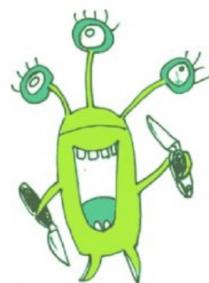




XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

TÍTULO DE IgG ANTI-RBD SARS-CoV-2 TRAS LA VACUNACIÓN CON ARNm BNT162b2 EN PERSONAL SANITARIO

Lozano Serra, J ; Francisco J. Cimas ; Torres, J ; Ontañón, J ; Blas, JJ ; de Cabo ,C *; Sierra, S ; Sainz de Baranda, C ; Mas, A ; Requena, M.A ; Rodriguez-García,J.L ; Vicente L ; Solera, J . 1Servicio Microbiología, CHUA; 2Mecenasgo COVID-19, Facultad de Medicina/CRIB, UCLM, Albacete; 3Servicio Análisis clínicos, CHUA; 4Unidad de Investigación, CHUA; 5Laboratorio Virología Molecular, CRIB, Ciudad-Real; 6Servicio Medicina Interna, CHUA.

Introducción y Objetivo: el esquema de vacunación actual frente al SARS-CoV2 no tiene en cuenta los antecedentes inmunológicos, lo que plantea dudas sobre la necesidad de vacunación, cuándo y cómo influye nuestro historial de vacunación e infección previa. Después de la exposición al SARS-CoV-2 y/o la vacunación, se produce un aumento en los títulos de anticuerpos séricos seguido de una disminución no lineal. Nuestro objetivo era averiguar si esta disminución de los títulos de anticuerpos encajaría en un modelo matemático.

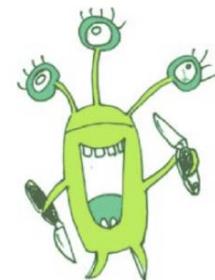
Material y método: se realizó un estudio longitudinal prospectivo observacional basado en una cohorte de 54 trabajadores sanitarios del Hospital General de Albacete. Se midieron los niveles de IgG frente a la proteína S1 de la espícula del virus SARS-CoV2, en el dominio de unión al receptor (RBD), mediante el inmunoensayo SARS-CoV2 IgG II Quant en el analizador Architect i-system (Abbott Park, IL, EEUU). El rango de medición analítica es de 21 a 80.000 AU/mL y se utilizó el punto de corte de 50 AU/mL para determinar la positividad. Se analizaron los títulos de IgG anti-RBD y las infecciones emergentes durante un período de diez meses después de la segunda dosis de la vacuna de ARNm BNT162b2 (Pfizer-BioNtech), en un grupo de trabajadores que nunca se habían infectado con el virus (grupo naive, nHCW n=27) y en otro que sí habían sido infectados previamente (grupo experienced, eHCW n=27). Se usaron dos modelos matemáticos: exponencial y potencial, para cuantificar la cinética de disminución de anticuerpos, y comparamos la calidad relativa de la bondad de ajuste entre ambos modelos mediante el criterio de información de Akaike.

Resultados: encontramos que las pendientes de decaimiento fueron significativamente más pronunciadas en el grupo nHCW en comparación con el grupo eHCW en el modelo exponencial (valor p: 1.801E-9) y potencial (valor p: 9.399E-13). La disminución de los niveles de IgG anti-RBD se ajustó significativamente al modelo exponencial (promedio de R²: 0,957 para nHCW y 0,954 para eHCW) y al potencial (promedio de R²: 0,991 para nHCW y 0,988 para eHCW), con un mejor ajuste al modelo potencial. En el grupo de nHCW, los títulos descendían por debajo del umbral arbitrario de 1000 unidades con una mediana de 210,6 días (rango intercuartílico: 74,2). Para el grupo eHCW, el mismo umbral de riesgo se alcanzaría a los 440,0 días (rango intercuartílico: 135,2) después de la vacunación. Dentro del grupo de personas que sólo se habían vacunado (nHCW) se observa que algunas mantienen un nivel de anticuerpos muy alto y sostenido en el tiempo, con apenas decaimiento; mientras en otras descienden muy rápidamente, y los convierte en vulnerables.

Conclusiones: los dos modelos empleados pueden explicar la disminución del título de IgG anti-RBD después de la vacunación. Independientemente del modelo utilizado, los eHCW tienen pendientes decrecientes más bajas y una mayor persistencia del título de anticuerpos que los nHCW. Nuestro enfoque proporciona una herramienta para la predicción individualizada de los niveles de anticuerpos y por lo tanto, la personalización de la administración de dosis de refuerzo de las vacunas, aplicándolas sólo cuando sea necesario y evitando posibles efectos secundarios.



XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Síndromico: Presente y Futuro.

RENTABILIDAD DE LA PCR MÚLTIPLE FILMARRAY® PARA EL DIAGNÓSTICO DE LAS MENINGITIS Y ENCEFALITIS EN EL ÁREA DE GUADALAJARA

Voyer Conde, S; Cascajero Marco, M; Tena Gómez, D; Pérez de Madrid Jiménez, S; Meza Escobar, DL; Lago Gómez, MR; Martínez, NM; Rodríguez Zurita, E; Solís del Baño, S; Gimeno Fernández, C; González Praetorius, A. Hospital Universitario de Guadalajara.

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS

Las encefalitis y meningitis constituyen una grave patología que requiere un diagnóstico etiológico rápido. El uso de la PCR múltiple permite un diagnóstico precoz con repercusiones clínicas valiosas para el paciente. El objetivo de este estudio fue evaluar la rentabilidad del panel FilmArray® Meningitis/Encefalitis (Biofire Diagnostics) en el diagnóstico de las infecciones del sistema nervioso central en el área sanitaria de Guadalajara entre enero de 2018 y diciembre de 2022

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron de manera retrospectiva los resultados de las PCR múltiples realizadas en LCR, así como los parámetros bioquímicos obtenidos. Los resultados de las PCR se compararon con los cultivos de LCR cuando el origen fue bacteriano o fúngico. Se consideraron parámetros bioquímicos normales los siguientes: ácido láctico (1.1-2.3 mmol/L), proteínas (30-60 mg/dL), glucosa (30-60% del valor en suero) y celularidad (<10 leucocitos/ μ L).

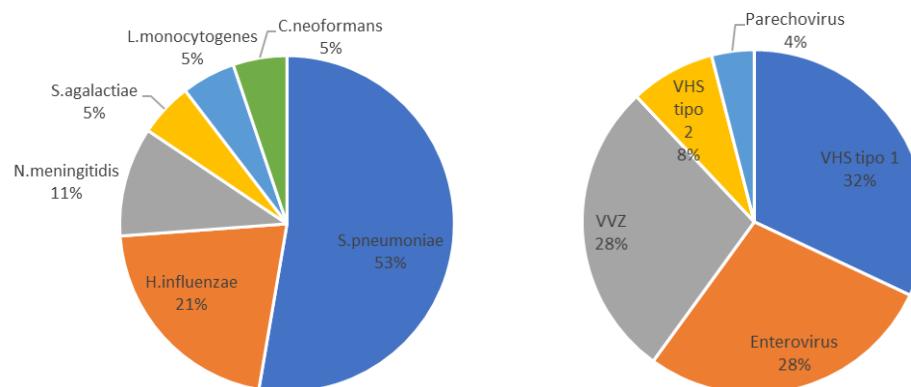
RESULTADOS

Se analizaron 298 muestras, de las cuales 44 (14,76%) fueron positivas mediante PCR. Se diagnosticaron 18 meningitis bacterianas, 1 fúngica y 25 meningoencefalitis víricas. El cultivo fue positivo en 11 de las 19 meningitis bacterianas o fúngicas (57,8%). Considerando todos los casos positivos, 41 (93,2%) presentaron bioquímica o celularidad alterada, mientras que 3 (6,81%) fueron normales. Estos 3 últimos fueron de origen viral y correspondieron a un neonato, un niño de 3 años y un anciano.

Tabla 1. Meningitis y encefalitis diagnosticadas mediante PCR múltiple en el área de Guadalajara (2018-2022).

Meningitis bacterias y fúngicas		Meningoencefalitis víricas	
Etiología	Número de casos	Etiología	Número de casos
S.pneumoniae	10	VHS tipo 1	8
H.influenzae	4	Enterovirus	7
N.meningitidis	2	VVZ	7
S.agalactiae	1	VHS tipo 2	2
L.monocytogenes	1	Parechovirus	1
C.neoformans	1		

Figura 1. Distribución etiológica de meningitis bacterianas y fúngicas (izquierda) y meningoencefalitis víricas (derecha).



De los 254 resultados negativos, 78 muestras presentaron bioquímica y celularidad normales, mientras que 159 tuvieron parámetros alterados. Globalmente, cuando la bioquímica y celularidad fueron normales el porcentaje de positividad de la PCR fue del 3,7%.

CONCLUSIONES

La PCR múltiple FilmArray® es una herramienta imprescindible para el diagnóstico de las meningitis bacterianas en nuestro medio, superando el rendimiento del cultivo. La rentabilidad de esta técnica es muy baja si la bioquímica y celularidad del LCR son normales.



XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

VIGILANCIA Y EVOLUCIÓN DE LAS VARIANTES SARS-COV-2 DURANTE LA ERA OMICRON EN LAS ÁREAS SANITARIAS DE ALBACETE Y CUENCA

Robles Fonseca L.¹; Sierra Alcañiz S.¹; Simarro Córdoba E.¹; González García A.¹; Escudero Jiménez Á.²; Prieto Borja L.³; de la Hoz Sereno E.¹; Sainz de Baranda Camino C.¹

¹Hospital General Universitario de Albacete (Albacete); ²Hospital de Hellín (Hellín); ³Hospital Virgen de la Luz (Cuenca)

Introducción

En la evolución natural del SARSCoV-2, la aparición de nuevas variantes con mayor transmisibilidad o escape inmunitario hace necesario un sistema de vigilancia.

Objetivos

Describir las distintas variantes que han circulado en las provincias de Albacete y Cuenca entre el 1 de enero de 2022 y el 28 de febrero de 2023.

Material y Métodos



Se realizó la secuenciación de genoma completo de muestras procedentes de las áreas sanitarias de Albacete y de Cuenca.

Se utilizaron los equipos IonChef y IonS5 Plus (ThermoFisher™) para la preparación de librerías y chips, y la secuenciación NGS respectivamente. Los archivos BAM y FASTA generados se enfrentaron al genoma de referencia (GenBank: MN996528) usando el programa UGENE V43.0. La asignación de linajes se realizó con ayuda de las bases PANGO y Nextclade. Todas las secuencias fueron subidas al repositorio global GISAID, e informadas a los Servicios de Epidemiología y Salud Pública.

Resultados

En el periodo de estudio se secuenciaron 1269 muestras, seleccionadas por muestreo aleatorio entre los positivos con Ct \leq 26. 931 muestras (73,2%) procedieron de la provincia de Albacete, de las cuales 748 (80,3%) pertenecían a la GAI de Albacete, 160 (17,2%) a la GAI de Hellín, 20 (2,2%) a la GAI de Almansa, y 3 (0,3%) a la GAI de Villarrobledo; mientras que 338 muestras (26,8%) procedieron de la provincia de Cuenca.

El linaje predominante desde la primera semana epidemiológica del año 2022 ha sido Omicron, representado en un principio por la variante BA.1 (y subvariantes como BA.1.1). Hasta la semana 5 aún se encontraban puntualmente variantes Delta, mayoritariamente AY.43. En la semana 4 se detecta la primera BA.2, pasando a ser la variante predominante a partir de la semana 10. En la semana 19 aparece por primera vez la variante BA.5, que se vuelve mayoritaria desde la semana 25, casi coincidiendo con la desaparición de BA.2 (semana 28). En cuanto a la variante BA.4, se detecta en la semana 21 por primera vez, siendo siempre un hallazgo minoritario. La variante BQ.1 (junto con sus diversas subvariantes), evolución de BA.5, surge en la semana 40, haciéndose dominante desde la semana 45.

Se han detectado variantes de interés (VOI) como BF.7 (1,2% del total, entre las semanas 35 a 2 de 2023); BA.2.12.1 (1,3% del total, entre las semanas 13 y 26); y BA.2.75 (0,3% del total, entre las semanas 38 a 43); y las variantes recombinantes XAZ, XBB.1 y XBB.2 de forma puntual a partir de la semana 42.

La VOI XBB.1.5 se ha encontrado a partir de la semana 3 de 2023, y gracias a ciertas mutaciones definitorias (como S:F486P) que le confieren mayor capacidad de unión al receptor ACE2, es esperable que vaya progresivamente desplazando a BQ.1 en las siguientes semanas.

Cabe destacar la aparición, en la semana 5 de 2023, de la variante XAY.1.1, una recombinante Delta-Omicron de circulación muy restringida pero actualmente considerada como variante en vigilancia (VUM), ya que también posee la mutación de interés S:F486P. Hasta la fecha sólo se habían detectado cinco casos en España (Comunidad Valenciana y Cataluña), siendo el de Albacete el primer caso de Castilla-La Mancha.

Conclusiones

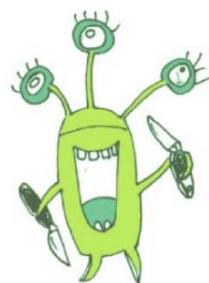
La monitorización y vigilancia semanal de la dinámica de aparición de nuevas variantes del virus, y el estudio de nuevas mutaciones clave, permite predecir futuras olas epidémicas, o su impacto clínico y epidemiológico.

La secuenciación NGS en los Servicios de Microbiología constituye por tanto una herramienta imprescindible para una respuesta rápida que ayude al control de la pandemia, y en un futuro para la caracterización y manejo de otros virus epidémicos y microorganismos multirresistentes.





XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

UTILIZACIÓN DE FilmArray® Panel Meningitis/Encefalitis (ME) EN TOLEDO

Rodríguez Polo, J.A.; Gómez Hernando, C.; Heredero Gálvez, E.
Hospital Universitario de Toledo. Toledo

Introducción: La meningitis afecta cada año a más de 2 millones de personas en el mundo. Pueden causarla: Bacterias, virus, hongos, parásitos, o causas no infecciosas como cáncer o lupus. La meningitis bacteriana produce unas 300.000 muertes al año en el mundo, siendo fatal hasta en un 10-20% de los casos. Por ello es importante el diagnóstico lo más rápido posible.

Objetivos: Analizar la detección de patógenos mediante FilmArray® Panel Meningitis/Encefalitis (ME) en pacientes con sospecha de meningitis/encefalitis

Material y Métodos: Se estudiaron retrospectivamente los pacientes a los que se les había realizado FilmArray® Panel Meningitis/Encefalitis (ME) de BioFire Diagnostics, LLC, Salt Lake City (bioMérieux) mediante la base de datos del laboratorio de microbiología (Modulab Gold 2.0 y 4.0 de Werfen) desde 2018 hasta 2022.

Resultados: Se realizaron un total de 607 pruebas, de las que fueron positivas 79 (13.01%), Se detectaron 52 virus (65%), 24 bacterias (30%), 2 hongos (2.5%) y 2 en las que se detectaban dos microorganismos (2.5%). El número de positivos por año y los microorganismos detectados se muestran en la tabla.

