



**XXVIII REUNION DE LA SOCIEDAD ANDALUZA DE
MICROBIOLOGIA Y PARASITOLOGIA CLINICA**

**GRANADA, 5 Y 6 DE NOVIEMBRE 2015
Hotel Abades Nevada Palace**

PROGRAMA

Sociedad Andaluza de Microbiología y Parasitología Clínica
Edita: Editorial AVM
I.S.B.N.: 97884941627-8-7

JUNTA DIRECTIVA. SAMPAC.

PRESIDENTE

Dr. José María Navarro Marí

VICEPRESIDENTE

Dr. Manuel Antonio Rodríguez Iglesias

SECRETARIA

Dra. Begoña Palop Borrás

TESORERA

Dra. Mercedes Pérez Ruiz

VOCAL ALMERÍA

Dr. Waldo Sánchez-Yebra Romera

VOCAL CÁDIZ

Dra. M^a Carmen Martínez Rubio

VOCAL CÓRDOBA

Dr. Manuel Cause del Río

VOCAL GRANADA

Dr. Federico García García

VOCAL HUELVA

Dra. Matilde de la Iglesia Salgado

VOCAL JAÉN

Dra. Carolina Roldán Fontana

VOCAL MÁLAGA

Dra. M^a Victoria García López

VOCAL SEVILLA

Dra. Maite Ruiz Pérez de Pipaón

COMITÉ ORGANIZADOR:

Presidente :

Dr. Federico García García .

Vocales:

Dra. Marta Álvarez Estévez

Dr. Fernando García García

Dra. Natalia Chueca Porcuna

Dr. Alejandro Peña Monje

Dra. Raquel Camacho Luque

Dra. Pilar Egea Miranda

COMITÉ CIENTÍFICO.

Presidente :

Dr. Federico García García .
Servicio de Microbiología, Hospital San Cecilio, Complejo Hospitalario
Universitario de Granada. Instituto de Investigación Biosanitaria. Ibs.
Granada

Vocales:

Dr. Juan Carlos Alados.
UGC Enfermedades Infecciosas y Microbiología, AGS Norte de Cádiz.

Dra. Marta Álvarez Estévez
Servicio de Microbiología, Hospital San Cecilio, Complejo Hospitalario
Universitario de Granada. Instituto de Investigación Biosanitaria. Ibs.
Granada

Dr. Javier Aznar.
Universidad de Sevilla, Servicio de Microbiología, H.U. Virgen del Rocío

Dr^a Teresa Cabezas .
Unidad de Microbiología, Hospital de Poniente-El Ejido, Almería

Dra. Raquel Camacho Luque
Servicio de Microbiología, Hospital San Cecilio, Complejo Hospitalario
Universitario de Granada. Instituto de Investigación Biosanitaria. Ibs.
Granada

Dr. Manuel Casal.
Servicio de Microbiología, Hospital Reina Sofía, Universidad de Córdoba.

Dra. Natalia Chueca Porcuna
Servicio de Microbiología, Hospital San Cecilio, Complejo Hospitalario
Universitario de Granada. Instituto de Investigación Biosanitaria. Ibs.
Granada

Dra. Pilar Egea Miranda
Servicio de Microbiología, Hospital San Cecilio, Complejo Hospitalario
Universitario de Granada. Instituto de Investigación Biosanitaria. Ibs.
Granada

Dr. Francisco Franco Álvarez de Luna.
Unidad de Microbiología, UGC de Laboratorios Clínicos, Hospital General de Riotinto

Dr^a. María Victoria García.
Servicio de Microbiología, Hospital Virgen de la Victoria, Málaga

Dr. Fernando García García
Servicio de Microbiología, Hospital San Cecilio, Complejo Hospitalario Universitario de Granada. Instituto de Investigación Biosanitaria. Ibs. Granada

Dr^a. Estrella Martín.
Servicio de Microbiología, UGC de Enfermedades Infecciosas y Microbiología, Hospital Universitario de Valme, Sevilla.

Dr^a. Natalia Montiel.
Unidad de Microbiología, Hospital Costa del Sol, Marbella, Málaga.

Dr. José María Navarro Mari.
Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Virgen de las Nieves, Complejo Hospitales Universitarios de Granada

Dr. José Carlos Palomares.
Universidad de Sevilla. Servicio de Microbiología, UGC de Enfermedades Infecciosas y Microbiología, Hospital Universitario de Valme, Sevilla.

Dr. Álvaro Pascual.
Servicio de Microbiología, Hospital Virgen Macarena, Universidad de Sevilla

Dr. Alejandro Peña Monje
Servicio de Microbiología, Hospital San Cecilio, Complejo Hospitalario Universitario de Granada. Instituto de Investigación Biosanitaria. Ibs. Granada

Dr^a Mercedes Pérez.
Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Virgen de las Nieves, Complejo Hospitales Universitarios de Granada

Dr. Javier Rodríguez-Granjer.
Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Virgen de las Nieves,
Complejo Hospitales Universitarios de Granada

Dr. Manuel Rodríguez-Iglesias.
Servicio de Microbiología, UGC de Microbiología y Enfermedades Infec-
ciosas, HHUU Puerta del Mar y de Puerto Real, Cádiz.

Dr^a. Carolina Roldán.
Microbiología, UGC. Interniveles Enfermedades Infecciosas, Microbiolo-
gía y Medicina Preventiva. Complejo Hospitalario Jaén

Jueves 5 de noviembre 2015

15.00 - 17.30 Entrega de documentación

17.30 - 18,30 Comunicaciones orales I:

Moderadores

Dr^a Carolina Roldán, Microbiología, UGC. Interniveles Enfermedades Infecciosas, Microbiología y Medicina Preventiva. Complejo Hospitalario Jaén

Dr Federico García, Servicio de Microbiología, Hospital San Cecilio, Complejo Hospitalario Universitario de Granada. Instituto de Investigación Biosanitaria. Ibs. Granada

CO1. Estudio de variantes asociadas a resistencias basales en NS5a en pacientes con VHC genotipo 1 del sur de España

Pérez AB, Chueca N, Álvarez M, Mérida MD, Sánchez A, López-Bueno J, Fernández-Caballero JA, García F Servicio de Microbiología. Complejo Hospitalario Universitario Granada. Centro PTS-San Cecilio. Instituto de investigación Ibs.Granada.

CO2. Resistencias en pacientes que fracasan a una combinación de antivirales de acción directa frente al virus de la hepatitis C

AB Pérez(1), N Chueca(1), M Alvarez(1), JC Alados(2), A Rivero(3), O Martínez(4), M Delgado(5), A Fernández(6), A Gila(7), F García(1)

(1): Servicio de Microbiología. CHUG, Hospital San Cecilio, Instituto de investigación IBS.Granada. (2): Servicio de Microbiología. Hospital de Jerez de la Frontera. (3): Servicio de Enfermedades Infecciosas, Hospital Reina Sofía. Córdoba. (4): Servicio de Enfermedades Infecciosas. Hospital Santa Lucía. Cartagena. (5): Servicio de Enfermedades Infecciosas. Hospital Regional Carlos Haya. Málaga. (6): Servicio de Enfermedades Infecciosas. Hospital Comarcal de Melilla. (7): Servicio de Digestivo. HUSC. Granada.

CO3. Estudio molecular de los aislados de Mycobacterium tuberculosis resistentes a Isoniacida en el Área Sanitaria Norte de Cádiz mediante la utilización de la técnica MIRUS-VNRT

MD. López Prieto (1), V. González Galán (2), E. Pérez Escolano (1), MJ. Torres (2), JM. Sánchez-Calvo (1), I. Correa (1), JC. Alados (1), J. Aznar (2)

(1) AGS Norte de Cádiz. Hospital SAS de Jerez

(2) H.U. Virgen del Rocío

CO4. Estudio de la historia evolutiva de la epidemia de VIH-1 subtipo B durante el periodo 2005 a 2012 en Andalucía Oriental.

Santiago Pérez-Parra, Natalia Chueca-Porcuna, Marta Álvarez-Estevez, Josefa Lopez-Bueno, Antonio Sánchez, María Dolores Mérida, Jose-Angel Fernández-Caballero, Ana Belén Pérez, Federico García Servicio de Microbiología. Complejo Hospitalario Granada. Hospital Universitario San Cecilio. Instituto de Investigación Ibs.Granada.

CO5. Distribución de los genotipos del virus de la hepatitis C en Andalucía durante el periodo 2011-2015. Subanálisis del estudio GEHEP-005.

Daniel Navarro, María de la Paz Casas, Isabel Viciano, María del Carmen Domínguez, Javier Rodríguez-Granjer, Natalia Montiel, Alberto De La Iglesia, Samuel Bernal, Felipe Fernández, Juan Carlos Alados

(1) Complejo Hospitalario Universitario de Santiago de Compostela, (2) Hospital Universitario San Cecilio, (3) Hospital Universitario Virgen de la Victoria, (4) Hospital Universitario Virgen del Rocío, (5) Hospital Universitario Virgen de las Nieves, (6) Hospital Costa del Sol, (7) Complejo Hospitalario Universitario de Huelva, (8) Hospital Universitario Virgen de Valme, (9) Hospital Universitario Virgen Macarena, (10) Hospital de Jerez de la Frontera.

CO6. Variabilidad genética de las cepas de gripe circulantes en Andalucía en la temporada 2014-2015

Irene Pedrosa Corral, Ana Lara Oya, Sara Sanbonmatsu Gámez, Mercedes Pérez Ruiz, José María Navarro Marí Centro de Referencia de Gripe de Andalucía. Servicio de Microbiología. H.U. Virgen de las Nieves. Granada.

18.30 - 20.00 Mesa Redonda I

Moderadores

Dr José María Navarro, Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Virgen de las Nieves, Complejo Hospitales Universitarios de Granada.

Dr Javier Aznar, Universidad de Sevilla, Servicio de Microbiología, H.U. Virgen del Rocío

CMI de vancomicina en el límite superior del rango de sensibilidad y morbimortalidad por *Staphylococcus aureus* en infecciones sistémicas: ¿una oportunidad para las oxazolidinonas? Dr. David Navarro, Hospital Clínico Universitario de Valencia, Fundación INCLIVA y Departamento de Microbiología de la Universitat de Valencia

Extracción de Ácidos Nucleicos. Su importancia en las técnicas moleculares en el laboratorio de enfermedades Infecciosas. Dr. Juan Córdoba. Servicio de Microbiología HU La Fe, Valencia.

Modelos de flujo de trabajo en el análisis molecular de rutina. Dr. Miguel Ángel Marín. Beckman Coulter Iberia.

20.00 - 20.30 Acto Inaugural

20.30 - 21.00. Conferencia Rey Calero .

Moderadores

Dr. Álvaro Pascual, Servicio de Microbiología, Hospital Virgen Macarena, Universidad de Sevilla

Dr. Manuel Casal, Servicio de Microbiología, Hospital Reina Sofía, Universidad de Córdoba.

Troncalidad y cambios normativos en la formación: ¿hacia un nuevo escenario?

Dr. Rafael Cantón, Servicio de Microbiología. Hospital Universitario Ramón y Cajal e Instituto Ramón y Cajal de Investigación Sanitaria (IRYCIS) Madrid

21.30 - Cocktail de bienvenida

Viernes 6 de noviembre 2015

09.00 - 10.00 Discusión temática I: Avances en Virología

Dra Mercedes Pérez, Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Virgen de las Nieves, Complejo Hospitales Universitarios de Granada

Dr Manuel Causse, Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Reina Sofía

PO1. Estudio de los perfiles filodinámicos y filogeográficos de la epidemia HIV-1 subtipo NO-B en Andalucía durante el periodo 2005 a 2012

Santiago Pérez-Parra, Natalia Chueca-Porcuna, Marta Álvarez-Estevez, Josefa Lopez-Bueno, Antonio Sánchez, María Dolores Mérida, Jose-Angel Fernández-Caballero, Ana Belén Pérez, Federico García
Servicio de Microbiología. Complejo Hospitalario Granada. Hospital Universitario San Cecilio. Instituto de Investigación Ibs.Granada.

PO2. Obtención de secuencias consenso mediante secuenciación masiva para su uso en epidemiología molecular. Comparación con datos de secuenciación SANGER.

Jose Angel Fernandez-Caballero , Natalia Chueca, Marta Alvarez, Raquel Camacho, Maria Dolores Merida, Josefa Lopez, Antonio Sanchez, Federico Garcia
Complejo Hospitalario Universitario Granada. Servicio de Microbiología. Hospital Universitario San Cecilio. Instituto de Investigación Ibs.GRANADA

PO3. Prevalencia de Transmisión de Resistencias en los Nuevos Diagnósticos VIH incluidos en RAVETRA (Red Andaluza para la Vigilancia Epidemiológica de Resistencias a Antiretrovirales) en el periodo 2014- primer semestre 2015.

Raquel Camacho Luque (1), Isabel Viciano (2), Manuel Parra (3), Silvia García Rey (3), Yusnelkis Milanes (4), Felipe Fernández-Cuenca (5), Jose Carlos Palomares (3), Pompeyo Viciano (4), Jesús Santos (2), Federico García, en representación de RAVETRA (1)

1. Complejo Hospitalario Granada_HU San Cecilio; Instituto de Investigación Biosanitaria IBS GRANADA. 2. Hospital Universitario Virgen de la Victoria, Málaga. 3. Hospital Universitario de Valme, Sevilla. 4. Hospital Virgen del Rocío, Sevilla. 5. Hospital Virgen Macarena, Sevilla.

PO4. Estudio filogenético de dobles infecciones VIH en Andalucía Oriental.

Jose Angel Fernandez-Caballero, Natalia Chueca, Marta Alvarez, Maria Dolores Merida, Josefa Lopez, Antonio Sanchez, Federico Garcia

Complejo Hospitalario Universitario Granada. Servicio de Microbiología. Hospital Universitario San Cecilio. Instituto de Investigación IBS GRANADA.

PO6. Compartimentalización semen-plasma sanguíneo en la infección por VIH: A propósito de un caso.

Jose Angel Fernandez-Caballero, Carmen Hidalgo, Natalia Chueca, Marta Alvarez, Maria Dolores Merida, Josefa Lopez, Antonio Sanchez, Federico Garcia

Complejo Hospitalario Universitario Granada. Servicio de Microbiología. Hospital Universitario San Cecilio. Instituto de Investigación IBS GRANADA .

PO7. Tos Ferina en lactantes y su asociación con el virus respiratorio sincitial.

Juan Carlos Alados Arboledas (1), Johana Guío Bárcas (2), Rafael Chulian Cruz (2), David Gómez Pastrana (2), Juan Manuel Sánchez Calvo (1), Ignacio Correa Gómez (1), Maria Dolores López Prieto (1)

(1) UGC Enfermedades Infecciosas y Microbiología. (2) UGC Pediatría.

PO8. Evaluación del sistema BD MAX™ para detección de virus productores de gastroenteritis.

Irene Pedrosa Corral, Sara Sanbonmatsu Gámez, Ana Lara Oya, Mercedes Pérez Ruiz, José María Navarro Marí

Laboratorio de Referencia de Salud Pública de Andalucía para Enfermedades con Sospecha de Etiología Vírica. Servicio de Microbiología. H.U. Virgen de las Nieves. Granada.

PO9. Caracterización de pacientes infectados por VHB y tratados con análogos de nucleot(s)idos en el AGS Norte de Cádiz.

Carlos Jesus Sánchez Aranda (1), Maria Jose Blanco Rodriguez (1), Cristina Cepero León (1), Genoveva Tacon Grimaldi (2), Juan Manuel Sánchez Calvo (2), Ignacio Correa Gómez (2), Maria Dolores López Prieto (2), Juan Carlos Alados Arboledas (2)

(1) UGC Enfermedades Digestivas. (2) UGC Enfermedades Infecciosas y Microbiología. AGS Norte de Cádiz.

PO10. Estudio de la coinfección del Virus Respiratorio Sincitial con Bordetella pertussis en pacientes pediátricos

Jorje Arca Suarez, Inmaculada Guerrero Lozano, Teresa Trujillo Soto, Francisca de la Rubia Martín, Fátima Galán Sánchez, Clotilde Fernandez Gutierrez del Álamo, Manuel Rodriguez Iglesias.

10.00 - 11.00 Discusión temática II: novedades en Bacteriología

Dr^a Begoña Palop, Unidad de Microbiología, Hospital Carlos Haya, Málaga.

Dr^a M^a Victoria García, Servicio de Microbiología, Hospital Virgen de la Victoria, Málaga

PO11. Factores de patogenicidad en bacteriemias por Staphylococcus aureus

García López MV., Gallardo García MM., Viñuela González L., García Pérez C., Mora Navas L., Sena Gonzalez Gabriel., Ruiz Morales J.

UGC de Enfermedades Infecciosas, Microbiología y Medicina Preventiva. HV Victoria. Málaga.

PO12. Evaluación de un test rápido de pH para la detección de betalactamasas de espectro extendido.

Jiménez-Guerra, Gemma., Gutiérrez Fernández, José, Pérez-Zapata, Inés, Heras-Cañas, Víctor, Riazco-Damas, Cristina, Miranda-Casas, Consuelo, Navarro-Marí, José María

1, 3, 4 y 5) Especialistas internos residentes, Servicio de Microbiología del Hospital Virgen de las Nieves; 2)Facultativo especialista de área, servicio de Microbiología del Hospital Virgen de las Nieves (Granada), catedrático de Microbiología (Universidad de Granada), 6)Jefa de Sección; servicio de Microbiología del Hospital Virgen de las Nieves, 7)Jefe de Servicio, servicio de Microbiología del Hospital Virgen de las Nieves.

PO13. Influencia de los puntos de corte de CLSI y EUCAST en la sensibilidad de Streptococcus pneumoniae a Penicilina

María Reyes Vidal Acuña, Ángel Villodres Rodríguez, José Antonio Lepe Jiménez, Javier Aznar Martín Servicio de Microbiología y Parasitología. UCEIMP. Hospital Universitario Virgen del Rocío. Sevilla.España.

PO14. Actividad del Laboratorio de Referencia para tipado molecular de patógenos nosocomiales multi-resistentes (Programa PIRASOA)

Felipe Fernández Cuenca, Lorena López Cerero, Rocío Gentil, Francisco Javier Caballero Moyano,Alvaro Pascual UGC Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica Hospital Virgen Macarena.

PO15. Evaluación de prueba rápida para la detección de CARBAPENEMASA OXA -48

Miriam Valverde Troya, Rocío Sáinz Rodríguez , Inmaculada De Toro Peinado, María Concepción Mediavilla Gradolph, Pilar Bermúdez Ruiz^a, Begoña Palop Borrás

Servicio de Microbiología Hospital Regional Universitario Málaga

PO16. Actividad in vitro de colistina sola o combinada con rifampicina frente a Klebsiella pneumoniae productor de carbapenemasas.

M. Carmen Conejo 1, M^a Eugenia Pachón 2, Lara Serrano 3, Francisco Javier Caballero 3, Jesús Rodríguez Baño 1,4, Álvaro Pascual 1,4

1 Universidad de Sevilla, 2 Instituto de Biomedicina de Sevilla (IBIS)-Hospital Universitario Virgen del Rocío-Sevilla, 3 Fundación Pública Andaluza para la Gestión de la Investigación en Salud de Sevilla (FISEVI), 4 Hospital Universitario Virgen Macarena-Sevilla.

PO17. Actividad in vitro de combinaciones de meropenem o fosfomicina con aminoglucósidos frente a Klebsiella pneumoniae productor de carbapenemasas.

M. Carmen Conejo 1, M^a Eugenia Pachón 2 , Fernando Docobo 1, Paula Díaz-de Alba 3, Jesús Rodríguez Baño 1,3, Álvaro Pascual 1,3

1 Universidad de Sevilla, 2 Instituto de Biomedicina de Sevilla (IBIS)-Hospital Universitario Virgen del Rocío-Sevilla, 3 Hospital Universitario Virgen Macarena-Sevilla.

PO18. Evaluación de un protocolo para la identificación precoz de pacientes potencialmente colonizados/infectados por Klebsiella Pneumoniae productora de CARBAPENEMASA (KPC)

José Pablo Mazuelas Teatino, Yolanda Ortega López, Ana Molleja García, Concepción Gómez-Alfárez Palma, Jacinto Carlos Plata Rosales

Hospital Infanta Margarita. Cabra. Córdoba.

PO19. Caracterización molecular y sensibilidad antibiótica de STREPTOCOCCUS AGALACTIAE en mujeres postmenopáusicas en el sur de España.

Inés Pérez Zapata, Ana Lara Oya, Julián Ceballos Mendiola, Javier Rodríguez Granger, Antonio Sampedro Martínez, José M^a Navarro Marí

Servicio de Microbiología, H U Virgen de las Nieves.

PO20. Variación en la resistencia a clindamicina en cocos Gram-positivos anaerobios.

Ángel Rodríguez-Villodres, María Reyes Vidal-Acuña, José Antonio Lepe, Javier Aznar

Servicio de Microbiología. Unidad Clínica de Enfermedades Infecciosas, Microbiología y Medicina. Preventiva (UCEIMP). Hospital Universitario Virgen del Rocío. Sevilla.

PO21. Bacteriemias por Staphylococcus aureus en el area de gestión sanitaria norte de Almería.

Luzón García, María Pilar, Bautista Marín, María Fe, Ortigosa Moreno, Elias, Martínez Martínez, Carmen María, Simonelli Muñoz, Guillermo, Jiménez Torres, Rafael UGC Laboratorios. Hospital La Inmaculada. Área de Gestión Sanitaria Norte de Almería.

11.00 - 11.30 Café, visita a posters y exposición comercial

11.30 - 12.30 Mesa Redonda II

Moderadores:

Dr Manuel Rodríguez-Iglesias, Servicio de Microbiología, UGC de Microbiología y Enfermedades Infecciosas, HHUU Puerta del Mar y de Puerto Real, Cádiz.

Dr^a Estrella Martín, Servicio de Microbiología, UGC de Enfermedades Infecciosas y Microbiología, Hospital Universitario de Valme, Sevilla.

“Microbiología Molecular: pasado, presente y futuro. La Innovación como base para la excelencia” Dr. Miguel Alvarez, Roche Diagnostics

“Manejo de la infección por el CMV en el paciente trasplantado: ¿Necesitamos pruebas moleculares tan sensibles?” Dr. David Navarro, Hospital Clínico Universitario de Valencia, Fundación INCLIVA y Departamento de Microbiología de la Universitat de Valencia.

12. 30 - 13.30 **Discusión temática III: nuevas técnicas de diagnóstico**

Dr^a Marta Álvarez, Servicio de Microbiología, Hospital San Cecilio, Complejo Hospitalario Universitario de Granada. Instituto de Investigación Biosanitaria. Ibs. Granada

Dr^a Carmen Martínez, Servicio de Microbiología, Hospital Puerta del Mar, Cádiz

PO22. Resistencias a Integrasa en el Hospital Virgen de la Victoria

Sena Corrales(1) , Viciano Ramos I(1), Delgado M (1) , Márquez M(1), , De la Torre J(2), Torres Tortosa M(3), Vergara A(4), , Roldán J(5). , Clavijo E(1)

(1)Servicio de Microbiología y Unidad de enfermedades Infecciosas. UGC Infecciosos Intercentros Málaga. (2). Unidad de enfermedades Infecciosas Hospital Costa del Sol. (3) Unidad de enfermedades Infecciosas Hospital Punta Europa (4) Unidad de enfermedades Infecciosas Hospital Puerto Real. (5) Unidad de enfermedades Infecciosas Hospital Antequera.

PO23. Resistencias a los inhibidores de proteasa frente al VHC en pacientes con experiencia previa con triple terapia.

Natalia Chueca, Ana Belén Pérez, Marta Alvarez, Antonio Sánchez Alvarez, Josefa López Bueno, Maria Dolores Mérida, Federico García

Servicio de Microbiología. CHUG, Hospital San Cecilio, Instituto de investigación IBS.Granada.

PO24. Detección de variantes asociadas a resistencias basales en NS3 de VHC y filogenia viral de pacientes con genotipo 1 en España

Chueca N.1, Pérez A.B.1, Álvarez M.1, Rivadulla I.2, Fernández-Alonso M.3, Sánchez A.1, Mérida M.D.1, López-Bueno J.1, Aguilera A.2, García F.1

1Servicio de Microbiología. Complejo Hospitalario Universitario Granada. Centro PTS-San Cecilio.2Servicio de Microbiología. Complejo Hospitalario Universitario de Santiago de Compostela.3Servicio de Microbiología. Clínica Universitaria de Navarra.

PO25. Detección del polimorfismo Q80K en la proteasa NS3 del genoma del VHC de genotipo 1a por PCR alelo específica a Tiempo Real

Chueca, N (1), Fernández--Caballero J (1), Álvarez M (1), Sánchez A (1), Mérida MD (1), López--Bueno J (1), Sierra S (2), Kaiser R2 (2), García F (1)

(1): Lab. Microbiología Complejo Univ de Granada. Hospital San Cecilio. Instituto de Investigación Biosanitaria Ibs. Granada, Spain (2): Institute of Virology, University of Cologne,Cologne, Germany.

PO26. Aplicabilidad del diagnóstico molecular rápido en biopsia

Alejandro Peña Monje, Paz Casas Hidalgo, Natalia Chueca Porcuna, M^a Dolores Merida, Josefa López Bueno, Antonio Sanchez Alvarez, Federico García García.

Servicio de Microbiología Clínica, Hospital Universitario San Cecilio. Granada

PO27. FTD Bacterial Pneumonia_CAP (FAST-TRACK DIAGNOSTIC) frente al cultivo estandar en el diagnóstico de neumonía comunitaria.

J.Guzmán, M.Causse, R.Tejero, I.Gracia, F.Rodríguez-López., M.Casal.
Hospital Universitario Reina Sofía, Córdoba

PO28. Identificación de microorganismos a partir de muestra directa de orina mediante MALDI-TOF.

Rocío Sáinz Rodríguez, Miriam Valverde Troya, María Concepción Mediavilla Gradolph, Inmaculada de Toro Peinado, María Pilar Bermúdez Ruiz, Begoña Palop Borrás
Servicio de Microbiología Hospital Regional Universitario Málaga.

PO29. Diagnóstico molecular de infecciones de transmisión sexual en un centro de ITS en Granada en un periodo de 8 meses

Marta Álvarez (1), Jose Luis Cabrera (1), Ana Belén Pérez (1), Antonio Sánchez (1), María Dolores Mérida (1), M Angeles Espigares (1), Esperanza Castro (2), Paloma Nogueras (2), Federico García (1)
(1) Servicio de Microbiología, Complejo hospitalario universitario Granada-Hospital San Cecilio-PTS; (2) Centro de Infecciones de Transmisión sexual, Hospital San Juan de Dios, Granada

PO30. Determinación de un punto de corte para evitar pruebas adicionales en el diagnóstico de la sífilis

José Luis Cabrera Alarcón, Paz casas Hidalgo, Juan Luis Recio López, Fernando García García
Servicio de Microbiología y Parasitología Hospital Universitario San Cecilio. Granada

PO31. Utilidad de la PCR en el diagnóstico de la infección por CLOSTRIDIUM DIFFICILE en el laboratorio.

Pedro Camacho Martínez, María Reyes Vidal Acuña, Ana María Rodríguez Rey, Javier Aznar Martín.

13.30 - 14.30 Asamblea

14.30 - 16,30 Comida de trabajo

16.30 - 17.30 Casos Clínicos, mesa organizada por Janssen

Moderadores:

Dr^a Maite Ruiz de Pipaon, Servicio de Microbiología, Unidad Clínica Intercentros Enfermedades Infecciosas, Microbiología y Medicina Preventiva , Hospitales Universitarios Virgen del Rocío y Virgen Macarena, Sevilla

Dr. Waldo Sanchez-Yebra, Unidad Funcional de Microbiología. UGC Biotecnología. Hospital Torrecárdenas

“Infección periprotésica en paciente con tratamiento ATB previo”. Dr Alejandro Peña- Servicio de Microbiología, Hospital San Cecilio, Complejo Hospitalario Universitario de Granada. Instituto de Investigación Biosanitaria. Ibs. Granada

“Síndrome febril de larga evolución y abscesos en miembros inferiores”. Dr^a Natalia Montiel, Área de Microbiología Clínica del Hospital Costa del Sol; Coordinadora del Centro de Referencia de Micobacterias de Andalucía.

17.30 - 18.30 Comunicaciones orales II

Dr Juan Carlos Alados, UGC Enfermedades Infecciosas y Microbiología, AGS Norte de Cádiz.

Dr Fernando García, Servicio de Microbiología, Hospital San Cecilio, Complejo Hospitalario Universitario de Granada.

CO7. Estudio longitudinal de la colonización ambiental y de pacientes por K. oxytoca productor de VIM-1 y qnrS2 en la UCI del Hospital Universitario Virgen Macarena.

Felipe Fernández Cuenca, Lorena López Cerero, Paula Díaz, Ildelfonsa Marquez Pavon, Jesus Rodríguez Baño, A. Pascual

UGC Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica. Hospital Virgen Macarena

CO8. Detección de resistencia de bajo nivel a fluorquinolonas en Salmonella spp. Utilizando discos de pefloxacino de 5 µg como cribado.

Teresa Trujillo-Soto, Fátima Galán-Sánchez, Jorge Arca-Suárez, Inmaculada Guerrero-Lozano, Francisca de la Rubia Martín, Manuel A. Rodríguez-Iglesias
UGC Intercentros Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica. H.U. Puerta del Mar, Cádiz.

CO9. Estudio de la sensibilidad antifúngica de especies de Aspergillus aisladas en muestras respiratorias en Andalucía y Extremadura.

Carmen Castro, Fátima Galán, Mercedes Ramírez, Ana Domínguez, Jose Luis Francisco, Mayte Ruiz de Pi-paón, Antonio Sánchez--Porto, Miguel Fajardo Olivares, Manuel Rodríguez Iglesias, Estrella Martín Mazue-
los, et al.

1 y 10. H.U.Valme, Sevilla; 2 y 9. H.U. Puerta del Mar, Cádiz; 3. H.San Juan de Dios, Bormujos, Sevilla; 4. H.Juan Ramón Jiménez, Huelva; 5. H.SAS. Jerez, Cádiz; 6. H.U.V.Rocío, Sevilla; 7. H. La Linea, La Linea, Cádiz, 8. H. Infanta Cristina, Badajoz. 10. GRUPO DE ESTUDIO FUNGAE-IFI.

CO10. Evolución de la incidencia de microorganismos multirresistentes en los hospitales del SSPA: PVCIN 2012-Programa PIRASOA 2014

María Dolores Rojo Martín, en nombre del Programa PIRASOA, Equipos locales de IRAS y PROA de hospital, Comité Científico Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Virgen de las Nievss de Granada

CO11. Estudio de las infecciones oculares de origen Fungico en un hospital terciario en los últimos cinco años.

Elena M^a Marín Martínez, Carmen Castro Mendez, Celestina Sierra Atienza, Ana Romero, Estrella Martín-Mazuelos

CO12. Experiencia de un hospital en el uso de CEFTAZIDIMA/AVIBACTAM para el tratamiento de las infecciones producidas por KLEBSIELLA PNEUMONIAE Productora de CARBAPENEMASA

Sánchez-Calvo, J.M. (1), Madrigal Toscano, M.D. (2), Pérez Cortés, S. (1), Correa Gómez, I. (1), Francisco Ramírez, J.L. (1), Alados Arboledas, J.C. (1), Rodríguez Félix, L. (1), López Prieto, M.D. (1) (1) UGC de Enferme-
dades Infecciosas y Microbiología. AGS Norte de Cádiz. Hospital SAS de Jerez (2) UGC de Hematología. AGS Norte de Cádiz. Hospital SAS de Jerez

18.30 - 19.00 Café, visita a posters y exposición comercial

19.00 - 20.00 Discusión temática IV: Parasitología, Micología y Micobacterias

Dr^a Teresa Cabezas, Unidad de Microbiología, Hospital de Poniente-El Ejido, Almería.

Dr^a Natalia Chueca, Servicio de Microbiología, Hospital San Cecilio, Complejo Hospitalario Universitario de Granada. Instituto de Investigación Biosanitaria. Ibs. Granada

**PO32. Bacteriemias por STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE e impacto de la vacuna antineumococica: ¿Ex-
isten variaciones en los sertipos tras su implementación?**

García C., Viñuela L., Sena G., García MV., Ortega M., Mora L., Viciano I., Clavijo E.
Hospital Virgen de la Victoria (Málaga).

PO33. Infecciones urinarias por Actinobaculum schaalii

Arca Suarez, J, De la Rubia Martín, F, Trujillo Soto, T, Guerrero Lozano, I, Galán Sánchez, F, Rodríguez Iglesias M
UGC de Microbiología y Enfermedades Infecciosas, HU Puerta del Mar, Cádiz.

**PO34. Estudio de la sensibilidad a Tigeciclina y Colistina en combinación en un brote de Acinetobacter
baumannii multirresistente.**

María de la Paz Casas Hidalgo, Alejandro Peña Monje, José Luis Cabrera Alarcon, Juan Luis Recio López,
Santiago Pérez Parra, Natalia Chueca Porcuna
Complejo Hospitalario Universitario Granada. Hospital Universitario San Cecilio. Servicio de Microbiología.
Instituto de Investigación Ibs.GRANADA

PO35. Estudio de las gastroenteritis en el área norte de Almería.

