00-10:30	CASOS INTERACTIVOS Moderadores: CECILIA VIZCAYA - FRANCISCO SILVA - ÁLVARO ROJAS Infectología adultos Infectología pediátrica Microbiología Clínica
10:30 - 11:00	Café
11:00-11:40	CONFERENCIAS PLENARIAS Moderadores: ERNESTO PAYA - INES CERÓN Stewardship en diagnóstico microbiológico LUZ MARIA FUENZALIDA
11:40 - 12:40	MEJORES PUBLICACIONES 2024 INFECTOLOGÍA ADULTOS: RENATO OCAMPO INFECTOLOGÍA PEDIÁTRICA: GONZALO VALENZUELA MICROBIOLOGÍA CLÍNICA: CARLOS ESPINOZA
12:40 - 13:20	Diagnóstico Microbiológico de Vanguardia: Explorando Nuevas Tecnologías CAREY ANN BURNHAM
13:20 - 13:45	PREMIACIÓN y CIERRE



ÍNDICE DE AUTORES

A			
Acevedo Contreras Alejandra	117	Cerda Jaime	132
Acuña Ávila Mirta	103	Contreras C. Omar	55
Aguayo Garrido Cristóbal	61	Correa Fuentes Sonia	110
Albornoz Valenzuela Javiera	59	D	
Alegria Denisse	125	Díaz Díaz Alfredo	47
Allel Kasim	27, 91	Díaz Hernández Natalia	108
Alvestegui Alejandra	54	Diez de Medina Rojas Camila	126
Arias Susan	72	Dosoli Muñoz Jorge	71
Arratia Leiva Gabriel	64	E	
Avilés Robles Martha	90	Elgueta Parada Vicente	81
B		Elmohrez Rosas Josefa	82
Balanda Apey Monserrat	94	F	
Balcells María Elvira	16, 17,20	Fernández Guardiola Franco	124
Barrera Aldo	122	Fernandez Morande Constanza	129
Bastidas Leal Lorena	77	Figueroa Doren Ariel	67
Benadof fuentes Dona	118	Flores Alondra	79
Bolaños Rafael	131	G	
Bruneau Nicole	134	Godoy Cid Eduardo	130
C		González Cabello Dagiana	128
Caballero-Díaz Pablo	15	González Rocha Gerardo Enrique	39
Canales Nicolás	58	Guggiana Nilo Piero	34
Canals Mauricio	19	Gutiérrez Ruiz Catalina	48
Cañas Prieto Martín	88	Gutiérrez Valentina	43
Carrasco Martínez Lucas	95		
Castillo Rozas Gabriel Alberto	29		
Ceballos Valdivielso María Elena	32		



H

Hormazábal Juan Carlos	18
Hueicha Karin	69

I

Ibar María	105
Infante Emilia	104
Iturrieta María Paz	25

L

Larrañaga Jorquera Aline	40
Lopez Castro Pedro	86
Lopez Silvina	66
López Miguel	113

M

Marin Torres Gloria	112
Martínez Bolívar José Gregorio	106
Martinez Daniela	84
Martinez Montero Sebastian	73
Martínez Pardo Demian Ignacio	102
Martínez Solis Jose Rodrigo Waldemar	11,12
Martinez-Valdebenito Constanza	75, 76
Matta Cortés Lorena	85
Matus Maximiliano	89
Melys Alvaro	53
Molina Xaviera	133
Montiel Alfonso Miguel Angel	98
Morales Jara Francisca	51
Morales Marjorie	135
Moscoso Maria Belen	63

Muñoz Rocha Ruben	62
-------------------	----

Ñ

Núñez Palma Carolina	45
----------------------	----

O

Ocampo Avello Renato	50
----------------------	----

P

Paredes Roldán Verónica	28
Parra Eliana	21
Passalacqua Hidalgo Stephania	116
Peña Moreno Cindy Aida	114
Peña Toro Nicolás Alejandro	36
Peters Anne	26
Pineda Susana	68
Pinos García Yazmín	80, 123
Piña-Iturbe Alejandro	24
Poulain Zapata Carolina	121
Puente Martinez Benjamin	100

Q

Quezada-Aguiluz Mario	56
Quilodran Felipe	30
Quiñones Barrios Camila Andrea	74
Quirós Rodolfo Ernesto	37
Quiroz Valeria	38

R

Ramírez Maximiliano	119
Rivas Lina	10
Rivera Dacil	78



Rodríguez Cea Jessica Marisol	52, 96	W	
Rodríguez Silva Vicente	83		
Rosales Ruth	35	Wozniak Aniela	13
Rubinstein acevedo tisha	115	Y	
S		Yañez Dominique	111
Saint-Pierre Contreras Gustavo	65	Z	
Sanchez Francisca	70		
Shinya Hidalgo Micaela	60	Zúñiga Montenegro Jean Luis	120
Silva Quilodrán María Teresa	31		
Silveira Goulart Letícia	92		
Soto Andrés	33		
Soto Katherine	57		
Spencer-Sandino Maria	22		
Suarez Marcia	14		
T			
Tachoures Scarleth	41		
Tenner Rebecca	23		
Tinoco Cahuana Javier	109		
Torrales Alexandra	107		
Torres Villegas Pamela	97, 99		
V			
Vergara Pinto Paulina	127		
Villalobos Gallardo Karol	87		
Villalobos Karol	44		
Villavicencio Landeros Leónel Eduardo	49,93		
Villegas Marcela	101		
Villena Martinez Rodolfo	42		



SOCIEDAD CHILENA DE
INFECTOLOGÍA
EDUCACIÓN MÉDICA CONTINUA

XXXIX

**CONGRESO CHILENO
DE INFECTOLOGÍA 2024**