	2018	2019	2020	2021	2022	Total
Nº Arrays	53	123	130	124	177	607
Positivos	13	28	7	9	22	79
% Positivos	24,53	22,76	5,38	7,26	12,43	13,01
Enterovirus	3	7	1	0	16	27
Virus Herpes Simple 1	1	2	3	3	1	10
Virus Herpes Simple 2	1	0	0	1	1	3
Virus Varicela-Zóster	2	2	0	1	1	6
Herpesvirus Humano 6	0	4	0	1	0	5
Parechovirus Humano	1	3	0	0	0	4
Streptococcus pneumoniae	4	3	2	2	4	15
Neisseria meningitidis	0	0	1	0	2	3
Streptococcus agalactiae	0	0	0	1	1	2
Haemophilus influenzae	0	1	0	0	2	3
Escherichia coli K1	0	2	0	0	0	2
Listeria monocytogenes	0	1	0	0	0	1
Cryptococcus neoformans/gattii	1	1	0	0	0	2
Neisseria meningitidis; Virus Herpes Simple 1	0	1	0	0	0	1
Herpesvirus Humano 6; Enterovirus	0	1	0	0	0	1

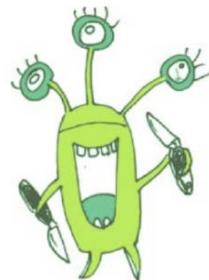
Conclusiones: La utilización del panel de FilmArray® ME simplifica el diagnóstico etiológico y permite un diagnóstico más rápido de meningoencefalitis (ME). Su uso como prueba urgente permite introducir de manera precoz las medidas terapéuticas y de control más adecuadas para el manejo de los cuadros clínicos de ME.

En nuestro estudio las infecciones víricas han sido la causa más frecuente de ME, siendo el enterovirus el patógeno más habitual.

La causa más frecuente de meningitis bacteriana fue *S. pneumoniae*.



XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

UTILIDAD DE LOS PANELES SINDRÓMICOS PARA EL DIAGNÓSTICO DE INFECCIONES PARA LAS QUE NO ESTÁ VALIDADO

**Asencio Egea, MÁ; Gaitán Pitera, J; López-Pintor Huertas, JM; Sánchez López, J; Huertas Vaquero, M
Hospital General La Mancha Centro. Alcázar de San Juan (Ciudad Real)**

INTRODUCCIÓN

En la última década los hospitales han incorporado los paneles sindrómicos a su arsenal diagnóstico, aportando rapidez y certidumbre. Sin embargo, cuando el agente etiológico no se incluye entre los patógenos habituales, es imperativo recurrir a otras alternativas (sobre todo en infecciones graves), como un panel sindrómico orientado a otro grupo de infecciones.

OBJETIVO

Nuestro objetivo es describir la aplicabilidad de los distintos paneles sindrómicos en el diagnóstico de infecciones para los que no está validado.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio retrospectivo de los paneles sindrómicos realizados para otras indicaciones en el Hospital General La Mancha Centro.

Se utilizaron paneles Filmarray® (BioMérieux, Francia): panel de sepsis (BCID2), panel de Respiratorio (RP2plus) y panel de Meningitis/Encefalitis.



RESULTADOS

Caso 1: niño de 7 años con fiebre de 11 días de evolución, tratado con amoxicilina en centro de salud por otitis media aguda, ingresa en UCI por neumonía con derrame pleural complicado. Se detecta *Streptococcus pneumoniae* en líquido pleural mediante panel de sepsis. No crece en cultivo, aunque el antígeno de neumococo en orina fue positivo.

Caso 2: niña de 19 meses con fiebre de 6 días de evolución, tratada con amoxicilina-clavulánico, ingresa en UCI por derrame pleural masivo con empiema y neumotorax. Se detecta *Streptococcus pneumoniae* en líquido pleural mediante panel de sepsis. Tampoco crece en cultivo, aunque el antígeno de neumococo en orina fue positivo.

Caso 3: Niña de 5 años con fiebre de 1 día de evolución, vómitos y cefalea, ingresa en UCI con meningitis bacteriana aguda complicada con shock tóxico y parálisis facial periférica secundaria a otitis media aguda. Se identifica *Streptococcus pyogenes* en LCR por panel de virus respiratorios. Al día siguiente creció en el cultivo.

Caso 4: varón de 85 años es ingresado en oftalmología por endoftalmitis. El humor vítreo se inoculó en un frasco de hemocultivo. Se identificó *Staphylococcus aureus* en humor vítreo mediante panel de sepsis, creciendo al día siguiente en el cultivo.

Caso 5: varón de 35 años con queratitis y antecedentes de encefalitis herpética. Se identificó VHS-1 en raspado corneal mediante panel de meningitis/encefalitis.



CONCLUSIONES

Ante la sospecha de un agente etiológico, el uso de un panel sindrómico adelanta el diagnóstico un mínimo de 24 horas, independientemente de que esté validado para esa indicación.

En los dos casos que no habían recibido tratamiento antibiótico se descartó un resultado falso positivo porque el microorganismo creció al día siguiente en el cultivo.

Consideramos que ante una infección grave se han de utilizar todas las herramientas disponibles para **identificar el agente etiológico** lo antes posible, aunque el coste sea elevado, ya que permite adelantar el tratamiento dirigido y, por tanto, **mejorar el pronóstico** del paciente.



MUSEO DE
ALBACETE

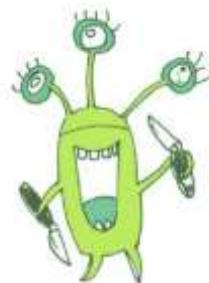


GERENCIA
DE ATENCIÓN
INTEGRADA
DE ALBACETE





XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

USO DE UNA PLATAFORMA DE PCR EN TIEMPO REAL PARA EL DIAGNÓSTICO DE LA COLONIZACIÓN POR ENTEROBACTERIAS MULTIRRESISTENTES AL INGRESO HOSPITALARIO

Esparcia Rodríguez, Ó ; García García, A ; Martín Bazarra, P ; Sierra Alcañiz, S ; de la Hoz Sereno, E ; García Guerrero, J ; Sainz de Baranda Camino, C . Servicio de Microbiología. Complejo Hospitalario Universitario de Albacete; Servicio de Medicina Preventiva. Complejo Hospitalario Universitario de Albacete.

Introducción

La multirresistencia es una amenaza para la salud pública.

Objetivos

Describir los resultados del uso de una plataforma de PCR en tiempo real para el diagnóstico precoz de la colonización por enterobacterias multirresistentes.

Material y métodos

Estudio descriptivo (diciembre de 2021 a enero de 2023). Según el protocolo de prevención de la infección nosocomial vigente en el Complejo Hospitalario Universitario de Albacete, a aquellos pacientes con antecedente de colonización y/o infección por enterobacterias multirresistentes (enterobacterias productoras de BLEE -excepto Escherichia coli- y/o productoras de carbapenemasa y Pseudomonas aeruginosa productora de carbapenemasa) se les solicita al ingreso un estudio de colonización mediante PCR (Allplex Entero-DR assay, Seegene) a partir de frotis rectal (excepto si el antecedente es anterior a tres meses). Si el resultado es positivo o inválido, la muestra es sembrada en medios selectivos. Solo se consideró una muestra por paciente.

Resultados

Durante el periodo de estudio se procesaron 118 muestras. Los principales resultados obtenidos se muestran en la Tabla 1. En 6 muestras (5,1%) existía más de un antecedente.

Tabla 1. Resultados obtenidos de la PCR y el cultivo.

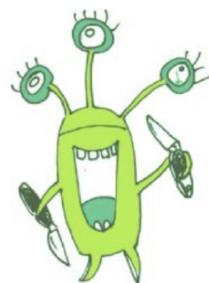
Variable	Positivas n (%)	Negativas n (%)	Inválidas n (%)
N.º de muestras n=118	39 (33,0)	72 (61,0)	7 (5,9)
Motivo de la petición			
<i>K. pneumoniae</i> BLEE n=84	29 (34,5)	50 (59,5)	5 (5,9)
Microorganismo productor de carbapenemasa n=25	7 (28,0)	16 (64,0)	2 (8,0)
Resultado del cultivo (n=46)			
Igual que el motivo de la petición de PCR	19 (48,7)	NP	1 (14,3)
Distinto al motivo de la petición de PCR pero microorganismo MR	21 (53,8)	NP	1 (14,3)
Distinto al motivo de la petición de PCR	20 (51,3)	NP	3 (42,8)
Igual mecanismo de resistencia que el motivo de la petición	36 (92,3)	NP	2 (28,6)

Conclusiones

El uso de la PCR a partir de frotis rectal permitió el diagnóstico rápido de la colonización por enterobacterias multirresistentes. Las muestras con resultados positivos para PCR deben ser cultivadas ya que un resultado distinto al que motivó la petición fue un fenómeno frecuente.



XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

SEROPREVALENCIA DE HEPATITIS DELTA EN EL ÁREA DE SALUD DE ALBACETE

Martín Bazarra, P; Sierra Alcañiz, S; Lozano Serra, J; Garcia Garcia, A; Blas Señalada J.J; Sainz de Baranda Camino, C. Servicio Microbiología. Hospital General Universitario de Albacete.

Introducción y objetivo: el virus de la Hepatitis Delta (VHD) es un virus RNA defectivo que necesita para su replicación de la existencia del HBsAg (antígeno de superficie de VHB). La infección puede ocurrir simultáneamente (coinfección) o bien posteriormente en un huésped ya infectado por VHB (sobreinfección). La seroprevalencia mundial de infectados por el VHD ha disminuido desde 1980, debido al programa mundial de vacunación contra el VHB. El objetivo del estudio fue evaluar la seroprevalencia del VHD en nuestro área sanitaria durante el primer año de introducción de la técnica de detección de anticuerpos totales VHD en nuestro laboratorio.

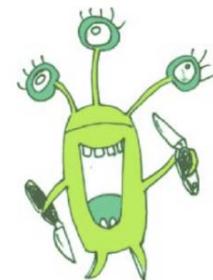
Material y método: estudio descriptivo, observacional y retrospectivo de pacientes a los que se realizó una búsqueda activa por parte de nuestro laboratorio de Ac anti-VHD, durante el periodo de un año (2022) en el Hospital General Universitario de Albacete. Se tuvo en cuenta una única determinación por paciente. La detección de IgG frente VHD se realizó mediante inmunoensayo, con la técnica LIAISON® XL murex Anti-HDV (DiaSorin®).

Resultados: durante el período de estudio 567 determinaciones fueron positivas para HBsAg, pertenecientes a 367 pacientes. El 56,4% (207/367) eran hombres y el 43,6% (160/367) mujeres. Se realizó la determinación de anti-VHD en el 86,9% (319/367) de los pacientes, resultando positivo en 9 de ellos. El 66,7% (6/9) fueron hombres y el 33,3% (3/9) mujeres. La media de edad fue de 48 años (rango: 35-62 años). El 67% (6/9) eran inmigrantes. La seroprevalencia de infección por VHD fue del 2,8%.

Conclusiones: la seroprevalencia fue inferior a otros estudios realizados en España (5-10%). Las recomendaciones de las sociedades científicas se centran en fomentar la búsqueda activa de la infección VHD en los pacientes HBsAg positivos, tratando así de paliar el infradiagnóstico de esta infección. Las campañas de vacunación de VHB han conseguido disminuir la seroprevalencia, encontrándose rebrotes en áreas geográficas que acogen inmigrantes sin vacunar.



XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

RESISTENCIA A ANTIBIÓTICOS EN *S.AUREUS* EN RESIDENTES DE CENTROS SOCIOSANITARIOS

García García, A; Martín Bazarra, P; Sierra Alcañiz, S; De la Hoz Sereno, E; Bartolomé Álvarez, J.
Hospital General Universitario de Albacete. Servicio de Microbiología

Introducción/Objetivos:

Las infecciones causadas por *S.aureus* son causa importante de morbimortalidad. La resistencia a antibióticos es frecuente, siendo mayor en colectivos de riesgo como los residentes de centros sociosanitarios (CC.SS). El objetivo de nuestro estudio fue analizar la resistencia a antibióticos de *S.aureus* durante el año 2021.

Material y métodos:

Estudio retrospectivo observacional. Análisis de muestras osteoarticulares y de piel y tejidos blandos con aislamiento de *S.aureus* durante el año 2021. Se analizaron 518 cepas correspondientes a 511 pacientes. Se recogieron variables de edad, lugar de residencia (población general o residencia en CC.SS), tipo de muestra (herida quirúrgica, úlcera...) y procedencia de la muestra (externos, hospitalizados en el Hospital General de Albacete y hospitalizados en el Hospital Perpetuo Socorro). Se calculó el Odds ratio para las distintas variables determinando cuales estaban relacionadas con la resistencia a antibióticos.

Resultados:

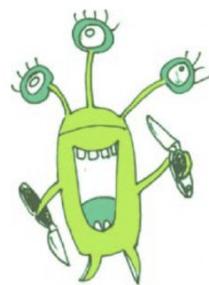
De las 518 cepas estudiadas, 75 procedían de CC.SS. y 443 de la población general. Hubo resistencia a metilina en 57/75 muestras procedentes de CC.SS. (76%) y 81/443 de la población general (18%). En total 138 de 518 cepas (27%) eran resistentes a metilina. De las 75 cepas de CC.SS. 64 eran resistentes a quinolonas (85%), 46 a eritromicina (61%), 33 a clindamicina (44%), 23 a fosfomicina (31%), 7 a gentamicina (9.3%), 2 a tetraciclina (2.7%) y no hubo resistencias a cotrimoxazol, vancomicina y linezolid. Hubo resistencia a >2 clases de antibióticos en 45 de 441 cepas de la población general (10%) y en 46 de 75 cepas de residentes de CC.SS. (61%) y a >3 clases en 15 de 441 cepas de la población general (3.4%) y en 19 de 75 cepas de residentes de CC.SS. (25%). Se dio mayor resistencia a metilina y a >2 clases de antibióticos en residentes de CC.SS y en hospitalizados en el H.P.S. La resistencia a >3 clases se asoció con residir en CC.SS. El antibiotipo resistente a oxacilina, quinolonas y fosfomicina se dio en 7/441 cepas de la población general (1.6%) y en 20/75 cepas en residentes de CC.SS. (27%).

Conclusiones:

La prevalencia de resistencia a antibióticos en *S.aureus* es muy alta en CC.SS., y mucho mayor que en la población general. Estar hospitalizado en el H.P.S. también se asocia a la resistencia a antibióticos. Las tetraciclinas y el cotrimoxazol son buenas opciones para el tratamiento de las infecciones de piel y tejidos blandos por *S. aureus* en residentes en CC.SS.



XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Síndromico: Presente y Futuro.

MYCOPLASMA GENITALIUM: ESTUDIO DE RESISTENCIAS EN EL ÁREA SANITARIA DE ALBACETE.