Bautista-Marín M^a Fe, Luzón-García M^a Pilar, Jiménez-Torres Rafael, Ortigosa-Moreno Elías, Martínez-Martínez Carmen María, Simonelli-Muñoz Guillermo
Hospital La Inmaculada. Huércal-Overa. Área de Gestión Sanitaria Norte de Almería

PO36. Seroprevalencia de LEISHMANIASIS Asintomática en trasplantados renales.

Inés Pérez Zapata, Ana Lara Oya, Cristina Riazza Damas, Julian Ceballos Mendiola, Antonio Sampedro Martínez, Javier Rodríguez Granger, José M^a Navarro Marí
Servicio de Microbiología, H. U. Virgen de las Nieves. Granada.

PO37. Utilidad de un test Immunocromatográfico rápido para la discriminación en cultivo de Mycobacterium tuberculosis complex de otras Micobacterias no tuberculosas

Domínguez MC (1), Montiel N (2), Torres E (1), Gómez MC (1), Roldán ME (1)
(1)Laboratorio de Microbiología, U.G.C. Laboratorios Clínicos, Hospital de La Merced, Osuna (Sevilla). (2) Centro de Referencia de Micobacterias de Andalucía, Unidad de Microbiología, Hospital Costa del Sol, Marbella (Málaga)

PO38. Detección e identificación de Plasmodium spp. por PCR a Tiempo Real

Chueca, N (1), Fernández--Caballero J (1), Álvarez M (1), Sánchez A (1), Mérida MD (1), López--Bueno J (1), García F (1)
Laboratorio de Microbiología y Parasitología. Hospital Universitario San Cecilio-Instituto de Investigación Biosanitaria. Granada

PO39. Detección de anticuerpo antimicelio de Candida spp para el diagnóstico de la candidiasis invasora en pacientes no neutropénicos ingresado en UCI. Comparativa de dos kits comerciales: Invasive candidiasis (CAGTA) IFA IgG e Invasive candidiasis (CAGTA) VirClia IgG Monotest.

Parra-Sánchez M(1), García-Rey S(1), Castro C(1), Zakariya-Yousef I(1), Rezusta A(2), Gómez F(3), Marrodán T(4), Estebán A(4), Suarez A(5), Ayats J(6), et al.
1. Hospital Universitario de Valme (Sevilla) 2. Hospital Universitario Miguel Servet (Zaragoza) 3. Hospital Universitario Joan XXIII (Tarragona) 4. Complejo Asistencial de León (León) 5. Hospital Universitario Macarena (Sevilla) 6. Hospital Universitario Bellvitge (L'Hospitalet de Llobregat) et al: Proyecto CAVA Trem-Navarro, D (Hospital Clínico de Valencia)Fajardo, M(Hospital Universitario Infanta Cristina, Badajoz,) Bordes, A (Hospital de Gran Canaria-Negrín, Gran Canaria),López, L (Hospital de Cruces, Barakaldo),Ruiz, M (Hospital Universitario Virgen de Macarena, Sevilla), León C (Hospital Universitario de Valme, Sevilla), Martín-Mazuelos, E(Hospital Universitario de Valme, Sevilla).

PO40. Estudio retrospectivo de neumonías por PNEUMOCYSTIS JIROVECI (PJ)

Jiménez-Guerra, Gemma, Serrano-García, M. Luisa, Martín-López, M. Eloísa, Miranda-Casas, Consuelo, Navarro-Marí, José M.
1) Residente de Servicio de Microbiología del Hospital Universitario Virgen de las Nieves (HUVN, Granada) 2) FEA de Servicio de Microbiología de HUVN.3) Técnico Especialista de Laboratorio, del Servicio de Microbiología de HUVN.4) Jefa de Sección de Servicio de Microbiología de HUVN 5) Jefe de Servicio de Microbiología de HUVN

PO41. Etiología y características epidemiológicas de los episodios de candidemia ocurridos durante el periodo 2013-2015.

Inmaculada Guerrero-Lozano, Fátima Galán-Sánchez, Teresa Trujillo-Soto, Jorge Arca-Suárez, Manuel A. Rodríguez-Iglesias
UGC Intercentros Microbiología y Enfermedades Infecciosas. Unidad Puerta del Mar, Cádiz.

20.00 - Acto de clausura

21.00 - Cena oficial

POSTERS:

P1. Prevalencia de IgG PARVOVIRUS en Granada.

Isabel Casanovas Moreno-Torres, Ines Perez Zapata, Antonio Sampedro Martínez, Javier Rodriguez Granger, Mercedes Muros, Francisca Belda, Guillermina Galindo

P2. Valoración de incidencias preanalíticas y epidemiología de muestras genitales procedentes de atención primaria: Plan de mejora.

Rocío Tejero García, Julia Guzmán Puche, Manuel Causse del Río, Irene Gracia Ahufinger, Fernando Rodríguez López, Manuel Casal Román
Servicio de Microbiología. Hospital Universitario Reina Sofía. Córdoba.

P3. Prevalencia de genotipos de VPH de alto riesgo en exudados rectales de pacientes HSH y VIH+.

Parra-Sánchez, Manuel, García-Rey, Silvia, Bernal, Samuel, Cabezas, Jose Luis, Macías, Juan, Martín-Mazuelos, Estrella, Palomares, Jose Carlos
Unidad Clínica de Enfermedades Infecciosas y Microbiología.

P4. ¿Es necesario incubar el cultivo de exudados faringoamigdalares más de 24 horas?

Mónica Ballester-Téllez, Elena Salamanca, Esther Recacha, Nínive Batista, Álvaro Pascual
Unidad Intercentros de Enfermedades Infecciosas, Microbiología y Medicina Preventiva. H.U. Virgen Macarena, Sevilla.

P5. Pielonefritis aguda debido a Elizabethkingia miricola

María de la Paz Casas Hidalgo (1) Santiago Pérez Parra (2) Alejandro Peña Monje (3) Juan Luis Recio López (4) José Luis Cabrera Aguado (5) Inmaculada Casas Hidalgo (6) Federico García García (7)
Complejo Hospitalario Universitario Granada. Hospital Universitario San Cecilio. Servicio de Microbiología. Instituto de Investigación Ibs.GRANADA

P6 Frecuencia de hemocultivos contaminados en el hospital Infanta Margarita tras revisión del protocolo de extracción.

José Pablo Mazuelas Teatino, Yolanda Ortega López, Ana Molleja García, Inmaculada Roldán Alba, Jacinto Carlos Plata Rosales. Hospital Infanta Margarita. Cabra. Córdoba.

P7. Mucormicosis Rinocerebral con probable transmisión Nosocomial.

Bautista-Marín M^a Fe (1), Luzón-García M^a Pilar (1), Guirao-Arrabal Emilio (2), Sánchez-Gil Justo (2), Parra-García Ginés David (2), Baayobre-Barayobre Matías (3), Jiménez-Torres Rafael (1)
(1)Microbiología. Hospital La Inmaculada. Huércal- Overa. (2)Medicina Interna. Hospital La Inmaculada. Huércal- Overa. (3)Anatomía Patológica. Hospital La Inmaculada. Huércal- Overa.

P8. Identificación de bacilos gram positivos aeróbios no esporulados diferentes a Corynebacterium mediante espectrometría de masas

Trujillo-Soto, T, Aznar-Marin, P, Galán-Sánchez, F, Guerrero-Lozano, I, De la Rubia-Martín, F, Marín-Casanova, P, Rodríguez-Iglesias, M
UGC de Microbiología y Enfermedades Infecciosas. H.U. Puerta del Mar, Cádiz

P9. Opciones terapéuticas de las infecciones del tracto urinario causadas por microorganismos productores de beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE) en Atención Primaria

Ana María Rodríguez Rey, José Antonio Lepe Jiménez, Pedro Camacho Martínez, Javier Aznar Martín
Unidad de Gestión Clínica de Enfermedades Infecciosas, Microbiología y Medicina Preventiva. Hospital Universitario Virgen del Rocío (Sevilla)

P10. Botulismo alimentario: A propósito de un caso.

Carolina Roldan Fontana, Lina Martin Hita, Vicente Guillot Suay, Sylvia Valdezate, Gema Carrasco, Rafael Martinez Nogueras
1,2,3,6: UGC Enfermedades infecciosas, Medicina Preventiva y Microbiología C.H. Jaen (jaen) 4,5: Centro Nacional de Microbiología. Instituto de Salud Carlos III

P11. Distribución de los genotipos del virus de la hepatitis C en el área de gestión sanitaria norte de almería.

Luzón García, María Pilar, Bautista Marín, María Fe, Ortigosa Moreno, Elias, Martínez Martínez, Carmen María, Simonelli Muñoz, Guillermo, Jiménez Torres, Rafael
UGC Laboratorios. Hospital La Inmaculada. Área de Gestión Sanitaria Norte de Almería.

P12. Análisis de la frecuencia de los aislamientos de hongos filamentosos en muestras respiratorias en un año en el Hospital Universitario de Valme.

Elena M^a Marín Martínez, Carmen Castro Mendez, Ana Romero, Estrella Martín-Mazuelos

P13. Evaluación del VIRCLIA, una nueva técnica de quimiluminiscencia automatizada, en la detección de IgM antiSarampión.

Isabel Casanovas Moreno-Torres

P14. Incidencia de diarrea por Clostridium difficile en un hospital de segundo nivel (2014/2015).

Salvador López Cárdenas, Juan Carlos Alados Hernández, Juan Manuel Sánchez Calvo, Ignacio Correa, Jose L de Francisco Ramirez, Maria Dolores López Prieto, Juan Carlos Alados Arboledas
UGC Enfermedades Infecciosas y Microbiología. AGS Norte de Cádiz.

P15. Estudio de casos de tos ferina en la provincia de Jaén durante el año 2015

Carolina Roldán(1), Vicente Guillot (1), Lina Martín (1), Purificación Cantudo (2)
(1)U.G.C. Enfermedades Infecciosas, Microbiología Clínica y Medicina Preventiva. C.H. Jaén (2)Área de Microbiología, UGC Laboratorio Análisis Clínicos, Hospital San Agustín, Linares, Jaén.

P16. Utilidad del empleo adicional de agar sangre en el urocultivo de pacientes con infección urinaria (ITU) complicada.

M. Ballesteros, E. Salamanca, A. Gual de Torrella, I. Portillo, M. de Cueto, A. Pascual
Unidad Intercentros de Enfermedades Infecciosas, Microbiología y Medicina Preventiva. Hospitales Universitarios Virgen del Rocío y Virgen Macarena. Sevilla.

P17. Bacteriemia por Leuconostoc citreum en paciente con intestino corto: A PROPÓSITO DE UN CASO.

César del Prado Montoro, Carolina Freyre Carrillo, Iría Jesús de la Calle, Carmen Martínez Rubio, Manuel Antonio Rodríguez Iglesias
Hospital Universitario de Puerto Real.

P18. Endocarditis por Cardiobacterium hominis identificado por MALDI-TOF.

I. Gracia Ahufinger, J. Guzman Puche, I. Machuca, G. Gutierrez Ballesteros, F. Rodriguez López, M. Causse Del Rio, R. Tejero García, C. Natera Kindelan, M. Casal Roman
IMIBIC-HOSPITAL REINA SOFÍA-UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA

P19. Frecuencia de la resistencia a meticilina en las infecciones causadas por Staphylococcus aureus en pacientes con bronquiectasias y fibrosis quística.

Trujillo-Soto, T, Aznar-Marin, P, Arca-Suárez, J, Galán-Sánchez, F, Barrera-Ledesma, M, Marín-Casanova, P, Rodríguez-Iglesias, M.
UGC de Microbiología y Enfermedades Infecciosas, H.U. Puerta del Mar, Cádiz

P20. Análisis de los resultados de CMI de seis antibióticos indicados para tratamiento de MRSA mediante puntos de corte (Microscan WalkAway) y eTest.

César del Prado Montoro, Carolina Freyre Carrillo, Carmen Martínez Rubio, Manuel Rodríguez Iglesias
Hospital Universitario de Puerto Real.

P21. Blefaritis por Phthirus pubis en un niño de 7 años: A propósito de un caso.

Carolina Freyre Carrillo, César del Prado Montoro, Carmen Martínez Rubio, Iría Jesús de la Calle, Manuel Rodríguez Iglesias
Hospital Universitario de Puerto Real.

P22. Micobacterias no tuberculosas en el año 2014 en el Hospital Universitario Virgen del Rocío

Ángel Rodríguez-Villodres, Verónica González Galán, Javier Aznar

Servicio de Microbiología. Unidad Clínica de Enfermedades Infecciosas, Microbiología y Medicina Preventiva (UCEIMP). Hospital Universitario Virgen del Rocío. Sevilla.

P23. Colecistitis por *Cellulosimicrobium cellulans*: A propósito de un caso.

César del Prado Montoro, Carolina Freyre Carrillo, Carmen Martínez Rubio, Iría Jesus de la Calle, Manuel Rodríguez Iglesias.

Hospital Universitario de Puerto Real.

P24. Aislamientos de *Haemophilus influenzae* en el Complejo Hospitalario Ciudad de Jaén

Carolina Roldán Fontana, M^a del Carmen Liébana Martos, Lina Martín Hita, Vicente Guillot Suay.

Unidad Gestión Clínica Interniveles de Enfermedades Infecciosas, Microbiología Clínica y Medicina Preventiva. Complejo Hospitalario Ciudad de Jaén. Jaén

Troncalidad y cambios normativos en la formación: ¿hacia un nuevo escenario?

Rafael Cantón.

Servicio de Microbiología. Hospital Ramón y Cajal e Instituto Ramón y Cajal
de Investigación Sanitaria (IRYCIS). Madrid

En agosto de 2014, después de un largo proceso iniciado en 2003 con la Ley 44/2003 de ordenación de las profesiones sanitarias se aprobó el Real Decreto 639/2014 que regula la troncalidad, la reespecialización troncal y las áreas de capacitación específica y otras normas en la formación de los residentes. En este RD y en contra de la opinión de la Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica (SEIMC) se incluyó a la especialidad de Microbiología y Parasitología en el tronco denominado de Laboratorio y de Diagnóstico Clínico y se establecía una formación troncal común de 2 años para los residentes en Microbiología y Parasitología junto con los residentes de Análisis Clínicos-Bioquímica Clínica, Inmunología y la recién creada Genética Clínica. La formación de los residentes se completaría con sólo dos años de formación específica. El desarrollo de este RD abre numerosas incertidumbre ya que con independencia de las pruebas de acceso y el proceso de elección de tronco, la convocatoria de plazas para la formación de residentes trocales requerirá el establecimiento de comisiones troncales nacionales, la acreditación de unidades de formación troncal y de tutores de tronco así como los contenidos formativos troncales y los específicos de la especialidad de Microbiología Clínica. Este nuevo escenario precisará cambios normativos aun no definidos, situación que aumenta mayor confusión en el proceso de formación troncal.

PONENCIAS

Manejo de la infección por el CMV en el paciente trasplantado: ¿Necesitamos pruebas moleculares tan sensibles?

Dr. David Navarro, Hospital Clínico Universitario de Valencia, Fundación INCLIVA y Departamento de Microbiología de la Universitat de València.

Citomegalovirus (CMV) es causa frecuente de morbilidad y mortalidad en el marco del trasplante alogénico de precursores hematopoyéticos (alo-TPH). En ausencia de tratamiento antiviral, 25-30% de estos pacientes acaban desarrollando enfermedad orgánica. En la actualidad se emplean dos estrategias terapéuticas para prevenir el desarrollo de enfermedad orgánica en el alo-TPH: (i) profilaxis universal con (val)ganciclovir, en la que el agente antiviral se administra a todos los pacientes desde el momento del trasplante y (ii) tratamiento antiviral anticipado, en el que al antiviral se administra únicamente a los pacientes que desarrollan viremia. La mayoría de centros emplean la estrategia del tratamiento antiviral anticipado guiado por PCR en tiempo real (monitorización virológica); típicamente, se trata a los pacientes con niveles de CMV DNAemia > 1.000-10.000 copias/ml en sangre completa, o 500 a 1.000 copias/ml de plasma y se interrumpe el tratamiento tras uno o dos resultados consecutivos negativos. Esta estrategia es potencialmente optimable; se estima que un tercio de los pacientes tratados lo son innecesariamente, puesto que podrían resolver los episodios replicativos del CMV en ausencia de tratamiento antiviral; asimismo, la duración de los tratamientos es, probablemente en muchos casos, mayor de lo estrictamente necesario. El uso del análisis de la cinética de carga de ADN del CMV (tiempo de duplicación-td-) en la sangre-plasma-, en lugar de una carga umbral, para guiar el inicio del tratamiento antiviral anticipado en el trasplante alogénico de precursores hematopoyéticos podría permitir la comparación directa de la experiencia de los distintos centros de trasplante y de este modo sentar las bases para la universalización de los criterios de inicio de tratamiento. Eso podría ser así porque la mayoría de los ensayos de QRT-PCR disponibles comercialmente muestran una linealidad exquisita, con coeficientes de pendiente que varían mínimamente entre ellas y que se aproximan a valores de R^2 de 1. A pesar del advenimiento del panel de referencia de cuantificación de la carga del CMV de la OMS lo anterior es difícilmente logable con el uso de valores de corte preestablecidos, habida cuenta de la alta variabilidad inter-ensayo e inter-centro de las distintas QRT-PCRs disponibles en el mercado.

Extracción de Ácidos Nucleicos. Su importancia en las técnicas moleculares en el laboratorio de enfermedades Infecciosas.

Dr. Juan Córdoba. Servicio de Microbiología HU La Fe, Valencia.

El proceso de extracción de ácidos nucleicos es un paso fundamental para el éxito de las técnicas moleculares que utilizamos para el diagnóstico y monitorización de las enfermedades infecciosas. La integridad del ácido nucleico, su calidad, su pureza y su concentración, son factores que condicionan el éxito en cualquier técnica molecular ya que, evidentemente, si la diana no se preserva adecuadamente, disminuyen las posibilidades de detectarla. Estos factores son asimismo cruciales en la monitorización de las resistencias a antimicrobianos, especialmente a antivirales, por métodos moleculares. Afortunadamente, hemos pasado de procesos en los que la lisis, precipitación, estabilización, lavados y concentración del ácido nucleico se realizaban de forma manual, y con tiempos y horas de trabajo totalmente separados de nuestras necesidades asistenciales, a sistemas totalmente automatizados, con un flujo de trabajo, versatilidad, eficiencia y cargas de trabajo acordes a lo que en estos momentos demandan los laboratorios de diagnóstico molecular. Ello ha permitido simplificar y mejorar, sin duda alguna, la eficiencia de nuestros laboratorios, y la calidad de nuestro trabajo.

Modelos de flujo de trabajo en el análisis molecular de rutina.

Dr. Miguel Ángel Marín. Beckman Coulter Iberia.

En esta presentación se comparan diferentes modelos de flujo de trabajo en dos grandes Hospitales Europeos. El análisis ha sido realizado por la NEXUS, una empresa independiente con base en EEUU y especializada en este tipo de estudios.

Los Hospitales analizados son el Hospital clínico de Barcelona y el Hospital central de Sheffield y, en ambos casos, se han comparado los equipos empleados habitualmente por dichos laboratorios para el análisis rutinario de los ensayos de cargas virales (HIV, HCV, HBV y CMV, según cada caso) frente al nuevo sistema Veris instalado en estos centros.

El estudio tuvo una duración de una semana para cada uno de los Hospitales comparados. Para ello se emplearon los recursos habituales de cada centro en términos de personal, frecuencia de análisis de cada parámetro y número de muestras reales recibidas por el laboratorio durante ese periodo de tiempo.

En todos los casos se han estudiado los tiempos dedicados a tareas pre analíticas, analíticas, los de generación de resultados finales, los procedimientos de mantenimiento recomendados, así como los tiempos de intervención directa de los operarios sobre las máquinas, muestras, reactivos, etc.

En este estudio comparativo se muestran los esquemas, diagramas y gráficos asociados a cada uno de los procesos, en función del laboratorio y del equipamiento empleado en cada caso. También se hace referencia al número de pasos necesarios para llegar al resultado final, el número de consumibles requerido por cada sistema de trabajo y los tiempos necesarios para la emisión final de los resultados, desde la llegada de las muestras al laboratorio.

La conclusión de este estudio es claramente significativa y aboga por un cambio en los procedimientos actualmente establecidos para el análisis de las cargas virales. El flujo de trabajo propuesto por el sistema Veris arroja mejores cifras en términos de gestión de las muestras, ahorro de tiempo hasta la obtención de los resultados finales, menor número de pasos dependientes de la acción directa del operador, menor número de consumibles y una mejora en el flujo de trabajo global de los laboratorios implicados en este estudio.

Microbiología Molecular: pasado, presente y futuro. La Innovación como base para la excelencia

Miguel Álvarez Tejado, Roche Diagnostics

La innovación es la base de nuestra manera de hacer, y por ello se invierte una gran cantidad de nuestros beneficios con el objetivo de tener siempre las tecnologías más actuales y útiles en el diagnóstico. La adquisición de la patente de PCR en 1991 fue un primer paso en la introducción de las técnicas moleculares en el diagnóstico in vitro, que se ha continuado con una constante innovación en este campo. En este sentido la microbiología es para nosotros un área estratégica y continuamos apostando por proporcionar al mercado tecnologías innovadoras que hagan del diagnóstico molecular una herramienta fundamental para mejorar los sistemas de salud y el diagnóstico y tratamiento de las enfermedades infecciosas.

Dentro de las necesidades y los retos del Laboratorio de microbiología se encuentran entre otros la necesidad de automatización de la muestra para poder tener una mayor dedicación a la interpretación de resultados y a tareas más complejas que aporten valor al laboratorio, la necesidad de dar una respuesta rápida a patógenos emergentes o brotes epidémicos que pueden surgir en cualquier momento y que requieren de una buena organización del laboratorio, y la demanda creciente de tests rápidos y sencillos (POC molecular) así como de paneles multiplex por patologías que cubran necesidades médicas aún no cubiertas actualmente.

Sabiendo que los servicios de microbiología desempeñan un papel esencial en la toma de decisiones clínicas, donde pueden influir en aproximadamente el 70% de éstas, el propósito de Roche es ayudar a aumentar el valor del laboratorio mediante el aumento de la eficiencia analítica de sus laboratorios y poniendo al alcance pruebas diagnósticas con un alto valor clínico que aporten beneficio al paciente.

Con ese objetivo Roche ofrece soluciones únicas y pensadas para satisfacer las necesidades del laboratorio de microbiología. Durante este seminario se presentará la estrategia de Roche en el ámbito de la Microbiología y se hablará de las distintas tecnologías de las que disponemos que van desde la serología para cubrir la gran rutina a la secuenciación de nueva generación, todas ellas desarrolladas y pensadas para aportar las soluciones más innovadoras para los microbiólogos.

CMI de vancomicina en el límite superior del rango de sensibilidad y morbimortalidad por *Staphylococcus aureus* en infecciones sistémicas: ¿una oportunidad para las oxazolidinonas?

David Navarro

Servicio de Microbiología. Hospital Clínico Universitario de Valencia.

Facultad de Medicina, Universidad de València.

Datos recientes sugieren que *Staphylococcus aureus* sensibles o no a la meticilina (SARM y SASM) con CMIs de vancomicina en el límite del rango de sensibilidad ($MIC \geq 1,5 \text{ mg / L} < 4 \text{ mg/L}$, por Etest) causa infecciones sistémicas que se asocian a una alta morbimortalidad, aunque éstas sean tratadas con antibióticos no glucopéptidos, en particular, con antibióticos beta-lactámicos o lipopéptidos cíclicos. No existe, sin embargo, consenso sobre la veracidad de esta asunción. En cualquier caso, con base en estas observaciones, algunos autores se han pronunciado a favor del uso de antibióticos alternativos a la vancomicina cuando se da la circunstancia aludida. No se ha definido el mecanismo por el que este fenómeno podría darse. Nuestro grupo dispone de datos que sugieren que estos aislados de *S. aureus* con CMI de vancomicina alta son lisados subóptimamente por fagotitos humanos, hecho que entendemos está vinculado, al menos en parte, al incremento del grosor de la pared celular.

COMUNICACIONES ORALES

CO1. Estudio de variantes asociadas a resistencias basales en NS5a en pacientes con VHC genotipo 1 del sur de España

Pérez AB, Chueca N, Álvarez M, Mérida MD, Sánchez A, López-Bueno J, Fernández-Caballero JA, García F

Servicio de Microbiología. Complejo Hospitalario Universitario Granada. Centro PTS-San Cecilio. Instituto de investigación ibs.Granada.

Antecedentes y objetivo

Los pacientes cirróticos con genotipo VHC-1a que no consiguen Respuesta Viral Sostenida (RVS) junto a los pacientes que presentan necesidad urgente de retratamiento son colectivos especialmente susceptibles para la detección de variantes asociadas a resistencias (RAVs) basales en la región NS5a del VHC, como resaltan las principales guías de tratamiento de la hepatitis C (AASLD-IDSA). Por ello, hemos investigado su prevalencia en pacientes infectados por VHC genotipo 1 no tratados, del sur de España.

Métodos

Estudio observacional entre noviembre de 2014 y agosto de 2015, de pacientes con genotipo 1a ó 1b comprobado mediante secuenciación de la región NS5b. Se ha realizado secuenciación Sanger de la región NS5a del VHC y evaluado las RAVs considerando las posiciones 28, 29, 30, 31, 32, 58, 62, 92 y 93 utilizando el algoritmo geno2pheno (g2p) HCV (<http://hcv.bioinf.mpi-inf.mpg.de>) y el reciente consenso de Lontok E, et al (doi: 10.1002/hep.27934). Se registró además, la afectación en la susceptibilidad a daclatasvir, ledipasvir y ombitasvir.

Resultados

Se incluyeron 156 pacientes con una edad media de 55 años, 68% hombres, con un log10 medio de carga viral basal de 6,20 (IQR 5,84-6,62) UI/ml y de los que el 10,1% presentaba coinfección con VIH. 74 pacientes fueron genotipo VHC-1a, en los que se obtuvo una prevalencia de RAVs basales del 14,9% según el algoritmo g2p (28T, n=2; 28V, n=4; 30H, n=1; 31Q, n=1; 58L, n=1; 58P, n=2; 58Q, n=1; 58R, n=1) y del 10,8% según el consenso de Lontok (28T, n=2; 28V, n=4; 30H, n=1; 58R, n=1). 82 pacientes fueron genotipo VHC-1b, entre los que la prevalencia de RAVs registrada resultó del 28% mediante el algoritmo g2p (30Q, n=2; 31F, n=1; 31I, n=1; 31M, n=8; 32S, n=1; 58S, n=2; 92P, n=1; 92T, n=3; 92V, n=1; 93H, n=4) y del 20,7% según el consenso Lontok (30Q, n=2; 31F, n=1; 31I, n=1; 31M, n=8; 58S, n=2; 93H, n=4).

Usando g2p, dos pacientes infectados por genotipo VHC-1a fueron resistentes a daclatasvir, tres a ledipasvir y uno a ombitasvir; mientras que, de los pacientes infectados por VHC-1b, se hallaron cuatro casos resistentes a daclatasvir, doce a ledipasvir y cuatro a ombitasvir, respectivamente.

Conclusiones

La prevalencia de RAVs basales en NS5a es prácticamente el doble en pacientes VHC-1b que en pacientes VHC-1a.

- Hay que prestar especial atención a qué mutaciones son consideradas como relevantes ya que las diferentes reglas de interpretación pueden dar lugar a patrones de resistencia distintos.

Palabras clave: RAVs, ns5a, vhc

CO2. Resistencias en pacientes que fracasan a una combinación de antivirales de acción directa frente al virus de la hepatitis C

AB Pérez(1), N Chueca(1), M Alvarez(1), JC Alados(2), A Rivero(3), O Martínez(4), M Delgado(5), A Fernández(6), A Gila(7), F García(1)

(1): Servicio de Microbiología. CHUG, Hospital San Cecilio, Instituto de investigación IBS.Granada. (2): Servicio de Microbiología. Hospital de Jerez de la Frontera. (3): Servicio de Enfermedades Infecciosas, Hospital Reina Sofía. Córdoba. (4): Servicio de Enfermedades Infecciosas. Hospital Santa Lucía. Cartagena. (5): Servicio de Enfermedades Infecciosas. Hospital Regional Carlos Haya. Málaga. (6): Servicio de Enfermedades Infecciosas. Hospital Comarcal de Melilla. (7): Servicio de Digestivo. HUSC. Granada.

Antecedentes/Objetivo

Las guías de práctica clínica para el tratamiento de la hepatitis C (GEHEP-GESIDA; AASLD) incluyen la determinación de variantes asociadas a resistencia (RAVs) antes de decidir el tratamiento de rescate de pacientes que han fracasado a un inhibidor de la proteasa y/o de NS5a. En nuestro estudio presentamos los datos de resistencias de los primeros fracasos a combinaciones de AADs que hemos analizado.

Métodos

Para la determinación de las RAVs hemos utilizado secuenciación poblacional con primers específicos de genotipo para las regiones NS5a (codones 1-99; RAVs en 28, 29, 30, 31, 32, 58, 62, 92 y 93) y NS3 (codones 1-181; RAVs en 36, 43, 55, 56, 80, 122, 155, 156, 168 y 170). La región NS5b (codones 240-550; RAVs 282, 289, 316, 321, 368, 395, 411, 414, 444, 445, 448 y 451) se utilizó también para regenotipar con primers pangénóticos. En los casos en los que fue posible, para analizar la emergencia de variantes de resistencia (TEVs) se estudió también la muestra basal antes de iniciar la combinación de AADs.

Resultados

Fueron 8 pacientes todos varones, con una mediana de edad de 53 años (IQR 50-59), y una mediana de CV basal de VHC de 6,20 logs (IQR 5,90-6,51). Un paciente fue genotipado como VHC-1a, cuatro VHC-1b, uno VHC-3a y dos VHC-4d. Las combinaciones de tratamiento a las que fracasaron los pacientes fueron: VHC-1a: SOF-DCV (n=1); VHC-1b: SOF-SMV (n=1), SOF-SMV-RBV (n=1), SOF-DCV (n=1), SOF-DCV-RBV (n=1); VHC-3a: SOF-DCV (n=1); VHC-4d: SOF-SMV (n=2). No se encontraron mutaciones de resistencia asociadas a Sofosbuvir y dos pacientes con genotipo 1b presentaron 316N, un polimorfismo natural en este subtipo. Los dos pacientes con genotipo 4 presentaron D168V, TEV asociada a resistencia a Paritaprevir. Para Daclatasvir, se encontraron RAVs en 4 de 5 pacientes: VHC-1b, Y93H+L31M; VHC-1b, Y93H+L31V; VHC-1a, M28T+Q30H, (los tres resistencia cruzada a Ledipasvir y Ombitasvir); y VHC-3a, Y93H. Un paciente genotipado inicialmente como VHC-1b fue reclasificado como VHC-1a en NS5b, NS5a y NS3.

Conclusiones

Presentamos los primeros resultados en “vida real” de TEVs en pacientes que fracasan a AADs. Se confirma la elevada barrera genética a la resistencia de Sofosbuvir, y la elevada prevalencia de resistencias en pacientes que fallan a una combinación que incluye Daclatasvir. Todos los fallos a Simeprevir en genotipos VHC-4 presentaron resistencia cruzada a Paritaprevir.

Palabras clave: fracaso terapéutico, antivirales acción directa, virus C.

CO3. Estudio molecular de los aislados de *Mycobacterium tuberculosis* resistentes a Isoniacida en el Área Sanitaria Norte de Cádiz mediante la utilización de la técnica MIRUS-VNRT

MD. López Prieto (1), V. González Galán (2), E. Pérez Escolano (1), MJ. Torres (2), JM. Sánchez-Calvo (1), I. Correa (1), JC. Alados (1), J. Aznar (2)

(1) AGS Norte de Cádiz. Hospital SAS de Jerez (2) H.U. Virgen del Rocío

Antecedentes y objetivos

En los últimos años se ha observado un aumento de cepas de *M. tuberculosis* (MT) resistente a Isoniacida (INH) en nuestra área. La epidemiología convencional no ha sido suficiente para conocer los posibles mecanismos de transmisión de estas cepas, por lo que se decidió emplear las técnicas de epidemiología molecular MIRU-VNTR (Mycobacterial Interspersed Repetitive Units/Variable Number Tandem Repeat) para el estudio de los mismos.

Material y métodos

Se estudiaron 38 cepas de MT resistentes a INH aisladas entre 2004-2013. En nuestro centro se realizó la epidemiología convencional de los casos y las cepas se enviaron al Hospital Universitario Virgen del Rocío para su estudio molecular MIRUS-VNRT (set de 15 loci). La extracción del ADN se realizó mediante un sistema automático (FluoroType® MTB HAIN Lifescience). El análisis de los patrones numéricos de cada cepa se realizó en la web <http://www.miru-vntrplus.org> tras la creación de una base de datos.

Resultados

La epidemiología convencional reveló que 20 casos (52,6%) se ubicaban en la misma zona geográfica de la ciudad y se identificó un brote de contaminación cruzada de 5 casos en el laboratorio. Los restantes 13 casos no presentaban relación epidemiológica alguna.

El estudio molecular identificó 26 cepas circulantes, de las cuales 16 se agruparon en 2 clones. El primero incluía un total de 12 cepas aisladas durante 2004-2006 y un segundo clon compuesto por 2 cepas aisladas en 2010. El resto de las cepas estudiadas tenían un patrón único. De los 12 casos agrupados en el primer clon, 7 pacientes se presentaron agrupados en 2 brotes según la encuesta epidemiológica y los 5 restantes pertenecían a los casos de contaminación cruzada. Las dos cepas del segundo clon pertenecían a pacientes sin vínculos epidemiológicos claros. De los 19 pacientes cuyas cepas presentaron un patrón único, en dos de ellos existía una relación epidemiológica convencional clara que la epidemiología molecular no confirmó.