Sierra Alcañiz, S.; García García, A.; Parras Padilla, T.; Martín Bazarra, P.; De la Hoz Sereno, E.; Sainz de Baranda Camino, C. Servicio de Microbiología, Hospital General Universitario de Albacete.

INTRODUCCIÓN/OBJETIVO

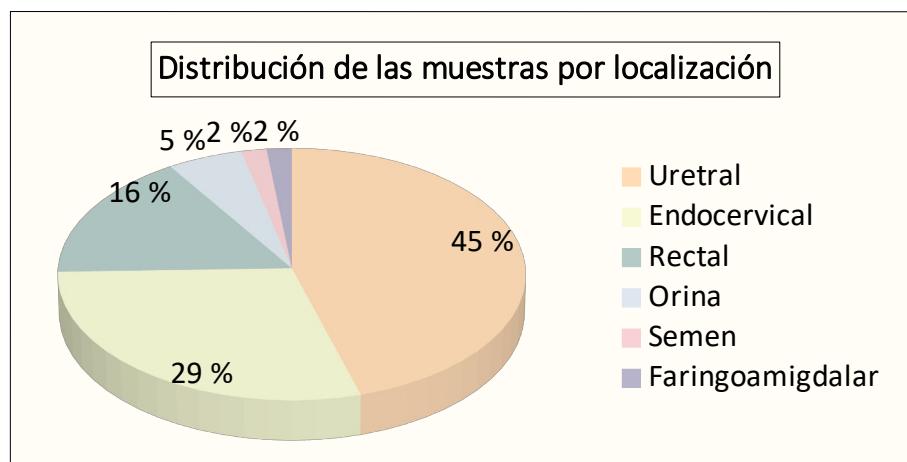
Mycoplasma genitalium (MG) es un patógeno emergente causante de ITS tanto en hombres como en mujeres. Se le atribuyen entre un 10 y un 35% de las uretritis no gonocócicas y se considera la causa más frecuente de uretritis persistente. La terapia de primera elección es doxiciclina, seguida de macrólidos o fluorquinolonas. Sin embargo, las crecientes resistencias a estos grupos en los últimos años suponen una amenaza. El objetivo del estudio fue analizar los casos y la tasa de resistencias de MG en el Área Sanitaria de Albacete.

MATERIALES Y MÉTODOS

Estudio retrospectivo observacional de los casos de MG confirmados en 2022 en el área sanitaria de Albacete. La identificación se llevó a cabo mediante RT-PCR, utilizando el panel Allplex STI (Seegene®) y el estudio de mutaciones de resistencia a azitromicina y moxifloxacino se realizó utilizando las técnicas Allplex MG & AziR Assay y Allplex MG & MoxiR Assay (Seegene®).

RESULTADOS

Se incluyeron 55 muestras positivas pertenecientes a 49 pacientes. Un 67,3% eran hombres y un 32,7% mujeres. En 17 muestras (30,1%) se detectó coinfección. Observamos mutaciones asociadas a resistencias en 28 muestras. Un 45,5% (n=25) presentó resistencia a azitromicina, siendo la mutación A2059G la detectada con más frecuencia (56%), y en un 23,6% (n=13) se detectó resistencia a moxifloxacino, siendo las mutaciones G248T (46,2%) y G259T (38,5%) las predominantes. Un 18,2% (n=10) de las muestras presentaron resistencia a ambos antibióticos.



Uno de los pacientes, en el que se observó resistencia a moxifloxacino en un primer aislado, desarrolló resistencia a azitromicina (A2059G) tras un ciclo de tratamiento con este antibiótico.

En otro de los pacientes, se registraron 3 aislados iguales en 3 meses consecutivos con mutaciones de resistencia a azitromicina (A2059G) y moxifloxacino (G259T). Recibió tratamiento con azitromicina en un inicio, sin conseguir la erradicación, sin embargo, posteriormente fue tratado con moxifloxacino logrando la curación.

CONCLUSIONES

Las tasas de resistencia a azitromicina son cada vez más elevadas, por lo que se debería minimizar su uso como tratamiento empírico. De igual forma, cada vez observamos más mutaciones asociadas a resistencia a moxifloxacino, aunque, como se indica en estudios previos, no existe una correlación clara con el fracaso terapéutico. Cada vez es más evidente la necesidad de técnicas de biología molecular para la detección que permitan el abordaje adecuado del tratamiento del paciente, así como el estudio de nuevos antimicrobianos eficaces.



MUSEO DE
ALBACETE



GERENCIA
DE ATENCIÓN
INTEGRADA
DE ALBACETE





XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

MICROORGANISMOS AISLADOS EN PACIENTES CON CÓDIGO SEPSIS ACTIVADO DESDE JUNIO DEL 2016 A DICIEMBRE DEL 2022

De la Hoz Sereno, E.; Sierra Alcañiz, S.; García García, A.; Martín Bazarra, P.; Sainz de Baranda Camino C.; Escribano Garaizábal, E.
Servicio de Microbiología, Hospital General Universitario de Albacete.

INTRODUCCIÓN

La sepsis es una disfunción orgánica (tiempo dependiente) que amenaza la vida como resultado de una respuesta alterada frente a la infección, siendo prioritaria la atención sanitaria en estos pacientes. Este es el motivo que impulsó la creación del Código Sepsis (CS), que es un protocolo de manejo clínico para monitorizar y registrar todo el proceso, así como para realizar una revisión posterior y un control de calidad.

OBJETIVOS

Descripción de los patógenos aislados en hemocultivos de pacientes en los que se activó el protocolo de “Código Sepsis” en nuestro hospital y descripción de la frecuencia del aislamiento de bacterias multirresistentes (BMR) en dichos pacientes.

MATERIAL Y MÉTODOS

Para este estudio descriptivo se ha utilizado la base de datos del Servicio de Microbiología del Hospital General Universitario de Albacete, seleccionando los pacientes que tuvieron hemocultivos alertados como CS. El período de estudio abarcó desde junio de 2016 (implantación del protocolo) hasta diciembre de 2022.

RESULTADOS

Tabla 1: Distribución de los principales microorganismos aislados en CS desde el 2016 hasta el 2022.

- 1 Enterobacter, Citrobacter (excepto C.koseri), Morganella morganii, Providencia, Serratia marcescens.
- 2 Salmonella, Proteus, K. oxytoca, C. koseri.

⌚ En cuanto a microorganismos especiales, se aislaron: Salmonella typhimurium (1 caso en 2016 y otro en 2020), S. enterica (1 caso en 2022), Neisseria meningitidis (1 caso en 2018 y otro en 2021), Listeria monocytogenes (1 caso en 2019 y otro en 2022), Haemophilus influenzae (1 caso en 2019 y otro en 2020), H. parainfluenzae (1 caso en 2021), Campylobacter jejuni (1 caso en 2021) y Pasteurella multocida (1 caso en 2021).

Tabla 2: Número (%) de microorganismos multirresistentes.

CONCLUSIONES

- ⌚ De los 470 hemocultivos procesados como CS entre el 2016 y el 2022, E. coli fue la especie más frecuentemente aislada, seguida de K. pneumoniae, S. aureus y S. pneumoniae.
- ⌚ Las BMR más frecuentes fueron las enterobacterias productoras de BLEE, aunque no se ha observado un aumento en su frecuencia.
- ⌚ SARM se han mantenido estable en el tiempo.
- ⌚ Encontramos una cepa de K. pneumoniae productora de carbapenemasa tipo OXA-48 en 2019.
- ⌚ Destacamos el aumento de P. aeruginosa multirresistente en el año 2022.
- ⌚ Cabe destacar el incremento en el número de activaciones del código sepsis que tuvo lugar en el año 2019.

Tabla 1

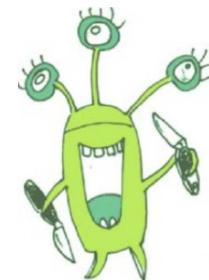
	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022	Total
Escherichia coli	19 (43,2%)	12 (27,3%)	15 (35,7%)	45 (37,8%)	27 (39,7%)	38 (42,2%)	37 (43,5%)	193
Klebsiella pneumoniae	6 (13,6%)	7 (15,9%)	1 (2,4%)	7 (5,9%)	7 (10,3%)	9 (10%)	9 (10,6%)	46
Enterobacterias productoras de AMPC ¹	1 (2,3%)	1 (2,3%)	2 (4,8%)	3 (2,5%)	4 (5,9%)	5 (5,5%)	0	15
Otras enterobacterias ²	3 (6,8%)	3 (6,8%)	8 (19%)	13 (10,9%)	2 (2,9%)	1 (1,1%)	9 (10,6%)	39
Pseudomonas aeruginosa	0	1 (2,3%)	1 (2,4%)	3 (2,5%)	1 (1,5%)	6 (6,6%)	5 (5,9%)	17
Acinetobacter baumannii	0	0	0	1 (0,8%)	0	1 (1,1%)	0	2
Enterococcus faecalis	1 (2,3%)	1 (2,3%)	1 (2,4%)	3 (2,5%)	2 (2,9%)	5 (5,5%)	3 (3,5%)	16
Enterococcus faecium	0	1 (2,3%)	0	3 (2,5%)	0	2 (2,2%)	1 (1,2%)	7
E. gallinarum y E. casseliflavus	0	0	0	1 (0,8%)	1 (1,5%)	0	0	2
Otros Enterococos	0	0	0	0	0	1 (1,1%)	0	1
Staphylococcus aureus	2 (4,5%)	5 (11,4%)	4 (9,5%)	8 (6,7%)	4 (5,9%)	5 (5,5%)	6 (7%)	34
S. lugdunensis	1 (2,3%)	0	0	1 (0,8%)	0	1 (1,1%)	2 (2,4%)	5
SCN (S.epidermidis>S.hominis>S.capitis)	3 (6,8%)	0	5 (1,9%)	2 (1,7%)	2 (2,9%)	4 (4,4%)	2 (2,4%)	18
Streptococcus pneumoniae	1 (2,3%)	6 (13,6%)	2 (4,8%)	7 (5,9%)	8 (11,8%)	1 (1,1%)	2 (2,4%)	27
Streptococcus pyogenes	1 (2,3%)	0	0	0	0	0	0	1
Streptococcus agalactiae	1 (2,3%)	1 (2,3%)	0	3 (2,5%)	2 (2,9%)	0	2 (2,4%)	9
Streptococcus viridans	2 (4,5%)	2 (4,5%)	1 (2,4%)	4 (3,4%)	1 (1,5%)	5 (5,5%)	0	15
Streptococcus grupo C	2 (4,5%)	0	0	0	0	0	0	2
Streptococcus bovis	0	0	1 (2,4%)	3 (2,5%)	2 (2,9%)	0	1 (1,2%)	7
Anaerobios	0	3 (6,8%)	1 (2,4%)	8 (6,7%)	3 (4,4%)	4 (4,4%)	4 (4,7%)	23
Levaduras	0	0	0	2 (1,7%)	1 (1,5%)	0	1 (1,2%)	4
Microorganismos raros (Raoultella, Sphingobacterium, Bilophila, Capnocytophaga, Gemella, Actinotignum)	0	1 (2,3%)	0	2 (1,7%)	1 (1,5%)	2 (2,2%)	2 (2,4%)	8
TOTAL	44	44	42	119	68	90	85	492
Nº HC procesados	42	41	39	115	69	82	82	470

Tabla 2

	2016	2017	2018	2019	2020	2021	2022
BLEE	7/29 (24,1%)	3/23 (13%)			7/40 (17,5%)	3/53 (5,7%)	12/55 (21,8%)
Carbapenemasas	0/29	0/23			0/40	0/53	0/55
P. aeruginosa MR	0/0	0/1	0/1	0/3	0/1	0/6	5/6 (83,3%)
A.baumannii MR	0/0	0/0	0/0	1/1 (100%)	0/0	1/1 (100%)	0/0
SARM	1/2 (50%)	3/5 (60%)	3/4 (75%)	3/8 (37,5%)	0/4	2/5 (40%)	3/6 (50%)
S.pneumoniae MR (P+E)	0/1	0/6	0/2	0/7	1/8 (12,5%)	0/1	1/26 (3,8%)
Enterococo RV (excepto VanC)	0/1	0/2	0/1	0/6	0/2	0/8	0/26



XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

MENINGITIS POR *STREPTOCOCCUS PARASANGUINIS* EN EL HOSPITAL GENERAL UNIVERSITARIO DE ALBACETE

García García, A.; Martín Bazarra, P; Carranza González, R; Sainz de Baranda Camino, C. Servicio de Microbiología. Hospital General Universitario de Albacete.

Introducción/objetivos:

Streptococcus parasanguinis es una bacteria comensal perteneciente al grupo *viridans* (SGV). Son flora habitual de la mucosa oral, respiratoria y gastrointestinal. Las infecciones ocurren tras una lesión en las zonas de su hábitat normal. Presentamos el caso de un paciente con bacteriemia y meningitis bacteriana secundaria a una intervención dental.

Material y métodos

Hombre de 66 años con hipertensión arterial e hiperuricemia. Reciente intervención dental. Acude a Urgencias por cefalea y sensación distérmica de 2 días de evolución, inestabilidad y debilidad en los miembros inferiores. Fotofobia y sonofobia. Vómitos sin sangre a lo largo del día. No presenta diplopía ni visión borrosa. Fiebre de 38,9 °C. Se envía LCR al Laboratorio de Urgencias para conocer la bioquímica y al Laboratorio de Microbiología para cultivo, Gram y PCR múltiple (FilmArray® ME Meningitis/Encefalitis). También se envía muestra de sangre para hemocultivos.

Resultados

LCR turbio con 5.600 leucocitos (88% polimorfonucleares), proteínas 2,81 mg/mL y glucosa 63 mg/dL. En la tinción de Gram se observaron abundantes leucocitos de predominio polinuclear y ausencia de flora microbiana. El resultado de la PCR múltiple fue negativo. En los hemocultivos y el LCR se aisló *Streptococcus parasanguinis* sensible a penicilina, cefotaxima, clindamicina, vancomicina y levofloxacino. Como tratamiento se indicó ceftriaxona 2 gr/12 horas. Tras completar el tratamiento durante 10 días, se produjo la resolución clínica y analítica de la infección.

Conclusiones

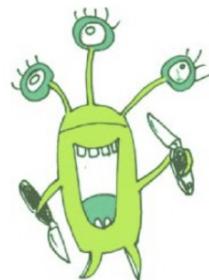
S. parasanguinis es una bacteria muy rara vez relacionada con meningitis. En este caso, la intervención dental reciente del paciente pudo ser la causa de bacteriemia y posterior meningitis secundaria. FilmArray® ME detecta los patógenos más habituales, entre los que no se halla *S. parasanguinis*, por lo que el cultivo sigue siendo el gold standard en el diagnóstico de meningitis bacteriana.

Palabras clave: meningitis bacteriana, *Streptococcus parasanguinis*, PCR múltiple, cultivo.





XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

MANEJO DE PACIENTES CON EL PANEL Xpert®Xpress SARS-CoV-2/Flu/RSV DE CEPHEID. EXPERIENCIA EN EL HOSPITAL VIRGEN DE ALTAGRACIA DE MANZANARES

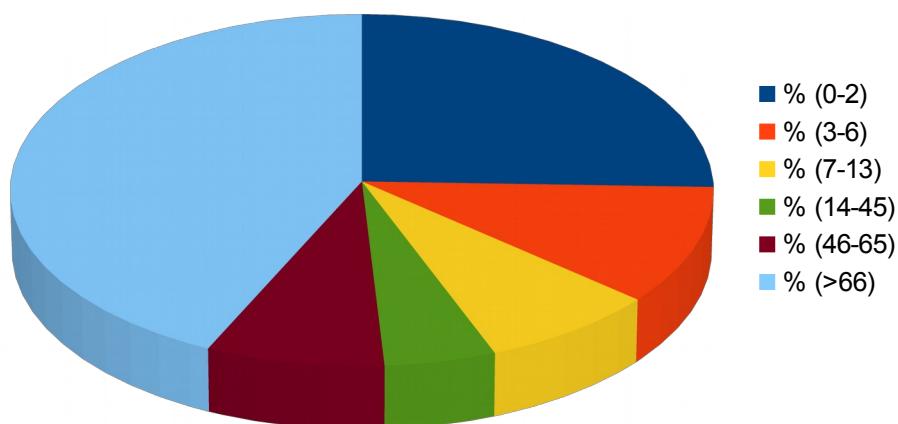
Beltrán Cifuentes, I; Sánchez-Maroto Lozano, A.I.
Laboratorio de Microbiología, Hospital Virgen de Altagracia (Manzanares)

OBJETIVOS: Describir el manejo de los paneles Genexpert Xpress SARS-CoV-2/Flu/RSV en nuestro hospital a lo largo de los meses de diciembre de 2022 y enero de 2023. Determinar la posible relación entre edad del paciente y tipo de virus detectado.

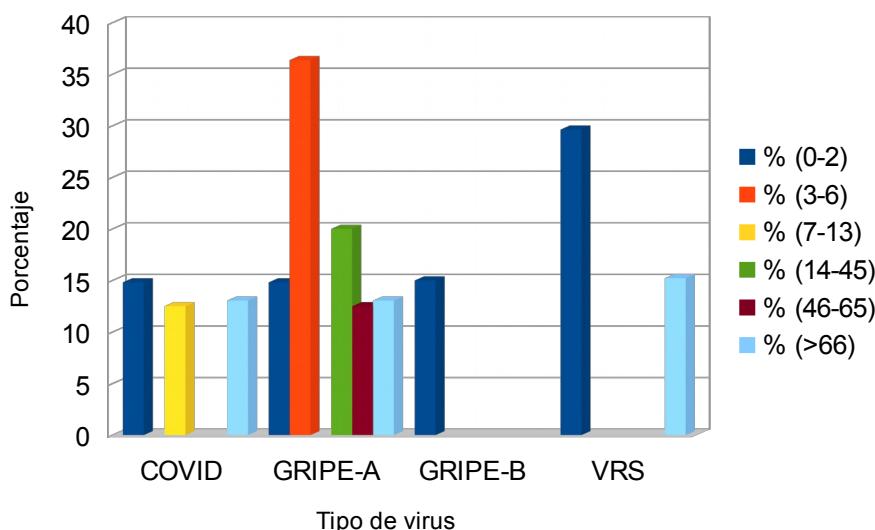
RESULTADOS:

Tabla 1.	Grupos de edad					
	0-2 años	3-6 años	7-13 años	14-45 años	46-65 años	>66 años
Tipo de virus detectado						
SARS-CoV-2	4	0	1	0	0	6
Gripe-A	4	4	0	1	1	6
Gripe-B	4	0	0	0	0	0
VRS	8	0	0	0	0	7
Peticiones totales de panel múltiple	27 (26%)	11 (10%)	8 (8%)	5 (5%)	8 (8%)	46 (44%)

PETICIONES DE PANEL MÚLTIPLE POR GRUPO DE EDAD



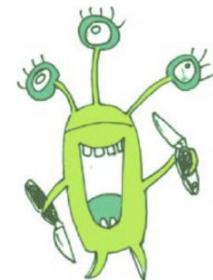
PROPORCIÓN DE VIRUS DETECTADOS POR GRUPO DE EDAD



CONCLUSIONES: Según la distribución de resultados por grupo de edad, podemos deducir que al menos se cumplieron los criterios de edad del paciente (ser paciente pediátrico o de edad avanzada) a la hora de realizar las peticiones. Con nuestros datos no podemos concluir que el tipo de virus detectado dependa de la edad del paciente, ya que no se encontró relación estadísticamente significativa entre grupo de edad y virus detectado.



XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

INFECCIÓN RESPIRATORIA AGUDA SEVERA POR METAPNEUMOVIRUS EN NIÑOS INGRESADOS EN EL HOSPITAL UNIVERSITARIO DE ALBACETE

Sierra Alcañiz, S.; González García, A.; Simarro Córdoba, E.; Robles Fonseca, L.; Martín Bazarra, P.; Sainz de Baranda Camino, C. Hospital General Universitario de Albacete.

INTRODUCCIÓN/OBJETIVO

El Metapneumovirus humano (MPVh) es cada vez más frecuente en pediatría, causando fundamentalmente bronquiolitis, neumonía y episodios recurrentes de sibilancias.

Nuestro objetivo fue conocer la incidencia y las características clínico-epidemiológicas de los pacientes pediátricos que requieren hospitalización debido a infección respiratoria aguda severa por MPVh, tras el periodo pandémico del SARS-Cov2.

MATERIAL Y MÉTODOS

Estudio prospectivo y descriptivo de los pacientes pediátricos con infección respiratoria aguda severa por MPVh que requirieron ingreso en el Hospital General Universitario de Albacete entre el 1 de diciembre de 2022 y el 31 de enero de 2023.

La detección se realizó mediante RT-PCR con la técnica Filmarray BioFire Respiratory Panel 2,1 plus (BioMérieux®) en muestras de exudado nasofaríngeo.

RESULTADOS

Se incluyeron 22 pacientes, siendo el 68,2% niñas. El 81,82% (n=18) tenían una edad comprendida entre 0-2 años, siendo el 50% de los pacientes menores de 6 meses.

La estancia media fue de 5,3 días. La incidencia acumulada de MPVh en pacientes entre 0 y 2 años fue de 457,3 casos/100.000 habitantes.

Se encontraron coinfecciones con otros agentes virales en el 45,5%.

Se administró oxigenoterapia al 81,8%. Uno de ellos precisó intubación.

El tratamiento recibido fue en un 63,6% salbutamol con o sin corticoides y en un 27,3% adrenalina nebulizada. Recibieron tratamiento antimicrobiano el 81,82% (n=18), y se objetivaron signos de sobreinfección bacteriana en el 31,82% (n=7).

El 13,64% (n=3) requirió ingreso en UCI.

Tabla 1. Características clínicas de los pacientes con infección por MPVh.

	N.º de pacientes (%)
Fiebre >38°C	14 (63,64%)
Hipoxia	10 (45,45%)
Infiltrado pulmonar en Rx	9 (40,91%)
Bronquiolitis	9 (40,91%)
Coinfección por otros virus	10 (45,45%)
Ingreso en UCIP	3 (13,64%)
Curación	22 (100%)

CONCLUSIONES

El MPVh debe ser considerado en el diagnóstico etiológico de las infecciones respiratorias de lactantes y niños que precisen ingreso hospitalario.

Si bien en la actualidad no se dispone de una herramienta terapéutica específica, sí parece evidente la utilidad de identificar el agente etiológico, para evitar tratamientos antibióticos innecesarios.

Son necesarios más estudios que valoren la verdadera importancia de este patógeno, así como su gravedad y similitud con las infecciones por VRS.



XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Síndromico: Presente y Futuro.

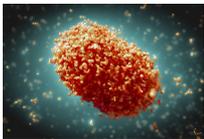
INFECCIÓN POR MONKEYPOX EN LA PROVINCIA DE ALBACETE

Simarro Córdoba, E.; Robles Fonseca, L.; González García, A.; Gómez Martínez, A.*; Moreno Escudero, G.*; Sainz de Baranda Camino, C.

Hospital General Universitario de Albacete. *Sección de Epidemiología, Delegación Provincial de Albacete

INTRODUCCIÓN/ OBJETIVO

En mayo de 2022, la Agencia de Seguridad Sanitaria del Reino Unido informó sobre la identificación de varios casos de Monkeypox (Mpox) sin vínculo con países endémicos. El 23 de julio de 2022, la OMS declaró el brote de Mpox como una emergencia de salud pública de importancia internacional. Desde mayo se han registrado en el mundo unos 85.000 casos, la inmensa mayoría en hombres que tienen sexo con hombres (HSH). En España, a fecha 28/2/2023 se han notificado 7.541 casos confirmados, siendo las CCAA más afectadas Madrid y Cataluña con 2546 y 2321 casos respectivamente. En Castilla-La Mancha (CLM) se han confirmado un total de 70 casos. La principal vía de transmisión es el contacto físico estrecho con una persona infectada sobre todo en el contexto de relaciones sexuales de riesgo. El objetivo de este estudio fue describir las características clínico-epidemiológicas de los casos de Mpox en la provincia de Albacete.



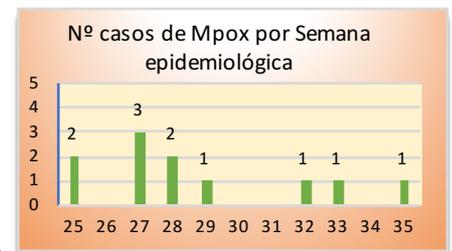
MATERIAL Y METODOS

Estudio descriptivo de los casos de infección por Mpox desde el comienzo del brote hasta el 28/02/2023 en nuestra provincia. Desde mayo a julio de 2022 las muestras fueron enviadas al Centro Nacional de Microbiología para su confirmación mediante PCR genérica para Orthopoxvirus y a partir de agosto la técnica se realizó en nuestro centro mediante PCR específica para Mpox comercial (Monkeypox Realtime PCR Kit, Vircell). Los variables clínicas y epidemiológicas fueron extraídas de la encuesta que la Sección de Epidemiología de la Delegación Provincial de Sanidad de Albacete cumplimenta para cada caso.

RESULTADOS

Desde el principio del brote se han investigado 120 casos en CLM y se han confirmado 70, siendo 11 de ellos

(15,7%) en la provincia de Albacete (8 confirmados mediante PCR genérica y 3 por PCR específica). El 63,6% (7 casos) de los casos se han detectado entre la semana 25 y 28. Todos ellos fueron hombres. La mediana de edad fue de 44 años (rango 25-57). El 72,7% (8 casos) había nacido en España. Un caso (9,1%) fue importado de Suiza. Los síntomas más frecuentes fueron fiebre (n=8, 72,7%), dolor muscular (n=7, 63,6%), linfadenopatías localizadas (n=6, 54,5%) y astenia (n=5, 45,4%). Los exantemas estuvieron presentes en todos los casos, siendo en 9 de ellos (81,8%) la localización anogenital. En 3 pacientes (27,3%) se detectó una infección bacteriana secundaria, no presentándose ninguna otra complicación clínica. No hubo casos hospitalizados ni éxitus. Las relaciones sexuales de riesgo fue el mecanismo de transmisión más probable en todos ellos, declarando 9 casos (81,8%) haber tenido relaciones sexuales con hombres (HSH). La vacuna, como medida profiláctica, no fue administrada en ningún caso. No se declaró ningún brote.



CONCLUSIONES

Los casos de Mpox en la provincia de Albacete han representado menos de un 20% del total de CLM y un porcentaje muy bajo con respecto al total de España (0,14%). La mayor proporción de casos (33,8%) se ha dado en ciudades grandes como Madrid, lo que indica un patrón urbano de la infección. El brote en nuestra provincia parece estar contenido, no habiéndose confirmado ningún caso desde el 1 de septiembre de 2022. No hubo ningún caso en mujeres ni en menores de edad. Todos los casos cursaron con clínica leve-moderada sin presentarse ninguna complicación. El mecanismo de transmisión en todos ellos fue las relaciones sexuales, mayoritariamente en el grupo HSH. Menos del 10% de casos fueron importados.

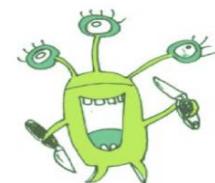
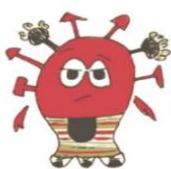


MUSEO DE
ALBACETE



GERENCIA
DE ATENCIÓN
INTEGRADA
DE ALBACETE





Implantación y evaluación de un método de diagnóstico rápido en hemocultivos

Javier Sánchez-López, Jose María López-Pintor, Jorge Gaitán Pitera, María Huertas Vaquero, María Angéles Asencio Egea.

Hospital General la Mancha Centro. Alcázar de San Juan

Introducción/Objetivos

El diagnóstico de las bacteriemias es un objetivo fundamental en los Laboratorios de Microbiología, porque asocian alta morbimortalidad. Nuestro objetivo fue evaluar la utilidad de un sistema de diagnóstico rápido, FilmArray BCID2 (bioMérieux, Francia), que también determina la presencia de varios genes de resistencia comunes.

Materiales y métodos

En el periodo comprendido entre el 26 de octubre de 2022 hasta el 31 de enero de 2023 se estudiaron por este método todos los hemocultivos positivos sospechosos de bacteriemia en paralelo con el procesamiento habitual (MALDI-TOF directo más tinción de Gram y, al día siguiente, antibiograma a partir de subcultivos mediante VITEK 2)

Se estableció como concordantes ambas técnicas cuando la identificación fue igual al menos a nivel de género. En los hemocultivos polimicrobianos cuando todos los microorganismos fueron concordantes.

Se analizó la concordancia entre ambos métodos mediante la prueba kappa de cohen.

Conclusiones

El uso de estas técnicas permite adelantar el diagnóstico de los principales microorganismos causales de bacteriemia y orientar el tratamiento antibiótico gracias a la detección de mecanismos de resistencia. La concordancia de microorganismos respecto al método de referencia es muy alta, haciendo de esta una herramienta muy útil. Debido al elevado coste, implementar algoritmos de uso se hace necesario con estas técnicas.

Resultados

Se estudiaron 58 hemocultivos, de los cuales 48 tuvieron alguna identificación mediante FilmArray y 10 fueron negativos para todas las dianas. En los 10 hemocultivos negativos se aislaron microorganismos no incluidos en el panel FilmArray.

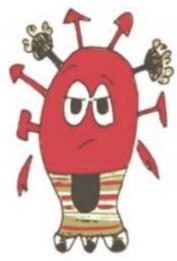
De los 48 positivos, en 41 (85,4%) la identificación fue concordante, mientras que en 7 (14,6%) fue discrepante.

Si dividimos entre hemocultivos monomicrobianos (42) y polimicrobianos (6), en los primeros la concordancia fue del 90,5% (38) y en los segundos del 50% (3).

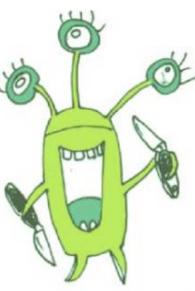
En cuanto a mecanismos de resistencia, mediante FilmArray se detectaron 11 aislados con MR, 3 CTX-M y 8 mecA/C. Fenotípicamente, se confirmaron 9 de ellos; los 3 aislados con CTX-M tuvieron un patrón fenotípico de BLEE y 6 portadores del gen mecA/C fenotípicamente mostraron resistencia a metilina. Hubo dos aislados que por FilmArray eran portadores del gen mecA/C que no presentaron resistencia fenotípica a metilina.

Tabla 1. Concordancia entre panel BCID2 y cultivo según microorganismo

Microorganismo	Resultado BCID2/cultivo:				k
	+/+	+/-	-/+	-/-	
<i>Enterobacterales</i>	16	1	0	41	0.958
<i>Escherichia coli</i>	10	0	1	47	0.942
<i>Klebsiella oxytoca</i>	1	0	0	57	1
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	5	0	0	53	1
<i>Haemophilus influenzae</i>	1	0	0	57	1
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	1	0	0	57	1
<i>Enterococcus faecalis</i>	1	0	0	57	1
<i>Staphylococcus spp.</i>	23	1	0	34	0.964
<i>Staphylococcus aureus</i>	3	0	0	55	1
<i>Staphylococcus epidermidis</i>	10	1	1	46	0.888
<i>Streptococcus spp.</i>	7	0	0	51	1
<i>Streptococcus agalactiae</i>	1	0	0	57	1
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	1	0	0	57	1
<i>Streptococcus pyogenes</i>	1	0	0	57	1
<i>Candida albicans</i>	0	3	0	55	0
<i>Candida glabrata</i>	1	0	0	57	1



XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Síndromico: Presente y Futuro.

IMPLANTACIÓN DEL PROGRAMA DE OPTIMIZACIÓN DEL USO DE ANTIBIÓTICOS (PROA) EN LA GAI DE VALDEPEÑAS

Zamora de la Fuente, V.¹; Manrique González¹, E.; Clavijos Bautista, S.³; Nieto Gómez, P.²; Peña Pou, R.¹; Quero González, P.¹ Calvo Porqueras, B.¹; Carceller Ruiz, MA.¹

¹Hospital General de Valdepeñas (Ciudad Real), ²Hospital Santa Bárbara Puertollano (Ciudad Real), ³Hospital Comarcal del Noeste (Murcia)

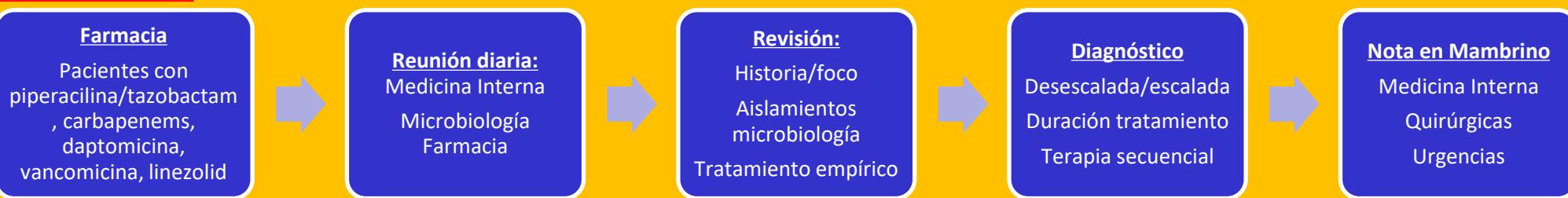
Introducción

La implantación y certificación de un equipo multidisciplinar encargado de la optimización del uso de antibióticos (PROA) es primordial en la actualidad. Para su funcionamiento y desarrollo resulta esencial el apoyo de la Gerencia correspondiente, además de formación y actualización continuada. El Hospital General de Valdepeñas atiende a una población de 64858 personas, y cuenta con 103 camas. En enero de 2021 quedó conformado el Equipo PROA Hospitalario, aprobado por nuestra Gerencia, y constituido por miembros de los Servicios de Farmacia, Medicina Interna y Microbiología. En Diciembre de 2021 se certificó por la Agencia para la Certificación de la Calidad y el Medio Ambiente según la norma ISO 9001: 2015.

Materiales y métodos

Análisis y comparativa de los siguientes indicadores: desde microbiología, porcentaje de *Escherichia coli* BLEE, *Klebsiella pneumoniae* BLEE, *S. aureus* Meticilín-Resistente (SARM) y bacilos gram negativos portadores de carbapenemasas. Desde Farmacia, se analizan los datos de consumo de antibióticos de amplio espectro (piperacilina-tazobactam, carbapenemas, linezolid, vacomicina) en DDD/100 estancias. Desde informática, se analizan el número y tipo de intervenciones realizadas, así como su grado de aceptación.

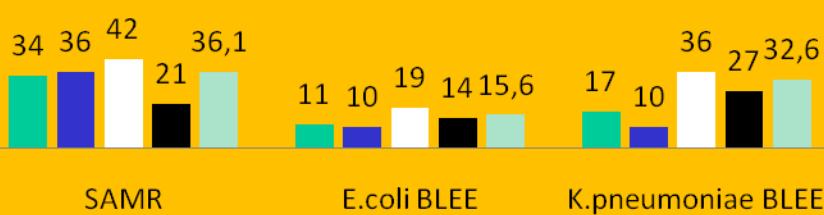
Sistema de trabajo



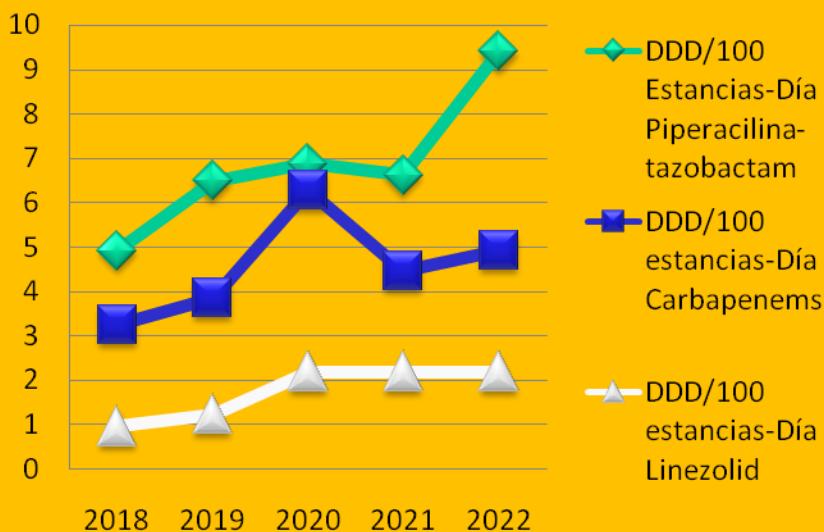
Resultados

% aislamientos en muestras hospitalarias

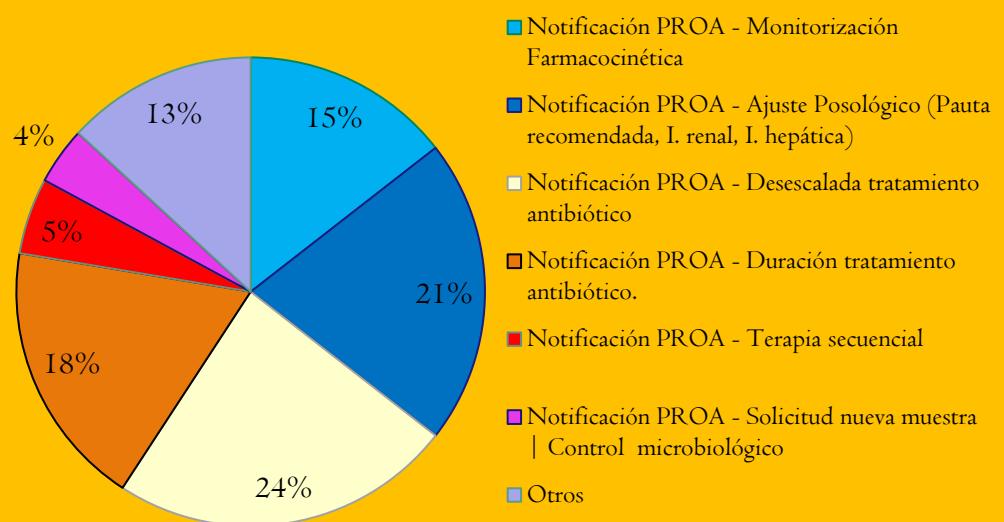
■ 2018 ■ 2019 ■ 2020 ■ 2021 ■ 2022



Antibióticos restringidos



Notificaciones grupo PROA: aceptadas en 80% de los casos



CONCLUSIONES

Tras dos años desde su fundación, el PROA de Valdepeñas está asentado en el Hospital. El Equipo Proa revisa y ajusta los tratamientos de amplio espectro mediante reuniones diarias y un documento compartido. Los resultados muestran un alto nivel de aceptación por parte del resto de profesionales, con un 80% de intervenciones aceptadas, en su mayoría referidas a desescalada, ajuste posológico y duración de tratamiento. Con un máximo en 2020, los microorganismo multirresistentes así como el consumo de carbapenems muestran una tendencia al descenso. Sin embargo, el consumo de piperacilina.tazobactam se ha incrementado significativamente, por lo que habría que realizar una mayor vigilancia.



MUSEO DE ALBACETE

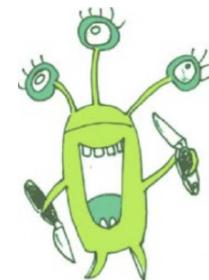


GERENCIA DE ATENCIÓN INTEGRADA DE ALBACETE





XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

Impacto de la biología molecular en el diagnóstico de las gastroenteritis infecciosas

Carranza González, R, Martín Bazarra, P; Sierra Alcañiz, S. Sainz de Baranda Camino, C.

Introducción

Las infecciones gastrointestinales son producidas por diferentes patógenos (bacterias, virus, o parásitos) que ocasionan síntomas similares, por lo que es importante disponer del diagnóstico etiológico. Las técnicas microbiológicas convencionales son lentas y, a menudo, el cuadro ya se ha resuelto cuando se informa el resultado. Por ello los métodos microbiológicos rápidos, especialmente los basados en la biología molecular, han revolucionado el diagnóstico, constituyendo una alternativa a los tradicionales por su rapidez y elevada sensibilidad y especificidad.

Material y métodos

Breve revisión de la situación actual del diagnóstico microbiológico de las infecciones gastrointestinales mediante técnicas de biología molecular y de la implementación en nuestro laboratorio de ésta metodología. Además, se refieren los resultados comparados de las pruebas microbiológicas realizadas en muestras de heces para el diagnóstico de bacterias y virus enteropatógenos en dos periodos de tiempo de 2021 y los mismos de 2022. En 2021 se utilizaron únicamente técnicas microbiológicas tradicionales: inmunocromatografía para los virus entéricos rotavirus, adenovirus, norovirus y astrovirus (Certest[®], Biotec) y coprocultivo para bacterias. En 2022, se realizó también PCR para virus (Allplex GI Virus Assay, Seegene[®]) que incluye, además, sapovirus y PCR para bacterias (Allplex GI Bacteria I Assay, Seegene[®]) que detecta *Aeromonas spp*, *Campylobacter spp*, *Yersinia spp*, *Salmonella spp*, *Vibrio spp* y *E. coli* enteroinvasivo/*Shigella*.

Las diferencias entre los resultados de ambos años se compararon mediante el estadístico χ^2 .

Resultados

En 2022 se observó un aumento de al menos 3 veces en el número de casos positivos de virus respecto a 2021 ($p < 0.001$), con un aumento significativo de norovirus, adenovirus, rotavirus y sapovirus (tabla 1). La PCR para bacterias también halló diferencias significativas ($p = 0.02$) globales frente al cultivo, aunque únicamente encontró diferencias significativas para *Aeromonas spp*. (tabla 2).

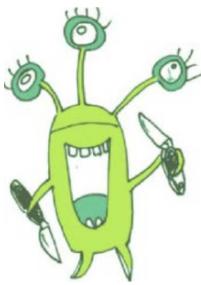
Conclusiones

Los métodos moleculares hallaron un mayor porcentaje de positividad que los tradicionales de forma global, lo que sugiere una mejor sensibilidad. La PCR permitió diagnosticar un mayor número de infecciones virales, incluyendo a sapovirus. Sin embargo, la técnica molecular sólo obtuvo diferencias significativas respecto al coprocultivo para *Aeromonas spp*.





XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

Tabla 1. Análisis de los datos obtenidos durante los dos periodos de estudio.

VARIABLE	2021	2022	p
n	1543	2457	
Indicación	<5a e IDs	<10a, >75a e IDs	
Detección antígeno por IC	1543 (100%)	486 (19,8%)	<=0.001
Detección mediante BM	NA ¹	1971 (80,2%)	<=0.001
n positivos / n negativos (% resultados positivos)	119 / 1424 (7,7%)	497 ² / 1960 (20,2%)	<=0.001
n positivos / n negativos por IC (% positivos)	119 / 1424 (7,7%)	117 / 369 (24,1%)	<=0.001
n positivos / n negativos por BM (% positivos)	NA ¹	380 / 1591 (19,3%)	
n positivos / n negativos (% Adenovirus resultados positivos)	37 / 1506 (2,4%)	109 / 2348 (4,4%)	0.001
n positivos / n negativos (% Astrovirus resultados positivos)	36 / 1507 (2,3%)	48 / 2409 (1,9%)	0.415
n positivos / n negativos (% Norovirus resultados positivos)	28 / 1515 (1,8%)	182 / 2275 (7,4%)	<=0.001
n positivos / n negativos (% Rotavirus resultados positivos)	21 / 1522 (1,4%)	122 / 2335 (5,2%)	<=0.001
n positivos / n negativos (% Sapovirus resultados positivos)	NA ¹	70 / 1901 (3,5%)	

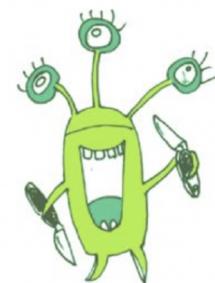
¹ No aplicable.
² Más de un virus fue detectado en 33 muestras (todas ellas analizadas por PCR).