Conclusiones

Esta técnica ha permitido detectar la presencia de 2 brotes y confirmar un evento de contaminación cruzada en el laboratorio.

La tipificación tiende a relacionar casos que no ha evidenciado el estudio convencional de contactos y para los que no siempre se encuentra una explicación congruente.

Tras el estudio molecular y epidemiológico convencional, al no existir una única cepa circulante, podemos concluir que no existe una transmisión reciente de MT resistente a INH en nuestra área y probablemente estas cepas son consecuencia de reactivaciones de tuberculosis antiguas.

Palabras clave: *Mycobacterium tuberculosis*, *Isoniacida*, MIRUS-VNRT

CO4 Estudio de la historia evolutiva de la epidemia de VIH-1 subtipo B durante el periodo 2005 a 2012 en Andalucía Oriental.

Santiago Pérez-Parra, Natalia Chueca-Porcuna, Marta Álvarez-Estevez, Josefa Lopez-Bueno, Antonio Sánchez, María Dolores Mérida, Jose-Angel Fernández-Caballero, Ana Belén Pérez, Federico García Servicio de Microbiología. Complejo Hospitalario Granada. Hospital Universitario San Cecilio. Instituto de Investigación Ibs.Granada

Introducción

Desde comienzos de los años 1982, la epidemia del VIH-1 ha seguido una dinámica cambiante en la distribución de subtipos, prevalencia de las rutas de transmisión y características de los clusters de transmisión. El objetivo de este estudio ha sido investigar la historia evolutiva del VIH-1 subtipo B en el sur de España.

Material y métodos

Nuestro estudio ha incluido a 493 pacientes VIH-1 subtipo B, diagnosticados entre 2005 y 2012 en Andalucía Oriental. La secuencia del gen pol (transcriptasa reversa y proteasa) se generó utilizando Trugene® HIV Genotyping Kit (Siemens, NAD). La determinación del subtipo se realizó en REGA v3.0.

Se estudiaron las características de los clusters establecidos mediante Máxima Verosimilitud en RaxML.

Estudiamos los perfiles filogeográficos y filodinámicos del subtipo-B mediante Inferencia Bayesiana a través de Beast v1.7.5 y SPREAD v1.0.6.

Resultados

234 pacientes se asociaron en 55 clusters diferentes, generalmente de tamaño pequeño [44 clusters, 31 (n=2), 13 (n=3)]. Un 57% (133/234) de los pacientes se agruparon en 11 clusters (≥ 5 individuos), con un 82% (109/133) de pacientes HSH repartidos en 8 clusters. El VIH subtipo-B se originó en 1970 (95% CI: 1960-1980) en Granada y la tasa evolutiva fue inferida en 2.4 (95% CI: 1.7 - 3.1) $\times 10^{-3}$ sustituciones/sitio/año. La mayoría de los clusters se originaron en los 90s entre HSH. El VIH-1 subtipo B creció exponencialmente entre 1980-1990 y 2005-2008 y las rutas epidemiológicas más significativas se dieron desde zonas de interior hacia zonas periféricas de costa.

Conclusiones

Nuestro estudio proporciona los primeros datos sobre perfiles de filodinámica y filogeografía en España y nos alerta de la existencia de una gran cantidad de clusters formados entre HSH en Andalucía Oriental, datos que sugieren establecer unas adecuadas medidas de control de la propagación del VIH-1 para prevenir futuros brotes del virus.

Palabras clave: VIH-1, Subtipo B, Filodinámica

CO5. Distribución de los genotipos del virus de la hepatitis C en Andalucía durante el periodo 2011-2015. Subanálisis del estudio GEHEP-005.

Daniel Navarro , María de la Paz Casas, Isabel Viciano, María del Carmen Domínguez, Javier Rodríguez-Granjer, Natalia Montiel, Alberto De La Iglesia, Samuel Bernal, Felipe Fernández, Juan Carlos Alados

(1)Complejo Hospitalario Universitario de Santiago de Compostela, (2) Hospital Universitario San Cecilio,(3) Hospital Universitario Virgen de la Victoria, (4) Hospital Universitario Virgen del Rocío, (5) Hospital Universitario Virgen de las Nieves, (6) Hospital Costa del Sol, (7) Complejo Hospitalario Universitario de Huelva, (8) Hospital Universitario Virgen de Valme, (9) Hospital Universitario Virgen Macarena, (10) Hospital de Jerez de la Frontera

Antecedentes y objetivo.

En Andalucía, aun no existen estudios que evalúen la distribución de los diferentes genotipos del VHC, su epidemiología y la asociación con los principales factores clínicos y virológicos. Nuestro objetivo es informar sobre la epidemiología molecular de los genotipos del VHC en Andalucía durante el período 2011-2015.

Pacientes y métodos.

Se ha realizado un estudio retrospectivo donde se reclutaron 6.575 pacientes procedentes de 9 hospitales de 5 provincias de la Comunidad Autónoma de Andalucía (Cádiz, Granada, Huelva, Málaga y Sevilla). Se registró la distribución anual de genotipos y subtipos del VHC, así como el género, edad , vía de transmisión, co-infección con VIH y los detalles del tratamiento. Los datos fueron anonimizados en una base de datos de SPSS, y para realizar el análisis se emplearon proporciones y la prueba de chi cuadrado.

Resultados.

Se reclutaron 6.575 pacientes, mediana de edad de 50 años (RIC, 44-57), 72,6% fueron hombres, 22,0% estaban co-infectados con VIH, y la ruta más frecuente de transmisión fue la parenteral (48,7%). La distribución de genotipos fue: 65,7% VHC-1 (27,8% VHC-1a y 35,9% VHC-1b), 2,4% VHC-2, 18,8% VHC-3, 12,9% VHC-4 y 0,1% otros genotipos (VHC-5 y VHC-6). El ensayo de hibridación reversa en línea (LiPA 2.0 Siemens) fue el principal método de genotipado del VHC (59,3%), seguido por los métodos de Trugene y Abbott, con un 19,8% y un 17,4% respectivamente. Los genotipos del VHC 1a, 3 y 4 estuvieron estrechamente relacionados con el género masculino y la ruta de transmisión parenteral y sólo 1a y 4 con la co-infección con VIH; en contraste, el genotipo 1b estuvo más asociado con el sexo femenino, la ruta de transmisión no parenteral y la mono-infección. Además, se observó un efecto de la edad en la distribución de genotipos y diferentes patrones de distribución genotípica entre las diferentes zonas geográficas de Andalucía (Occidental vs Oriental). Finalmente, antes de la era de los tratamientos libres de interferón, encontramos unas tasas generales de RVS del 41,6% para el GT1 (GT1a 38,0% y GT1b 38,6%), 60,3% para el GT3 y 25,0% para el GT4.

Conclusiones.

Presentamos los datos más recientes sobre la epidemiología molecular del virus de la hepatitis C en Andalucía (a partir del estudio GEHEP 005). Este estudio confirma que en Andalucía la distribución de genotipos varía con la edad, el sexo, la coinfección con VIH y dentro de áreas geográficas y grupos epidemiológicos.

Palabras clave: *Hepatitis c, Genotipos, Epidemiología*

CO6. Variabilidad genética de las cepas de gripe circulantes en Andalucía en la temporada 2014-2015

Irene Pedrosa Corral, Ana Lara Oya, Sara Sanbonmatsu Gámez, Mercedes Pérez Ruiz, José María Navarro Marí

Centro de Referencia de Gripe de Andalucía. Servicio de Microbiología. H.U. Virgen de las Nieves. Granada.

Antecedentes.

La deriva (“drift”) antigénica en la hemaglutinina (HA) de los virus gripales les permite evadir la inmunidad del huésped frente a la gripe y causar epidemias anuales, lo que obliga a cambios constantes en la vacuna. Los laboratorios de la Red Nacional de Gripe recopilan las cepas circulantes cada año para su caracterización genética y evaluación de las mutaciones asociadas a deriva antigénica que dan lugar a fallos vacunales.

Objetivo.

Caracterización genética de la HA de las cepas de gripe circulantes en Andalucía en 2014-2015 y comparación con las cepas vacunales para esa temporada.

Métodos.

De las muestras procedentes de la Red de Vigilancia de Gripe de Andalucía se seleccionó un número representativo de cepas de gripe A y B, obtenidas mediante cultivo de muestras clínicas en MDCK SIAT-1, para estudio del gen de la HA. Tras RT-PCR específica de un fragmento del gen de la HA, se secuenciaron los amplicones y las secuencias obtenidas se alinearon con las de cepas de referencia de la temporada y analizaron filogenéticamente (MEGA 5.2).

Resultados.

Durante la temporada 2014-2015, 855 (48%) de 1774 muestras analizadas fueron positivas a virus gripales, 66,5% H3, 32,6% B y 0,8% H1pdm09. Se caracterizó el gen de la HA de 73 cepas, 4 H1pdm09, 44 H3 y 25 gripes B. El 100% de las cepas H1pdm09 fueron similares a A/South Africa/3623/2013, cepa análoga a la cepa vacunal A/California/07/2009/H1N1pdm. El 100% de las cepas de gripe B fueron similares a B/Phuket/3073/2013, antigénicamente diferente de la cepa vacunal B/Massachusetts/2/2012. El 70,4%, 16% y 13,6% de las cepas H3 fueron similares a A/Hong Kong/5738/2014, A/Samara/73/2013 y A/Switzerland/9715293/2013, respectivamente. La única cepa antigénicamente similar a la cepa vacunal A/Texas/50/2012/H3N2 era A/Samara/73/2013.

A nivel nacional e internacional (hemisferio norte) se han obtenido resultados similares.

El 58,7% de los pacientes vacunados tuvieron gripe confirmada (70,1% H3 y 29,9% B).

Conclusiones.

1. La variabilidad antigénica entre las cepas circulantes y las cepas vacunales de H3 y B refleja, en parte, el alto porcentaje de fallo vacunal en los pacientes con gripe confirmada por estos tipos y subtipos.
2. El estudio de la variabilidad genética de los virus gripales circulantes en cada temporada es fundamental para prever posibles fallos vacunales y seleccionar las cepas más adecuadas a incluir en la vacuna trivalente de la temporada siguiente.

Palabras clave: gripe, caracterización genética, vacuna antigripal

CO7. Estudio longitudinal de la colonización ambiental y de pacientes por *K. oxytoca* productor de VIM-1 y qnrS2 en la UCI del Hospital Universitario Virgen Macarena.

Felipe Fernández Cuenca, Lorena López Cerero, Paula Díaz, Ildelfonsa Marquez Pavon, Jesus Rodríguez Baño, A. Pascual

UGC Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica Hospital Virgen Macarena

Antecedentes / Objetivo:

Caracterizar el mecanismo de resistencia a carbapenémicos y establecer la relación clonal entre aislados de *K. oxytoca* procedentes de la UCI del Hospital Virgen Macarena en un periodo de 5 años.

Métodos:

Se incluyen 7 aislados de *K. oxytoca* (2 de pacientes colonizados, 1 paciente con infección y 2 muestras de lavabos) de mayo-junio 2015, y 6 aislados previos (2 pacientes colonizados y 2 muestras de lavabos en 2012 y 1 paciente colonizado en 2010). La detección de carbapenemasas se realizó mediante CARBA NP-test, disco de meropenem con inhibidores, PCR (grupos IMP, VIM, KPC, OXA-48, NDM) y secuenciación. La identificación de genes qnr se realizó mediante PCR y secuenciación. La relación clonal entre los aislados de *K. oxytoca* se determinó mediante *Xba*I PFGE.

Resultados:

Los aislados de *K. oxytoca* mostraron resistencia a cefalosporinas de 3ª generación, carbapenémicos, ciprofloxacina, pero eran sensibles a ácido nalidíxico. El Carba NP test fue positivo para todos los aislados. Todos los aislados mostraron sinergia entre meropenem y ácido dipicolínico y en todos ellos se detectó VIM-1 y qnrS2. Los aislados clínicos y de vigilancia de *K. oxytoca* del periodo mayo-junio de 2015 agrupaban con los aislados ambientales de 2015 (92% de similitud, 2 bandas de diferencia). Tres aislados del 2012 forman un cluster que incluye 2 muestras de lavabos (ninguna banda de diferencia), una muestra de un paciente colonizado y un aislado que se detectó en 2010 en un paciente colonizado. Dos aislados del 2012 no están relacionados con ninguno de los clusters mencionados anteriormente.

Conclusiones:

1) la resistencia a carbapenémicos se asocia con la metalo-beta-lactamasa VIM-1. 2) Los aislados actuales de *K. oxytoca* agrupan todos entre sí formando un cluster con muestras de agua de desagües de lavabos, indicando la contaminación ambiental en la misma unidad. 3) La detección conjunta de VIM-1 y qnrS2 en aislados de *K. oxytoca* a lo largo del periodo de estudio sugiere la persistencia de un reservorio ambiental.

Palabras clave: *K. oxytoca*; VIM-1; qnrS2

CO8. Detección de resistencia de bajo nivel a fluorquinolonas en *Salmonella* spp. Utilizando discos de pefloxacino de 5 µg como cribado.

Teresa Trujillo-Soto , Fátima Galán-Sánchez, Jorge Arca-Suárez, Inmaculada Guerrero-Lozano, Francisca de la Rubia Martín, Manuel A. Rodríguez-Iglesias

UGC Intercentros Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica. H.U. Puerta del Mar, Cádiz.

Antecedentes/Objetivos:

El tratamiento con ciprofloxacino de las infecciones sistémicas causadas por cepas de *Salmonella* spp. con bajo nivel de resistencia a este antibiótico (CMI > 0.06 mg/L) puede resultar ineficaz. Los discos de ciprofloxacino de 5 µg no son capaces de detectar con fiabilidad todas estas cepas, que suelen presentar mecanismos de resistencia mediados por plásmidos frente a fluorquinolonas. EUCAST ha incluido desde 2014 el cribado con discos de pefloxacino de 5µg para detectar esta resistencia de bajo nivel. El objetivo de este estudio es determinar la proporción de cepas de *Salmonella* spp. aisladas en el H.U. Puerta del Mar con bajo nivel de resistencia a ciprofloxacino utilizando pefloxacino y comparar los resultados con la CMI de ciprofloxacino para confirmar su utilidad en nuestro medio.

Métodos:

Se incluyeron en el estudio 50 cepas de *Salmonella* spp. procedentes de coprocultivos, aisladas durante el periodo comprendido entre Julio de 2014 y Enero de 2015 en el Hospital Universitario Puerta del Mar, Cádiz. A cada una de las cepas se le realizó el screening con discos de pefloxacino de 5 ug (Becton-Dickinson) según la normativa EUCAST, considerando como punto de corte un halo de 24 mm.

El estudio de la CMI de ciprofloxacino se realizó mediante tiras de CMI (MIC Test Strips, Liofil-chem). Resultados: De las 50 cepas estudiadas, 18 (36%) presentaron una CMI >0.06 mg/L a ciprofloxacino (rango 0.094-0.19 mg/L), obteniendo todas ellas un halo de inhibición inferior a 25 mm de diámetro utilizando el disco de pefloxacino 5 ug (rango 16-20 mm). Las 32 cepas restantes presentaron una CMI <0.06 mg/L a ciprofloxacino (rango 0.012-0.026 mg/L), lo que supone el 64% del total. Los mm del halo de inhibición utilizando el disco de pefloxacino 5 ug para estas cepas fueron los siguientes: 25 mm (7 cepas), 26 mm (7 cepas), 27 mm (11 cepas), 28 mm (2 cepas), 29 mm (3 cepas) y 30 mm (2 cepas).

Conclusiones:

En nuestro medio existe una elevada proporción de cepas de *Salmonella* spp. con bajo nivel de resistencia a fluorquinolonas, no detectables con los sistemas comerciales para estudio de sensibilidad que se utilizan habitualmente. El screening con discos de pefloxacino 5 µg permite identificar de forma fiable estas cepas y evitar tratamientos fallidos en bacteriemias producidas por *Salmonella* spp.

Palabras clave: *Salmonella*, Pefloxacino

CO9. Estudio de la sensibilidad antifúngica de especies de *Aspergillus* aisladas en muestras respiratorias en Andalucía y Extremadura.

Carmen Castro, Fátima Galán, Mercedes Ramírez, Ana Domínguez, Jose Luis Francisco, Mayte Ruiz de Pipaón, Antonio Sánchez--Porto, Miguel Fajardo Olivares, Manuel Rodríguez Iglesias, Estrella Martín Mazuelos, et al.

1 y 10. H.U.Valme, Sevilla; 2 y 9. H.U. Puerta del Mar, Cádiz; 3. H.San Juan de Dios, Bormujos, Sevilla; 4. H.Juan Ramón Jiménez, Huelva; 5. H.SAS. Jerez, Cádiz; 6. H.U.V.Rocío, Sevilla; 7. H. La Linea, La Linea, Cádiz, 8. H. Infanta Cristina, Badajoz. 10. GRUPO DE ESTUDIO FUNGAE-IFI.

OBJETIVO:

Identificar las especies de *Aspergillus* spp. aisladas en muestras respiratorias de pacientes ingresados en 16 hospitales de Andalucía y 2 de Extremadura, y determinar su sensibilidad in vitro mediante el método de referencia (MD) (Clinical and Laboratory Standards Institute, CLSI M38-A2) y Sensititre Yeast One® (SYO).

MATERIAL Y MÉTODO:

Se han estudiado 472 aislados de *Aspergillus* spp. La identificación se ha realizado por métodos convencionales, por espectrometría de masa (Malditoff, Bruker®), y algunas cepas mediante secuenciación molecular de los genes de la b-tubulina. La sensibilidad in vitro se ha realizado por MD y SYO. Los puntos de corte han sido los establecidos por el CLSI (Lass-Flori C. Clin Microbiol Infect 2014). Cepas control: *A. flavus* ATCC204304 y *C. parapsilosis* ATCC 22019.

RESULTADOS:

Las especies identificadas han sido: 272 *A. fumigatus*, 65 *A. terreus*, 57 *A. flavus/oryzae*, 45 *A. niger*, 17 *A. tubingensis*, 4 *A. nidulans*, 3 *A. candidus*, 2 *A. tamarii*, 2 *A. ustus*, 1 *A. calidoustus*, 1 *A. acuelatus*, 1 *A. alliaceus*, 1 *A. awamorii* y 1 *A. carneus*. Las CMI obtenidas por especie y antifúngico están reflejadas en la Tabla:

ESPECIE (nº de cepas), Anfotericina B(MD/SYO) Anidulafungina(SYO) Micafungina(MD/SYO)

Caspofungina(MD/SYO) Posaconazol(MD/SYO) Voriconazol(MD/SYO) Itraconazol(SYO)

A. fumigatus (n=272), GM*:0.5/1.1; 0.02; 0.03/0.01; 0.03/0.031; 0.07/0.03; 0.16/0.12; 0.05

CMI (50/90): (0.5/2)-(1/2); 0.015-0.06; (≤ 0.03)-($\leq 0.008-0.03$); (≤ 0.03)-($\leq 0.008-0.03$);

(0.06-0.25)/(0.06-0.125); (0.125-0.25)/(0.25-0.5); 0.06-0.125.

Rango: $\leq 0.03-8/0.25-4$; $\leq 0.015-8$; $\leq 0.03-0.125/\leq 0.008-0.06$; $\leq 0.03-0.06/\leq 0.008-0.5$;

$\leq 0.03-1/\leq 0.008-2$; $\leq 0.03-2/0.015-1$; $\leq 0.015-16$.

A. terreus (n=65) GM: 0.62/ 1.2; 0.03; 0.03/0.018; 0.03/0.03; 0.06/0.03; 0.15/0.03; 0.06

CMI (50/90): (1/2)-(1/2); $\leq 0.015/0.03$; (≤ 0.03)-(≤ 0.008); (≤ 0.03)-($\leq 0.03-0.06$);

(0.06/0.25)-(0.06-0.25); (0.06-0.25)-(0.06-0.125); $\leq 0.03/0.125$.

Rango: $\leq 0.03-32/\leq 0.12 -4$; $\leq 0.015-0.06$; $\leq 0.03/\leq 0.008-0.06$; $\leq 0.03/0.06-\leq 0.008-0.125$; $\leq 0.03-0.5/\leq 0.008-0.25$; $\leq 0.03-0.5/\leq 0.008-0.25$; $\leq 0.015-0.5$

A. flavus/oryzae (n=57) GM: 0.6/1.1; 0.03; 0.03/0.016; 0.03/0.03; 0.03/0.03; 0.18/0.16; 0.06.

CMI (50/90): (1/2)-(1/2); ($\leq 0.015/0.06$); (≤ 0.03)-($\leq 0.008/0.03$); (≤ 0.03)-($\leq 0.008/0.03$); ($\leq 0.008/0.03$)-($\leq 0.03-0.125$); (0.125-0.25)-(0.25-0.5); (0.03-0.125).
 Rango: 0.12-4/0.5-4; $\leq 0.015-0.25$; $\leq 0.03/\leq 0.008-0.25$; $\leq 0.03-0.06\leq 0.008-0.06$; $\leq 0.03-1/\leq 0.008-0.25$; $\leq 0.03-1/\leq 0.008-1$; $\leq 0.015-0.25$.

A. niger (n=45) GM: 0.58 / 1.1; 0.04; 0.03 / 0.02; 0.03/0.02; 0.09/0.04; 0.05/0.06; 0.06.

CMI (50/90): (0.25/1)-(1/2); ($\leq 0.015-0.03$); (≤ 0.008)-($\leq 0.008-0.03$); (≤ 0.03)-($\leq 0.008-0.06$); (0.06/0.125)-($\leq 0.008-0.125$); (0.06/0.5)-(0.125/0.25); 0.06/0.0.125.

Rango: $\leq 0.03-2/\leq 0.12-8$; $\leq 0.015-0.06$; $\leq 0.03/\leq 0.008-0.06$; $\leq 0.03/\leq 0.008-0.125$; $\leq 0.03-0.5/\leq 0.008-0.25$; $\leq 0.03-2/\leq 0.008-0.5$; $\leq 0.015-0.5$.

A. tubigiensis (n=17) GM: 0.59 / 1.18; 0.04; 0.03 / 0.008; 0.03 / 0.008; 0.09 / 0.04; 0.17 / 0.14; 0.03.

CMI (50/90): ($\leq 0.03/0.5$)-(1/2); $\leq 0.015/0.06$; (≤ 0.03)-(≤ 0.008); (≤ 0.03)-(≤ 0.008); (0.06/0.5)-($\leq 0.008-0.125$); (0.12/0.25)-($\leq 0.25-0.5$); 0.06-0.25.

Rango: $\leq 0.03-4/0.25-2$; $\leq 0.015-0.25$; $\leq 0.03-0.06/\leq 0.008$; $\leq 0.03-0.06/\leq 0.008$; $\leq 0.03-1/\leq 0.008-0.125$; $\leq 0.03-4/\leq 0.06-0.5$; $\leq 0.015/-0.25$.

Aspergillus spp. ***(4 *A. nidulans*, 3 *A. candidus*, 2 *A. tamarii*, 2 *A. ustus*, 1 *A. calidoustus*, 1 *A. acuelatus*, 1 *A. alliaceus*, 1 *A. awamorii*, 1 *A. carneus*)

GM: 0.5/0.2; 0.015; 0.03 / 0.008; 0.04 / 0.02; 0.07 / 0.10; 0.15 / 0.16; 0.07.

CMI (50/90): (0.25 / 4)-(2/4); ($\leq 0.015 / 0.015$); ($\leq 0.008/0.008$)-($\leq 0.03/0.03$); (≤ 0.008)-(≤ 0.03); (0.06/0.25)-($\leq 0.06/1$); (0.125/0.25)-($\leq 0.125/0.5$); (0.06/0.125).

Rango: $\leq 0.03-4/\leq 0.12-4$; $\leq 0.015-0.06$; $\leq 0.03/\leq 0.008-0.06$; $\leq 0.03-0.06/\leq 0.008-0.06$; $\leq 0.03-0.5/\leq 0.008-8$; $\leq 0.03-0.5/0.03-8$; $\leq 0.015-16$.

GM: media geométrica.

CONCLUSIONES:

1. Las especies más frecuentemente aisladas en nuestro medio han sido *A. fumigatus*, seguida de *A. terreus*, *A. flavus/oryzae*, *A. níger* y *A. tubigiensis*.
2. Se han detectado 3 cepas de *A. fumigatus* resistentes a anfotericina B, 2 cepas de *A. fumigatus* resistentes a pozaconazol y 1 *A. tubigiensis* resistente a voriconazol.
3. Se recomienda que las cepas que presenten altas CMI mediante SYO sean confirmadas mediante MD o con E-test, especialmente Anfotericina B.
4. Es necesario realizar identificación molecular de las cepas estudiadas, en especial en aquellas que han presentado alguna resistencia.

Palabras clave: *Aspergillus* spp., Sensibilidad Microdilución (CLSI), Sensititre Yeast One

CO10. Evolución de la incidencia de microorganismos multirresistentes en los hospitales del SSPA: PVCIN 2012-Programa PIRASOA 2014

María Dolores Rojo Martín, en nombre del Programa PIRASOA , Equipos locales de IRAS y PROA de hospital, Comité Científico Servicio de Microbiología, Hospital Universitario Virgen de las Nieves de Granada

INTRODUCCIÓN

El programa PIRASOA tiene como objetivos reducir la incidencia de las infecciones relacionadas con la asistencia sanitaria y optimizar el uso de antimicrobianos en el SSPA. Una herramienta fundamental del programa es la vigilancia de los microorganismos multirresistentes (MR), contemplando también la monitorización de otros factores que influyen en la aparición de resistencias, relacionados con el consumo de antimicrobianos o con las prácticas de control de la transmisión.

OBJETIVOS

Informar sobre la incidencia de microorganismos MR en los hospitales del SSPA en 2014 y comparar con los datos de 2012.

MATERIAL Y MÉTODOS

Desde enero de 2014 los equipos IRAS y PROA de cada hospital han recopilado trimestralmente a partir de los informes de sensibilidad antimicrobiana de Microbiología la densidad de incidencia (número de pacientes ingresados con infección o colonización/1000 días de estancias) de: *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (SARM), *Enterococcus* resistente a vancomicina (ERV), *Escherichia coli* BLEE, *Klebsiella pneumoniae* BLEE, Enterobacterias productoras de carbapenemasas (EPC), *Pseudomonas aeruginosa* MR (definición ECDC) y *Acinetobacter baumannii* MR (definición ECDC). Se ha recomendado incluir un solo aislamiento por paciente y no tener en cuenta las muestras de vigilancia activa. Los datos de 2014 se han comparado con los de 2012 (PVCIN, Plan de Vigilancia y Control de Infecciones Nosocomiales).

RESULTADOS

SARM: incidencia global 0,30 (0,39 en 2012), hospitales regionales y de especialidades 0,30 (0,39 en 2012), comarcales 0,35 (0,41 en 2012). ERV: incidencia global 0,005 (0,011 en 2012), hospitales regionales y de especialidades 0,004 (0,009 en 2012), comarcales 0,005 (0,016 en 2012). *E. coli* BLEE: incidencia global 0,35 (0,44 en 2012), hospitales regionales y de especialidades 0,30 (0,39 en 2012), comarcales 0,52 (0,56 en 2012). *K. pneumoniae* BLEE: incidencia global 0,25 (0,21 en 2012), hospitales regionales y de especialidades 0,26 (0,21 en 2012), comarcales 0,21 (0,22 en 2012). EPC: incidencia global 0,17, hospitales regionales 0,27, hospitales de especialidades 0,005, comarcales 0,07. *P.aeruginosa* MR: incidencia global 0,20, hospitales regionales y especialidades 0,20, comarcales 0,22. *A.baumannii* MR: incidencia global 0,12 (0,24 en 2012), hospitales regionales y de especialidades 0,12 (0,30 en 2012), comarcales 0,13 (0,09 en 2012).

CONCLUSIONES

Durante el periodo 2012-2014: Ha disminuido la incidencia global de infecciones por SARM, *E. coli* BLEE y *A. baumannii* MR. Ha aumentado la incidencia de *K. pneumoniae* BLEE, sobre todo en hospitales regionales. Las EPC emergen como una amenaza importante, siendo necesario controlar su dispersión en los hospitales del SSPA.

Palabras clave: *Multirresistentes*

CO11. Estudio de las infecciones oculares de origen Fungico en un hospital terciario en los últimos cinco años.

Elena M^a Marín Martínez, Carmen Castro Mendez, Celestina Sierra Atienza, Ana Romero, Estrella-Martín-Mazuelos

OBJETIVOS:

Analizar la incidencia de infecciones oculares de etiología fúngica aisladas en muestras oculares en el periodo de tiempo comprendido desde Enero de 2010 a Agosto de 2015.

MATERIAL Y MÉTODOS:

Se analizaron todas las muestras oculares recibidas en el servicio de Microbiología del H.U. Valme desde Enero de 2010 a Agosto de 2015. El cultivo se realizó en la sección de Micología por técnicas convencionales. Simultáneamente se realizó la tinción de Blanco de Calcoflúor. La identificación de los hongos filamentosos se realizó por visualización macroscópica del aislado, microscópica con azul de lactofenol y espectrometría de masas (Vitek MS, bioMerieux ©). Las levaduras se identificaron por placas cromogénicas (CHROMagar Candida BD©), tarjeta YST-Vitek 2 (bioMerieux©) y Vitek MS. En los casos de sospecha de Infección Fúngica Invasora (IFI) Se realizó la determinación de β -1-3Dglucano (BG) (Fungitell©) y antígeno de galactomanano (GM) (Platelia Aspergillus©).

RESULTADOS:

Se procesaron 22300 muestras en la Sección de Micología, de las cuales 350 (1,56%) eran muestras oculares. De estas fueron positivas 36 que se correspondían con 19 casos: dieciocho exudados corneales, 12 exudados conjuntivales, 3 lentes de contacto, 1 anillo corneal, 1 humor acuoso y 1 globo ocular. Las cepas aisladas fueron: *Fusarium solani* (7 exudados corneales, 1 anillo corneal, 1 humor acuoso y 1 globo ocular), *Candida albicans* (7 exudados conjuntivales y 1 lente de contacto), *Aspergillus fumigatus* (4 exudados corneales, 1 exudado conjuntival y 1 lente de contacto), *Alternaria* sp. (4 exudados corneales), *Fusarium oxysporum* (2 exudados corneales), *Candida glabrata* (2 exudados conjuntivales), *Aspergillus niger* (1 exudado corneal), *Bipolaris* sp. (1 exudado conjuntival), *Candida parapsilosis* (1 lente de contacto) y *Candida rugosa* (1 exudado conjuntival). La tinción de calcoflúor sólo fue positiva para *Fusarium solani* en un paciente. Obtuvimos un 100% de concordancia por los tres métodos identificativos, salvo en el caso de *Alternaria* sp, *Bipolaris* sp y *C. rugosa*. Tres pacientes cumplían criterios de IFI según las indicaciones de la EORTC/MSG* para ser clasificados como 2 aspergilosis invasoras (AI) y 1 candidiasis invasora (CI). A estos se les determinó BG y GM, siendo positivos 2 GM en pacientes con AI y 1 BG en el paciente con CI.*de Paw et al. Clin Infect Diseases.2008; 15:1813-1821.

CONCLUSIONES:

1. El cultivo convencional es el método que ha permitido realizar el diagnóstico.
2. *Fusarium* sp. y *Candida* spp. han sido los géneros más frecuentes.
3. Las determinaciones serológicas han apoyado el diagnóstico de IFI.

Palabras clave: *Infecciones oculares*

CO12. Experiencia de un hospital en el uso de CEFTAZIDIMA/AVIBACTAM para el tratamiento de las infecciones producidas por KLEBSIELLA PNEUMONIAE

Productora de CARBAPENEMASA

Sánchez-Calvo, J.M. (1), Madrigal Toscano, M.D. (2), Pérez Cortés, S. (1), Correa Gómez, I. (1), Francisco Ramírez, J.L. (1), Alados Arboledas, J.C. (1), Rodríguez Félix, L. (1), López Prieto, M.D. (1) (1) UGC de Enfermedades Infecciosas y Microbiología. AGS Norte de Cádiz. Hospital SAS de Jerez (2) UGC de Hematología. AGS Norte de Cádiz. Hospital SAS de Jerez

Objetivo

El objetivo del presente estudio fue evaluar el tratamiento de las infecciones producidas por *Klebsiella pneumoniae* productora de carbapenemasa tipo KPC-3 (kp-KPC).

Material y métodos

Se realizó un estudio retrospectivo, desde 01/03/2014 hasta 31/09/2015, en el que se describió el tratamiento de 22 infecciones en 18 pacientes por kp-KPC. Las pautas de tratamiento estuvieron basadas en meropenem, ertapenem, gentamicina, tigeciclina y fosfomicina, solas, o en combinación. En caso de fracaso terapéutico, intolerancia o resistencia a los fármacos considerados de primera elección se usó ceftazidima/avibactam. La sensibilidad para los antibióticos convencionales fue determinada mediante el sistema MicroScan, mientras que para ceftazidima/avibactam usamos el método de difusión con discos. La base de datos fue elaborada con el programa SPSS.

Resultados

8 presentaron bacteriemia, 10 infección del tracto urinario (ITU), 1 infección de piel y partes blandas (IPPB), 1 absceso perianal y 2 infección respiratoria (IR). kp-KPC fue resistente frente a la mayoría de los antibióticos ensayados. Solo mostró sensibilidad frente a ceftazidima/avibactam (100%), gentamicina (86%), tigeciclina (67%) y fosfomicina (41%). En base a la evolución de la infección, 8 pacientes fueron tratados con ceftazidima/avibactam. La tasa de mortalidad en bacteriemia fue del 50%, correspondiéndose todos los casos con pacientes con sepsis que no recibieron tratamiento con ceftazidima/avibactam, independientemente de su edad, sexo, enfermedad de base, gravedad (Índice de Pitt o McCabe) o estado inmunológico, aunque el índice de Charlson fue mayor en los pacientes fallecidos (7,75 vs. 4,25). En el 100% de los casos, la mortalidad tuvo lugar dentro de los primeros 14 días. Los factores de riesgo más frecuentes en las bacteriemias fueron las enfermedades hematológicas, la neutropenia y el trasplante de progenitores hematopoyéticos. Del resto de episodios de sepsis, 4 fueron de origen urinario, uno de los cuales fue tratado con ceftazidima/avibactam por presentar únicamente sensibilidad a gentamicina y un episodio previo de infección. El único caso de fracaso terapéutico con ceftazidima/avibactam fue un paciente con shock séptico de origen respiratorio y fracaso multiorgánico. Otro paciente con sepsis de origen abdominal falleció, aunque no recibió este tratamiento. Ceftazidima/avibactam también fue usado para el tratamiento de una ITU y un absceso perianal que no lograban resolverse con los tratamientos convencionales, consiguiendo la curación clínica y microbiológica.

Conclusiones

Ceftazidima/avibactam parecen ser una buena opción terapéutica para el tratamiento de las infecciones graves, principalmente las bacteriemias. Son necesarios más estudios con un número mayor de pacientes para confirmar estos resultados.

Palabras clave: *Klebsiella pneumoniae*, carbapenemasa, ceftazidima/avibactam

POSTERS ORALES

PO 1. Estudio de los perfiles Filodinámicos y Filogeográficos de la epidemia HIV-1 Subtipo NO-B en Andalucía durante el periodo 2005 A 2012

Santiago Pérez-Parra, Natalia Chueca-Porcuna, Marta Álvarez-Estevez, Josefa Lopez-Bueno, Antonio Sánchez, Maria Dolores Mérida, Jose-Angel Fernández-Caballero, Ana Belén Pérez, Federico García

Servicio de Microbiología. Complejo Hospitalario Granada. Hospital Universitario San Cecilio. Instituto de Investigación Ibs.Granada.

Introducción

Actualmente existen pocos estudios en los que se investigue la dinámica de crecimiento, la dispersión espaciotemporal y los patrones que siguen las redes de transmisión para subtipos HIV-1 no-B en España.

El objetivo de este estudio ha sido describir la historia evolutiva de los diferentes subtipos no-B en Andalucía Oriental.

Material y métodos

Nuestro estudio ha incluido a 693 pacientes diagnosticados entre 2005 y 2012 en el sur de España. La secuencia del gen pol (transcriptasa reversa y proteasa) se generó utilizando Trugene® HIV Genotyping Kit (Siemens,NAD). La determinación del subtipo se realizó en REGA v2.0. Se buscaron secuencias similares para cada subtipo no-B en MOLE-BLAST y se estudio la existencia de clusters entre países mediante análisis filogenético en RaxML Estudiamos los perfiles filogeográficos y filodinámicos para los subtipos no-B mediante Inferencia Bayesiana en Beast v1.7.5 y SPREAD v1.0.6.

Resultados

En Andalucía, el subtipo no-B se da en hombres (65,4%), heterosexuales (93,5%), extranjeros (73,9%), de origen Africano (57.5%), y que residen en la zona de Almería (75,2%). El subtipo no-B más prevalente fue el subtipo CRF02_AG (10.4%), seguido por el A (4,8%), G (2,5%), F (1,4%), C (1.3%), CRF_14BG (1,2%), D (0,4%) y J (0,1%). Se encontró relación filogenética con virus circulantes de otros países, en concreto Europa del Este para los subtipos A y C, y África para el subtipo G y recombinantes CRF02_AG y CRF14_BG, excepto para el subtipo F, que se relacionó con secuencias de España. El tiempo del más reciente común antecesor (tMRCA) para la mayoría de subtipos se estimó durante la década de los 90 en El Ejido y su crecimiento fue exponencial (Excepto subtipos CRF02_AG y C).

Conclusiones

Nuestro estudio proporciona los primeros datos sobre perfiles de filogeografía y filodinamica para el HIV-1 subtipo no-B en Andalucía Oriental. Se ha comprobado una fuente de entrada para la mayoría de subtipos no-B en la zona de El Ejido, con una rápida propagación en una población fundamentalmente inmigrante y heterosexual, colectivos especialmente vulnerables a la infección por VIH.

Palabras clave: *VIH-1, Subtipos no-B, Filodinámica*

PO2. Obtención de secuencias consenso mediante secuenciación masiva para su uso en epidemiología molecular. Comparación con datos de secuenciación SANGER.

Jose Angel Fernandez-Caballero , Natalia Chueca, Marta Alvarez, Raquel Camacho, Maria Dolores Merida, Josefa Lopez, Antonio Sanchez, Federico Garcia

Complejo Hospitalario Universitario Granada. Servicio de Microbiología. Hospital Universitario San Cecilio. Instituto de Investigación Ibs.GRANADA

Introducción y Objetivo:

Las técnicas de secuenciación masiva (UDS) se están introduciendo en la rutina asistencial para la determinación de resistencias. No existen datos que avalen si generar una secuencia consenso UDS puede o no representar adecuadamente la secuencia tipo Sanger. El objetivo de nuestro trabajo ha sido determinar cuál es el mejor punto de corte para la obtención de una secuencia consenso UDS, representativa de la secuencia tipo Sanger, para su utilización en estudios de epidemiología molecular.

Materiales y Métodos:

Se han analizado secuencias pareadas de Sanger y UDS para transcriptasa reversa (RT) y Proteasa (PR) de 42 pacientes. Respecto a la secuenciación Sanger se utilizó una modificación in house del ensayo Trugene HIV-1 genotyping kit (Siemens). Las secuencias UDS se realizaron a partir del mismo cDNA obtenido para secuenciación Sanger, añadiendo una modificación in house del prototipo para 454 GS Junior (Roche). Las secuencias consenso UDS se obtuvieron mediante el software Mesquite, seleccionando puntos de corte del 10%, 15% y 20%. Se construyeron árboles filogenéticos (Mega), con las distintas secuencias consenso UDS y sus respectivas Sanger, teniendo en cuenta valores de bootstrap mayores de 70 para definir una relación entre secuencias.

Resultados:

Utilizando un punto de corte de 10% en las secuencias UDS, sólo en 4/42 y 4/42 casos, las secuencias pareadas UDS-Sanger presentaron valores de bootstrap >70 o entre 60-65 respectivamente, con una mediana (IQR) de los valores de bootstrap de 68.5 (65-85). Aumentando el umbral consenso UDS al 15%, estos valores ascienden hasta 24/42 y 3/42 casos, relacionando las dos secuencias con un bootstrap >70 o entre 60-65, respectivamente, mediana (IQR) de valores bootstrap de 95 (86.75-98). Por último, al utilizar un umbral de 20%, en todos los casos las secuencias pareadas UDS-Sanger se relacionan con bootstrap >70, con una mediana (IQR) de los valores de bootstrap de 98 (94.75-100). Al 10%, las diferencias UDS-Sanger alcanzaron diferencias para influir en el subtipo en 3 pacientes, cambiando en un paciente desde subtipo B (UDS) a CRF01_AE (Sanger) y en dos pacientes desde subtipo B (UDS) a CRF02_AG (Sanger) respectivamente.

Conclusiones:

Para el correcto uso de las secuencias de RT y PR generadas mediante UDS en estudios de epidemiología molecular, es necesario hacer un procesamiento de las secuencias y utilizar puntos de corte superiores al 20% para obtener la secuencia consenso. Estos resultados pueden ser de relevancia para utilizar la información UDS en estudios de filogeografía y filodinámica.

Palabras clave: *Secuenciación masiva(UDS), secuencia consenso, Filogenia*

PO3. Prevalencia de Transmisión de Resistencias en los Nuevos Diagnósticos VIH incluidos en RAVETRA (Red Andaluza para la Vigilancia Epidemiológica de Resistencias a Antiretrovirales) en el periodo 2014- primer semestre 2015.

Raquel Camacho Luque (1), Isabel Viciano (2), Manuel Parra (3), Silvia García Rey (3), Yusnelkis Milanes (4), Felipe Fernández-Cuenca (5), Jose Carlos Palomares (3), Pompeyo Viciano (4), Jesús Santos (2), Federico García, en representación de RAVETRA (1)

1. Complejo Hospitalario Granada_HU San Cecilio; Instituto de Investigación Biosanitaria ibs.GRANADA 2. Hospital Universitario Virgen de la Victoria, Málaga 3. Hospital Universitario de Valme, Sevilla 4. Hospital Virgen del Rocío, Sevilla 5. Hospital Virgen Macarena, Sevilla

Fundamento y Objetivo:

RAVETRA analizó el año pasado la transmisión de resistencias en los nuevos diagnósticos de Andalucía. Este estudio muestra los resultados obtenidos en el primer semestre 2015 y lo contrastamos con los presentados el año pasado. Pacientes y Métodos: Analizamos datos clínico-epidemiológicos y secuencias FASTA de proteasa y transcriptasa reversa de VIH obtenidas mediante pirosecuenciación en 454GSJunior en los nuevos diagnósticos de infección VIH de Andalucía. La secuencia consenso se ha obtenido utilizando dos herramientas bioinformáticas: Jalview2.8.1 como editor de alineamientos y Mesquite para el análisis de la similitud de secuencias utilizando 0.1 como punto de corte. Para estimar la prevalencia de la resistencia primaria a los fármacos de primera línea se ha utilizado la interpretación con el algoritmo de Stanford v7.0.1. Se han relacionado las variables clínico-epidemiológicas analizadas en la cohorte con la prevalencia de resistencias, global y por familias. Resultados: Se han analizado 657 secuencias fasta. Los pacientes tenían: edad media de 37 años (29-46), CV-VIH media: 4.78log (4,25-5,12), recuento linfocitos CD4: 391/mm³ (175-579). El 89,9% eran varones y el 63% HSH. Un 26% tienen enfermedad avanzada al diagnóstico (linfocitos CD4 < 200) y un 41,7% diagnóstico tardío (linfocitos CD4 < 350). La prevalencia de resistencia primaria a fármacos de primera línea y de mutaciones de resistencia (OMS) en las distintas familias se ha mantenido estable en los años 2014 14,74% global; 3,03% ITIANs, 11,72% ITINANs y 1,62% IPs) y 2015 (15,19% global; 1,27% ITIANs, 12,65% ITINANs y 1,27% IPs. La prevalencia de subtipo B es 81.65%, entre los subtipos no-B el recombinante CRF02_AG es el más prevalente (11.39%), seguido de los subtipos D(2.53%), F(1.27%), G(1.27%), A(0.63%), J(0.63%) y K(0.63%).

No se ha encontrado relación entre la prevalencia de resistencias y las variables clínico-epidemiológicas evaluadas.

Conclusiones:

La prevalencia de resistencias primarias a ITINANs sigue siendo alta, similar a la del 2014, destacando la baja prevalencia de resistencia primaria a ITIANs e IPs de primera línea. Se confirma una disminución del diagnóstico tardío. Estos datos sugieren la necesidad de seguir realizando estudio de resistencias primarias sobre todo si se va a empezar con una pauta de ITINANs. Resto participantes RAVETRA: Pascuau J; Muñoz L; García-Domenech CM; Mayorga M; Lozano F; Gálvez C; Lozano AB; Rivero A; Marín J; Fernández F; Merino D; Hernández S; Pérez I; Fernández C; Terrón A; Mohamed O; Ríos MJ; del Arco, A; Jarilla F; Delgado C; Fernández S; Palomares J; Castaño M; Téllez F.

Palabras clave: *Ravetra, Resistencias Primarias, 2014-2015*

PO4. Estudio filogenético de dobles infecciones VIH en Andalucía Oriental.

Jose Angel Fernandez-Caballero, Natalia Chueca, Marta Alvarez, Maria Dolores Merida, Josefa Lopez, Antonio Sanchez, Federico Garcia

Complejo Hospitalario Universitario Granada. Servicio de Microbiología. Hospital Universitario San Cecilio. Instituto de Investigación Ibs.GRANADA.

Introducción Y Objetivo:

La doble infección por el VIH se ha relacionado con la patogenia de la infección. Aunque existen pocos estudios que la aborden, algunos autores sugieren que la doble infección VIH puede suceder con una frecuencia mayor a lo descrito, ofreciendo retos para el desarrollo de vacunas. En este trabajo hemos utilizado datos de secuenciación masiva para estudiar la prevalencia de doble infección en pacientes VIH de Andalucía oriental.

Pacientes y métodos:

Se analizaron secuencias UDS de la región proteasa, empleando una modificación del ensayo comercial de secuenciación masiva (UDS) para la plataforma GS-Junior (Roche Diagnostics), en 335 pacientes de Andalucía oriental del periodo 2014 a 2015. Se seleccionaron 62 (18,50%) pacientes que presentaban dos o más subtipos en el informe Deepchek, posteriormente se efectuó un análisis y filtrado de las secuencias por calidad ($Q > 30$) y longitud ($pb = 283$), considerándose confiable la presencia de 5% de secuencias. Se amplificó la región de proteasa. Para detectar las dobles infecciones, se reconstruyeron arboles filogenéticos mediante "Neighbour Joining".

Resultados:

Se procesaron un total de 201 paciente naive y 134 fracasos virológicos, de los cuales 9 pacientes (2,68%) con posible doble infección, siendo 4 pacientes naives y 5 fracasos. De los posibles pacientes con doble infección 6 (1.8%) pudieron confirmarse mediante análisis filogenético, obteniendo una mediana de bootstarp de 99,5 (IQR= 92-100) para la diferencia en los nodulos de subtipo. Se analizaron un total de 7185 secuencias de estos pacientes. La mediana de edad fue de 32 (IQR=27-40), la carga viral fue de 13.050 cp/ml (IQR =349-75600), no presentando valores significativos entre la población naive y los fracasos ($p > 0.01$), con una mediana de CD4 460 (IQR=329,5-620), los subtipos más frecuentes de coinfección fueron B junto con CRF02_AG (33,3%) y D (44,4%). Entre los nueve pacientes hubo seis (66,6%) fracasos virológicos y solo un paciente presentaba alguna resistencia antirretroviral.

Conclusiones:

La utilización de UDS en estudios filogenéticos para detectar posibles coinfecciones o reinfecciones es posible, pero es necesario un tratamiento previo de las secuencias UDS para su correcto uso. La prevalencia de coinfecciones en Andalucía oriental es baja. Se necesitan mayor número de estudios para comprender mejor los aspectos relacionados con la superinfección por VIH.

Palabras clave: *VIH, filogenia, Andalucía*

PO6. Compartimentalización semem-Plasma sanguíneo en la infección por VIH: a propósito de un caso.

Jose Angel Fernandez-Caballero, Carmen Hidalgo, Natalia Chueca, Marta Alvarez, Maria Dolores Merida, Josefa Lopez, Antonio Sanchez, Federico Garcia

Complejo Hospitalario Universitario Granada. Servicio de Microbiología. Hospital Universitario San Cecilio. Instituto de Investigación Ibs.GRANADA

Introducción

La mayor parte de las transmisiones VIH se dan por contacto sexual, siendo el hombre el transmisor en la mayoría de casos, por eso, averiguar cómo es el VIH en el tracto genital masculino es crucial para comprender el fenómeno de la transmisión y la naturaleza del virus que se propaga. Sin embargo todo lo que se conoce acerca del VIH está basado en muestra sanguínea, provocando una visión incompleta de lo que sucede en la transmisión. Nuestro objetivo ha sido comprobar que la estructura del VIH puede variar en función del compartimento del organismo en el que se encuentra.

Materiales y métodos

Se analizó la secuencia pol (RT+PR) e Integrasa (IN) de un paciente, mediante secuenciación masiva (UDS). Las secuencias UDS se realizaron a partir de cDNA obtenido del extraído, añadiendo una modificación in house del prototipo para 454 GS Junior (Roche). Se construyeron árboles filogenéticos mediante máxima verosimilitud utilizando Mega y VisProt3D para la predicción de la estructura de las proteínas.

Resultados

Paciente naive homosexual varón 32 años, nacionalidad española, diagnosticado hace 4 años, subtipo B VIH-1. Carga viral 25500 cp/ml con 250 CD4. La diversidad y heterogeneidad en la población viral de muestra sanguínea, fue mucho mayor, en los tres genes secuenciados (RT, PR e IN), que en el caso del semen. En cuanto a las mutaciones primarias no se observó ninguna discrepancia, pero si en mutación menor; F53L de PR no estaba presente en el plasma sanguíneo pero si en seminal y el polimorfismo 71R de IN no presente en plasma seminal, sin afectar a la conformación de las proteínas. En la visualización del árbol filogenético para la PR e IN se observan bien definidas las dos poblaciones separadas en dos cluster (seminal y sanguínea), obteniendo un bootstarp de 50, debido a un cambio de aminoácido presente solo en la población seminal, algunas cepas sanguíneas se relacionan genéticamente con el cluster de población seminal, pero no al contrario.

Conclusiones

Conocer cómo se comporta el VIH en el semen resulta una parte fundamental para la comprensión de su transmisión e infección. Los análisis filogenéticos y genéticos demuestran diferencias entre el compartimento seminal y sanguíneo, apoyando la teoría de compartimentación. Son necesarios más estudios acerca VIH en semen y otros compartimentos ya que mirando simplemente al virus en sangre obtenemos una información incompleta.

Palabras clave: *VIH, Semen, Compartimentos*

PO7. Tos Ferina en lactantes y su asociación con el virus respiratorio Sincitial.

Juan Carlos Alados Arboledas (1), Johana Guío Bácares (2), Rafael Chulian Cruz (2), David Gómez Pastрана (2), Juan Manuel Sánchez Calvo (1), Ignacio Correa Gómez (1), Maria Dolores López Prieto (1)

(1) UGC Enfermedades Infecciosas y Microbiología.(2) UGC Pediatría.

Durante los últimos años la incidencia de tos ferina (TF) en nuestro entorno está aumentando tanto en lactantes, fundamentalmente menores de seis meses, como en adolescentes y adultos. La causa que se sugiere como más probable es la pérdida de inmunidad post vacunal. En la actualidad disponemos de técnicas diagnósticas más sensibles y específicas para el diagnóstico de esta enfermedad, lo cual también podría explicar parcialmente este resurgimiento. El objetivo de nuestro trabajo ha sido revisar los lactantes en los que se detecta Bordetella pertussis durante el periodo 2012/2015 en un hospital de segundo nivel.

Material y métodos.

Trabajo descriptivo y retrospectivo en el que se revisan las historias de los casos de infección por Bordetella pertussis diagnosticados en lactantes en el periodo octubre 2012 a Septiembre 2015. El diagnóstico microbiológico se hizo mediante la técnica de PCR real time Bordetella pertussis (Argene®) sobre muestra nasofaríngea. Se han recogido y analizado variables demográficas, clínico-epidemiológicas y microbiológicas.

Resultados.

En el periodo estudiado se han realizado 157 pruebas diagnósticas a otros tantos lactantes detectándose Bordetella pertussis en 32 casos (1 positivo de 4 en 2012, 5 de 32 en 2013, 9 de 38 en 2014 y 17 de 83 en 2015) arrojando tasas anuales media de diagnósticos del 22% (rango 15.6-25%). Los 29 lactantes (90%) tenían menos de dos meses de edad (edad de primera dosis vacunal), el resto correspondió a menores de 4 meses. El diagnóstico clínico fue tos ferina (n=18), cuadro mixto tos ferina/Bronquiolitis (n=12), bronquitis (n=1) y bronconeumonía (n=1). Dieciocho casos se diagnosticaron en periodo epidémico de virus respiratorio sincitial (octubre-marzo) y en siete casos se demostró microbiológicamente la coinfección, cinco de ellos mostraron un cuadro clínico mixto de tos ferina y bronquiolitis.

Conclusiones.

1.- Se ha detectado un importante aumento en el diagnóstico de tos ferina en lactantes en el periodo 2012-2015. 2.- La mayoría de los lactantes infectados no habían recibido ninguna dosis de vacuna. 3.- Durante el periodo epidémico del VRS se observa frecuentemente la coinfección B. pertussis-VRS.

Palabras clave: *Tos ferina, Virus respiratorio sincitial, Lactantes*

PO8. . Evaluación del sistema BD MAX™ para detección de virus productores de gastroenteritis.

Irene Pedrosa Corral, Sara Sanbonmatsu Gámez, Ana Lara Oya, Mercedes Pérez Ruiz, José María Navarro Marí

Laboratorio de Referencia de Salud Pública de Andalucía para Enfermedades con Sospecha de Etiología Vírica. Servicio de Microbiología. H.U.Virgen de las Nieves. Granada.

Antecedentes.

Rotavirus (RV) es la causa más frecuente de gastroenteritis aguda (GEA) en lactantes y niños pequeños. No rovirus (NV) produce el 90% de los brotes de GEA no bacteriana, afectando a personas de todas las edades.

Diagenode Enteric Viral Panel Real Time PCR (DEVP), utilizado con el sistema BD MAX™, es una prueba automatizada para detección de RV y NV genogrupos I y II (GI y GII) en heces de pacientes con sospecha de gastroenteritis viral, que incluye extracción de ácidos nucleicos, retrotranscripción y PCR en tiempo real (RT-PCRtr). Requiere un tiempo de pretratamiento de las muestras mínimo (menos de 1 minuto por muestra), y ofrece sus resultados de forma automática en aproximadamente 2 horas.

Objetivo.

Evaluación preliminar del nuevo kit DEVP, utilizado con el sistema BD MAX™.

Métodos.

Se incluyeron en el estudio un total de 65 muestras de heces diarreicas: 17 muestras frescas, en una fase prospectiva del estudio, y 48 muestras anteriormente congeladas a -80°C, en una fase retrospectiva. Los métodos de rutina utilizados fueron: detección de antígeno (TDA) de RV y ADV (Rapid Adeno/Rota Virus ag (Inmunospark) y/o RT-PCRtr para detección de RV, NV, ADV y astrovirus (ASV) usando el kit FTD Viral gastroenteritis (FTD, Fast-track Diagnostics). Se calcularon la sensibilidad y especificidad diagnósticas del kit para cada uno de los virus, usando la RT-PCRtr de rutina como técnica de referencia.

Resultados.

Se detectaron virus en 57 muestras mediante FTD (16 NV GI, 32 NV GII y 9 RV) y en 9 muestras mediante TDA (9 RV). Con el kit DEVP, se obtuvieron 6 resultados inválidos que fueron positivos a NV GII tras repetición. DEVP detectó NV GI, NV GII y RV en 16, 35 y 9 muestras, respectivamente. La sensibilidad de DEVP fue del 100% y su especificidad del 100% para NV GI y RV, y del 91,4% para NV GII. En los 3 casos discrepantes, la técnica de rutina detectó NV GI y DEVP detectó NV GI y NV GII. No disponíamos de otro sistema para confirmar estos resultados.

Conclusiones.

1. El sistema Diagenode Enteric Viral Panel Real Time PCR- BD MAX™, es una herramienta muy útil para la detección de rotavirus y norovirus, dado su sencillo procedimiento, la rapidez de la técnica y el rendimiento diagnóstico.
2. Sería necesario un estudio más amplio para determinar su capacidad para diferenciar los genogrupos I y II de norovirus.

Palabras clave: *gastroenteritis aguda, RT-PCR en tiempo real*

PO9. Caracterización de pacientes infectados por VHB y tratados con análogos denucleot(s)idos en el AGS Norte de Cádiz.

Carlos Jesus Sánchez Aranda (1), Maria Jose Blanco Rodriguez (1), Cristina Cepero León (1), Geneviva Tocon Grimaldi (2), Juan Manuel Sánchez Calvo (2), Ignacio Correa Gómez (2), Maria Dolores López Prieto (2), Juan Carlos Alados Arboledas (2)

(1) UGC Enfermedades Digestivas. (2) UGC Enfermedades Infecciosas y Microbiología.

AGS Norte de Cádiz.

Recientemente se ha utilizado su cuantificación del AgHBs para establecer reglas de parada en tratamientos con Interferón pegilado, por el contrario su utilidad en tratamientos con análogos nucleot(s)idos (NAs) no ha sido todavía establecida. Actualmente el seguimiento virológico de estos pacientes tratados se hace mediante la cuantificación del DNA del VHB. El objetivo planteado en este trabajo fue caracterizar una cohorte de pacientes tratados con análogos NAs en el AGS Norte de Cádiz mediante la cuantificación del AgHBs junto al DNA.

Material y Métodos.

Estudio descriptivo retrospectivo transversal de una cohorte de pacientes infectados por el VHB y tratados con NAs en el AGS Norte de Cádiz. Se incluyeron en el análisis los datos correspondientes a la última consulta del periodo abril 2014-septiembre 2015. Las muestras se procesaron mediante COBAS® AmpliPrep/COBAS® TaqMan® HBV Test para la cuantificación de DNA VHB y Liaison®XL MUREX HBsAg Quant para la cuantificación del AgHBs. Esta última utiliza tecnología quimioluminiscente y tiene un rango de linealidad relativamente pequeño (150 UI/ml). Aplicándose protocolos de dilución de muestra en los casos necesarios.

Resultados.

Se incluyeron en estudio 67 pacientes con una edad media de 53 años (DE 10,4), 49 eran varones. Sólo dos pacientes (3%) presentaban AgHBe, ambos inmigrantes La mayoría de los pacientes recibían tratamiento con tenofovir (n=48) o Entecavir (n=15), tan solo tres pacientes recibía Lamivudina y uno Adefovir. La mayoría de los pacientes (N= 58) tenía la CV suprimida (ND o <20 UI/ml), en el resto se detectó viremia: seis pacientes 20-100UI/ml, dos 100-1000 UI/ml y sólo uno presentó niveles de DNA >2000 UI/ml consecuencia de una reciente reactivación. Los dos pacientes AgHBe(+) tenían niveles de DNA inferiores a 20UI/ml. Respecto a los niveles de AgHBs 35 pacientes estaban por debajo de 1000 UI/ml, 12 menor de 100UI/ml y 32 mayor o igual a 1000 UI/ml. Los dos pacientes AgHBe(+) recibían tratamiento con Tenofovir y tenían los niveles más elevados de AgHBs (15.000 y 17.000 UI/ml, respectivamente) de nuestra serie a pesar de tener niveles de DNA <20UI/ml.

Conclusiones.

1.- La mayoría de los pacientes están tratados con Tenofovir seguido de Entecavir ambos de alta barrera genética para selección de resistencias. 2.- La mayoría de los pacientes presentan carga viral suprimida. 3.- Un número importante de pacientes presenta niveles inferiores a 100 UI/ml de AgHBs junto a carga viral suprimida, información de gran utilidad para poder plantear el fin de tratamiento.

Palabras clave: *Hepatitis B, Cuantificación AgHBs, Tratamiento*

PO10. Estudio de la coinfección del Virus Respiratorio Sincitial con *Bordetella pertussis* en pacientes pediátricos

Jorge Arca Suárez, Inmaculada Guerrero Lozano, Teresa Trujillo Soto, Francisca de la Rubia Martín, Fátima Galán Sánchez, Clotilde Fernandez Gutierrez del Álamo, Manuel Rodriguez Iglesias-

Antecedentes/objetivo

Bordetella pertussis y el Virus Respiratorio Sincitial (VRS) son patógenos respiratorios que afectan a lactantes. El VRS tiene un comportamiento epidémico estacional, de forma que la posibilidad de coinfección con *B. pertussis* debe ser contemplada en pacientes que presenten clínica compatible (tosferina, bronquiolitis). El objetivo es describir la incidencia de coinfección por VRS y *B. pertussis* (BP) en nuestra área sanitaria durante un año el periodo epidémico 2014-2015.

Material y métodos

Se analizaron un total de 356 aspirados nasofaríngeos en 296 pacientes hospitalizados en el Hospital Universitario Puerta del Mar desde Octubre de 2014 y Septiembre de 2015. Se estudió la coinfección BP + VRS en 61 pacientes que presentaron clínica compatible con ambas infecciones previa petición del facultativo. La determinación de antígeno de VRS se realizó mediante inmunocromatografía (Directigen VRS, BD). *B. pertussis* y *B. parapertussis* se determinaron mediante detección de ADN por PCR (Smart BP/ BPP, Cepheid) y PCR- Multiplex (Multi-RT PCR Anyplex, Seegene).

Resultados

Antígeno de VRS fue detectado en el 53,3% (127/238) y ADN de *B. pertussis* en el 40,6% (48/118). En 61 pacientes que presentaron antígeno de VRS positivo, se demostró coinfección con *B. pertussis*, en 13 de ellos (21,3%). De los pacientes infectados por *B. pertussis*, 11 (22,9%) se encontraban correctamente vacunados (mayores de 7 meses), 13 (27,0%) en proceso de vacunación (entre 2 y 6 meses), y 22 (45,8%) no vacunados (menores de 2 meses). La edad de los pacientes con VRS fue inferior a 5 meses mientras que la edad de coinfección VRS con BP fue inferior a 4 meses de edad.

Conclusiones

La detección de una coinfección VRS + *B. pertussis* ha aumentado debido a la mayor sensibilidad de las pruebas diagnósticas. La incidencia de *B. pertussis* se presenta de forma clara en pacientes que no han sido vacunados, no han finalizado las 3 dosis de vacunación, no han cumplido los 6 meses de edad o han abandonado por reacciones adversas frente a la vacuna. En los 11 pacientes vacunados, sería aconsejable realizar un estudio para determinar los niveles de anticuerpos. El estudio de la coinfección VRS + *B. pertussis* en pacientes hospitalizados tiene interés desde el punto de vista clínico dado que el cuadro puede ser más grave (mayor necesidad de oxigenoterapia, ingreso en UCI pediátrica y mayor tiempo de estancia hospitalaria).

Palabras clave: *Bordetella pertussis*, coinfección, Virus respiratorio sincitial

PO11 Factores de patogenicidad en bacteriemias por *Staphylococcus aureus*

García López MV., Gallardo García MM., Viñuela González L., García Perez C., Mora Navas L., Sena Gonzalez Gabriel., Ruiz Morales J

UGC de Enfermedades Infecciosas, Microbiología y Medicina Preventiva. HV Victoria. Málaga

Antecedentes.

El desarrollo de bacteriemia por *Staphylococcus aureus* (SA), tanto de origen comunitario como nosocomial, se asocia a altas tasas de morbilidad y mortalidad. La presencia de factores de patogenicidad y la implicación que éstos puedan tener en el desarrollo de bacteriemia, no está suficientemente estudiado. Los factores de virulencia de SA son numerosos, la actividad del gen accesorio regulador agr es esencial, y los superantígenos (SAg) contribuyen al desarrollo de infección estafilocócica.

Objetivos:

Analizar las características genotípicas y presencia de factores de virulencia que puedan ser de riesgo o pronósticos de las bacteriemias.

Material y métodos.

Estudio retrospectivo de 86 bacteriemias acaecidas en el HVV (Málaga). Se evaluaron factores clínicos y epidemiológicos. Se realizó estudio de sensibilidad por E-test (según CLSI), y analizó la presencia genes de toxinas, toxina del síndrome del shock tóxico 1 (TSST-1) las enterotoxinas A (etA), B (etB) y D (etD), y la posible relación entre los grupos agr mediante PCR.

Resultados:

De los 89 pacientes estudiados, el 58% eran varones con mediana de edad 65 (ITC=29), Comorbilidad (Índice de Charlson) 4,5 (ITC= 4,2) y pertenecientes a los Servicios Médicos 47,7%, Urgencias 20,9% Quirúrgicos 16,3% y UMI 14,9; En el 66,6% de los casos los pacientes presentaban bacteriemia no complicada, y 33,3% endocarditis. La mortalidad asociada 31%; Sensibilidad: cloxacilina 86,2%, clindamicina 90,7%, eritromicina 80,2%, gentamicina, 93,1% rifampicina, vancomicina y linezolid, 100%. EL 26,7% presentaban CMI a vancomicina $\geq 1,5$; fenotipo de resistencia a macrólidos: M 40%, MLSi 33,3 MLSc (13,4). El gen mecA positivo en 18,8%. Estudio superantígenos: el 18,4% presentaban algún superantígeno, siendo el mas frecuente Tst-1 (12,6%), seguido del etA (5,7%), etB ((4,6), etD (4,6%) y en ningún caso encontramos PVL. En relación al Agr, 34 (39,1%) presentaron el agr I, 32 (36,8%) agr II, 19 (21.8%) agr III y 2 (2,3%) el agr IV. Al analizar, si alguno era mas frecuente en bacteriemias o endocarditis, el agr I fue mas frecuente en endocarditis (55,2%) que en bacteriemias (31%) $p=0.030$; OR 2,735 (1.091-6.858), por el contrario el agr II mas en bacteriemias (43,1), que endocarditis (24,1%) ($p= 0.08$)

Conclusión.