Tabla 2. Comparación entre coprocultivo (2021) y PCR (2022). La segunda parte de la tabla muestra en % los resultados obtenidos en cultivo frente a la PCR. NA No aplicable. **Escherichia coli* n=3, *Vibrio spp.* n=3

VARIABLE	2021	2022	p
n (TOTAL MUESTRAS)	3166	3741	
n positivo / negativo (% resultados positivos)	373/2793 (11,8)	511/3230 (13,6)	0.02
n positivo / negativo <i>Campylobacter spp.</i> (% resultados positivos)	214/2952 (7,2)	291/3450 (8,4)	0.105
n positivo / negativo <i>Salmonella spp.</i> (% resultados positivos)	113/3053 (3,7)	128/3613 (3,5)	0.305
n positivo / negativo <i>Aeromonas spp.</i> (% resultados positivos)	36/3130 (1,1)	77/3664 (2,1)	0.003
n positivo / negativo <i>Yersinia spp.</i> (% resultados positivos)	10/3166 (0,3)	9/3732 (0,2)	0.552
n positivo / negativo Otros (% resultados positivos)	0/3166 (0)	6*/3735 (0,2)	0.034
Muestras positivas por PCR			
PCR positivo / cultivo positivo (% cultivos positivos) global	NA	511/349 (68,3)	
PCR positivo / cultivo positivo (% cultivos positivos) <i>Campylobacter spp.</i>	NA	291/189 (64,9)	
PCR positivo / cultivo positivo (% cultivos positivos) <i>Salmonella spp.</i>	NA	128/114 (89,1)	
PCR positivo / cultivo positivo (% cultivos positivos) <i>Aeromonas spp.</i>	NA	77/30 (42,8)	
PCR positivo / cultivo positivo (% cultivos positivos) <i>Yersinia spp.</i>	NA	9/6 (66,7)	



XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Síndromico: Presente y Futuro.

HELICOBACTER PYLORI: EPIDEMIOLOGÍA Y PATRÓN DE RESISTENCIAS ANTIBIÓTICAS DURANTE 8 AÑOS.

Blázquez Andrada, M.A; García Agudo, L; Illescas Fernández-Bermejo, S; Guzmán Puche, J.M; Colmenarejo Serrano, C; González Rodríguez, J.C; Torres Narbona, M; Martínez Alarcón, J. Hospital General Universitario de Ciudad Real.

Introducción: La infección por *Helicobacter pylori* es un problema de salud que afecta aproximadamente al 50% de la población mundial. Presenta elevadas tasas de fracaso terapéutico por lo que es necesario conocer la prevalencia de las resistencias antibióticas.

Objetivos: Conocer la sensibilidad antibiótica de *H. pylori* en nuestro entorno, así como las características demográficas de los pacientes en los que se ha realizado cultivo.

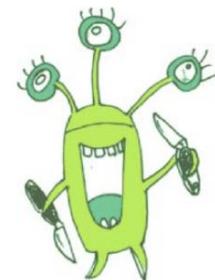
Material y métodos: Estudio retrospectivo de los cultivos de biopsias gástricas realizados entre el 01/1/2015 y 31/12/2022 en nuestro servicio. Las muestras se sembraron en agar Pylori y agar Brucella (bioMérieux, Francia) y se incubaron en microaerofilia a 35-37°C en ambiente húmedo. La identificación se realizó con tinción de Gram, oxidasa y ureasa hasta diciembre de 2017, desde 2018 con MALDI-TOF (Bruker-Daltonics, Alemania). La sensibilidad antibiótica se realizó con E-test en Müller-Hinton sangre utilizando claritromicina, metronidazol, rifampicina, levofloxacino y amoxicilina (bioMérieux, Francia). Para la interpretación se utilizaron los puntos de corte de EUCAST (v 2.0), reevaluando los casos anteriores a 2012.

Resultados: Se procesaron 327 muestras de 313 pacientes, 32,3% hombres y 67,7% mujeres. De 14 pacientes se recibieron 2 muestras a lo largo del tiempo del estudio. La mediana de edad fue de 47 años (rango 3-82 años), 23,9% menores de 15 años. El 44,8% de las muestras fueron positivas, sin diferencia significativa entre población pediátrica y adulta. El 2% de las cepas fueron inviables y no se pudieron testar. El 83,6% presentaron resistencia al menos a un fármaco: claritromicina 57,8%, metronidazol 46,2%, rifampicina 29,9%, levofloxacino 24,4% y amoxicilina 4,1%. Todas las cepas fueron sensibles a tetraciclina. No hubo resistencias a levofloxacino en niños. La tasa de resistencia a claritromicina, entre 2017 y 2020 en adultos, aumentó del 46,2% al 69,2% y, en niños, pasó del 33,3% al 0%. La resistencia a levofloxacino disminuyó entre 2020 (30,8%) y 2021 (6,7%), en rifampicina se incrementó entre 2015 y 2020 del 7,7% al 69,2%, y para metronidazol ascendió de 2021 (26,6%) a 2022 (68,4%). Respecto a las resistencias combinadas, el 72,4% de las cepas resistentes a claritromicina lo fueron también a otro antimicrobiano: 57,4% a metronidazol, 34,5% a levofloxacino, 29,9% a rifampicina y 6,9% a amoxicilina. La triple resistencia más frecuente fue claritromicina, levofloxacino y metronidazol en 34,7% de las cepas testadas.

Conclusiones: En base a nuestros resultados, las mujeres parecen ser más frecuentadoras de servicios de salud. Los niños constituyen un grupo importante porque el tratamiento debe instaurarse tras confirmación endoscópica. La alta resistencia a antibióticos encontrada es acorde a lo publicado en países del sur de Europa. A diferencia de otros países europeos, la resistencia a metronidazol es alta, probablemente por su mayor uso. El descenso brusco de la resistencia a levofloxacino entre 2020 y 2021 coincide con la pandemia de COVID-19. El incremento importante de la resistencia a rifampicina de 2015 a 2020, así como el descenso de resistencias a claritromicina en niños entre 2017 y 2020, pueden deberse a cambios en el patrón de prescripción de estos antibióticos en la población estudiada.



XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.



EVALUACIÓN DE PCR MÚLTIPLE GASTROINTESTINAL EN EL ÁREA SANITARIA DE TOLEDO

Serrano Martín, L; Trevisi Lannoó, P; Vázquez Mariño, J; Heredero Gálvez, E. Hospital Universitario de Toledo.



INTRODUCCIÓN

La gastroenteritis infecciosa es una de las principales causas de morbimortalidad a nivel mundial. Una correcta identificación de los microorganismos causantes facilita el manejo adecuado de los mismos.

OBJETIVOS

Comprobar si mediante la realización PCR multiplex es posible la recuperación de patógenos gastrointestinales en muestras de heces con resultado de flora habitual mediante las pruebas convencionales en el laboratorio de Microbiología del Hospital Universitario de Toledo durante el mes de febrero de 2023.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se realizó el Panel Gastrointestinal de *PCR multiplex FilmArray* en muestras de heces seleccionadas de 29 pacientes con patología digestiva confirmada en los que previamente se habían obtenido resultados negativos para microorganismos habituales (*Salmonella spp.*, *Shigella spp.*, *Yersinia spp.*, *Aeromonas spp.*, *Campylobacter spp.*), así como pruebas inmunocromatográficas para la detección de *Rotavirus* y *Adenovirus*. También se analizó la detección de GDH y método LAMP para descartar la producción de cepas toxigénicas en muestras con GDH positiva.

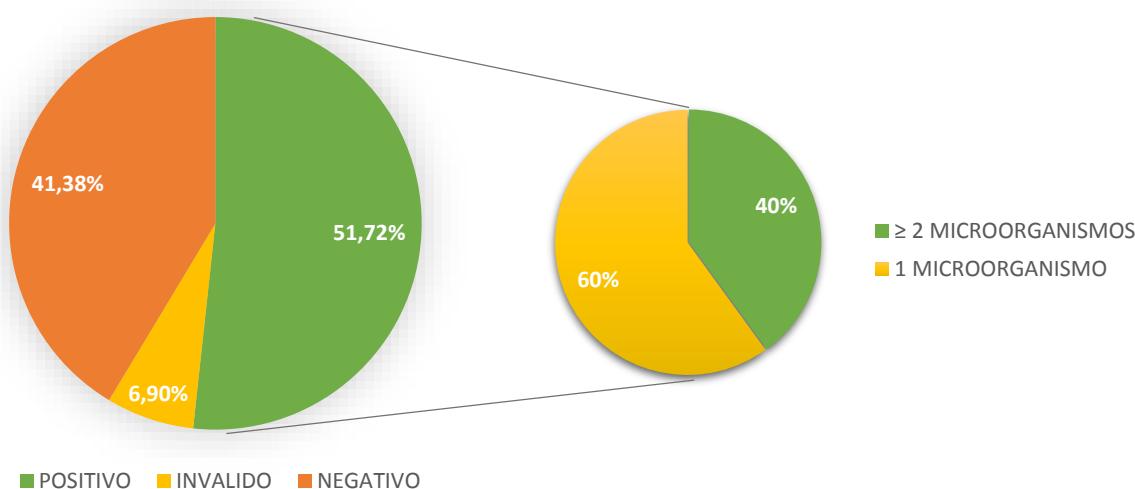
RESULTADOS

De las 29 muestras analizadas, 15 (51,72%) presentaron un resultado positivo. En el 40% de las muestras positivas se detectaron más de un microorganismo (*Astrovirus* + *Norovirus* (16,66%), *Astrovirus* + *Sapovirus* (16,66%), *Campylobacter spp.* + *Norovirus* (16,66%), *Campylobacter spp.* + *Clostridium difficile* toxina A/B (16,66%), *Campylobacter spp.* + *E. coli* enteropatógena + *Sapovirus* (16,66%), *Clostridium difficile* toxina A/B + *Sapovirus* (16,66%)) y en el 60% de los casos se aisló un solo patógeno: *Astrovirus* (22,22%), *Clostridium difficile* toxina A/B (11,11%), *Campylobacter spp.* (11,11%), *E. coli* enteropatógeno (11,11%), *Norovirus* (22,22%), *Sapovirus* (22,22%). El 41,38% de las muestras tuvieron un resultado negativo y un 6,90% inválido. Del total de las muestras, 12 eran de procedencia hospitalaria (41,38%) y 17 de Atención Primaria (58,62%).

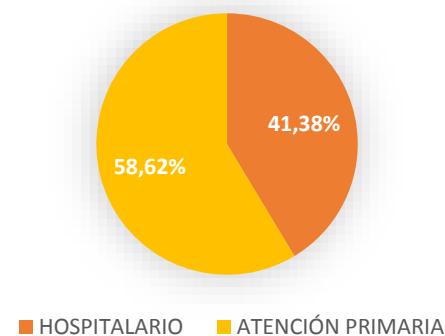
CONCLUSIONES

Se ha detectado un porcentaje elevado de *Norovirus*, que al ser una causa frecuente de diarrea en nuestro medio se ha planteado introducir en la rutina de nuestro Servicio. Es una técnica útil para el diagnóstico etiológico de muestras que en más de un 50% de los casos se habrían identificado como flora habitual. Es una técnica de interés para pacientes seleccionados en base a criterios clínicos graves y epidemiológicos. Destaca la detección de *Campylobacter spp.* y cepas toxigénicas de *Clostridium difficile* mediante PCR múltiple que no se detectaron por medios habituales.

RESULTADOS



ORIGEN DE LAS MUESTRAS





XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

EVALUACIÓN DE LA PCR MÚLTIPLE GASTROINTESTINAL EN EL ÁREA INTEGRADA DE GUADALAJARA

Cascajero Marco, M; Pérez de Madrid Jiménez, S; Meza Escobar, D.L.; Voyer Conde S; Lago Gómez M.R; González Praetorius, A; Gimeno Fernández, M.C.
Hospital Universitario de Guadalajara

Introducción y objetivos

La gastroenteritis infecciosa (GI) suele ser un cuadro autolimitado, aunque en determinadas ocasiones (diarrea grave, prolongada o con factores de riesgo) es conveniente identificar de forma rápida el patógeno causante para prescribir un tratamiento dirigido. El objetivo de este estudio es analizar la detección de enteropatógenos en pacientes con sospecha de GI mediante PCR múltiple en la GAI de Guadalajara en el año 2022.

Material y métodos

Estudio descriptivo retrospectivo de los resultados obtenidos con PCR múltiple FilmArray® Gastrointestinal Panel (BioFire) en muestras de heces. Los criterios de inclusión son: sospecha de diarrea del viajero, pacientes inmunodeprimidos, pacientes con GI grave que requirieron ingreso y brotes epidemiológicos.

Resultados

Se analizaron 202 muestras, de las cuales 113 (55,95%) fueron positivas para algún patógeno. En el 74,34% de los casos se detectó un solo patógeno, mientras que el 25,66% fue una GI polimicrobiana. El número de patógenos identificados fue 150. [Tabla 1.](#)

Se confirmaron por cultivo convencional 31 de los 47 casos positivos para *Campylobacter* spp. (65,96%) y 18 de los 19 para *Salmonella* spp. (94,73%).

E.Coli enteropatógena se identificó en 20 ocasiones, del cual en el 85% de los casos (n=17) formaba parte de una infección polimicrobiana.

Patógeno detectado	n	%
<i>Campylobacter</i> (<i>C. jejuni</i> / <i>C. coli</i> / <i>C. upsaliensis</i>)	47	31,33
<i>E. coli</i> enteropatógena (EPEC)	20	13,33
<i>Salmonella</i>	19	12,67
Norovirus GI/GII	15	10,00
Rotavirus A	12	8,00
<i>Clostridium difficile</i> (toxina A/B)	7	4,67
<i>Shigella</i> / <i>E. coli</i> enteroinvasiva (EIEC)	7	4,67
<i>E. coli</i> productora de toxina tipo Shiga (STEC) stx1/stx2	5	3,33
<i>E. coli</i> enteroagregativa (EAEC)	4	2,67
<i>E. coli</i> enterotoxigénica (ETEC) It/st	3	2,00
<i>Cryptosporidium</i>	3	2,00
Astrovirus	3	2,00
<i>Giardia lamblia</i>	2	1,33
Sapovirus (Genogrupos I, II, IV, y V)	2	1,33
<i>Vibrio</i> (<i>V. parahaemolyticus</i> / <i>V. vulnificus</i> / <i>V. cholerae</i>)	1	0,67
Número total	150	100

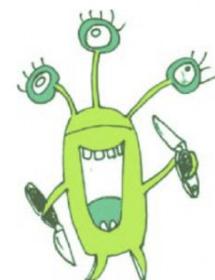
Tabla 1. Número de patógenos detectados por orden de frecuencia

Conclusiones

- La PCR múltiple FilmArray® Gastrointestinal Panel (BioFire) proporciona un diagnóstico rápido de GI, pero para que la relación coste/efectividad sea adecuada los pacientes se deben seleccionar en base a criterios clínicos de gravedad y epidemiológicos.
- La PCR múltiple detecta *Campylobacter* spp. (el patógeno implicado más frecuentemente) de forma más sensible que el cultivo convencional.
- La presencia de *E.coli* enteropatógena en infecciones polimicrobianas podría tener un dudoso valor clínico, ya que no se puede distinguir entre colonización e infección.



XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

ENTEROBACTERIAS PRODUCTORAS DE CARBAPENEMASAS (EPC) EN UROCULTIVOS EN EL ÁREA SANITARIA DE ALBACETE

Sierra Alcañiz, S¹; De la Hoz Sereno, E¹; Riquelme Bravo, E¹; Sainz de Baranda Camino, C¹.

¹Servicio de Microbiología, CHUA.

INTRODUCCIÓN/OBJETIVO

El exponencial aumento de EPC en los últimos años plantea un serio problema por la escasez de alternativas terapéuticas. Nuestro objetivo fue evaluar la distribución de las EPC aisladas en muestras del tracto urinario en los 5 últimos años en el área sanitaria de Albacete.

MATERIALES Y MÉTODOS

Estudio retrospectivo de aislados de EPC en urocultivos entre 2018 y 2022. Se ha considerado solo un aislado por paciente. La identificación se realizó mediante MALDI-TOF (BioMérieux®) o MicroScan WalkAway96 (Beckman Coulter®). Antes de 2019, la detección del tipo de carbapenemasa fue realizada en el CNM mediante PCR y WGS. Desde 2020, se determinó mediante inmunocromatografía (CORIS®).

RESULTADOS

Se incluyeron 70 aislados, siendo un 51,4% de mujeres. La media de edad fue de 72,5 años [2-95]. El 50,9% (n=29) de las muestras pertenecían a pacientes hospitalizados, mientras que el 26,3% (n=15) provenían de urgencias y el 45,6% (n=26) de pacientes de atención primaria. Dentro de este grupo, 7 de los aislados fueron de pacientes residentes en centros sociosanitarios (26,9%), de los cuales 5 se aislaron en 2022. Los resultados observados se muestran en la Tabla 1.

Tabla 1: EPC aisladas en urocultivos (2018-2022).

	<i>Klebsiella pneumoniae</i>		<i>Escherichia coli</i>		Otros		
	OXA-48	KPC	OXA-48	NDM-1	OXA-48	VIM	NMD-1
2018	3	3				1	
2019	1		2				2
2020	2		2		1		
2021	6	14				1	
2022	14	14	1	3			
Total	26 (37,1%)	31 (44,3%)	5 (7,1%)	3 (4,3%)	1 (1,4%)	2 (2,9%)	2 (2,9%)
	57 (81,4%)		8 (11,4%)		5 (7,1%)		

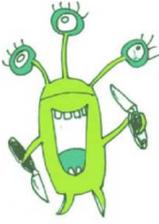
CONCLUSIONES

La EPC aislada con mayor frecuencia fue KP-KPC, que ha mostrado una explosión de casos en los dos últimos años, siendo incluso causante de un brote. Le sigue *Klebsiella pneumoniae* productora de OXA-48.

Cabe resaltar su aumento en residencias de ancianos en el último año.



XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

DIAGNOSTICO DE MENINGITIS MEDIANTE PCR MÚLTIPLE EN EL HOSPITAL GENERAL UNIVERSITARIO DE CIUDAD REAL

S. Illescas Fernández-Bermejo; C. Colmenarejo Serrano; J.C. González Rodríguez; M.Á. Blázquez Andrada; L. García Agudo; J.M. Guzmán Puche; J.C. González Rodríguez; M. Torres Narbona; J. Martínez Alarcón. Hospital General Universitario de Ciudad Real.

Introducción: El correcto y rápido diagnóstico de meningitis/encefalitis es vital. Disponer de forma rápida resultados las 24 horas/7 días de la semana facilita la actuación del clínico responsable y mejora la calidad asistencial.

Objetivos: Conocer los microorganismos detectados en el contexto del diagnóstico de meningitis o encefalitis con técnicas moleculares de diagnóstico sindrómico

Resultados: Se recibieron 1.171 solicitudes, procesaron 682 muestras. Se desestimó la realización del 40% de las muestras recibidas, pasando del 43,78% en 2018 al 37,45% en 2022, manteniéndose en los meses de 2023 en 37,78%. Los microorganismos detectados se detallan en la tabla.

Material y métodos: Se realizó un estudio retrospectivo de los resultados de PCR múltiple (BioFire Diagnostics, Salt Lake City, EE.UU) en los líquidos cefalorraquídeos entre el 1 de enero de 2018 y 28 de febrero de 2023. En el periodo de estudio se desestimó la realización de la prueba en las muestras de mayores de 2 años con baja o nula celularidad y proteínas dentro del rango de normalidad. Se analizó el número de casos en los que se desestimó su realización y rendimiento de la prueba en los casos en los que se realizó, revisando los microorganismos detectados, las edades de los pacientes.

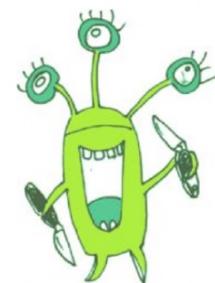
Microorganismo	2018	2019	2020	2021	2022	2023	Total	%
CMV		1					1	1,1%
<i>Cryptococcus neoformans/gattii</i>					2		2	2,2%
Enterovirus	8	9	1	2	4	2	26	29,2%
<i>Haemophilus influenzae</i>	1	1		1			3	3,4%
Herpes simplex 1	4	1		3	2		10	11,2%
Herpes simplex 2				1			1	1,1%
Herpesvirus 6	2	1	2	3	3		11	12,3%
<i>Listeria monocytogenes</i>	1	1				1	3	3,4%
Parainfluenzavirus 1					1		1	1,1%
Parechovirus humano	2		1				3	3,4%
<i>Streptococcus agalactiae</i>			2		2		4	4,5%
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	2	2	1	5	1		11	12,4%
Varicella zoster virus		4	3	2	3	1	13	14,6%
Total general	20	20	10	17	18	4	89	100,0%

Conclusiones: Esta técnica nos permite filiar la etiología de meningitis/encefalitis de forma rápida, pero es necesario antes de realizarla valorar su pertinencia por el alto coste de la prueba.

Los casos de *H. influenzae* se detectaron en mayores de 5 años. Hasta los 14 años, Enterovirus fue el microorganismo más frecuentemente detectado, en mayores de 14 años detectamos mayor diversidad de microorganismos, no detectando ningún caso de enterovirus en mayores de 65 años.



XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

DETERMINACIÓN DE LOS NIVELES SÉRICOS DEL MARCADOR ENDOTELIAL V-CAM-1, TRAS LA ADMINISTRACIÓN DE LA DOSIS DE RECUERDO DE LA VACUNA COVID-19 EN UNA COHORTE DE PROFESIONALES SANITARIOS PREVIAMENTE VACUNADOS

Lozano Serra, J ; Castro-Robles, B ; Francisco J. Cimas ; Blas Señalada, JJ ; Martín Bazarra, P ; Sainz de Baranda C ; Javier Solera ; Jesús Ontañón ; Susana López-López ; Lourdes Arias-Salazar ; María Ángeles Requena ; Juan Manuel Bonet ; Antonio Mas ; Gemma Serrano-Heras† ; Tomás Segura† . 1Servicio Microbiología, CHUA; 2 Unidad de Investigación, CHUA; 3Mecenasgo COVID-19, Facultad de Medicina/CRIB, UCLM, Albacete; 4Servicio Medicina Interna, CHUA. 5Servicio Análisis clínicos, CHUA; 6Laboratorio Virología Molecular, CRIB, Ciudad-Real; 7Servicio Neurología, CHUA, Albacete.

Introducción y objetivo: la aprobación de la vacuna frente al SARS-CoV-2, su respuesta inmunitaria y las posibles complicaciones (por ejemplo a nivel vascular) que han podido surgir tras su inyección, han sido motivo de estudio y publicación en varios trabajos internacionales. Estos artículos señalan que la primera dosis o la pauta completa de vacunación COVID-19 provoca una importante respuesta humoral, lo que se refleja en la producción elevada de anticuerpos contra la proteína viral “Spike“, en el huésped, sin ocasionar un daño relevante en el endotelio. Sin embargo, hasta la fecha, no existen publicaciones que analicen, en sujetos sanos, los efectos en la función endotelial de la administración de una dosis adicional transcurrido menos de 1 año desde la última dosis. En este contexto, los investigadores diseñaron un estudio piloto para analizar si la inmunización con la dosis de recuerdo de la vacuna Comirnaty frente a COVID-19 (BNT162b2, de Pfizer-BioNTech) produce alteración en el endotelio vascular durante los 3 meses posteriores a la administración de la vacuna en profesionales sanitarios vacunados previamente con la pauta completa, lo que podría derivar en manifestaciones clínicas vasculares.

Material y método: estudio observacional prospectivo de sujetos sanos, profesionales sanitarios del Hospital de Albacete, vacunados con dosis de recuerdo frente a COVID-19, los cuales habían recibido 10 meses antes la pauta completa de la vacuna BNT162b2. Se extrajeron muestras de sangre en tubos con gel separador de suero a diferentes tiempos: pre-vacunación (determinación basal) y a 7, 15 y 90 días post-vacunación. Se recogieron datos demográficos y variables clínicas. La generación de la respuesta inmunitaria humoral frente a la vacuna se analizó mediante la cuantificación de anticuerpos que reconocen específicamente el dominio RBD (receptor binding domain) de la proteína “Spike“ en las muestras de suero recogidas a distintos tiempos tras la vacunación mediante el inmunoensayo SARS-CoV2 IgG II Quant en el analizador Architect i-system (Abbott Park, IL, EEUU). El estado funcional del endotelio pre- y post-inmunización se determinó mediante el análisis de la concentración sérica del marcador de activación endotelial VCAM-1, utilizando la técnica de ELISA tipo sandwich.

Resultados: se incluyeron en el estudio un total de 25 participantes (edad: 45.42 ± 9.55 años, 96% mujeres) y se recogieron los siguientes datos clínicos: diabetes (n=1; 4%), hipertensión (n=2; 8%), dislipemia (n=5; 20%), infección previa por SARS-CoV-2 (n=11; 44%), sin antecedentes de patología cardiovascular y cerebrovascular ni enfermedades autoinmunes, tumorales o inflamatorias. En todos los casos se detectó un aumento en el número de anticuerpos neutralizantes post-vacunación de dosis de recuerdo, lo que confirmó la activación de la respuesta humoral. En relación al estudio de la función endotelial, detectamos una concentración de VCAM-1 en suero de los participantes de 84,5 [59,5-184,12] ng/ml, antes de la vacunación, y de 114,4 [54,9-192,9] ng/ml, 112,2 [76,8-198,8] ng/ml y 113,2 [73-174,9] ng/ml, a los 7, 15 y 90 días, respectivamente, después de la administración de la dosis adicional de vacunación.

Conclusiones: los resultados muestran que la inmunización efectiva con la vacuna de recuerdo frente a COVID-19 produce un efecto activador sobre las células endoteliales, lo que resulta en un incremento, sin significación estadística, de la concentración sérica de VCAM-1 durante los 3 meses posteriores a la vacunación en la cohorte del estudio. Cabe resaltar que los niveles ligeramente elevados de VCAM-1 post-vacunación, se encuentran dentro de los valores de normalidad establecidos, por lo que estos hallazgos sugieren que la administración de la dosis de recuerdo en sujetos sanos previamente vacunados menores de 60 años no produce disfunción del endotelio.



XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

COLONIZACIÓN/INFECCIÓN BRONCOPULMONAR EN PACIENTES CON EPOC

C. Colmenarejo Serrano; M.Á. Blázquez Andrada; L. García Agudo; S. Illescas Fernández-Bermejo. J.M. Guzmán Puche; C. Loras Gallego; M.I. González Ruiz, J.A. García Cubero, J.C. González Rodríguez; M. Torres Narbona; L. Sacristán Bou; J. Martínez Alarcón. Hospital General Universitario de Ciudad Real.

Introducción: Los pacientes con EPOC sufren riesgo de colonizaciones crónicas e infecciones recurrentes que provocan reagudizaciones, al igual que sucede en los pacientes con fibrosis quística. **Objetivo:** Conocer la etiología de las infecciones y colonizaciones en una cohorte de pacientes EPOC en un periodo de 6 años.

Material y métodos: Se analizaron los resultados de los cultivos de muestras respiratorias recibidos de pacientes con diagnóstico de EPOC durante 6 años (2016- 2021). Se excluyeron las muestras de screening de portadores multirresistentes, se contabilizó una muestra/microorganismo por paciente/ 21 días.

Resultados: Se recibieron muestras de 195 pacientes, mediana de edad: 73 años, 89% eran hombres. El 82% de las muestras (921/1123) fueron esputos. El 36,4% fueron negativas o con microbiota mixta de vías respiratorias altas y en el 51,2% de los casos el/los microorganismo/s aislado/s se consideraron causantes de infección o colonización y en el 12,3% se consideró muestra de mala calidad y no apta para cultivo.

El servicio petionario mayoritario fue neumología (57,3%) seguido de urgencias (9,7%) y medicina interna (9,7%), el 4,7% de las muestras procedían de A. primaria. Se obtuvieron de media 3 muestras por paciente/año. Solo de 2 pacientes se recibieron muestras todos los años (ambos con infección crónica por *P. aeruginosa*), de 9 durante 5 años y 18 pacientes durante 4 años. Resistencia a ceftazidima, piperacilina tazobactam, imipenem, ciprofloxacino y tobramicina de las cepas de *Pseudomonas aeruginosa*: 10,6%, 8,8%, 8,8%, 28,8% y 9,5%

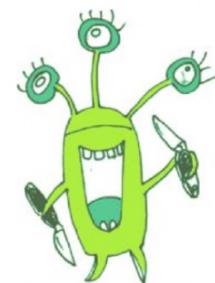
En la tabla se detallan los microorganismos más frecuentes:

Bacterias	Nº pacientes		
	Nº aislamientos (579)	(195)	% pacientes
<i>Pseudomonas aeruginosa</i>	178	60	30,77%
<i>Escherichia coli</i>	46	19	9,74%
<i>Stenotrophomonas maltophilia</i>	45	28	14,36%
<i>Haemophilus influenzae</i>	36	28	14,36%
<i>Staphylococcus aureus</i>	31	21	10,77%
<i>Klebsiella pneumoniae</i>	22	14	7,18%
<i>Achromobacter xylosoxidans</i>	21	11	5,64%
<i>Acinetobacter baumannii</i>	19	11	5,64%
<i>Streptococcus pneumoniae</i>	19	14	7,18%
<i>Enterobacter cloacae</i>	15	12	6,15%
Hongos filamentosos	Nº aislamientos (62)	Nº pacientes (195)	% pacientes
<i>Aspergillus fumigatus</i>	22	14	7,18%
<i>Aspergillus niger</i>	19	10	5,13%
<i>Aspergillus terreus</i>	10	6	3,08%
<i>Aspergillus flavus</i>	2	2	1,03%
<i>Aspergillus spp.</i>	8	8	4,10%
<i>Scedosporium apiospermum</i>	1	1	0,51%

Conclusiones: Los microorganismos que más frecuentemente producen exacerbaciones o colonizan en estos pacientes EPOC son muy similares a los encontrados en pacientes adultos con fibrosis quística, siendo *P. aeruginosa* predominante. La resistencia antibiótica de este microorganismo no fué elevada sin embargo debe ser vigilada. Sería necesario disponer de cultivos seriados de estos pacientes para conocer mejor su cronoinfección.



XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

CIRCULACIÓN DE PATÓGENOS RESPIRATORIOS EN NIÑOS EN EL ÁREA SANITARIA DE GUADALAJARA (OCTUBRE 2021-SEPTIEMBRE 2022)

Meza Escobar, DL; Pérez de Madrid Jiménez, S; Cascajero Marco, M; Voyer Conde, S; Rodríguez Zurita, ME; Lago Gómez, MR; Gimeno Fernández, C; Solís del Baño, S. Hospital Universitario de Guadalajara.