No encontramos asociación entre la presencia de genes codificadores de toxinas y posiblemente debido a la pequeña población analizada, sin embargo si hemos encontrado una relación directa entre la presencia de agr I y el desarrollo de EI, pudiendo sugerir que las cepas que lo contienen tienen una mayor capacidad de causar infección endocárdica.

Palabras clave: *Staphylococcus aureus*, factores de virulencia, bacteriemias

PO12. Evaluación de un test rápido de pH para la detección de betalactamasas de espectro extendido.

Jiménez-Guerra, Gemma., Gutiérrez Fernández, José, Pérez-Zapata, Inés, Heras-Cañas, Victor, Riaz-Damas, Cristina, Miranda-Casas, Consuelo, Navarro-Marí, José María

1, 3, 4 y 5) Especialistas internos residentes, Servicio de Microbiología del Hospital Virgen de las Nieves; 2)Facultativo especialista de área, servicio de Microbiología del Hospital Virgen de las Nieves (Granada), catedrático de Microbiología (Universidad de Granada), 6)Jefa de Sección; servicio de Microbiología del Hospital Virgen de las Nieves, 7)Jefe de Servicio, servicio de Microbiología del Hospital Virgen de las Nieves.

Antecedentes:

La producción de betalactamasas es el mecanismo mas frecuente de resistencia en bacilos gram negativos (BGN). Los métodos de detección fenotípica de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) usados en los laboratorios son económicos pero requieren al menos 48 horas hasta obtener un resultado, y la detección mediante PCR es costosa. Existen test comercializados rápido y baratos basado en la acidificación de medios por hidrólisis del anillo betalactámico de antibióticos betalactámicos. En nuestro servicio se fabricó un test propio de este tipo y se evaluó.

Objetivo:

Evaluación del test in-house de pH para la detección de aislados productores de BLEE.

Material y métodos:

Se preparó el test de pH que detecta la hidrólisis del anillo betalactámico de la cefotaxima, obteniéndose 500 alícuotas a partir de 50 ml de la solución que contenía rojo fenol y 150 mg de cefotaxima, ajustándose a un pH de 7.8. También se preparó una solución control sin antibiótico. A este test se sometieron 499 aislados de BGN fermentadores provenientes de urocultivos a los que se le estaba testando la susceptibilidad mediante método automatizado (MicroScan). Este tipo de método automatizado indica la producción de BLEE comparando la CMI de la cefotaxima con ácido clavulánico frente a la cefotaxima sola.

Tres colonias de cada uno de los aislamientos de los urocultivos se suspendieron en la solución control y la problema, y se vortearon seguidamente. A los 60 minutos se hizo la lectura del viraje, mediante el acuerdo de dos observadores. Amarillo era resultado positivo; rojo, negativo; y naranja, indeterminado.

Resultados:

Mediante MicroScan se obtuvo que 44 aislados eran productores de BLEE: 27 aislados de E.coli, 16 de K. pneumoniae y 1 de K. oxytoca. Un total de 55 aislados produjeron viraje a amarillo del test. Otros 45 aislados dieron un resultado indeterminado en el test, y sólo uno había sido clasificado como BLEE por el calculo de CMI. EN ninguno de los controles se produjo viraje. Teniendo en cuenta todos estos datos, nuestro test arrojó una sensibilidad del 97.7% y una especificidad del 87.7%.

Conclusiones:

- Nuestro test de pH tiene buenos resultados de sensibilidad y especificidad para la detección de cepas de BGN productores de BLEE en nuestro medio.
- Las cepas productoras de Amp C escaparían a la detección de nuestro test.
- La prevalencia de enterobacterias productoras de BLEE en nuestro laboratorio parece mayor que la estimada en nuestro medio según estudios previos.

Palabras clave: *test de pH, betalactamas de espectro extendido, cefotaxima*

PO13. Influencia de los puntos de corte de CLSI y EUCAST en la sensibilidad de *Streptococcus pneumoniae* a Penicilina

María Reyes Vidal Acuña, Ángel Villodres Rodríguez, José Antonio Lepe Jiménez, Javier Aznar Martín
Servicio de Microbiología y Parasitología. UCEIMP. Hospital Universitario Virgen del Rocío. Sevilla. España.

Introducción:

S. pneumoniae es un agente etiológico frecuente de neumonía, meningitis, otitis media aguda, sinusitis y, en menor medida, de otras infecciones. El antimicrobiano preferido para tratarlas sigue siendo la Penicilina. Guías como CLSI y EUCAST permiten interpretar las CMI y clasificar el aislamiento como sensible o no sensible. Las últimas ediciones de ambas coinciden en los puntos de corte para los casos de meningitis, mientras que para los de no-meningitis EUCAST es más estricta. Además, EUCAST contempla el caso concreto de neumonías: distintos puntos de corte en función de la dosis administrada.

Objetivo:

Evaluar los cambios en la sensibilidad de aislamientos invasivos y no invasivos de *S. pneumoniae* a Penicilina cuando se aplican los criterios CLSI 2008-2014 y EUCAST 2009-2014.

Material y método:

Las cepas de *S. pneumoniae* incluidas en el estudio proceden de muestras de LCR, sangre y de otras localizaciones estériles, remitidas al laboratorio de Microbiología desde 01/01/2009 al 31/07/2015. Los aislamientos fueron identificados por espectrometría de masas MALDI-TOF (Bruker Daltonik GmbH, Alemania) y sensibilidad a optoquina. Las CMI a Penicilina se realizaron mediante e-test (MIC Test Strip, Liofilchem, Italia) y se interpretaron según las guías CLSI 2008-2014 (sólo uso parenteral) y EUCAST 2009-2014.

Resultados:

El estudio incluye un total de 1208 aislamientos, de los cuales 66 (5,46%) proceden de casos de meningitis y 1142 (94,54%) de casos de no-meningitis. De estos últimos, 328 corresponden a cuadros invasivos y 814 a no invasivos (con claro predominio de muestras respiratorias: 72,85%). Los resultados de sensibilidad obtenidos fueron los siguientes:

EUCAST	Nº	CLSI			EUCAST	
		Sensible	Intermedio	Resistente	Sensible	Intermedio
Resistente						
Meningitis	66	62,12%	4,55%	33,33%	62,12%	
0,00%						37,88%
No meningitis	1142	98,07%	1,67%	0,26%	57,70%	
40,37%						1,93%
	1208					

No meningitis-invasivos	328	98,17%	1,83%	0,00%	66,77%
31,40%	1,83%				
No meningitis- no invasivos	814	98,03%	1,60%	0,37%	54,05%
43,98%	1,97%				
	1142				

Aislamientos no invasivos 814

Muestras respiratorias 593(72,85%)

Dosis:	EUCAST (neumonía)			EUCAST	CLSI
	1,2g * 4 CMI ≤ 0,5mg/L	2,4g * 4 CMI ≤ 1mg/L	1,2g * 6 CMI ≤ 2mg/L	CMI ≤ 0,06mg/L	CMI ≤
2µg/mL					
% Sensibles	82,8	91,06	97,81	54,3	97,81

Conclusiones:

1. Con independencia de los criterios aplicados, no hay cambios en el patrón de sensibilidad de los aislamientos de meningitis.
2. En los casos de no-meningitis (globales, invasivos y no-invasivos) se observa una reducción de la sensibilidad a Penicilina al aplicar los criterios de EUCAST, favoreciendo así el uso de otros antibióticos.
3. En los casos de neumonía, la administración de dosis elevada de Penicilina permitiría pasar de un 54,3% a un 97,81% de cepas sensibles según EUCAST, igualándose los resultados para ambas guías.
4. Los resultados verifican cómo la comparación de estudios epidemiológicos es imposible si no se usan los mismos criterios de sensibilidad.

Palabras clave: *Streptococcus pneumoniae*, Penicilina, Sensibilidad.

PO14. Actividad del Laboratorio de Referencia para tipado molecular de patógenos nosocomiales multirresistentes (Programa PIRASOA)

Felipe Fernández Cuenca, Lorena López Cerero, Rocío Gentil, Francisco Javier Caballero Moyano, Alvaro Pascual

UGC Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica Hospital Virgen Macarena

Máximo 400 palabras. Si al pegar el texto de su documento observa que algún símbolo no es reconocido, utilice la herramienta "Insertar Caracter Especial" que aparece en el editor de textos de este campo. Si no lo encuentra, cambie el tipo de fuente del texto original a uno tipo "Serif" y vuelva a pegarlo.

Antecedentes / Objetivo:

Describir la actividad del Laboratorio de referencia para tipado molecular de patógenos nosocomiales y detección genotípica de mecanismos de resistencia a antimicrobianos de interés sanitario en Andalucía.

Métodos:

Se analizaron todos los episodios remitidos al laboratorio de octubre de 2013 (puesta en marcha) a marzo de 2015.

Resultados:

Durante el periodo de tiempo evaluado se recibieron 218 aislados (122 enterobacterias, EB; 95 bacilos gram negativos no fermentadores, BGNNF; y 1 *Staphylococcus aureus*) correspondientes a 75 episodios. El 86.9% de las EB correspondieron a *Klebsiella pneumoniae* y el 81.1% de los BGNNF a *Acinetobacter baumannii*. Los aislados procedían de 21 hospitales (5 de Córdoba, 4 de Málaga y Sevilla, respectivamente, 2 de Granada, Jaén y Cádiz, respectivamente y 1 de Huelva y Almería, respectivamente). El 51.4% de los aislados procedían de 6 hospitales (14.7% H Virgen de la Victoria, 12.4% H San Cecilio, 10.1% H Reina Sofía, 6.4% H alto Guadalquivir de Andújar, 4.1% H Carlos Haya y 3.7% H Virgen Macarena). Los determinantes de resistencia más frecuentes en EB fueron las carbapenemasas OXA-48 (n=42) y KPC-3 (n=38), y la BLEE CTX-M-15 (n=38). En el 24.5% de los aislados de *K. pneumoniae* se detectó OXA-48 conjuntamente con CTX-M-15. AmpC plasmídica CMY-2 se detectó en el 9.4% de los aislados de *K. pneumoniae*. El determinante más frecuente en el grupo de los BGNNF fue OXA-23, detectada en el 61.0% de los aislados de *A. baumannii*. El tiempo medio de emisión de informes fue 9.5 días. El 50% de los informes se emitieron en 7 días o menos.

Conclusiones:

Durante los primeros 15 meses de funcionamiento, la actividad del laboratorio ha sido intensa y creciente, con envíos procedentes de la mayoría de los hospitales, y ha facilitado la vigilancia y control de brotes nosocomiales en el SSPA.

Palabras clave: Tipado molecular; patógenos nosocomiales; Andalucía

PO15. Evaluación de prueba rápida para la detección de CARBAPENEMASA OXA -48

Miriam Valverde Troya, Rocío Sáinz Rodríguez , Inmaculada De Toro Peinado, María Concepción Mediavilla Gradolph, Pilar Bermúdez Ruiz^o, Begoña Palop Borrás

Servicio de Microbiología Hospital Regional Universitario Málaga

Introducción /objetivo:

En los últimos años se ha producido un incremento de enterobacterias productoras de carbapenemasas, en nuestro medio particularmente las de tipo OXA-48, asociadas con frecuencia a brotes de difícil control. Para dicho control se utilizan estrategias de aislamiento, previa realización de cultivos de vigilancia epidemiológica para detectar pacientes colonizados/infectados. Las pruebas de confirmación molecular de las carbapenemasas son caras y requieren personal experto. Técnicas rápidas pueden facilitar el diagnóstico en el laboratorio. Nuestro objetivo es evaluar un nuevo kit rápido de diagnóstico para la detección de carbapenemasa OXA-48 Card Letitest (LETitest)

Material y métodos:

Desde mayo a septiembre del presente año se han recuperado en el Laboratorio de Microbiología del HRU de Málaga 86 aislamientos de *K. pneumoniae*, 23 (26.75%) con características fenotípicas de BLEE y 63 (73.25%) de carbapenemasas y/o BLEE.

Para la detección de enterobacterias productoras de BLEE las muestras se siembran en medio cromogénico chromid[®]ESBL (bioMérieux) y se incuban a 35-37°C, 24-48h. A las cepas seleccionadas se les realiza estudio de sensibilidad mediante el sistema comercial automatizado Vitek[®] (bioMérieux) y aquellas con CMI a ertapenem > 0,5 µg/mL (según criterios EUCAST) se les realiza el test modificado de Hodge. Para la confirmación del tipo de carbapenemasa se realiza PCR a tiempo real con Xpert[®] Carba-R (Cepheid) y se confirmaron mediante tipado en el Centro Nacional de Microbiología. La inmunocromatografía OXA-48 Card Letitest (O48 L) se realizó a partir de una suspensión de la colonia aislada siguiendo las indicaciones del fabricante.

Resultados

Las cepas productoras de carbapenemasas se aislaron de 46 (73,01%) frotis rectales de vigilancia y 17 (26,99%) muestras clínicas. De las 63 cepas productoras de carbapenemasa OXA-48, el 100 % de las mismas fueron positivas por inmunocromatografía coincidiendo con los resultados obtenidos mediante PCR. Además, se testaron 23 cepas BLEE no OXA-48 que resultaron negativas. Todas las cepas enviadas al CNM resultaron ser BLEE CTX-M15 y/o carbapenemasa OXA-48.

Conclusión:

- O48L es una técnica rápida, fácil y económica para la detección de carbapenemasa OXA-48 a partir de las colonias aisladas.
- O48L resulta una técnica útil para el manejo de los brotes hospitalarios.

Palabras clave: OXA-48

PO16. Actividad *in vitro* de colistina sola o combinada con rifampicina frente a *Klebsiella pneumoniae* productor de carbapenemasas.

M. Carmen Conejo 1, M^a Eugenia Pachón 2, Lara Serrano 3, Francisco Javier Caballero 3, Jesús Rodríguez Baño 1,4, Álvaro Pascual 1,4

1 Universidad de Sevilla, 2 Instituto de Biomedicina de Sevilla (IBIS)-Hospital Universitario Virgen del Rocío-Sevilla, 3 Fundación Pública Andaluza para la Gestión de la Investigación en Salud de Sevilla (FISEVI), 4 Hospital Universitario Virgen Macarena-Sevilla.

Objetivo:

Evaluar la actividad *in vitro* de colistina sola o combinada con rifampicina frente a *Klebsiella pneumoniae* productor de carbapenemasas.

Métodos:

Se incluyeron cuatro aislados clínicos de *K. pneumoniae* no relacionados clonalmente productores de las carbapenemasas VIM-1, IMP-22, OXA-48 (asociada a CTX-M-15) y KPC-3. Las CMI de colistina y rifampicina se determinaron por microdilución en caldo Mueller-Hinton. La asignación de categorías clínicas de colistina se hizo siguiendo los criterios de EUCAST. El estudio de la actividad de colistina, sola o asociada a rifampicina (a una concentración de 2 mg/L) se realizó mediante la técnica de curvas de muerte, usando colistina a concentraciones de 1xCMI, en el caso de cepas sensibles y las que definen el punto de corte de la categoría sensible en el caso de cepas resistentes.

Resultados:

Todos los aislados se mostraron sensibles a colistina (rango de CMI: 0,25-0,5 mg/L) excepto el productor de KPC-3, que presentó una CMI de >32 mg/L. Los valores de CMI de rifampicina fueron de 16 mg/L, para la cepa productora de IMP-22, 32 mg/L, para las cepas productoras de VIM-1 y OXA-48 asociada a CTX-M-15 y 64 mg/L para la productora de KPC-3. Mediante la técnica de las curvas de muerte, colistina sola, a una concentración de 1xCMI no consiguió inhibir el crecimiento de las cepas sensibles, detectándose mutantes resistentes a dicho antimicrobiano a las 24 h en todos los casos. La asociación de colistina con rifampicina se mostró sinérgica a las 24 h en todas las cepas, si bien sólo fue bactericida en el caso de la cepa productora de KPC-3. Además, rifampicina evitó la aparición de mutantes resistentes a colistina en las cepas sensibles. No obstante, en estas cepas se observó un cierto antagonismo con la combinación en los tiempos intermedios (3 y 6h).

Conclusiones:

Los resultados obtenidos con la asociación de colistina y rifampicina confirman la buena actividad de esta combinación frente a *K. pneumoniae* productor de KPC. El diferente comportamiento observado en las cepas productoras de otras carbapenemasas debe ser corroborado en ensayos *in vivo*.

Palabras clave: *K.pneumoniae*, carbapenemasas

PO17. Actividad *in vitro* de combinaciones de meropenem o fosfomicina con aminoglucósidos frente a *Klebsiella pneumoniae* productor de carbapenemasas.

M. Carmen Conejo 1, M^a Eugenia Pachón 2, Fernando Docobo 1, Paula Díaz-de Alba 3, Jesús Rodríguez Baño 1,3, Álvaro Pascual 1,3

1 Universidad de Sevilla, 2 Instituto de Biomedicina de Sevilla (IBIS)-Hospital Universitario Virgen del Rocío-Sevilla, 3 Hospital Universitario Virgen Macarena-Sevilla.

Objetivo:

Evaluar la actividad *in vitro* de combinaciones de meropenem o fosfomicina con aminoglucósidos frente *Klebsiella pneumoniae* productor de carbapenemasas.

Métodos:

Se incluyeron cuatro aislados clínicos de *K. pneumoniae* no relacionados clonalmente productores de las carbapenemasas VIM-1, IMP-22, OXA-48 (asociada a CTX-M-15) y KPC-3. La CMI de fosfomicina se determinó por dilución en agar y por microdilución en caldo, usando medio Mueller-Hinton suplementado con glucosa 6-P, mientras las de meropenem, ampicilina y gentamicina se determinaron por microdilución en caldo Mueller-Hinton con y sin glucosa 6-P. La asignación de categorías clínicas se hizo siguiendo los criterios de EUCAST. El estudio de la actividad combinada de los dos antimicrobianos se realizó mediante la técnica de curvas de muerte, usando los antimicrobianos a concentraciones de 1xCMI en el caso de cepas sensibles y las que definen el punto de corte de la categoría sensible en el caso de cepas resistentes.

Resultados:

Se observaron discrepancias entre los valores de CMI de fosfomicina por dilución en caldo y en agar, con valores más altos en el caso de la dilución en caldo, implicando el cambio de la categoría sensible a la resistente en tres de las cuatro cepas. Mediante la técnica de las curvas de muerte, ninguno de los antimicrobianos a 1xCMI consiguió inhibir el crecimiento de las cepas sensibles, con la excepción de ampicilina, que fue bactericida sobre el aislado productor de IMP-22 y gentamicina, con efecto bactericida sobre el aislado productor de OXA-48 y CTX-M-15. En los demás casos se observó recrecimiento a partir de las 6 horas. No hubo ninguna combinación con actividad bactericida sobre todas las cepas. Las combinaciones más efectivas fueron las de fosfomicina o meropenem con ampicilina, que fueron bactericidas frente a los tres aislados sensibles a ampicilina, evitando el recrecimiento observado con ampicilina sola a partir de las 6 horas en dos cepas. La única combinación con efecto sinérgico sobre el aislado productor de KPC-3 fue la de fosfomicina con gentamicina.

Conclusiones:

Los resultados obtenidos con las asociaciones de fosfomicina y meropenem, especialmente con ampicilina abren una posibilidad que debe ser adecuadamente evaluada.

Palabras clave: *K. pneumoniae*, carbapenemasas

PO18. Evaluación de un protocolo para la identificación precoz de pacientes potencialmente colonizados/infectados por *Klebsiella Pneumoniae* productora de CARBAPENEMASA (KPC)

José Pablo Mazuelas Teatino, Yolanda Ortega López, Ana Molleja García, Concepción Gómez-Alfárez Palma, Jacinto Carlos Plata Rosales

Hospital Infanta Margarita. Cabra. Córdoba.

Introducción

En 2013 tuvo lugar un brote de infección nosocomial por *Klebsiella pneumoniae* productora de carbapenemasa KPC en la UCI del Hospital Infanta Margarita. El caso inicial se vinculó epidemiológicamente con una paciente trasladada desde UCI de Hospital de Referencia (HR). Dicho brote se dio por finalizado en enero de 2014; sin embargo se estableció un protocolo para la identificación precoz de pacientes potencialmente colonizados o infectados con este microorganismo. Nuestro objetivo fue evaluar la utilidad del protocolo como medida de control de la diseminación intrahospitalaria del microorganismo y conocer la incidencia de colonización/infección.

Métodos

Estudio descriptivo de una serie de casos, registrada prospectivamente, con variables de sexo, edad, fecha y motivo ingreso, muestras, indicación aislamiento, etc. Casos: pacientes trasladados desde HR con al menos una estancia en UCI o antecedentes de infección/colonización. Se aplicaron medidas de aislamiento de contacto y se recogieron dos muestras de exudado rectal y otras localizaciones con sospecha de infección, al ingreso y semanalmente, hasta obtener tres muestras consecutivas negativas.

Aplicando la metodología de cribado de microorganismos multirresistentes ya existentes en nuestro laboratorio y apoyándonos en las recomendaciones de la SEIMC (Procedimientos en Microbiología, nº 26, 2ª Ed.), las muestras se sembraron en medios cromogénicos Brilliance (Oxoid). Ante el crecimiento de un aislado sospechoso se procedió a la identificación y antibiograma por microdilución (MicroScan®, Siemens) y detección de carbapenemasas por PCR (GeneXpert® Carba-R, Izaa).

Resultados

Desde marzo 2014 a agosto 2015 se identificaron 12 pacientes con riesgo de colonización/infección. Cinco fueron traslados directos desde HR y siete tenían antecedente de hospitalización. En los cinco traslados directos se aplicó aislamiento preventivo al inicio, se tomaron muestras de exudados y en ninguna de ellas se aisló microorganismo alguno. De los siete con antecedente de ingreso en HR, en tres de ellos había sido muy reciente, dentro de las 96 horas previas; esto facilitó su identificación y permitió aplicar correctamente el protocolo, de manera que las muestras resultaron negativas. En los otros cuatro el antecedente de hospitalización tuvo lugar en meses previos, por lo que ninguno se identificó como paciente de riesgo al ingreso; en tres se aisló *K. pneumoniae* KPC de muestras clínicas cuando presentaron signos de infección. Sólo uno de ellos había presentado al menos una estancia en UCI del HR. La incidencia de infección en la serie de casos presentada fue del 25% y en ningún paciente se identificó el estado de colonización.

Conclusiones

El protocolo fue más sensible en la identificación de casos por traslado directo o ingreso muy reciente. Los criterios establecidos no fueron suficientes para identificar precozmente a todos los pacientes con riesgo en el ingreso. Los pacientes con mayor riesgo de infección habían tenido antecedentes de hospitalización en HR en meses previos, independientemente de la estancia en UCI.

Palabras clave: *carbapenemasa, protocolo, incidencia*

PO19. Caracterización molecular y sensibilidad antibiótica de *STREPTOCOCCUS AGALACTIAE* en mujeres postmenopáusicas en el sur de España.

Inés Pérez Zapata, Ana Lara Oya, Julián Ceballos Mendiola, Javier Rodríguez Granger, Antonio Sampedro Martínez, José M^a Navarro Marí Servicio de Microbiología, H U Virgen de las Nieves

Introducción

Streptococcus agalactiae (estreptococo del grupo B, EGB) es cada vez más reconocido como un patógeno en las poblaciones de adultos, incluidos los ancianos. Los antibióticos son, por tanto, el tratamiento más adecuado. Una alternativa a esta estrategia sería la administración de una vacuna polisacáridica, por lo que es necesario conocer los serotipos capsulares y la caracterización molecular de las cepas circulantes. Son pocos los estudios que se han llevado a cabo en esta población.

Métodos

107 aislados de EGB fueron recogidos de exudados vagino-rectales procedentes de 600 mujeres postmenopáusicas. Se analizaron para su serotipo capsular mediante PCR multiplex, y la relación genética mediante Multilocus Sequence Typing (MLST). Además se determinó la sensibilidad a los antimicrobianos penicilina, eritromicina y clindamicina mediante difusión con disco (bioMérieux).

Resultados

La tasa de colonización fue 17,8%. El serotipo capsular III fue el predominante (34,6%), seguido del tipo V (22,4%). El secuenciotipo (ST) más frecuente fue el 19 (23,3%), seguido del 23 (18,7%), el 1 (16,8%) y el 17 (12,1%). Los aislamientos fueron agrupados en tres grupos filogenéticos fundados a partir de ST-19, ST-23 y ST-17. Todos los aislamientos fueron sensibles a la penicilina, mientras que se detectó resistencia a la eritromicina y clindamicina en el 23,4% y el 20,6% de los aislamientos, respectivamente.

Conclusiones

En nuestro medio, la tasa de colonización por EGB en mujeres postmenopáusicas es similar a la reportada en otras poblaciones estudiadas. La estructura de la población de estas cepas es muy diversa y contiene diferentes secuenciotipos. Estos datos pueden contribuir al futuro desarrollo de una vacuna polisacáridica para la prevención de la infección por EGB en los adultos mayores.

Palabras clave: *Streptococcus agalactiae*, MLST, postmenopáusicas

PO20. Variación en la resistencia a clindamicina en cocos Gram-positivos anaerobios.

Ángel Rodríguez-Villodres, María Reyes Vidal-Acuña, José Antonio Lepe, Javier Aznar

Servicio de Microbiología. Unidad Clínica de Enfermedades Infecciosas, Microbiología y Medicina Preventiva (UCEIMP). Hospital Universitario Virgen del Rocío. Sevilla.

Antecedentes/Objetivo

Los cocos Gram-positivos anaerobios están implicados en una gran variedad de infecciones (abscesos, infección intraabdominal, infección de partes blandas, osteomielitis, etc.) que pueden llegar a comprometer la vida del paciente. La clindamicina no es un antibiótico recomendado para tratar infecciones producidas por estos microorganismos, habiéndose reportado tasas de resistencia elevadas en los últimos años. Sin embargo, debido a la nueva clasificación taxonómica, podrían existir diferencias entre los géneros que componen este grupo de microorganismos. Además, el Clinical and Laboratory Standard Institute (CLSI) en su documento M11-A8 recomienda realizar una monitorización periódica para determinar los cambios que se producen en los perfiles de sensibilidad. Por todo ello, el objetivo de este estudio es comparar los perfiles de sensibilidad a la clindamicina entre las especies de cocos Gram-positivos anaerobios.

Métodos

El estudio comprendió el periodo 2009-2014 e incluyó 231 aislamientos de los cuales 154 se pudieron identificar a nivel de especie y 76 únicamente a nivel de género (*Peptostreptococcus* spp.). Las 10 especies estudiadas pertenecen a los géneros *Peptostreptococcus* (1), *Finegoldia* (1), *Peptoniphilus* (2), *Parvimonas* (1) y *Anaerococcus* (5). Los datos se obtuvieron del SIL de la unidad a través del sistema data warehouse Omnium y se procesaron con el programa Microsoft Excel 2007.

Resultados

Tabla 1. Porcentaje de aislamientos resistentes a la clindamicina.

Especies	Aislamientos resistentes
<i>Finegoldia magna</i> (70)	24 (34,3%)
<i>Peptoniphilus asaccharolyticus</i> (41)	16 (39%)
<i>P. harei</i> (8)	4 (50%)
<i>Parvimonas micra</i> (15)	0 (0%)
<i>Anaerococcus tetradius</i> (8)	0 (0%)
<i>A. prevotii</i> (1)	1 (100%)
<i>A. hidrogenalis</i> (1)	0 (0%)
<i>A. octavius</i> (1)	0 (0%)
<i>A. vaginalis</i> (1)	0 (0%)
<i>Peptostreptococcus anaerobius</i>	(9) 0 (0%)
<i>Peptostreptococcus</i> sp. (76)	10 (13,2%)
TOTAL	55 (23,8%)

Conclusiones

1. Existen diferencias en cuanto a la resistencia a la clindamicina dentro de los distintos géneros.
2. Las especies de los géneros *Finegoldia* y *Peptoniphilus* presentan tasas de resistencia elevadas a la clindamicina.
3. Ninguno de los aislados de *Parvimonas micra* es resistente a clindamicina y sólo *Anaerococcus prevotii* lo es dentro del género *Anaerococcus*.

Palabras clave: *Cocos Gram-positivos anaerobios, Clindamicina, Resistencia*

PO21. Bacteriemias por *Staphylococcus aureus* en el área de gestión sanitaria norte de Almería.

Luzón García, María Pilar, Bautista Marín, María Fe, Ortigosa Moreno, Elias, Martínez Martínez, Carmen María, Simonelli Muñoz, Guillermo, Jiménez Torres, Rafael

UGC Laboratorios. Hospital La Inmaculada. Área de Gestión Sanitaria Norte de Almería

Introducción:

Staphylococcus aureus es un patógeno de gran relevancia clínica y una causa frecuente de bacteriemia tanto a nivel hospitalario como en la comunidad.

Objetivo:

Conocer las características epidemiológicas de las bacteriemias por *S. aureus*, así como la sensibilidad a los principales antimicrobianos utilizados en el tratamiento antibiótico.

Material y métodos:

Estudio retrospectivo de las bacteriemias por *S. aureus* desde julio de 2012 a julio de 2015. Se analizaron las cepas de *S. aureus* aisladas a partir de muestras de sangre durante ese periodo. La identificación y determinación de la sensibilidad antimicrobiana a oxacilina (OX), levofloxacino (LEV), gentamicina (GN), clindamicina (CC), trimetoprim-sulfametoxazol (SxT), rifampicina (RF), vancomicina (VA), teicoplanina (TEI), linezolid (LZD) y daptomicina (DAP) se realizó mediante sistema automático Vitek®2 (Biomérieux). Se siguieron las recomendaciones del CLSI.

Resultados:

Se aislaron 49 cepas invasivas de *S. aureus* en el periodo de estudio. El 59.2% (29) de los pacientes eran hombres y el 40.8% (20) mujeres con edades comprendidas entre 12 días y 96 años, mediana de 69 años. El 67.3% de los hemocultivos positivos procedían de Urgencias, el 24.5% de Medicina Interna, el 4.1% de UCI y un 2% de Cirugía y Pediatría, respectivamente. El origen de la bacteriemia fue osteoarticular y de partes blandas en 10 casos, respiratorio en 7, relacionado con catéter en 5, cardiaco en 5 y 1 urinario; en 21 casos el origen fue desconocido. Hubo 39 cepas (79,6%) que fueron sensibles a oxacilina (SAMS) y 10 cepas (20.4%) que fueron resistentes (SAMR). EL 70% de los SAMR procedían de Urgencias. Los porcentajes de sensibilidad para SAMS y SAMR fueron respectivamente: LEV (92.3%/10%), GN (97.4%/ 100%), CC (89.7%/90%), SxT (92.3%/100%) y RF (97.4%/100%). Todas las cepas fueron sensibles a vancomicina, teicoplanina, linezolid y daptomicina, La CMI a vancomicina ha sido en todos los casos $\leq 1 \mu\text{g/ml}$ (63.3% CMI= $1 \mu\text{g/ml}$ y 36.7% CMI $\leq 0.5 \mu\text{g/ml}$).

Conclusiones:

1. El elevado porcentaje de cepas de SAMR aisladas de hemocultivos procedentes de Urgencias indica la elevada diseminación de estas cepas en la comunidad.
2. La mayor diferencia de sensibilidad entre SAMS y SAMR se observa en levofloxacino, con una alta tasa de resistencia en SAMR. Para el resto de antibióticos testados se obtienen buenos resultados de sensibilidad en todas las cepas estudiadas.
3. En el periodo de estudio no se ha encontrado ninguna cepa de *Staphylococcus aureus* con CMI a vancomicina $> 1 \mu\text{g/ml}$ en hemocultivos.

Palabras clave: *S. aureus*, Bacteriemia

PO22. Resistencias a Integrasa en el Hospital Virgen de la Victoria

Sena Corrales(1) , Viciano Ramos I(1), Delgado M (1), , Márquez M(1), , De la Torre J(2), , Torres Tortosa M(3), , Vergara A(4), , Roldán J(5). , Clavijo E(1)

(1)Servicio de Microbiología y Unidad de enfermedades Infecciosas. UGC Infecciosos Intercentros Málaga. (2). Unidad de enfermedades Infecciosas Hospital Costa del Sol. (3) Unidad de enfermedades Infecciosas Hospital Punta Europa (4) Unidad de enfermedades Infecciosas Hospital Puerto Real. (5) Unidad de enfermedades Infecciosas Hospital Antequera

Introducción/Objetivo:

En la actualidad hay comercializados tres fármacos inhibidores de la integrasa: Raltegravir, Elvitegravir y Dolutegravir. Nuestro objetivo ha sido analizar los pacientes a los que solicitó un estudio de resistencias a esta familia y las mutaciones seleccionadas.

Material y Método:

Hemos estudiado los pacientes VIH positivos a los que se realizó un estudio de resistencias genotípico a Integrasas entre los años 2012 y 2015 en nuestra área de referencia. La detección de resistencias se realizó con el kit de secuenciación de Siemens® , ViroSeq® Integrasa y GS Junior 454. La interpretación de la resistencia con el algoritmo de la red de SIDA 2013.

Resultados:

187 pacientes. 144 (77%) hombres, con edad media de 43 años, mediana de carga viral de 116977 copias/mL y mediana de CD4 de 439 células/ul. Naive 56 (30,6%), Primer fracaso 18 (9,8%), segundo fracaso 23 (13,6%), multifracaso 73 (39,9%) y abandono 13 (7,1). El 82,7% de pacientes portaban un virus con subtipo B.