INTRODUCCIÓN Y OBJETIVOS

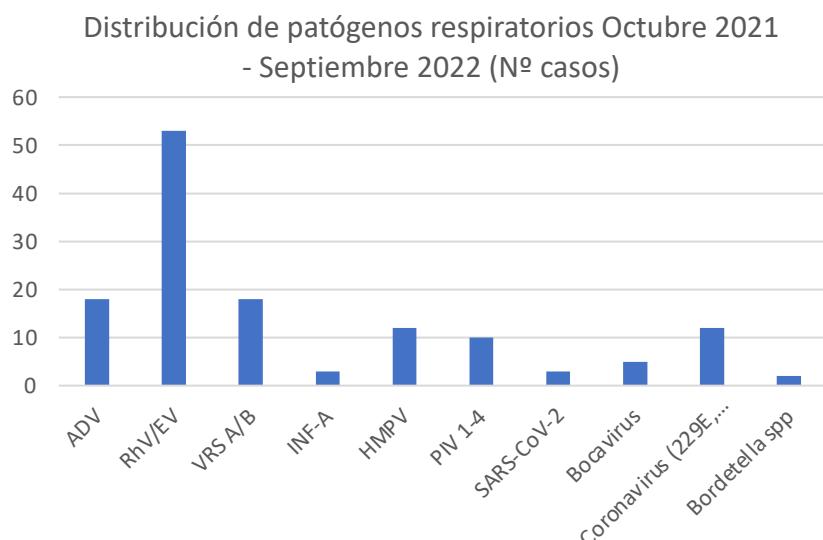
Las infecciones respiratorias agudas (IRA) son una de las principales causas de morbilidad en niños. El uso de paneles de PCR múltiple nos permite detectar en periodos cortos de tiempo múltiples patógenos, lo que permite un adecuado manejo de estas infecciones. El objetivo de este estudio fue conocer la circulación de patógenos respiratorios en población pediátrica mediante el uso de PCR múltiple durante el último año en el área sanitaria de Guadalajara.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron 183 muestras de exudados nasofaríngeos entre el 01 de octubre de 2021 y el 30 de septiembre de 2022. Los pacientes fueron niños menores de 12 años ingresados por clínica respiratoria aguda. Las muestras se analizaron mediante las técnicas de PCR múltiple Filmarray Respiratory Panel Plus v2.1 (bioMérieux) y el kit Allplex™ Respiratory Panel 1, 2, 3 (Seegene, Werfen). La extracción y purificación de las muestras procesadas mediante este último kit se llevó a cabo mediante el equipo MagCore (RBCBioscience, Werfen).

RESULTADOS

Del total de muestras analizadas, 103 (56,3%) fueron positivas para algún patógeno respiratorio. Un 23,3% de los niños con muestras positivas presentaron coinfección de 2 o más patógenos respiratorios, de los cuales en un 62,5% uno de los virus aislados era rinovirus/enterovirus.



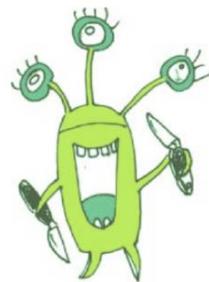
Patógenos	Total (%)	0-6M (%)	6-12M (%)	12M-2 años (%)	3-5 años (%)	6-12 años (%)
Adenovirus	18 (13,2)	2 (9,1)	3 (14,3)	11 (16,9)	3 (15,0)	0
Rinovirus/enterovirus	53 (39,0)	12 (54,5)	8 (38,1)	22 (33,8)	5 (25,0)	6 (54,5)
VRS A/B	18 (13,2)	2 (9,1)	2 (9,5)	12 (18,5)	2 (10,0)	0
Influenza A	3 (2,2)	1 (4,5)	0	0	2 (10,0)	0
Metapneumovirus	12 (8,8)	2 (9,1)	2 (9,5)	4 (6,4)	2 (10,0)	2 (18,2)
Parainfluenzavirus	10 (7,4)	1 (4,5)	1 (4,1)	5 (7,7)	3 (15,0)	1 (9,1)
SARS-CoV-2	3 (2,2)	1 (4,5)	0	1 (1,5)	0	1 (9,1)
Coronavirus (229E, HK1, NL63, OC43)	12 (8,8)	1 (4,5)	5 (23,8)	5 (7,7)	2(10)	0
Bocavirus	5 (3,7)	0	0	5 (7,7)	0	0
Bordetella spp	2 (1,4)	0	0	0	1 (5)	1(9,1)
TOTAL	n=136	n=22	n=21	n=65	n=20	n=11

CONCLUSIONES

Se detecta una elevada tasa de positividad en población infantil con IRA, siendo el rinovirus/enterovirus el más frecuentemente aislado en todos los grupos de edad y en coinfecciones. La distribución por edades y tipo de virus es uniforme salvo en el grupo de edad entre 1 y 2 años en el que se observa un aumento de infecciones por adenovirus y por VRS. Se necesitan estudios prospectivos que correlacionen la clínica, la adecuación del tratamiento antimicrobiano y el uso de pruebas complementarias para ver el valor asistencial de estas técnicas.



XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

APLICACIÓN DEL SISTEMA DE PCR MÚLTIPLE BIOFIRE FILMARRAY® EN EL DIAGNÓSTICO DE UVEÍTIS

García García, A; Robles Domínguez, P; Blas Señalada, J; Parra Martínez, J; Sainz de Baranda Camino, C.
Servicio de Microbiología. Complejo Hospitalario Universitario de Albacete (CHUA).

Introducción/objetivos

La uveítis es una inflamación intraocular que afecta al tracto uveal y a estructuras adyacentes; puede ser de causa infecciosa o no infecciosa. Esta distinción es esencial, un tratamiento basado en fármacos anti-inflamatorios no específicos podría no llevar a la remisión o empeorar un proceso infeccioso. La implementación de técnicas de PCR múltiple permitiría un diagnóstico precoz y la optimización del manejo de los pacientes. Nuestro objetivo es analizar el impacto de la utilización de la técnica de PCR múltiple FilmArray meningitis/encefalitis (FA-ME) con muestras intraoculares en el diagnóstico y manejo de las uveítis y describir sus características clínico-epidemiológicas.

Material y métodos

Estudio retrospectivo observacional mediante revisión de las muestras intraoculares procesadas para diagnóstico molecular con el panel FA-ME durante el periodo 2017-2022. El panel FA-ME, concebido para su uso con muestras de líquido cefalorraquídeo, puede detectar 14 microorganismos entre los que se incluyen los principales virus implicados en las uveítis infecciosas: Citomegalovirus (CMV), virus Herpes simplex tipo 1 y 2 (VHS-1 VHS-2), virus Herpes humano 6 (VHH-6) y virus Varicela Zóster (VVZ). Se recogieron las variables de edad, sexo, resultados de cultivos de muestras oculares y de análisis serológicos. De los casos con resultado positivo se revisó la historia oftalmológica y se incluyeron los datos referentes a la clasificación anatómica de la uveítis, curso evolutivo y tratamiento antiviral recibido.

Resultados

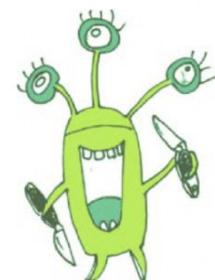
Se procesaron un total de 77 muestras intraoculares (71 humor acuoso y 6 humor vítreo) con el panel FA-ME procedentes de 65 pacientes, de las cuales, el 19.5% (15) tuvieron un resultado positivo: VHS-1 (5), CMV (5), VVZ (4) y VHH-6 (1). La media de edad fue 58 años y el 52% eran mujeres. Se solicitó detección de anticuerpos IgG frente a VHS 1+2 y CMV en 30 pacientes (46%) con una positividad del 97% de los pacientes. En el 37% (24) se analizaron las IgG frente a VVZ con resultado positivo en el 100%. El screening de sífilis, realizado al 38% (25), fue negativo en todos los casos. Se procesaron 5 muestras para cultivo aerobio, anaerobio y de hongos procedentes de 4 pacientes con resultado negativo. El diagnóstico clínico de los casos con panel FA-ME positivo fue de uveítis anterior en 4, anterior/intermedia en 2 y en los 9 restantes de panuveítis. Los resultados del panel molecular confirmaron las sospechas clínicas de uveítis vírica y el tratamiento antiviral administrado consistió en valaciclovir en 12 pacientes, de los cuales, 10 en monoterapia, 1 asociado a foscarnet y 1 a ganciclovir; otros 3 pacientes recibieron monoterapia con ganciclovir y 1 con famciclovir. La evolución de estos pacientes con diagnóstico etiológico de uveítis infecciosa fue favorable para el 80%.

Conclusiones

El panel FA-ME se muestra como una herramienta útil para establecer el diagnóstico molecular rápido y fiable de las uveítis infecciosas de origen vírico. Esto, a su vez, facilita el inicio de una terapia efectiva que previene el daño ocular a largo plazo y la pérdida de la visión.



XI Reunión de la Sociedad de Microbiología Clínica de Castilla-La Mancha (Somiccam).



Optimización del Diagnóstico Microbiológico. Diagnóstico Sindrómico: Presente y Futuro.

ANÁLISIS DE LOS CASOS DE GRIPE EN EL ÁREA SANITARIA DE ALBACETE DURANTE LA TEMPORADA 2021-2022

Simarro Córdoba, E.; Sierra Alcañiz, S.; Robles Fonseca, L.; González García, A.; de la Hoz Sereno, E.; Sainz de Baranda Camino, C. Hospital General Universitario de Albacete.

INTRODUCCIÓN/OBJETIVO

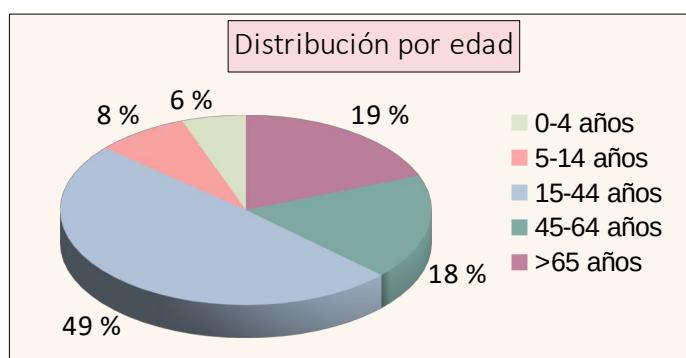
Desde el comienzo de la pandemia, la infección por SARS-CoV-2 ha desplazado aparentemente a otras infecciones respiratorias prevalentes durante los meses de otoño-invierno, tales como las infecciones por Virus Respiratorio Sincitial o la gripe. Nuestro objetivo fue analizar los casos de gripe en nuestra área en la temporada 2021-2022 (semana epidemiológica 40 a la 26), concretamente determinar la influencia que la ola Ómicron de SARS-CoV-2 tuvo en la estacionalidad de gripe de esta temporada así como conocer las cepas circulantes durante la misma.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se estudiaron las muestras de exudado nasofaríngeo recibidas en nuestro laboratorio entre el 4 de octubre de 2021 y el 3 de julio de 2022 a las que se les solicitó una PCR para gripe por sospecha de infección respiratoria. A todas las muestras se les realizó la prueba antigénica "Influenza&COVID-19 Ag Combo" (Lambra) y en caso de resultado negativo en pacientes con criterio de ingreso se realizaba además una RT-PCR mediante la técnica "Simplexa™ COVID-19&Flu A/B Direct" (Diasorin). Los datos de solicitudes y resultados se obtuvieron del sistema informático del laboratorio. Además, se seleccionaron 147 muestras positivas, según instrucciones de la Sección de Epidemiología de Sanidad, para su subtipado y secuenciación en el Centro Nacional de Microbiología (CNM).

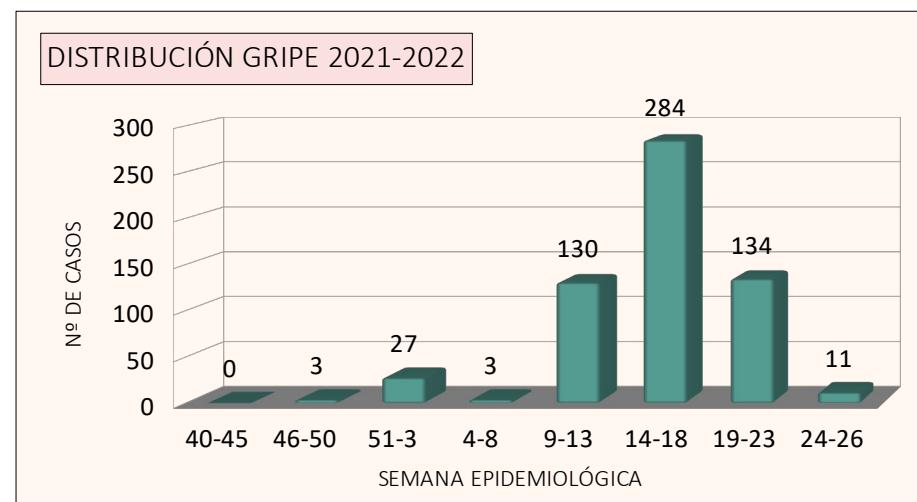
RESULTADOS

Durante el periodo de estudio se procesaron 4611 muestras para PCR de gripe, de las que 592 fueron positivas (12,8%).



Un 38% (n=225) fueron detectadas por la prueba antigénica y un 62% (n=367) por PCR. Se identificaron 590 Virus Influenza A (99,7%) y 2 Virus Influenza B (0,3%). El primer caso se detectó en la semana 48 del 2021 y el 92,6% de las muestras positivas se concentraron entre las semanas 9 y 23 del 2022, siendo la semana 16 en la que se detectó el mayor número de muestras positivas (n=76). Un 50,2% de las muestras positivas correspondieron a mujeres.

De las 147 muestras enviadas al CNM, 50 (34%) correspondieron a pacientes ingresados (17 en neumología, 13 en MI, 8 en geriatría, 5 en pediatría y 7 en otros servicios). Todas fueron subtipadas como Gripe AH3 y la secuencia resultó ser idéntica en todas ellas: grupo 3C.2a1b.2a.2 (grupo Bangladesh) con las mutaciones Y159N, K160I, L164Q, R186D y D190N en el gen de la hemaglutinina con respecto a A/Cambodia/e0826360/2020.



CONCLUSIONES

Se ha producido un cambio de estacionalidad de la gripe en la temporada 2021-2022, (posiblemente influenciado por la ola Ómicron) con respecto a otras temporadas prepandemia, detectándose la mayoría de casos en primavera y siendo la semana 16 del 2022 (18-24 abril) la de mayor incidencia. Casi la mitad de las muestras positivas correspondieron a pacientes en el rango de edad de 15-44 años. Mayoritariamente se detectó gripe A, siendo anecdóticos los casos de gripe B. Por los resultados del CNM se puede concluir que en nuestra área circuló una única cepa de gripe A y que además resultó ser antigénicamente diferente a la incluida en la vacuna de esa temporada (A/Cambodia e0826360/2020).