Combinaciones de fármacos más frecuentes: Truvada–Raltegravir (19,7%), Etravirina-darunavir/rt-Raltegravir (8,2%), Etravirina-Raltegravir (4,1%), Darunavir/rt-raltegravir (4,1%), Truvada-darunavir/rt-raltegravir (4,1%), Kivexa-Raltegravir (3,3%), Truvada-Elvitegravir (3,3%) y el 7% incluyeron Maraviroc. 35 pacientes (24,1%) seleccionaron mutaciones de resistencia a integrasa (31 presentaron resistencia a Raltegravir, 28 resistencia a Elvitegravir y, 9 resistencia a Dolutegravir Mutaciones a Integrasa: N155H/S/T 14 (7,5%), Q148H/K/R 12 (6,4%), V72I 11 (5,9%), Y143C/H/R 8 (4,3%), V151A/Y 7 (3,7%), L74M 7 (3,7%), G140A/C/S 6 (3,2%), E138A/K 6 (3,2%), L101I 6 (3,2%), T97A 5 (2,7%), E92Q 3 (1,6%), E157Q 2 (1,1%), G163K/R 2 (1,1%), G193E 1 (0,5%), G118R 1 (0,5%) y S147G 1 (0,5%)

Pacientes con mutaciones a integrasa: 35 (18,71%). De ellos, pacientes en multifracaso: 21 (60%) segundo fracaso: 6 (17%), primer fracaso: 5 (14%), naive: 2 (5%) y abandono: 1 (3%). De ellos presentaban mutaciones a los fármacos acompañantes: 22 (62%) a fármacos análogos de nucleósidos, 15 (43%) a No análogos, y 19 (54%) a Inhibidores de la proteasa

Conclusiones:

La petición de estudios de resistencias a integrasa se realizó principalmente a pacientes en fracaso terapéutico, La selección de mutaciones de resistencias a esta familia se observó en pacientes con amplia experiencia al tratamiento antirretroviral y con mutaciones a los fármacos acompañantes. Dolutegravir mantendría sensibilidad en más de la mitad de los pacientes con resistencia a Raltegravir o Elvitegravir.

Palabras clave: *Integrasa, Resistencias*

PO23. Resistencias a los inhibidores de proteasa frente al VHC en pacientes con experiencia previa con triple terapia.

Natalia Chueca, Ana Belén Pérez, Marta Alvarez, Antonio Sánchez Alvarez, Josefa López Bueno, Maria Dolores Mérida, Federico García

Servicio de Microbiología. CHUG, Hospital San Cecilio, Instituto de investigación IBS.Granada.

Introducción

Las guías de práctica clínica de GEHEP-GESIDA son las primeras en considerar la posibilidad del rescate de pacientes que han sido tratados previamente con triple terapia con un inhibidor de proteasa (PR-IP), en caso en que se demuestre que no existen variantes asociadas a resistencia frente a los nuevos inhibidores de proteasa, Simeprevir o Paritaprevir. Nuestro objetivo ha sido conocer la prevalencia de RAVs en la proteasa en pacientes tras terapia con PR-IP

Pacientes y métodos

Estudio observacional que incluye pacientes con falta de respuesta a PR-IP y candidatos a retratamiento con combinaciones libres de interferón. Para la determinación de las RAVs hemos utilizado secuenciación poblacional, con primers específicos de genotipo de la región NS3, cubriendo los codones 1-181. Como RAVs, hemos valorado los cambios en las posiciones 36, 43, 55, 56, 80, 122, 155, 156, 168 y 170, como indica el reciente consenso publicado por Lontok et al (DOI: 10.1002/hep.27934, Julio 2015). En aquellos pacientes infectados por VHC-G1a investigamos también las RAVs en NS5A (codones 1-99; RAVs en 28, 29, 30, 31, 32, 58, 62, 92 y 93).

Resultados

Entre Julio y Septiembre de 2015 se han incluido 9 pacientes, 6 tratados con PR-Telaprevir y 3 con PR-Boceprevir, todos varones, con una mediana de edad de 52 años (IQR 50-56), y una mediana de CV-VHC en el momento de la determinación de resistencias de 5,86 logs (IQR 5,58-6,77). Cinco pacientes eran VHC-G1a, cuatro VHC-G1b, y 5 estaban coinfectados por VIH. La mediana del tiempo transcurrido desde fin de tratamiento con PR-IP fue de 36 meses (33,75-48,75). Ningún paciente con HCV-G1a presentó Q80K en proteasa, 2 presentaron S122G (RAV relacionada con Simeprevir), y 1 paciente presentó V36M y R155K (resistencia de clase a todos los IPs); en estos pacientes no se detectaron RAVs asociadas a los inhibidores de NS5A. Entre los 4 pacientes HCV-G1b, sólo en 1 se detectó S122G.

Conclusiones

La determinación de resistencias en la proteasa del VHC, en pacientes que no consiguieron respuesta viral sostenida a triple terapia con Telaprevir o Boceprevir, es una herramienta útil para considerar posibles opciones de rescate basados en Paritaprevir o Simeprevir.

Palabras clave: VHC, resistencias, IP

PO24. Detección de variantes asociadas a resistencias basales en NS3 de VHC y filogenia viral de pacientes con genotipo 1 en España

Chueca N.1, Pérez A.B.1, Álvarez M.1, Rivadulla I.2, Fernández-Alonso M.3, Sánchez A.1, Mérida M.D.1, López-Bueno J.1, Aguilera A.2, García F.1

1Servicio de Microbiología. Complejo Hospitalario Universitario Granada. Centro PTS-San Cecilio. 2Servicio de Microbiología. Complejo Hospitalario Universitario de Santiago de Compostela. 3Servicio de Microbiología. Clínica Universitaria de Navarra.

Antecedentes y objetivo

Los inhibidores de NS3/4a simeprevir y paritaprevir, utilizados para el tratamiento de la hepatitis C en España, pueden ver alterada su actividad debido a variantes asociadas a resistencias (RAVs) de la región NS3 viral, aunque esta relación esté poco clara hoy en día. Hemos investigado la prevalencia de RAVs en pacientes infectados por genotipo 1 en España y la filogenia viral de cepas de genotipo VHC-1 de pacientes españoles en relación con circulantes en otras partes del Mundo.

Métodos

Estudio retrospectivo observacional incluyendo pacientes de Andalucía, Levante, Galicia y Navarra. Se realizó secuenciación Sanger de la región NS3, se evaluaron las RAVs utilizando el algoritmo geno2pheno-HCV (<http://hcv.bioinf.mpi-inf.mpg.de>) y se registró la resistencia a simeprevir y paritaprevir. La filogenia con máxima verosimilitud se realizó usando secuencias NS3 de España, Norte América y Europa.

Resultados

Se incluyeron 254 pacientes, 80% varones, con una media de edad de 46 años y un log₁₀ de carga viral basal medio de 6,39 (IQR 6,12-6,76). Entre los 219 pacientes con genotipo VHC-1a, se detectaron RAVs en 60 pacientes (27,4%): V36A, n=1 (0,5%); V36M, n=7 (3,2%); Y56H, n=1 (0,5%), Q80K, n=21 (9,6%); S122G, n=16 (7,3%); S122R, n=2 (0,9%); R155K, n=4 (1,8%); D168A, n=4 (1,8%); D168E, n=8 (3,7%); D168 H, n=2 (0,9%); D168V, n=2 (0,9%); D168Y, n=2 (0,9%), y V170T, n=2 (0,9%). La mayoría de los pacientes VHC-1a pertenecían a clado II (n=172, 78,2%). La mutación Q80K resultó significativamente más prevalente ($p < 0,001$) en clado I que en clado II (37,5% vs 2,3%) y no se encontraron otras RAVs asociadas al clado I. Los pacientes infectados por genotipo 1b fueron 35 y las RAVs basales fueron detectadas en 5 de ellos (14,3%): Q80R, n=1 (3%); S122A, n=1 (3%); S122T, n=3 (8,6%) y D168E, n=1 (3%). 25/254 pacientes, todos VHC-1b, mostraron resistencia a paritaprevir, y 60 pacientes (23.5%) mostraron resistencia a simeprevir (56 pacientes VHC-1a y 4 VHC-1b). Las secuencias de VHC-1a clado I fueron interrelacionadas entre los aislados españoles y con secuencias de Italia, Alemania y Norte América; mientras que las del clado II se interrelacionaron con secuencias de Italia, Alemania y Suiza.

Conclusiones

- Las RAVs basales en NS3 fueron más frecuentes en genotipo 1a y la prevalencia de Q80K fue baja en la población española, posiblemente debido al predominio de aislados de clado II.
- Las múltiples introducciones desde distintas regiones geográficas podrían explicar la elevada variabilidad del virus encontrada en España.

Palabras clave: resistencia viral, ns3, filogenia vhc

PO25. Detección del polimorfismo Q80K en la proteasa NS3 del genoma del VHC de genotipo 1a por PCR alelo específica a Tiempo Real

Chueca, N (1), Fernández--Caballero J (1), Álvarez M (1), Sánchez A (1), Mérida MD (1), López--Bueno J (1), Sierra S (2), Kaiser R2 (2), García F (1)

(1): Lab. Microbiología Complejo Univ de Granada. Hospital San Cecilio. Instituto de Investigación Biosanitaria Ibs. Granada, Spain.(2): Institute of Virology, University of Cologne, Cologne, Germany

Introducción:

Según recomendaciones de AASLD-IDSA, los pacientes con VHC de genotipo 1^a que van a iniciar tratamiento con Simeprevir necesitan conocer si presentan el polimorfismo Q80K en el genoma de la proteasa (NS3); cirróticos 1a que van a empezar Sofosvuir+Simeprevir (Optimist-2) y pacientes 1a que han fallado a AADS y que tienen necesidad urgente de retratamiento. Para la detección de Q80K se emplean técnicas de secuenciación tipo Sanger

Objetivo:

Desarrollar una técnica más rápida y más sencilla que la secuenciación tipo Sanger para la detección del polimorfismo Q80K

Pacientes y método:

Se emplearon 132 muestras de pacientes con VHC de genotipo 1a atendidos en el Complejo Hospitalario Universitario de Granada desde 2011 a 2015 para el "training set". Para el "validation set" se empleó un panel de secuencias procedentes del Instituto de Virología de la Universidad de Cologne. Como técnica "gold estándar" se empleó la secuenciación Sanger de la proteasa NS3 (codons 10 a 181). Las secuencias obtenidas se analizaron por geno2pheno[HCV] (<http://hcv.bioinf.mpi-inf.mpg.de>). Se diseñó PCR-alelo específica Q80K que detecte tanto los variantes AAA/AAG que codifican para Q80K (mutante) como las variantes CAA/CAG que codifican para el fenotipo Q80 (wild type) según Temperatura Melting.

Resultados:

Con el "training set" detectó 10 pacientes con el polimorfismo Q80K, este dato nos informa de una tasa de prevalencia del 7,6% de Q80k para pacientes con genotipo 1a. La PCR alelo específica detectó todos los polimorfismos Q80K. Teniendo en cuenta los clados descritos en NS3 para genotipo HCV 1^a encontramos que el Clado II es el más prevalente (n=106; 80%) y el polimorfismo Q80K se detectó en 2 casos para el Clado II y en 8 casos para el Clado I (p<0.001). Con el "validation set" de 48 muestras que consistió de 26 con polimorfismo Q80K (22 con la variante AAA; 3 AAG; 1AAR) se detectaron todas las variantes excepto para 1 caso de variante AAA. Los valores obtenidos con la PCR alelo específica de sensibilidad son 97%, de especificidad un 99%, de valor predictivo positivo un 97% y de valor predictivo negativo es un 99%. CONCLUSIONES: Hemos desarrollado una PCR alelo específica en tiempo real que detecta la mutación Q80K con una sensibilidad del 97% que es fácil de realizar como alternativa a la secuenciación tipo Sanger.

Palabras clave: resistencias VHC, PCR tiempo real

PO26. Aplicabilidad del diagnóstico molecular rápido en biopsia

Alejandro Peña Monje, Paz Casas Hidalgo, Natalia Chueca Porcuna, M^a Dolores Merida, Josefa López Bueno, Antonio Sanchez Alvarez, Federico García García

Servicio de Microbiología Clínica, Hospital Universitario San Cecilio. Granada

Introducción

En este trabajo hemos utilizado el sistema Prove-it[®] Bone & Joint (Mobidiag), una PCR con posterior hibridación que permite detectar un panel de 57 especies bacterianas (18 gram positivos y 39 gram negativos) y 3 genes de resistencia (*mecA*, *vanA* y *vanB*), como herramienta para el diagnóstico molecular en microbiología clínica.

Material y métodos

Se analizaron 24 muestras (16 biopsias y 8 abscesos), pertenecientes a 16 pacientes (62.5% varones 10/16; edad 64.94±12.99 años; 43,8% cirugía vascular; 25% traumatología; 31.2% cirugía general), a los cuales se les realizó de forma paralela al cultivo bacteriano estándar más una determinación PCR-Prove-it[®]. Previamente al cultivo las muestras fueron sonicadas durante 15 minutos. Para la identificación de los aislamientos en cultivo se utilizó la espectrometría de masas maldiToF[®]. La técnica de PCR permite la obtención de resultados en un tiempo aproximado de 3 horas y media.

Resultados

A través del cultivo estándar, fuimos capaces de aislar algún microorganismo en el 50% de los pacientes (8/16). Mediante PCR Prove-it[®], obtuvimos resultados positivos en el 75% (12/16). Todos los casos negativos por cultivo (4/16) también lo fueron por diagnóstico molecular (4/4). En todos los casos cultivo positivo, el diagnóstico molecular fue concordante, si bien se detectó ADN de microorganismos no detectados en el cultivo en 6/8 casos. Los 4 casos negativos por cultivo convencional en que se detectó ADN bacteriano se correspondieron con *Streptococcus pyogenes* (Infección prótesis cadera), *Campylobacter jejuni*, *Staphylococcus epidermidis* (Sinovitis crónica), *Strept. pyogenes*, *Staph epidermidis* (Biopsia intestinal), y *E. faecalis* (Biopsia pie diabético)

Conclusiones

La técnica Prove-it[®] Bone & Joint acorta el tiempo hasta los resultados en el diagnóstico microbiológico, permite la recuperación de microorganismos que no se identifican por cultivo, y la detección de un mayor número de infecciones mixtas, aunque el significado clínico de este hallazgo debe ser evaluado.

Palabras clave: PCR, bacteriología, diagnóstico rápido

PO27. FTD Bacterial Pneumonia_CAP (FAST-TRACK DIAGNOSTIC) frente al cultivo Estándar en el diagnóstico de neumonía comunitaria.

J.Guzmán, M.Causse, R.Tejero, I.Gracia, F.Rodríguez-López., M.Casal.

Hospital Universitario Reina Sofía, Córdoba

Introducción y objetivos:

Las infecciones del tracto respiratorio inferior son una de las más habituales tanto nosocomiales como comunitarias. El agente causal preciso se desconoce en más de la mitad de los pacientes. El objetivo consiste en evaluar la técnica de PCR multiplex FTD Bacterial pneumonia_CAP (Fast-track DIAGNOSTIC) para la detección semi-cuantitativa de los principales microorganismos relacionados con la neumonía en la comunidad frente al cultivo estándar.

Material y métodos:

Se han seleccionado aleatoriamente las muestras del tracto respiratorio inferior (BAS,BAL y esputo) recibidas en el Hospital Universitario Reina Sofía de Córdoba para estudio de neumonías que solicitaban cultivo durante un período de 5 meses. El cultivo de la muestra se realizó siguiendo el procedimiento habitual del laboratorio. El análisis molecular se realizó siguiendo el protocolo de la técnica que detecta *S. pneumoniae*, *S.aureus*, *H. influenzae*, *M.catarrhalis*, *Legionella spp*, *C. pneumoniae*, y *M. pneumoniae*. Se analiza la concordancia entre la técnica molecular y el cultivo de *S. pneumoniae*, *S.aureus*, *H.influenza*, y *Moraxella catarrhalis*. Los datos fueron analizados en el programa SPSS® versión 20.

Resultados:

Se han procesado 107 muestras respiratorias correspondientes a una por paciente. Tipos de muestras: Esputo 72(67,3%), BAS 30 (28%) y BAL 5(4,7%). Resultados cultivo: 47 (43.9%) fueron negativas o positivas a microorganismos no detectables por la PCR, y 60 (56.1%) positivas para los microorganismos cultivables estudiados.

Los resultados de la técnica molecular fueron: 38 (35.51%) coinciden con resultado negativo y 49 (45.79%) como positivo detectando 34(31.77%) *S.aureus*, 4(3.74%) *S.pneumoniae*, 12(11.21%) *H.influenzae* y 1(1%) *M.catarrhalis*. En 18 de ellas la PCR detectó simultáneamente más de uno de los microorganismos anteriores.

De las 20 muestras restantes: 9(10%) fueron Falsos positivos en los ciclos finales de la PCR (Cts mayores de 30 ciclos). 7(6.54%) muestras fueron Falsos negativos en la PCR , no detectando 6 *S.aureus* y 1 *S.pneumoniae*. Otras 4(3.74%) muestras tuvieron resultado discordante en el microorganismo aislado.

Conclusiones:

Se presenta como una técnica rápida, de fácil realización, que puede ayudar a orientar en el tratamiento antibiótico inicial, mejorando el tiempo de respuesta en 24-48 horas. Los resultados de nuestra serie son concordantes con los obtenidos en el cultivo. En 9 muestras se rescataron microorganismos con cultivos negativos y en 16 se detectaron varios microorganismos cuando el cultivo fue monomicrobiano. Se necesita un estudio más amplio para analizar los Cts a los que se detectan los distintos microorganismos en comparación con los recuentos obtenidos en el cultivo.

Palabras clave: *Neumonía , FTD_Bacterial_Pneumonia_CAP,, cultivo*

PO28. Identificación de microorganismos a partir de muestra directa de orina mediante MALDI-TOF.

Rocío Sáinz Rodríguez, Miriam Valverde Troya, María Concepción Mediavilla Gradolph, Inmaculada de Toro Peinado, María Pilar Bermúdez Ruiz, Begoña Palop Borrás

Servicio de Microbiología Hospital Regional Universitario Málaga

Introducción

Las infecciones del tracto urinario (IU) constituyen una de las patologías infecciosas más frecuentes tanto en el ámbito comunitario como el hospitalario. El diagnóstico microbiológico de las IU tiene lugar entre las 24-48 horas tras la recepción de la muestra.

En los últimos años se ha implementado el uso en los laboratorios de Microbiología de la espectrometría de masas, MALDI TOF MS para la identificación de las especies bacterianas. Aprovechando esta tecnología se pretende evaluar la utilización de la misma para el diagnóstico de IU.

Objetivos:

Evaluar el grado de concordancia entre la espectrometría de masas MALDI TOF directamente a partir de muestras de orina y el cultivo.

Material y métodos:

Desde julio a septiembre de 2015 se han recibido 5.985 muestras de orina en el Laboratorio de Microbiología del HRU de Málaga. De estas se han seleccionado 202 pertenecientes a pacientes atendidos en urgencias con probable diagnóstico de IU (clínica compatible y leucocituria). Se cultivaron en agar sangre y agar MacConkey (Becton Dickinson) durante 18-24h a 35-37°C en atmósfera aeróbica. La identificación bacteriana de las colonias aisladas, se realizó mediante espectrometría de masas MALDI TOF Microflex (Bruker Daltonics, Bremen-Germany). Para el diagnóstico de muestra directa mediante MALDI TOF se procede previamente a un procedimiento de centrifugación y extracción etanol/ácido fórmico según el protocolo de Ferreira et al (2010) modificado.

Resultados:

De un total de 202 cultivos de orinas realizados, 112 (55.45%) fueron positivos con un recuento mayor de 105 ufc/ml, de las cuales 84 (75%) se identificaron correctamente por MALDI-TOF a partir de muestra directa (54.76% con score >2.000, 17.85% 2.000-1.700 y 27.38% 1.700-1.500). De los 84 cultivos positivos se aislaron 75 BGN (73 enterobacterias y 2 Pseudomonas), 7 CGP (4 enterococos y 3 estafilococos) y 2 Candida albicans. De las 28 muestras no identificadas por MALDI-TOF se aislaron 25 BGN (22 enterobacterias y 3 P. aeruginosa) y 3 CGP. Los 90 (44.55%) cultivos negativos o con un recuento <105 coincidieron con resultados no concluyentes en MALDI-TOF (score <1500 o ausencia de picos).

Conclusiones:

- MALDI-TOF es una técnica rápida, fiable y capaz de identificar microorganismos con recuentos ≥ 105 ufc/ml en muestras de orina.
- El 75% de las orinas positivas en nuestra casuística pueden ser identificadas mediante la tecnología MALDI TOF en muestra directa.
- MALDI TOF y el conocimiento de los patrones de sensibilidad locales permite instaurar un tratamiento precoz dirigido.

Palabras clave: MALDI-TOF, IU

PO29. Diagnóstico molecular de infecciones de transmisión sexual en un centro de ITS en Granada en un periodo de 8 meses

Marta Álvarez (1), Jose Luis Cabrera (1), Ana Belén Pérez (1), Antonio Sánchez (1), María Dolores Mérida (1), M Angeles Espigares (1), Esperanza Castro (2), Paloma Nogueras (2), Federico García (1) (1) Servicio de Microbiología, Complejo hospitalario universitario Granada-Hospital San Cecilio-PTS; (2) Centro de Infecciones de Transmisión sexual, Hospital San Juan de Dios, Granada

Introducción:

La implementación de nuevas técnicas moleculares para la detección de infecciones de transmisión sexual ha facilitado en gran medida el diagnóstico microbiológico de las mismas. En el presente año, hemos implantado una nueva técnica molecular en el servicio de Microbiología que permite la detección simultánea de siete patógenos. Nuestro objetivo ha sido analizar los resultados hasta ahora obtenidos con muestras procedentes del Centro de Infecciones de Transmisión Sexual de Granada.

Métodos:

Desde la implantación de la nueva técnica en el Hospital Universitario Granada (San Cecilio-PTS), se han analizado muestras endocervicales, uretrales, anales, orinas y faríngeas mediante una técnica de PCR múltiple que detecta *Chlamydia trachomatis*, *Neisseria gonorrhoeae*, *Mycoplasma genitalium*, *Ureaplasma parvum*, *Ureaplasma urealyticum*, *Trichomonas vaginalis* y *Mycoplasma hominis*. La técnica utilizada fue Fast-track Urethritis Plus en el equipo CFX96 Touch™ Real-Time (Izasa). El periodo de estudio ha sido desde febrero a septiembre de 2015.

Resultados:

Se analizaron 976 muestras pertenecientes a 550 pacientes, 30.2% mujeres y 69.7% hombres, con una mediana de 30 años de edad [IQR: 24-38]. Las muestras analizadas fueron 16.8% endocervicales, 23.3% uretrales, 13.4% anales, 8% orinas y 38.4% faríngeas. La prevalencia de cada patógeno fue de: 28.8% de *Ureaplasma parvum*, 21.5% de *Ureaplasma urealyticum*, 20.2% de *Mycoplasma hominis*, 11.1% de *Chlamydia trachomatis*, 6.4% de *Mycoplasma genitalium*, 5.3% de *Neisseria gonorrhoeae* y 4.7% de *Trichomonas vaginalis*. Por localización, el origen mayoritario de las *Chlamydias trachomatis* fue en orina (11.5%), seguido de cerca por endocervix, anal y uretral. Para *Trichomonas vaginalis* fue el endocervical (5.5%) y para gonococo el anal y faríngeo (4.6 y 4.5%). *Mycoplasma hominis* y *Ureaplasma parvum* se aislaron sobre todo en muestras endocervicales (25% y 66.5%), mientras que *Mycoplasma genitalium* y *Ureaplasma urealyticum* en muestras anales (7.6% y 21.4%).

Conclusiones:

En el periodo analizado, ha destacado la alta prevalencia en general de todas las infecciones, destacando por su importancia *Chlamydia*, gonococo y *Trichomonas*, si bien hemos de tener en cuenta la población analizada (ITS). La implementación de esta nueva técnica en el laboratorio ha facilitado en gran medida el diagnóstico microbiológico de las infecciones de transmisión sexual.

Palabras clave: *Infecciones de transmisión sexual, PCR a tiempo real*

PO30. Determinación de un punto de corte para evitar pruebas adicionales en el diagnóstico de la sífilis

José Luis Cabrera Alarcón, Paz casas Hidalgo, Juan Luis Recio López, Fernando García García

Servicio de Microbiología y Parasitología Hospital Universitario San Cecilio. Granada

Introducción:

La sífilis es una enfermedad de transmisión sexual, cuyo agente etiológico, *Treponema pallidum*, es una bacteria no cultivable. En consecuencia, el diagnóstico de la enfermedad es principalmente serológico. El algoritmo establecido consiste en un test treponémico de screening, seguido, en caso de screening positivo, de una prueba no treponémica y una segunda prueba treponémica.

Objetivo:

Analizar posibilidades de optimización, aportando un segundo punto de corte para la detección de casos verdaderos positivos, sin necesidad de realizar una segunda prueba treponémica de confirmación. Material y métodos: Estudio analítico, observacional, retrospectivo sobre la población de pacientes valorados serológicamente para la detección de sífilis, que resultaron positivos por CLIA (Architect Abbott), desde abril a noviembre del año 2014, en el Hospital Universitario San Cecilio. A estos casos positivos se les realizó una segunda prueba treponémica, FTA, salvo en aquellos que habían sido diagnosticados previamente. Se estableció un segundo punto de corte dentro de los positivos para el screening, por análisis ROC, utilizando el paquete estadístico SPSS.

Resultado:

De los pacientes valorados, 265 fueron positivos para el screening. De estos, 81 pacientes tenían un diagnóstico previo, 158 fueron nuevos casos confirmados por una segunda prueba treponémica, 26 fueron negativos. El análisis ROC (AUC=94.7%, $p < 0.001$) nos dio un punto de corte de 7.845 en el CLIA, fijando la especificidad al 100 % y la sensibilidad en 80.7 %. La utilización de dicho punto de corte implicaría un ahorro de 129 pruebas de FTA.

Palabras clave: *Sífilis, Diagnóstico, FTA*

PO31. Utilidad de la PCR en el diagnóstico de la infección por CLOSTRIDIUM DIFFICILE en el laboratorio.

Pedro Camacho Martínez, María Reyes Vidal Acuña, Ana María Rodríguez Rey, Javier Aznar Martín

Introducción:

Clostridium difficile (CD) es un bacilo Gram positivo, esporulado y anaerobio estricto. Pertenece a la microbiota intestinal de individuos sanos (1-3%) y de pacientes hospitalizados (>20%), siendo causa de diarrea nosocomial y colitis pseudomembranosa. El cuadro clínico se debe al uso extendido de antibióticos y está mediado por la acción de las toxinas A y/o B.

La mayoría de los algoritmos diagnósticos de la infección por CD en el laboratorio de Microbiología se basan en tres pasos: utilizan como prueba de cribado la detección de la enzima glutamato deshidrogenasa (GDH) por su elevada sensibilidad. Su escasa especificidad es completada con la detección de las toxinas A y/o B, utilizando el kit inmunoenzimático C.Diff QUIK CHEK Complete assay (TechLab®, Blacksburg, Vancouver). Finalmente las pruebas moleculares, que detectan los genes que codifican las toxinas A y/o B, permiten aclarar los casos discordantes (GDH+/TOX- o GDH-/TOX+).

Objetivo:

Valorar el impacto que ha supuesto la introducción de la PCR de CD en el algoritmo diagnóstico de nuestro hospital.

Material y método:

Se incluyen en el estudio todas las peticiones para estudio de CD remitidas al laboratorio desde Agosto/2013 (fecha de introducción de la PCR en la cartera de servicio) hasta el 15/Septiembre/2015. Como técnica de cribado se usó un ensayo inmunoenzimático que detecta GDH y toxinas A y B: C.Diff QUIK CHEK Complete assay (TechLab®, Blacksburg, Vancouver) y como técnica de confirmación se usó una PCR: GenomEra C.difficile assay (Abacus Diagnostica®, Finlandia). Los datos se obtuvieron a partir del software Omnim del sistema Omega de Roche Diagnostics.

Resultados:

Durante el período de tiempo estudiado se procesaron en el Laboratorio de nuestra área hospitalaria un total de 2846 muestras de las cuales 2430 (85.4%) fueron negativas, 127 (4.5%) positivas y 289 (10.1%) indeterminadas: 5 GDH-/TOX+ y 284 GDH+/TOX-. Los resultados indeterminados, fueron analizados mediante la técnica de confirmación PCR obteniéndose: 138 (47.8%) positivas, 144 (49.8%) negativas y 7 (2.4%) de las muestras finalmente no pudieron ser analizadas mediante PCR. El balance global ascendió a un total de 265 casos positivos, 2574 casos negativos y, tan sólo, 7 casos con resultado indeterminado.

Conclusiones:

Las pruebas moleculares, que detectan los genes que codifican las toxinas A y/o B, permiten aclarar los casos discordantes (GDH+/TOX- o GDH-/TOX+), permitiendo aumentar aproximadamente un 10% la especificidad en el diagnóstico de la infección por CD de nuestro área hospitalaria desde su introducción en nuestro Laboratorio.

Palabras clave: *toxina, clostridium difficile*

PO32. Bacteriemias por *STREPTOCOCCUS PNEUMONIAE* e impacto de la vacuna antineumocócica: ¿Existen variaciones en los serotipos tras su implementación?

García C., Viñuela L., Sena G., García MV., Ortega M., Mora L., Viciano I., Clavijo E.

Hospital Virgen de la Victoria (Málaga).

Introducción:

Streptococcus pneumoniae es el agente etiológico más frecuente en neumonía extrahospitalaria, así como una causa importante de sinusitis, otitis media, bronquitis y de infecciones bacterianas invasivas como meningitis y bacteriemias.

Objetivos:

Caracterizar la enfermedad invasiva en *S. pneumoniae*, analizar la sensibilidad antimicrobiana y prevalencia de los serotipos implicados, para valorar el impacto de la vacuna en nuestro medio.

Material y métodos:

Estudio retrospectivo de todas las cepas aisladas en muestras invasivas (hemocultivos y LCR) desde 2001 a 2015. El sistema de hemocultivos utilizado ha sido el BD BACTEC 9600 (Becton-Dickinson). Se serotiparon 264 cepas (Instituto Nacional de Salud Carlos III). El estudio de susceptibilidad antimicrobiana se llevó a cabo mediante disco placa y E-test, y la interpretación según CLSI. Se realizó la antigenuria de 107 casos. El análisis estadístico se realizó con el paquete estadístico SPSS 20.

Resultados:

De los 390 pacientes estudiados, 69,7% fueron hombres, con edad media de 60 años, procedentes de Urgencias (73,7%), seguidos de S. médicos (19,6%) y UMI (6,8%). La infección más frecuente fue extrahospitalaria (91,3%), y los cuadros clínicos, NAC (59,6%), sepsis y/o shock séptico (19,5%) y meningitis (11,3%). La estancia media hospitalaria fue de 15 días. La mortalidad cruda fue 25,6%, asociada a NAC (38%), a sepsis y/o shock séptico (46%) y meningitis (12%). El 90,5% de los casos se aisló en hemocultivos y el 9,5% en LCR. De las 107 antigenurias realizadas, 70,1% fueron positivas. La sensibilidad a penicilina y a cefotaxima para localizaciones no meníngeas fue 89% y 96,9%, respectivamente, y para localización meníngea 75,7% para penicilina y 94,6% (5,4% I) para cefotaxima. La sensibilidad al resto de antimicrobianos fue: eritromicina (77,5%), tetraciclinas (77,9%), clindamicina (82,6%), levofloxacino (98,9%). En cuanto a los serotipos más frecuentes antes de la incorporación de la vacuna trecevalente fueron: 1 (18,3%), 8 (13,3%), 19A (10%), 7F (6,7%), 3 (5%) y 14 (3,3%), y en los últimos cinco años: 8 (21,4%), 9N (14,2%), 19A (14,2%), 3 (8,9%), 7F (7,1%) y 23B (5,3%). La mortalidad bruta en este último período es 27,9%, el 58,3% correspondían a 19A (25%), 23B (100%) y 3 (40%). Relacionados con meningitis, NAC y sepsis.

Conclusiones:

El impacto de la vacuna en nuestro medio ha hecho que serotipos muy frecuentes antes, como el 1 (18,3%), tiendan a desaparecer (1,8%) y aparezcan nuevos serotipos como 23B, con una mortalidad del 100%, y 9N.

Palabras clave: *S.pneumoniae*, serotipos, sensibilidad sepsis.

PO33. Infecciones urinarias por *Actinobaculum schaalii*

Arca Suarez, J, De la Rubia Martín, F, Trujillo Soto, T, Guerrero Lozano, I, Galán Sánchez, F, Rodríguez Iglesias M

UGC de Microbiología y Enfermedades Infecciosas, HU Puerta del Mar, Cádiz

Antecedentes/objetivos

Actinobaculum schaalii es un microorganismo descrito por primera vez en 1997, que en los últimos años, gracias a técnicas de biología molecular y proteómicas, como la espectrometría de masas se ha identificado con mayor facilidad y frecuencia, quedando bien establecido su papel responsable de infecciones urinarias. Presentamos 5 casos de aislamiento de *Actinobaculum schaalii* en cultivos de orina, y distintas características demográficas y clínicas de los pacientes de los que procedían

Métodos

Cada muestra de orina se cultivó en una placa de agar sangre de carnero de forma cuantitativa y en una placa de Cled mediante reaislamiento, incubándose ambas placas a 37°C en atmósfera ambiental durante 24 horas (si después de ese tiempo sólo se apreciaban colonias puntiformes apenas visibles, la placa de agar sangre se reincubaba 24 horas más). La identificación del microorganismo se hizo mediante tinción de Gram, prueba de la catalasa y espectrometría de masas MALDI-TOF (Bruker Daltonik). En las respectivas historias clínicas se consultó las características del sedimento urinario, edad, sexo, y posibles enfermedades subyacentes.

Resultados

A las 24 horas de incubación, en placas de agar sangre crecieron colonias pequeñas, grisáceas, casi transparentes, no hemolíticas, en cultivo puro y número igual o mayor a 10⁵ ufc/ml. La tinción de Gram mostró cocobacilos finos algo curvados grampositivos, la prueba de la catalasa fue negativa y MALDI-TOF identificó el microorganismo como *Actinobaculum schaalii* con un score fiable. El sedimento urinario presentó importante leucocituria y ausencia de nitritos en 4 casos (en el caso 5 no constaba que se hubiera hecho sedimento.) Respecto al sexo y la edad, dos pacientes pediátricos eran niñas (3 y 10 años) y tres ancianos de sexo masculino (>85 años). En cuanto a otras patologías asociadas, 3 de los casos estudiados presentaban alteraciones urológicas como hipertrofia prostática o requerían sondaje.

Conclusiones

En resumen, es importante no infravalorar los sedimentos urinarios con leucocituria y test de nitritos negativo, teniendo en cuenta la posibilidad de patógenos como *Actinobaculum schaalii* en determinados tipos de pacientes. Es necesario incubar las placas de urocultivos un periodo mínimo de 24 horas, procediendo a reincubarlas si no han cumplido dicho periodo. La espectrometría de masas puede identificar con rapidez y precisión microorganismos exigentes de lento crecimiento y difícil diagnóstico como *Actinobaculum schaalii*, abriendo nuevas perspectivas a los agentes etiológicos de infecciones urinarias en pacientes pediátricos y ancianos, así como en aquellos con patología asociada del tracto urinario.

Palabras clave: *Actinobaculum*, MALDI, Infecciones urinarias, sedimento urinario.

PO34 Estudio de la sensibilidad a Tigeciclina y Colistina en combinación en un brote de *Acinetobacter baumannii* multirresistente.

María de la Paz Casas Hidalgo, Alejandro Peña Monje, José Luis Cabrera Alarcón, Juan Luis Recio López, Santiago Pérez Parra, Natalia Chueca Porcuna

Complejo Hospitalario Universitario Granada. Hospital Universitario San Cecilio. Servicio de Microbiología. Instituto de Investigación Ibs.GRANADA

Antecedentes/Objetivo:

Recientemente se ha comunicado que la alta concentración de manganeso de los medios de Mueller Hinton (MH) comerciales puede inactivar la actividad de la Tigeciclina. Tras un brote causado por *Acinetobacter baumannii* productor de OXA-51 y OXA-23, se comparó la actividad de Tigeciclina en medio MH comercial y en medio MH fresco. Además se estudió la posible sinergia Tigeciclina/Colistina como posible tratamiento frente a estas cepas multirresistentes.

Métodos:

Se estudiaron 18 aislados de *Acinetobacter baumannii* resistentes a carbapenémicos pertenecientes a 18 pacientes, 72,2% varones, edad media 62.4 ± 13.74 , 38.9% Servicios Médicos. Sólo 9 recibieron tratamiento: 5 Colistina (9mu/día)+Tigeciclina (200mg/día), 3 Tigeciclina (100mg/día) y 1 Colistina (6 mu/día).

Se determinó la CMI de Tigeciclina y Colistina mediante técnicas E-test en medio MH comercial (Beckton Dickinson®) y en medio MH fabricado 24h antes del experimento, con menor concentración de manganeso (MH-fresco).

Para comprobar la posible sinergia entre Tigeciclina y Colistina utilizamos el método epsilométrico, poniendo como punto de intersección la CMI de las dos tiras de cada antibiótico determinadas previamente por separado. El posible efecto sinérgico de la combinación antibiótica se calculó mediante la Concentración Inhibitoria Fraccionada (CIF) utilizando la siguiente ecuación: Índice de CIF = $\frac{C_{IM} \text{ Tigeciclina} + C_{IM} \text{ Colistina}}{C_{IM} \text{ Tigeciclina} + C_{IM} \text{ Colistina} + C_{IM} \text{ Tigeciclina/Colistina}}$. Los valores de interpretación del índice CIF fueron: Sinergia (CIF $\leq 0,5$), adición (CIF $> 0,5 - \leq 1$), indiferencia (CIF $> 1 - \leq 4$) y antagonismo (CIF > 4).

Resultados:

Del total de aislados, el 88.9% de las cepas tuvieron una CMI para Tigeciclina en MH-fresco ≤ 1 (sensible); un 44.4% de estos mismos aislados presentaron CMI ≤ 1 cuando se investigó en medios comerciales. Todos los aislados presentaron una CMI ≤ 1 (sensible) para Colistina.

Al estudiar la asociación Tigeciclina/Colistina en medio MH-fresco obtuvimos como resultado que el 22.2% (4/18) de los casos presentaban actividad aditiva, mientras que el 5.6% (1/18) de los casos mostraron actividad sinérgica (mediana 1.38 ± 7.3); mientras que al realizar el estudio en MH-comercial, solo el 16.7% (3/18) de los aislados mostraron actividad aditiva al combinar ambos antibióticos (mediana 1.72 ± 2.4).

Conclusiones:

Las CMI de Tigeciclina varían en función del medio utilizado, presentado claramente mayor porcentaje de resistencias cuando se utilizan medios comerciales.

No existe efecto sinérgico ni antagónico en la combinación Tigeciclina/Colistina, independientemente del medio de cultivo utilizado.

Palabras clave: *Acinetobacter baumannii*, Colistina, Tigeciclina

PO35. Estudio de las gastroenteritis en el área norte de Almería.

Bautista-Marín M^a Fe, Luzón-García M^a Pilar, Jiménez-Torres Rafael, Ortigosa-Moreno Elías, Martínez- Martínez Carmen María, Simonelli-Muñoz Guillermo

Hospital La Inmaculada. Huércal- Overa. Área de Gestión Sanitaria Norte de Almería

Introducción/objetivo.

Las gastroenteritis agudas (GEA) se encuentran entre las enfermedades infecciosas más frecuentes. Estos procesos suelen ser leves y autolimitados, pero en algunas circunstancias como inmunosupresión o enfermedad grave, puede ser necesario tratamiento. El objetivo de este trabajo es conocer la etiología de la GEA y la susceptibilidad microbiana.

Material y métodos.

Estudio retrospectivo de las heces de pacientes con sospecha de GEA procesadas durante 2013-2014 según procedencia hospitalaria y extrahospitalaria. Las muestras se procesaron para estudio de bacterias enteropatógenas según protocolo del laboratorio. La identificación se realizó mediante el sistema Vitek2 (Biomerieux) y mediante tinción de gram y pruebas bioquímicas en las cepas de *Campylobacter* spp. El estudio de sensibilidad se realizó por el sistema Vitek2 (BioMérieux) siguiendo los criterios del CLSI. En las muestras de niños menores de 5 años se estudio Rotavirus y Adenovirus mediante detección de antígenos por inmunocromatografía Vikia[®] Rota-adeno (BioMérieux).

Resultados.

Se procesaron 2425 coprocultivos, 1338 (55,2%) eran de procedencia extrahospitalaria y 1087 (44,8%) hospitalarios. De los coprocultivos procesados 204 (8,4%) fueron positivos, siendo 145 (71,1%) de pacientes hospitalarios y 59 (28,9%) extrahospitalarios. Las bacterias aisladas fueron: *Campylobacter* spp. 100 (49%), *Salmonella* spp. 95 (46,6%), *Aeromonas hydrophila* 7 (3,4%) y *Yersinia enterocolitica* 2 (1%). La sensibilidad de *Salmonella* spp., fue 35,8% ampicilina, 81% amoxicilina/clavulánico, 100% cefotaxima, 94,3% cotrimoxazol, 76,8% ácido nalidíxico y 94,7% ciprofloxacino. *Aeromonas hydrophila* presentó un 57,1% de sensibilidad a amoxicilina/clavulánico y un 85,7% a ciprofloxacino, cotrimoxazol y cefotaxima. De las 797 muestras de heces procesadas para estudio de enteropatógenos virales, 368 (46,2%) eran de procedencia extrahospitalaria y 429 (53,8%) hospitalaria. Se detectaron 127 (16%) antígenos virales, 95 (74,8%) de pacientes hospitalarios y 32 (25,2%) extrahospitalarios. A nivel hospitalario la tasa de positividad fue del 22,1% (95/429), siendo la distribución Rotavirus 81(85,3%) y Adenovirus 14 (14,7%). A nivel extrahospitalario fue del 8,7% (32/368) siendo la distribución Rotavirus 29 (90,6%) y Adenovirus 3 (9,4%).

Conclusiones

1. Se encontró una tasa mayor de enteropatógenos a nivel hospitalario, destacando como patógenos bacterianos *Campylobacter* spp. y *Salmonella* spp, y Rotavirus como principal agente etiológico viral.
2. *Salmonella* spp. tiene muy buena sensibilidad a cefalosporinas de 3^a generación y cotrimoxazol. Se detectó una tasa importante de resistencia a ácido nalidíxico, marcador de resistencia a fluorquinolonas.
3. *Aeromonas hydrophila* presentó buena sensibilidad a ciprofloxacino y cotrimoxazol, antibióticos de elección en caso de instaurar tratamiento.

Palabras clave: gastroenteritis, enteropatógenos, sensibilidad

PO36. Seroprevalencia de LEISHMANIASIS Asintomática en trasplantados renales.

Inés Pérez Zapata, Ana Lara Oya, Cristina Riazco Damas, Julian Ceballos Mendiola, Antonio Sampe-dro Martínez, Javier Rodríguez Granger, José M^a Navarro Marí

Servicio de Microbiología, H. U. Virgen de las Nieves. Granada.

Introducción

La leishmaniasis visceral es una zoonosis establecida en la cuenca mediterránea, y especialmente en el suroeste de Europa, asociándose frecuentemente la forma clínica a la inmunosupresión. La prevalencia actual de leishmaniasis asintomática en España no es del todo conocida, aunque estudios previos en donantes indican altas tasas de infección asintomática. No hay muchos trabajos sobre prevalencia en grupos especiales, como receptores de trasplante, pacientes oncológicos y otros grupos inmunocomprometidos no-VIH.

Objetivo

Conocer la seroprevalencia de leishmaniasis en receptores de trasplante renal en Granada durante el seguimiento postrasplante.

Pacientes y métodos

Se recogieron 625 sueros de otros tantos pacientes trasplantados renales durante el periodo de un año (abril 2013 a abril 2014). Los pacientes con fiebre y/o enfermedad infecciosa no se incluyeron en el estudio. La detección de anticuerpos IgG se realizó mediante IFA (Leishmania IFI IgG Kit, Vircell, España), considerándose positivos aquellos con título mayor o igual a 1:80; título 1:40 se consideró indeterminado.

Resultados

La media de edad de los pacientes fue de 49 años (rango 11-81), siendo 225 (36%) mujeres y 400 (64%) hombres. De las 625 muestras analizadas por IFA, 44 fueron positivas o indeterminadas; de éstas, 14 muestras mostraron título 1:40 (indeterminado), 13 muestras título de 1:80, 15 con título de 1:160 y 2 muestras con título de 1:320. La seroprevalencia ha resultado del 4.8%.

Conclusion

La prevalencia de leishmaniasis asintomática obtenida en nuestro trabajo (4.8%) es similar a la comunicadas en otros puntos de nuestro país en diferentes grupos de población (VIH, donantes de sangre). Dado que los receptores de trasplantes son susceptibles a desarrollar leishmaniasis visceral, parece aconsejable realizar un cribado del estado serológico en este grupo de población y un seguimiento más intenso de aquellos con serología positiva con títulos altos a fin de evitar la posibilidad de desarrollo de la enfermedad.

Palabras clave: *leishmaniasis, trasplantados renales*

PO37. Utilidad de un test Inmunocromatográfico rápido para la discriminación en cultivo de *Mycobacterium tuberculosis* complex de otras Micobacterias no tuberculosas

Domínguez MC (1), Montiel N (2), Torres E (1), Gómez MC (1), Roldán ME (1)

(1)Laboratorio de Microbiología, U.G.C. Laboratorios Clínicos, Hospital de La Merced, Osuna (Sevilla). (2)Centro de Referencia de Micobacterias de Andalucía, Unidad de Microbiología, Hospital Costa del Sol, Marbella (Málaga)

Antecedentes:

La discriminación en los cultivos entre *Mycobacterium tuberculosis* complex (MTBC) y Micobacterias no tuberculosas (MNT) es de vital importancia para el diagnóstico y tratamiento de la enfermedad. En entornos con recursos limitados es necesario disponer de pruebas que puedan realizar tal diferenciación sin necesidad de invertir mucho tiempo o de utilizar un equipamiento especial.

Objetivo: Evaluar el test comercial inmunocromatográfico rápido, SD BIOLINE TB Ag MPT64 RapidTM (Standard Diagnostics), en cultivos líquidos positivos de Micobacterias identificadas a nivel de especie mediante técnicas de Biología Molecular.

Métodos:

Desde octubre de 2012 hasta septiembre de 2015 todos los cultivos en medio líquido

(BACT/ALERT MB, bioMérieux) positivos eran analizados con la técnica SD BIOLINE TB Ag MPT64 RapidTM antes de ser enviados al Centro de Referencia de Micobacterias del Hospital Costa del Sol para estudio molecular (Genotype CM, AS y MTBC, Hain LifeScience). Las muestras líquidas positivas se sembraban en medio de Lowenstein-Jensen Piruvato (L-JP) antes de ser enviadas para su conservación.

La prueba inmunocromatográfica detecta el antígeno MPT64 mediante la adición de 100 µl del cultivo líquido al pocillo de muestra. Después de 15 minutos se efectúa la lectura, si se marcan las líneas control y prueba se identifica como MTBC, si solo se marca la línea control se informaría como MNT.

Resultados:

Se analizaron 73 cultivos positivos de los cuales 29 fueron identificados como MTBC por SD BIOLINE TB Ag MPT64 RapidTM y 44 como MNT. Por biología molecular los resultados fueron: 31 MTBC y 42 MNT. La especificidad de la prueba rápida fue del 100%, no se detectaron resultados falsos positivos; la sensibilidad fue del 94%, se hallaron dos resultados falsos negativos, el primero fue identificado por biología molecular como *M. bovis* BCG, el segundo como *M. tuberculosis*, en este último caso no apreciamos crecimiento en el subcultivo a L-JP del medio líquido. Es conocido que *M. bovis* BCG produce test negativos como resultado de su incapacidad para expresar la proteína MPT64, también, que inóculos bajos (<10⁵ UFC/mL) pueden dar negativo con la técnica y, por último, que una mutación en el gen *mpt64* podría conducir a la producción de una proteína MPT64 incompleta que no sería detectada.

Conclusiones:

El test SD Bioline Ag MPT64 RapidTM es un método simple, rápido y fiable para diferenciar *M. tuberculosis* complex de Micobacterias no tuberculosas en cultivo y es una buena alternativa en centros con recursos limitados.

Palabras clave: MPT64, Inmunocromatografía, *Mycobacterium tuberculosis* complex

PO38. Detección e identificación de *Plasmodium* spp. por PCR a Tiempo Real

Chueca, N (1), Fernández--Caballero J (1), Álvarez M (1), Sánchez A (1), Mérida MD (1), López--Bueno J (1), García F (1)

Laboratorio de Microbiología y Parasitología. Hospital Universitario San Cecilio-Instituto de Investigación Biosanitaria. Granada

Introducción:

Es cierto que se requiere de cierto entrenamiento y experiencia para poder llegar al diagnóstico definitivo y certero de la malaria, sobre todo si se basa únicamente de la visualización de la extensión fina y/o la gota gruesa. Afortunadamente podemos disponer de otra metodología que se ha popularizado como es la antigenemia por inmunocromatografía que está resultando de gran ayuda, en especial para dar resultados rápidos en laboratorios no entrenados. Pero aun así para llegar al diagnóstico definitivo y certero nos apoyamos en técnicas de amplificación de ácidos nucleicos (AAN) cuando buscamos sensibilidad (permite la detección de 3-4 parásitos/ μ l (parasitemias de 0,0005 a 0,0015%), o determinar identificación de infecciones mixtas o validar los resultados de la microscopía o de la detección antigénica.

Objetivo:

Implementar técnicas de AAN en tiempo real múltiple para detección y diagnóstico de *Plasmodium* spp

Pacientes y método:

Se realizó estudio a n=36 muestras de pacientes con sospecha de malaria entre noviembre de 2012 y septiembre de 2015 a las que se realiza PCR múltiple basada en tiempo real, además de técnicas de detección de antígeno por ICT (Binax NOW Malaria (que detecta HRP-2 y aldolasa) y visualización de la extensión teñida con Giemsa para diagnóstico y realización de recuento parasitario. La PCR a tiempo real implementada diferencia entre *P. falciparum*, *P. malariae*, *P. ovale* y *P. Vivax* según temperatura melting final del amplicón resultante.

Resultados:

Se detectaron 24 muestras positivas por PCR a Tiempo Real, de las cuales 23/24 fueron también positivas para antigenemia y todas positivas para la visualización por Giemsa. Todas las muestras negativas por PCR resultaron negativas para antigenemia y visualización. 21/24 (87.5%), resultaron ser *P. falciparum*, (16% dieron banda doble por antigenemia y resto 1 banda de *P. falciparum*), 1/24 (4,16%) resultó ser *P. ovale* (1 banda de *Plasmodium* spp en ICT) y 2/24 (8,33%) fueron *P. vivax*. (1 muestra dio banda de *Plasmodium* spp y la otra muestra no dio banda). Todas las muestras dieron una concordancia 100% con el centro de Referencia ISCIII. Empleando la PCR como una técnica potencialmente cuantitativa para controlar la eficacia del tratamiento, se realiza en 2 muestras pareadas y se vio una clara disminución del Ct pudiendo predecir la respuesta al tratamiento.

Conclusiones:

Hemos implementado una PCR alelo específica múltiple en tiempo real que detecta e identifica *Plasmodium* spp con alta eficacia.

Palabras clave: *Plasmodium*. PCR Tiempo Real

PO39. Detección de anticuerpo antimicelio de Candida spp para el diagnóstico de la candidiasis invasora en pacientes no neutropénicos ingresado en UCI. Comparativa de dos kits comerciales: Invasive candidiasis (CAGTA) IFA IgG e Invasive candidiasis (CAGTA) VirClia IgG Monotest.

Parra-Sánchez M(1), García-Rey S(1), Castro C(1), Zakariya-Yousef I(1), Rezusta A(2), Gómez F(3), Marrodán T(4), Estebán A(4), Suarez A(5), Ayats J(6), et al.

1. Hospital Universitario de Valme (Sevilla) 2. Hospital Universitario Miguel Servet (Zaragoza)
3. Hospital Universitario Joan XXIII (Tarragona) 4. Complejo Asistencial de León (León)
5. Hospital Universitario Macarena (Sevilla) 6. Hospital Universitario Bellvitge (L'Hospitalet de Llobregat) et al: Proyecto CAVA Trem-Navarro, D (Hospital Clinico de Valencia)Fajardo, M(Hospital Universitario Infanta Cristina, Badajoz,)Bordes, A (Hospital de Gran Canaria-Negrín, Gran Canaria),López, L (Hospital de Cruces, Barakaldo),Ruiz, M (Hospital Universitario Virgen de Macarena, Sevilla), León C (Hospital Universitario de Valme, Sevilla), Martín-Mazuelos, E(Hospital Universitario de Valme, Sevilla).

Objetivos.

Evaluación del kit Invasive candidiasis (CAGTA) VirClia IgG Monotest (Vircell Spain) en comparación con el estandarizado y reconocido Invasive candidiasis (CAGTA) IFA IgG (Vircell Spain) en una selección de pacientes críticos no neutropénicos e infectados por Candida spp, con una estancia mínima de siete días en UCI.

Material y métodos.

Estudio de cohortes prospectivo, observacional y multicéntrico, donde se han analizado un total de 180 sueros correspondientes a 72 pacientes no neutropénicos ingresados en 12 UCIs de 12 hospitales terciarios de España durante el periodo Octubre 2012 a Febrero de 2014.

La clasificación de estos pacientes, datos demográficos, scores de APACHE II y SOFA (en el momento de admisión en UCI), enfermedad subyacente, comorbilidades, factores de riesgo, tratamientos antifúngicos y otras variables se recogieron en una base de datos. Las distintas valoraciones clínicas se realizaron dos veces por semana: APACHE II, SOFA, Candida score y cultivos de colonización de Candida spp (exudados rectal y/o traqueal, aspirados gástricos o faríngeos y muestras de orina). Otras muestras se estudiaron analizaron según valoración clínica. Todas las muestras se procesaron por métodos convencionales.

Los pacientes de este estudio se clasificaron en:

1. Candidemia (C): 25 sueros correspondientes a 10 pacientes.
2. Candidiasis intra-abdominal (CIA): 48 muestras de 17 pacientes.
3. Colonización por Candida spp (CC): 80 muestras de 31 pacientes.
4. No colonizado/no infectado (NCNI): 27 muestras de 14 pacientes.

A todos estos sueros se les realizó retrospectivamente la detección de anticuerpo antimicelio con el kit Invasive candidiasis (CAGTA) IFA IgG (valor positivo $\geq 1/160$), usado como método de referencia, y retrospectivamente con el kit Invasive candidiasis (CAGTA) VirClia IgG Monotest (valores positivos ≥ 1.1) en la plataforma Thunderbolt (Vircell Spain) siguiendo las instrucciones del fabricante.

El estudio estadístico se realizó con el programa SPSS v23.0.

Resultados.

Los valores de sensibilidad (S), especificidad (E), predictivos positivos/negativos (VPP/VPN) y valor kappa (k) en la comparativa de ambos kits para los diferentes grupos de estudio fueron:

	S	E	VPP	VPN	k
- Pacientes Candidemia (C):	87.5	81.3	70.0	92.9	0.65
- Pacientes Candidiasis intra-abdominal (CIA):	88.9	77.3	61.5	94.4	0.58
- Pacientes colonizados (CC):	89.5	85.2	81.0	92.0	0.74
- Evaluación global:	88.9	83.3	84.4	88.2	0.72

La concordancia entre ambas técnicas fue del 86.1%.

Conclusiones.

- La técnica VirClia (CAGTA enzimoimmunoensayo) puede ser usado en el diagnóstico de la candidiasis invasiva con resultados similares a los de la técnica estandarizada CAGTA IFA.
- Este nuevo método semiautomático, con una metodología más sencilla que su predecesor y semicuantitativa, permite obtener unos resultados más fácilmente interpretables, objetivos y reproducibles.

Palabras clave: *Candida, CAGTA, Paciente_crítico_no_neutropénico*

PO40. Estudio retrospectivo de neumonías por PNEUMOCYSTIS JIROVECII (PJ)

Jiménez-Guerra, Gemma, Serrano-García, M. Luisa, Martín-López, M. Eloísa, Miranda-Casas, Consuelo, Navarro-Marí, José M.

1) Residente de Servicio de Microbiología del Hospital Universitario Virgen de las Nieves

(HUVN, Granada) 2) FEA de Servicio de Microbiología de HUVN.3) Técnico Especialista de Laboratorio, del Servicio de Microbiología de HUVN.4) Jefa de Sección de Servicio de Microbiología de HUVN 5) Jefe de Servicio de Microbiología de HUVN

Antecedentes.

Pneumocystis jirovecii es un hongo oportunista que puede producir neumonía en inmunodeprimidos, principalmente si se trata de inmunodepresión celular. Afecta principalmente a personas con VIH, patología oncológica y a usuarios crónicos de corticoides e inmunosupresores, como son los pacientes trasplantados. La muestra más adecuada para realizar su diagnóstico mediante inmunofluorescencia es la proveniente del lavado bronquio-alveolar.

Objetivo.

Analizar las características de los pacientes diagnosticados de neumonía por PJ mediante inmunofluorescencia directa (IFD) mediante un estudio retrospectivo.

Material y métodos.

Se revisaron las historias clínicas de los 45 pacientes que tuvieron alguna muestra positiva en el periodo desde el 1 de enero de 2008 al 30 de septiembre de 2015, de forma retrospectiva. El diagnóstico se realizó mediante observación microscópica por IFD con anticuerpos monoclonales según las instrucciones del fabricante (MONOFLUO IFA Test Kit BIO-RAD).

Resultados.

Los 45 pacientes con resultado positivo para PJ eran inmunodeprimidos, distribuyéndose su patología de base así: 22 eran pacientes VIH+, 11 portaban trasplante renal, 8 tenían patología oncológica, uno era asmático de larga data, otro padecía angiopatía autoinmune, uno más padecía de hepatitis C crónica y el último, en tratamiento con corticoides por Síndrome de West. Un total de 38 diagnósticos (84.4%) se obtuvo mediante lavado bronquio-alveolar (BAL); 5 por esputo inducido (11.1%), perteneciendo 4 de estos a pacientes VIH+; y sólo 2 muestras fueron biopsia pulmonar (4.4%). Hubo 8 pacientes a los que se le realizó IFD en esputo inducido y fue negativa, pero positiva en BAL, de estos 5 eran VIH +.

A todos los pacientes se les realizó radiografía de tórax, y en 23 de ellos (51.1%) estuvo presente el patrón radiológico intersticial; de estos, 14 eran pacientes VIH+ y 6, trasplantados.

Conclusiones.

La infección por VIH sigue siendo el principal factor predisponente para la neumonía por PJ, seguida por los trasplantados y los enfermos oncológicos.

Destaca en nuestro hospital que casi la mitad de pacientes diagnosticados de neumonía por PJ son VIH + (48.8%), y hay también una gran proporción de pacientes diagnosticados portadores de trasplante renal (24.4%). El resto, con otros tipos de inmunosupresión suponen el 26.6% de

los diagnosticados. La mayoría de los diagnósticos se obtuvieron a través de muestras de BAL. Las muestras de esputo inducido pueden ser útiles en pacientes VIH + por la alta carga de patógeno, pero si la inmunofluorescencia es negativa no descarta la etiología por PJ.

Palabras clave: *Pneumocystis jirovecii*, Inmunofluorescencia directa, VIH

PO41. Etiología y características epidemiológicas de los episodios de candidemia ocurridos durante el periodo 2013-2015.

Inmaculada Guerrero-Lozano, Fátima Galán-Sánchez, Teresa Trujillo-Soto, Jorge Arca-Suárez, Manuel A. Rodríguez-Iglesias

UGC Intercentros Microbiología y Enfermedades Infecciosas. Unidad Puerta del Mar, Cádiz.

Antecedentes/objetivo

La candidemia se considera la cuarta causa de infección en pacientes ingresados en unidades de cuidados intensivos. La incidencia de infecciones nosocomiales se ha incrementado en los últimos años, siendo la candidemia la infección por levaduras más frecuente en nuestro medio atribuido a varios factores entre los que destacan: el usos de catéteres, la ventilación mecánica, nutrición parenteral, quimioterapia intensa, trasplantes de órgano solido, nuevas estrategias en recién nacidos de bajo peso como el uso de corticoesteroides y la utilización de antimicrobianos de amplio espectro. Nuestro objetivo es describir los episodios de candidemia ocurridos en pacientes ingresados en el Hospital Universitario Puerta de Mar desde enero de 2013 a agosto de 2015, analizando las diferentes especies implicadas, su sensibilidad a antifúngicos y los servicios hospitalarios implicados.

Material y métodos

Estudio retrospectivo de pacientes ingresados en nuestro hospital en el periodo indicado que tuvieron al menos un hemocultivo positivo en el que se observaron levaduras en la tinción de gram. La identificación de especie se realizó mediante espectrometría de masas por el sistema MALDI-TOF (Bruker). El estudio de sensibilidad se realizó con el sistema Sensititre Yeastone (Trek Diagnostic Systems).

Resultados

Se registraron un total de 3226 hemocultivos positivos en este periodo de los cuales en 138 (4.2%) se aislaron levaduras del género *Candida*, correspondientes a 58 pacientes distribuidos en 34 hombres, 13 mujeres y 11 niños. Las especies aisladas fueron: *C. parapsilosis* (n=24, 48.3%), *C. albicans* (n=18, 31%), *C. glabrata* (n=6, 10.3%), *C. tropicalis* (n=6, 10.3%), *C. albicans* africana (n=2, 3.4%), *C. krusei* (n=1, 1.7%) y *C. fabianii* (n=1, 1.7%). Los servicios implicados fueron UCI (14), Medicina interna (12), Neonatología (9), Cirugía general (5), Hematología (4), Urgencias (3), Digestivo (2), Nefrología (2), Urología (2), Cirugía cardiaca (1), Anestesia y reanimación (1), Neurocirugía (1), Pediatría (1), UCI pediátrica (1). Todos los aislamientos fueron sensibles a los antifúngicos testados excepto *C. krusei* y 3 aislamientos de *C. glabrata* que presentaron resistencia y/o sensibilidad intermedia a azoles.

Conclusiones

C. parapsilosis es la especie que produce con mayor frecuencia candidemia en nuestro medio. Los pacientes ingresados en Unidades de Cuidados Intensivos, Medicina Interna y Neonatología son los más susceptibles a este tipo de infecciones. La utilización de la tecnología MALDI-TOF permite la identificación de especies poco frecuentes como *C. fabianii*.

Palabras clave: *Candidemia*

POSTERS

P1. Prevalencia de IG-G PARVOVIRUS en Granada.

Isabel Casanovas Moreno-Torres, Ines Perez Zapata, Antonio Sampedro Martínez, Javier Rodriguez Granger, Mercedes Muros, Francisca Belda, Guillermina Galindo

Objetivo:

El objetivo del trabajo ha sido conocer la seroprevalencia frente a Erythrovirus B19 (EVB 19) y su distribución por edad y sexo en la población de Granada. El estudio se realizó en el Servicio de Microbiología del Hospital Virgen de las Nieves.

Material y Métodos:

Se seleccionaron 384 sueros representativos de la población de Granada y se estratificaron en 5 grupos de edad para la determinación de IgG frente a EVB19. La determinación de IgG antiEVB19 se realizó mediante Enzimoinmunoanálisis (EIA: Novagnost Parvovirus B19 IgG. Siemens Healthcare). Para el análisis estadístico de los datos se utilizó el programa EPIDAT v3.1. Se calculó la prevalencia por grupos de edad y sexo y sus IC al 95%, estableciéndose asociaciones con la edad mediante X^2 de tendencia lineal.

Se consideraron como estadísticamente significativos valores de $p < 0.05$.

Resultados:

El 60.2% (IC95%: 59.7- 60.7) de los sueros ensayados presentó IgG anti EVB19. De modo global, la seroprevalencia en mujeres ha resultado mayor que en hombres (65.5% IC95%: 64.6-66.4 vs. 54.9% IC95%: 54.2-55.6). Entre un 30% y un 40% de mujeres en edad fértil no presentan inmunidad frente a EVB19. En cuanto a la influencia de la edad, se observa que la seroprevalencia aumenta de modo significativo con la edad ($p < 0.05$)

El mayor valor de seroprevalencia se observa en la población de > 60 años, sin embargo, la mayor diferencia entre los grupos se encuentra en los niños.

Un 27.4% de los niños entre 2 y 9 años presenta anticuerpos anti EVB19, mientras que la población de entre 10 y 19 años prácticamente duplica este porcentaje, de forma que por encima de los 20 años en torno al 60% de la población presenta IgG anti EVB19.

Conclusiones:

El porcentaje de seroprevalencia encontrado en la población de Granada está dentro del rango comunicado en países de clima templado de nuestro entorno.

Los datos de seroprevalencia obtenidos pueden guiarnos a la hora de establecer cuales son los grupos poblacionales más expuestos a una infección por EVB19, y por tanto, aquellos sobre los que hay que ejercer una mayor vigilancia.

Palabras clave: *prevalencia, parvovirus, Granada*

P2. Valoración de incidencias preanalíticas y epidemiología de muestras genitales procedentes de atención primaria: Plan de mejora.

Rocío Tejero García, Julia Guzmán Puche, Manuel Cause del Río, Irene Gracia Ahufinger, Fernando Rodríguez López, Manuel Casal Román

Servicio de Microbiología. Hospital Universitario Reina Sofía. Córdoba.

Antecedentes/ Objetivos:

El ámbito sanitario impone desarrollar prestaciones de mayor calidad. La comunicación entre Laboratorio de Microbiología y Atención Primaria (AP) se realiza a través de la petición de la muestra. Se valora la fase preanalítica en Microbiología de las muestras genitourinarias y frotis vagino-rectales procedentes de AP, previo y posterior a un plan de mejora, así como un estudio epidemiológico-microbiológico de la población que cubren estos Centros de AP.

Métodos:

Se eligen seis Centros de AP del área sanitaria. Se analizan variables relacionadas con la demografía, microbiología e incidencias en la petición.

Resultados:

1º Fase: Recogida de peticiones durante 3 meses. 471 muestras: 346(73,5%) frotis vaginales y 125(26,5%) frotis vaginal-rectales [*Streptococcus agalactiae* un 17(3,6%)]. Edad media: 35,44 (3-92 años), en gestantes: 32 años (17-42 años). Microorganismos: *Candida albicans* 57(12,1%) y *Gardnerella vaginalis* 37(7,9%), e infección mixta de ambos 11(2,3%). Petición: la falta de datos depende del diagnóstico de presunción 347(73,6%) y tratamiento 470(99,8%) de los casos. Se realiza un Plan de mejora a través de una encuesta a los Centros. 2ª Fase: Recogida de peticiones los mismos meses tras un año de periodo de adaptación. Se reciben 555 muestras: 430(77%) frotis vaginales y 125(22,5%) frotis vaginal-rectales [*Streptococcus agalactiae* un 19(3,4%)]. Edad media: 36,22 (4-93 años), en gestantes: 31 (18-43 años). Microorganismos: *Candida albicans* 68(12,3%) y *Gardnerella vaginalis* 58(10,5%), e infección mixta de ambos 14(2,5%). Petición: la falta de datos depende del diagnóstico de presunción 244(44%) y del tratamiento 418(75%) de los casos. Las peticiones están completas en un 99% respecto al examen solicitado, los datos de identificación de los pacientes, el médico, y procedencia, en ambas fases.

Los síntomas más expresados: vulvovaginitis, prurito, micosis y molestias.

Conclusiones:

Aumento de muestras por un aumento de demanda clínica por vulvovaginitis, no por gestantes. Las edades más demandantes (21 a 40 años). Escasa población no auctótona (6%). Se describen los principales microorganismos detectados según la literatura. La media de positivos a *S. agalactiae* en gestantes es inferior a la del país (15-20%). Tras el Plan, se mejora en cubrir el diagnóstico de presunción (30%) y tratamiento (24%) en la petición. AP propone la petición digital que cubra todos los campos de la historia clínica necesarios para el procesamiento correcto de la muestra. Se recomienda el estudio microbiológico de las vulvovaginitis ya que la clínica expresada es inespecífica con falta de concordancia respecto a la etiología y la repercusión sobre un tratamiento correcto.

Palabras clave: *Vulvovaginitis*, *Etiología*, *Incidencias*

P3. Prevalencia de genotipos de VPH de alto riesgo en exudados rectales de pacientes HSH y VIH+.

Parra-Sánchez, Manuel García-Rey, Silvia Bernal, Samuel Cabezas, Jose Luis Macías, Juan Martín-Mazuelos, Estrella Palomares, Jose Carlos

Unidad Clínica de Enfermedades Infecciosas y Microbiología.

Objetivo/Antecedentes.

Determinar la prevalencia de los genotipos de alto riesgo del virus del papiloma humano (HPV) en exudados rectales de pacientes que practican sexo con hombres (HSH) y VIH positivos.

Métodos.

Se incluyeron en este estudio una cohorte de 123 pacientes varones HSH-VIH+ atendidos en la Unidad de Infecciosos del Hospital Universitario de Valme durante Enero 2013 a Junio 2015. Se analizaron un total de 274 muestras de exudados rectales recogidos en el medio cobas PCR Cell Collection Media (Roche) y analizados con el cobas 4800 HPV test (Roche). Aquellas muestras con un resultado de HPV de alto riesgo positivo (AR, genotipos no 16/18) se analizaron posteriormente con el sistema Lineal Array HPV Genotyping Kit (Roche). El análisis estadístico se realizó con el programa SPSS 23.0.

Resultados.

La mediana de edad de esta cohorte fue de 36 años [IQR: 29-47]. Un total de 97 pacientes (78.9%) presentaban carga viral (CV) de VIH indetectable en el momento de la realización de la prueba HPV. El resto de pacientes (21.1%) presentaban una mediana de CV de 113.5 copias/ml [IQR: 31-1681]. Un 17.9% eran pacientes coinfectados con VHC con una mediana de CV de 2.190.000 copias/ml [IQR: 1.020.000-5.170.000] y un 1.6% eran coinfectados con VHB.

La prevalencia de los genotipos de HPV entre las muestras analizadas fue: 29.6% HPV16, 17.2% HPV18 y 71.2% HPV AR. Las frecuencias de los distintos HPV AR se resumen en la tabla 1:

Genotipo	%	Genotipo	%	Genotipo	%
HPV51	13,9	HPV42	6,9	HPV83	1,8
HPV45	13,1	HPV52	5,5	HPVC16108	1,8
HPV58	9,5	HPV54	5,5	HPV73	1,5
HPV39	9,1	HPV66	5,5	HPV81	1,5
HPV33	8,4	HPV62	3,6	HPV84	1,5
HPV35	8	HPV55	3,3	HPV71	1,1
HPV53	7,7	HPV70	2,9	HPV40	0,7
HPV59	7,7	HPV72	2,6	HPV67	0,7
HPV61	7,7	HPV56	2,2	HPV69	0,4
HPV31	6,9	HPV68	2,2	HPV152	0,4

Tabla 1. Frecuencias de los genotipos de HPV AR en esta cohorte.

El estudio estadístico reveló que los genotipos 45, 51 y 54 estaban estrechamente asociados con la coinfección por el genotipo 16 ($p=0.002$, $p=0.043$ y $p=0.005$, respectivamente). Por otro lado,

los genotipos 39, 42 y 68 se asociaban con el genotipo 18 ($p=0.011$, $p=0.018$ y $p=0.023$, respectivamente).

Conclusiones.

1. Los genotipos más frecuentes entre nuestros pacientes HSH-HIV+ fueron: 16, 18, 51 y 45.
2. La mayoría (78.9%) de los pacientes con algún genotipo de HPV presentaban una carga viral de VIH indetectable en el momento del estudio.
3. Describimos en este estudio la asociación de algunos genotipos de HPV de AR en la coinfección con los genotipos 16 y 18.

Palabras clave: *HPV, VIH, HSH*

P4. ¿Es necesario incubar el cultivo de exudados faringoamigdalares más de 24 horas?

Mónica Ballester-Téllez, Elena Salamanca, Esther Recacha, Nínive Batista, Álvaro Pascual

Unidad Intercentros de Enfermedades Infecciosas, Microbiología y Medicina Preventiva. H.U. Virgen Macarena, Sevilla.

Antecedentes / Objetivo

El cultivo de frotis faríngeo es uno de los procedimientos más solicitados a los laboratorios de microbiología en los casos de infecciones del tracto respiratorio superior, tanto desde Atención Primaria como desde los servicios de urgencias.

En ocasiones, es difícil diferenciar clínicamente entre la etiología vírica (la más frecuente) o bacteriana de estos procesos, lo que requiere del cultivo de la muestra para confirmar o no la presencia de bacterias responsables. La causa más común de faringoamigdalitis bacteriana es el estreptococo grupo A de Lancefield (*Streptococcus pyogenes*) y, menos comúnmente, los estreptococos beta-hemolíticos grupo C y G.

Existen discrepancias entre la atmósfera y el tiempo de incubación adecuado entre las diferentes guías de procedimientos microbiológicos disponibles.

El objetivo de nuestro trabajo es valorar la adecuación del cultivo de exudado faríngeo con un tiempo de incubación máximo de 24 horas.

Métodos

Se analizaron de forma prospectiva los resultados de cultivos de exudados faringoamigdalares recibidos en nuestro laboratorio durante ocho meses (marzo-octubre 2014). Las muestras se sembraron en agar sangre de carnero (5%) (Oxoid®) y se incubaron 48 horas en atmósfera de anaerobiosis. Las lecturas de las placas se hicieron a las 24 y 48 horas, registrando el resultado de ambas.

Resultados

Se procesaron un total de 290 muestras. En 37(12.8%) se aislaron patógenos causantes de faringoamigdalitis: 33 *S.pyogenes*, 2 estreptococos del grupo C y 2 estreptococos del grupo G. En todos los casos, los aislados se pudieron observar en la lectura de las 24 h, por lo que la sensibilidad y especificidad de este procedimiento sería del 100%. Por otra parte, a las 48 h se observó *Staphylococcus aureus* en 4 muestras.

Conclusiones

En nuestra experiencia, el cultivo de exudados faríngeoamigdalares se puede incubar durante 24 horas en anaerobiosis. Ello supone 1) un ahorro en la carga de trabajo en el laboratorio, 2) una disminución relevante en el tiempo de emisión de informes y 3) una instauración precoz de tratamiento dirigido adecuado en casos de infección por *S. pyogenes*.

Palabras clave: *Exudado faringoamigdal, Streptococcus pyogenes*

P5. Pielonefritis aguda debido a *Elizabethkingia miricola*

María de la Paz Casas Hidalgo(1) Santiago Pérez Parra (2) Alejandro Peña Monje (3) Juan Luis Re-
cio López (4) José Luis Cabrera Aguado (5) Inmaculada Casas Hidalgo (6) Federico García García (7)
Complejo Hospitalario Universitario Granada. Hospital Universitario San Cecilio. Servicio de Mi-
crobiología. Instituto de Investigación Ibs.GRANADA

Introducción y objetivo:

Presentamos un caso poco frecuente de pielonefritis aguda causada por *Elizabethkingia miricola*, un microorganismo multirresistente poco habitual en infecciones del tracto urinario.

Descripción del caso:

Mujer de 18 años que acude al servicio de urgencias con cuadro de malestar general con fiebre de 38°C, dolor en flanco derecho y sintomatología urinaria, sin evolución clínica favorable tras 3 dosis de Amoxicilina-clavulánico 875/125 mg prescritas por su médico de atención primaria. En la exploración física, es destacable la puño percusión renal derecha positiva. Se le realiza una analítica general en la que se observa la presencia de marcadores inflamatorios como leucocitosis y PCR elevada: 35.650 leucocitos (94.6% N) y PCR: 298.81 mg/l. En el TAC de abdomen realizado se observan numerosas áreas sugerentes de pielonefritis en parénquima renal derecho. Una muestra de hemocultivo y otra de urocultivo son enviadas al servicio de Microbiología. La paciente inicia tratamiento empírico con Meropenem. A las 24 horas, el urocultivo revela la presencia de bacilos gram negativos en un recuento superior a 10⁵ UFC/ml. La identificación directa del urocultivo mediante MALDI-TOF confirma el aislamiento de *Elizabethkingia miricola*. El perfil de sensibilidades realizado mediante microdilución en caldo a través del sistema comercial Wider (Soria Melguizo) mostró sensibilidad para Minociclina (CMI=4 µg/ml), Ciprofloxacino (CMI=1µg/ml), Trimetropim-sulfametoxazol (CMI=2/38 µg/ml) y Piperacilina-tazobactam (CMI=8 µg/ml) presentando resistencia a Amikacina (CMI>16 µg/ml), Tobramicina (CMI>8 µg/ml), Colistina (CMI>4 µg/ml), Ceftazidima (CMI=>16 µg/ml), Cefepima (CMI>8 µg/ml), Imipenem (CMI>8 µg/ml) y Meropenem (CMI>8 µg/ml). Los hemocultivos resultaron negativos tras 5 días de incubación. Debido al perfil multirresistente del microorganismo, la paciente comenzó con tratamiento con Ciprofloxacino vía oral 500 mg cada 12 horas. Después del tratamiento con Ciprofloxacino, la paciente evolucionó favorablemente remitiendo la fiebre y alcanzando estabilidad clínica, por lo que se procedió al alta médica.

Discusión:

El aislamiento de *Elizabethkingia miricola*, como agente causante de infección bacteriana es poco frecuente, asociándose a pacientes inmunodeprimidos o a colonización respiratoria en pacientes con fibrosis quística. Este microorganismo de naturaleza ubicua, presenta resistencia a colistina, aminoglucósidos y a todos los B-lactámicos debido a la presencia de una metalobetalactamasa cromosómica no inducible. Debido a ello, destacamos su posible potencial patógeno y la necesidad de un tratamiento antibiótico adecuado para una evolución clínica favorable.

Palabras Clave *Urocultivo.Pielonefritis.Elizabethkingia*

P6. Frecuencia de hemocultivos contaminados en el hospital Infanta Margarita tras revisión del protocolo de extracción.

José Pablo Mazuelas Teatino, Yolanda Ortega López, Ana Molleja García, Inmaculada Roldán Alba, Jacinto Carlos Plata Rosales

Hospital Infanta Margarita. Cabra. Córdoba.

Introducción

En ocasiones determinar si el aislamiento de un hemocultivo representa una verdadera bacteriemia no es sencillo y puede derivar en un incremento de pruebas diagnósticas y en un tratamiento empírico inadecuado. Todo esto supone un incremento en la carga asistencial, los costes del laboratorio, la estancia hospitalaria y la morbilidad del paciente. Según el estándar aceptado, los resultados falsos positivos (contaminaciones) deben ser inferiores al 3%. Tras observar en el año 2009 una tasa global de contaminaciones del 7% en nuestro centro, procedimos a revisar y actualizar las recomendaciones para la adecuada extracción de hemocultivos. Nuestro objetivo fue conocer la proporción de hemocultivos contaminados por Servicios tras esta revisión para mejorar el rendimiento de la extracción.

Métodos

Estudio retrospectivo de los datos de hemocultivos extraídos del sistema de información del Laboratorio de Microbiología de nuestro hospital referentes al año 2014. La técnica de hemocultivo se realizó mediante la extracción inoculación de sangre en frasco de hemocultivo aerobio, anaerobio o pediátrico y posterior incubación en el sistema BacT ALERT 3D® (bioMérieux, Inc Durham, North Carolina, EEUU). Se consideraron contaminaciones aquellos hemocultivos de pacientes sin signos ni síntomas de infección en los que se aisló algún microorganismo de la microbiota habitual del paciente en una sola extracción. El análisis estadístico de los datos se hizo con el programa SPSS® Statistics para Windows (versión 15.0).

Resultados

La tasa global de contaminaciones en hemocultivos ha disminuido del 7% obtenido en 2009 al 4,4% del año 2014. Durante el año 2014 se procesaron un total de 1.433 hemocultivos, de los cuales el 74,8% (1.072) resultaron negativos y el 20,8% (298) positivos, con una tasa global de contaminaciones del 4,4% (63). Los mayores porcentajes de contaminaciones por Servicios (por encima de la media de 4,4%) se encuentran en Pediatría (8,3%), UCI (5,2%) y Cirugía (4,5%). Los microorganismos contaminantes que se encontraron con mayor frecuencia fueron *Staphylococcus epidermidis* (42,9%) y *Staphylococcus hominis* (36,5%). No existen diferencias significativas entre los contaminantes hallados en los distintos Servicios de hospitalización.

Conclusiones

El efecto de la intervención sobre el porcentaje de contaminación de los hemocultivos. Se identifica la necesidad de fomentar la adherencia a las recomendaciones en la mayoría de los servicios, principalmente Pediatría, UCI y Cirugía. Como medida para la mejora se propone la emisión de informes de resultados de contaminación a las distintas Unidades Clínicas para establecer un feedback.

Palabras clave: *hemocultivos, contaminaciones, rendimiento*

P7. Mucormicosis Rinocerebral con probable transmisión Nosocomial.

Bautista-Marín M^a Fe (1), Luzón-García M^a Pilar (1), Guirao-Arrabal Emilio (2), Sánchez-Gil Justo (2), Parra-García Ginés David (2), Baayobre-Barayobre Matías (3), Jiménez-Torres Rafael (1)

(1)Microbiología. Hospital La Inmaculada. Huércal- Overa. (2)Medicina Interna. Hospital La Inmaculada. Huércal- Overa. (3)Anatomía Patológica. Hospital La Inmaculada. Huércal- Overa.

Introducción:

La mucormicosis es una infección infrecuente producida por hongos oportunistas del orden Mucorales. La presentación rinocerebral es la más frecuente y se asocia con factores predisponentes, diabetes descompensada, enfermedades hematológicas, etc. Se han descritos infecciones nosocomiales en pacientes con factores de riesgo.

Caso clínico:

Descripción de dos casos de mucormicosis rinocerebral.

Caso 1: Varón de 75 años con antecedentes de diabetes mellitus tipo 2 y EPOC. Ingresar por infección respiratoria que se trata con antibióticos y corticosteroides. A los 9 días del alta acude a urgencias por empeoramiento de su disnea y molestias bucales. En la analítica presenta IRA de origen hiperosmolar. Tras estabilización, se observa edema palpebral bilateral y el paladar recubierto de una sustancia negruzca. Se realiza TAC que revela engrosamiento de las mucosas. Se toman biopsias del paladar y el estudio anatomopatológico evidencia hifas anchas no septadas, ramificadas. El estudio microbiológico no confirma la sospecha, y el diagnóstico de mucormicosis se establece por hallazgos clínico-patológicos. Se trata con anfotericina B y desbridamiento quirúrgico. El paciente fallece en el postoperatorio, 8 días después del ingreso.

Caso 2: Mujer de 88 años con antecedentes de asma bronquial y obesidad. Ingresar por agudización asmática que se trata y aunque evoluciona favorablemente, presenta empeoramiento con reacción leucemoide, deterioro renal y diarrea por *Clostridium difficile*. Se coloca sonda nasogástrica y a las 24 h presenta edematización en mejilla y ulceración progresiva en paladar. Se toman biopsias para estudio microbiológico/histológico y ante la sospecha de mucormicosis se trata con anfotericina B. El diagnóstico se confirma por crecimiento de colonias algodonosas-blancas con micelio aéreo identificadas como *Rhizopus* spp. Se envía al CNM donde se identifica como *Rhizopus arrhizus*; CMI a anfotericina B: 0.5 µg/ml. La paciente fallece a los 3 días de iniciar tratamiento, 23 días de ingreso.

Los pacientes coinciden durante su estancia hospitalaria en localizaciones próximas (misma planta pero en áreas separadas físicamente), y son atendidos en ocasiones por personal sanitario común. Entre el inicio de los síntomas de ambos casos transcurren 13 días.

Conclusiones:

1. La coincidencia de dos pacientes con una infección tan poco frecuente refleja que la transmisión pudo ocurrir en el medio hospitalario, por lo que habría que extremar las medidas de prevención y control ante enfermedades tan graves.
2. El pronóstico desfavorable de estos casos resalta la importancia de realizar un diagnóstico de sospecha, ante cuadro clínico compatible y factores predisponentes, para establecer tratamiento precozmente.

Palabras clave: *mucormicosis rinocerebral, transmisión nosocomial, medidas de prevención.*

P8. Identificación de bacilos gram positivos aeróbios no esporulados diferentes a *Corynebacterium* mediante espectrometría de masas

Trujillo-Soto, T, Aznar-Marin, P, Galán-Sánchez, F, Guerrero-Lozano, I, De la Rubia-Martín, F, Marín-Casanova, P, Rodríguez-Iglesias, M UGC de Microbiología y Enfermedades Infecciosas. H.U. Puerta del Mar, Cádiz

Introducción/objetivo

Los bacilos pequeños gram positivos no esporulados (BPGP) incluye bacterias de difícil identificación. Sin embargo, estas bacterias son asociadas con frecuencia a la formación de biopelículas en materiales como catéteres intravasculares, prótesis cardíaca y otros materiales protésicos. Su capacidad de formar biopelículas también les permite asociarse a determinados nichos ecológicos en las que la adherencia les permite una ventaja selectiva, como las infecciones urinarias, óticas y oftalmológicas. Los pacientes inmunodeprimidos o con enfermedades crónicas tienen mayor predisposición a padecer infecciones por estos microorganismos oportunistas, en los que resulta complejo atribuir una relación de causalidad. Las técnicas de espectrometría de masas (MALDI TOF) permiten una identificación rápida y precisa y nuestro objetivo es comunicar los BGP aerobios no formadores de esporas (exceptuando al Género *Corynebacterium*) identificados por este método en un periodo de 2 años y 6 meses..

Material y métodos.

Se identificaron 110 BPGP aerobios no formadores de esporas aislados de los siguientes muestras: exudado ótico (85), orinas (7), abscesos (5), hemocultivos (3), y líquido pericárdico, líquido peritoneal, exudado de córnea, humor vítreo, exudado uretral, esputo, exudado faríngeo (una muestra de cada una de ellas). Las muestras se procesaron según metodología habitual y se identificaron siguiendo los procedimientos establecidos, mediante obtención directa de la colonia y extracción con ácido fórmico (MALDI TOF, Bruker Daltonik). Solo han sido considerados los scores significativos en análisis triplicado.

Resultados

Se identificaron las siguientes especies: *Turicella otitidis* (79) en exudados óticos, *Arthobacter cumminsi* (5) en exudados óticos y orina, *Alloscardovia omnicolens* (5) en orina, *Rhotia dentocariosa* (5) en muestras oftalmológicas y respiratorias, *Dermabacter hominis* (4) en abscesos y exudados relacionados con piel, *Trueperella bernardiae* (3) en abscesos y exudados, *Rhotia mucilaginoso* (3) en endoftalmítis, líquido pericárdico y sangre, *Brevibacterium ravenstrupense* (2) en exudado ótico, *Brevibacterium casei* (2) en sangre, *Arcanobacterium haemolyticum* (1) en exudado faríngeo y *Arthobacter* sp (1) en sangre,

Conclusiones

MALDI TOF es una excelente herramienta para la identificación de coryneformes y otros bacilos gram positivos no esporulados relacionados. Es remarcable la frecuencia de aislamiento de *T. otitidis* en procesos óticos, la presencia de *R. mucilaginoso* en cuadros oftalmológicos invasivos y procesos diseminados graves y el aislamiento de *A. omnicolens* en la orina de pacientes con factores predisponentes que requiere un análisis más profundo.

Palabras clave: *Bacilos gram positivos no esporulados, MALDI TOF*

P9. Opciones terapéuticas de las infecciones del tracto urinario causadas por microorganismos productores de beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE) en Atención Primaria

Ana María Rodríguez Rey, José Antonio Lepe Jiménez, Pedro Camacho Martínez, Javier Aznar Martín
Unidad de Gestión Clínica de Enfermedades Infecciosas, Microbiología y Medicina Preventiva. Hospital Universitario Virgen del Rocío (Sevilla)

Objetivo.

El propósito de este estudio es evaluar las opciones terapéuticas de las infecciones del tracto urinario causadas por microorganismos productores de beta-lactamasas de espectro extendido en los centros de Atención Primaria, así como ver los fenotipos de resistencia más frecuentes.

Material y métodos:

Se estudiaron un total de 306 aislamientos de *E.coli* BLEE y 53 de *K.pneumoniae* BLEE de muestras de orina procedentes de centros de Atención Primaria durante el período de enero de 2014 a junio de 2015, valorando su sensibilidad a antibióticos orales (amoxicilina-clavulanico, ciprofloxacino, fosfomicina, nitrofurantoína, cotrimoxazol) y parenterales (ertapenem, tobramicina, gentamicina).

El estudio de sensibilidad se realizó mediante paneles combo Microscan de acuerdo con la guía EUCAST 2015.

Los datos se procesaron mediante el software WHONET 5

Resultados:

Se recogen en las siguientes tablas.

	Aislamientos	Aislamientos BLEE	% Aislamientos resistentes a					
			AMC	CIP	ETP	FOF	GEN	NIT
TOB SXT								
<i>E. coli</i>	5643	306(5,4%)	39	78	0	6	21	0
34 53								
<i>K. pneumoniae</i>	1073	53(4,9%)	75	83	3	20	30	37 54
64								

Nº de antibioticos resistentes	<i>E.coli</i> BLEE	<i>K. pneumoniae</i> BLEE
0	8%	6%
1	27%	32%
2	21%	21%
3	15%	25%
4	17%	11%
5	11%	4%
6	1%	2%

<i>E.coli</i> BLEE		<i>K.pneumoniae</i>	
BLEE	Principales fenotipos de resistencia	% aislamientos	Principales fenotipos de resistencia %
CIP		19	AMC CIP GEN TOB
SXT	13		

CIP SXT		15	AMC CIP NIT TOB
SXT	13		
Sensible a todos		8	AMC CIP TOB
SXT	5		
AMC CIP GEN TOB SXT		8	CIP GEN
SXT	5		
AMC CIP TOB SXT		8	AMC CIP GEN NIT TOB
SXT	5		
AMC CIP SXT		5	CIP
NIT		5	

Conclusiones:

Ertapenem, nitrofurantoína y fosfomicina, con porcentajes de resistencia menores al 10%, son una buena opción terapéutica en ITU causadas por E.coli BLEE.

En el caso de K. pneumoniae los porcentajes de resistencia son mayores, siendo la principal opción terapéutica ertapenem y fosfomicina con un 3% y 20% de resistencia respectivamente.

Los fenotipos de resistencia de ambos microorganismos eran similares respecto al número de antibióticos resistentes, sin embargo los principales fenotipos en E. coli eran menos resistentes que los encontrados en K. pneumoniae.

Palabras clave: BLEE, ITU, Atención Primaria

P10. Botulismo alimentario: A propósito de un caso.

Carolina Roldan Fontana, Lina Martin Hita, Vicente Guillot Suay, Sylvia Valdezate, Gema Carrasco, Rafael Martinez Noguerras

1,2,3,6: UGC Enfermedades infecciosas, Medicina Preventiva y Microbiología C.H. Jaen (jaen) 4,5: Centro Nacional de Microbiología. Instituto de Salud Carlos III

Introducción:

El botulismo es una enfermedad neuroparalítica generalizada causada por *Clostridium botulinum*, *C. butyricum*, y por *C. baratii* neurotoxigénicos. Las toxinas botulínicas (BoNTs) constituyen unas eficientes armas biológicas debido a su extrema potencia y letalidad, su facilidad de producción y transporte. En el momento actual, están descritos 7 tipos antigénicos A, B, C, D, E (producida por *C. butyricum*), F (por *C. baratii*) y G. El botulismo humano es principalmente causado por *C. botulinum* productor de toxina A, B y E, mientras que en animales son de tipo C y D. Estos microorganismos se localizan principalmente en el suelo, causando intoxicaciones alimentarias, ya que las esporas termo-resistentes sobreviven a las técnicas de preservación de alimentos que eliminan a los organismos no esporógenos. Cuando la BoNT se disemina por vía sanguínea produce una denervación motora reversible por inhibición de la liberación de acetilcolina en las terminaciones nerviosas periféricas.

Caso Clínico:

se trata de una mujer de 56 años sin datos relevantes de interés que acude a su centro de salud por presentar dolor abdominal periumbilical y náuseas para lo cual se le pauta primperan y aerored. Tras 48 horas se asocia mareo sin giro de objetos, diplopía binocular, disfonía, voz nasal y disfagia, por lo que ingresa en el hospital de Úbeda. Durante su ingreso se realiza Resonancia Magnética cerebral con angiotac que muestra lesiones glióticas supratentoriales de naturaleza vascular oclusiva crónica, sin otras alteraciones.

En las exploraciones realizadas se observan algunos datos: amplitud muy disminuída de las conducciones motoras y jitter aumentado con bloqueos, que podrían relacionarse con un cuadro de botulismo. Ante la evolución y la sospecha de un cuadro de miastenia gravis o de botulismo se decide traslado al Complejo Hospitalario de Jaén y se pauta mestinon vía oral y corticoides. A los 20 días del inicio de los síntomas se envían muestras de suero y heces al Centro Nacional de Microbiología (CNM) en Majadahonda (Madrid), para el diagnóstico de botulismo. Indicar como antecedente epidemiológico el consumo conservas caseras.

Para el diagnóstico de botulismo, se realiza, en el CNM diferentes técnicas: 1) El bioensayo en ratón, que constituye el método de referencia. De tal forma, que la neutralización del efecto en una pareja de 2 ratones inmunizados con la antitoxina, y la presentación de la parálisis flácida y/o respiratoria en una pareja no protegida, indica un resultado positivo. En el caso de esta paciente, el resultado fue indeterminado, al producirse la no supervivencia de 2 ratones inmunizados y 1 ratón no inmunizado. 2) El cultivo en anaerobiosis y tinción gram, que mostró la presencia de bacilo anaerobio gram-positivo esporógenos. 3) La amplificación en cadena de la polimerasa, PCR de los genes codificantes de las neurotoxinas A, B, E, y F, resultó positiva para la BoNT B en extracciones cromosómicas del cultivo anaerobio de las heces de esta paciente. Identificado la presencia del gen BoNT B se procedió a la detección del gen *fldB* y a la caracterización del subtipo mediante secuenciación, obteniéndose *C. botulinum* proteolítico subtipo B2.

Conclusiones:

En esta paciente se identificó *C. botulinum* proteolítico subtipo B2 como el agente etiológico del cuadro de parálisis flácida en muestra de heces. Tener en cuenta que es la muestra prioritaria en esta enfermedad infrecuente y que deben ser conservadas siempre refrigeradas. Dicho tipo constituye el serotipo prevalente en la adquisición alimentario de botulismo en nuestro país.

Palabras clave: *botulismo, intoxicacion alimentaria, caso clínico*

P11. Distribución de los genotipos del virus de la hepatitis C en el área de gestión sanitaria norte de almería.

Luzón García, María Pilar, Bautista Marín, María Fe, Ortigosa Moreno, Elias, Martínez Martínez, Carmen María, Simonelli Muñoz, Guillermo, Jiménez Torres, Rafael

UGC Laboratorios. Hospital La Inmaculada. Área de Gestión Sanitaria Norte de Almería.

Introducción y objetivo:

El virus de la hepatitis C (VHC) es una de las principales causas de enfermedad hepática crónica en el mundo. La caracterización de genotipos del VHC tiene interés tanto epidemiológico como clínico, y es esencial en la elección de la terapia antiviral y la duración del tratamiento. El objetivo de este trabajo es estudiar la distribución de los genotipos del VHC durante el periodo 2010-2015.

Material y métodos:

Estudio retrospectivo de las muestra de plasma enviadas a nuestro laboratorio entre enero de 2010 y agosto de 2015 para determinación del genotipo del VHC. El estudio se realizó en un laboratorio externo mediante secuenciación automática con marcaje fluorescente (Applied Biosystems) según método desarrollado en el propio laboratorio.

Resultados:

Se analizaron los genotipos de VHC en 103 pacientes diagnosticados de infección crónica por VHC. El 69,9 % de los pacientes incluidos en el estudio fueron hombres y el 30,1% mujeres. El 6,9 % de los casos tenían una edad < 30 años; el 19,6% entre 30-39 años; el 29,4 % entre 40-49; el 29,4% entre 50-59 y el 14,7 % eran > 60 años. De los genotipos encontrados el 34% correspondió al genotipo 1b; el 28,3% al 1a; el 23,6% al 3a; el 7,6% al 4c/4d; el 4,7% al 2a/2c; el 0,9% al 1c y el 0,9% al 3c. En 3 pacientes se detectaron coinfecciones (2 pacientes con 1a y 1b y 1 paciente con 1a y 1c). La distribución de los genotipos más frecuentes durante los seis años estudiados fue del 33,3%, 36,8%, 12,5%, 40%, 38,1% y 31,6% en el genotipo 1b; del 33,3%, 15,8%, 50%, 40%, 23,8% y 21,1% en el genotipo 1a; del 29,2%, 26,3%, 25%, 13,3%, 23,8% y 21,1% en el genotipo 3a y del 4,2%, 10,5%, 12,5%, 0, 4,8% y 15,8% en el genotipo 4c/4d.

Conclusiones:

1. La mayoría de los casos de hepatitis C se concentran en varones de entre 40 y 59 años.
2. El genotipo más frecuente fue el 1, destacando el subtipo 1b y 1a, le siguió el genotipo 3, y el resto de genotipos presentaron menor incidencia.
3. Se ha encontrado variabilidad en la distribución anual de los genotipos circulantes.

Palabras clave: *Hepatitis C, Genotipo*

P12. Análisis de la frecuencia de los aislamientos de hongos filamentosos en muestras respiratorias en un año en el Hospital Universitario de Valme.

Elena M^a Marín Martínez, Carmen Castro Mendez, Ana Romero, Estrella Martín-Mazuelos

OBJETIVOS: Conocer la frecuencia de hongos filamentosos aislados en muestras respiratorias y analizar las características epidemiológicas de los pacientes a los que pertenecían estos aislados.

Material y métodos:

Análisis descriptivo prospectivo de los aislamientos de hongos filamentosos aislados en muestras respiratorias recibidas en el Servicio de Microbiología del Hospital Universitario de Valme desde Junio de 2014 a Junio de 2015. Recopilamos de cada paciente incluido en el estudio, datos demográficos (sexo y edad), servicio de procedencia, motivo de consulta (ingreso o revisión), patología de base, muestra estudiada y determinación de antígeno galactomanano ((Platelia Aspergillus©) en suero y lavado broncoalveolar (BAL) (en los pacientes con sospecha de infección fúngica invasora). Analizamos la distribución de la especie aislada en función de la muestra, servicio de procedencia y patología de base.

Resultados:

Incluimos en nuestro estudio a 55 pacientes de los cuales obtuvimos 60 cultivos positivos de hongos filamentosos (4 pacientes tuvieron más de un aislamiento positivo). Treinta y cinco pacientes son varones (63.6%) y 20 mujeres (36.4%). La edad media es de 67 años. Veintiocho pacientes (51%) procedían del Servicio de Neumología, 19 de estos procedían de las consultas externas de dicho servicio. Veintiuno de los pacientes (38.2%) presentaban como patología de base la enfermedad pulmonar obstructiva crónica (EPOC) seguidos de bronquiectasias y enfermedad oncohematológica en un 12.7% en ambos casos. La especie más frecuentemente aislada fue *Aspergillus fumigatus* (49.1%) en 25 esputos y 5 aspirados traqueobronquiales (BAS), y la patología de base más frecuente que presentaban estos pacientes fue EPOC. *Aspergillus niger* (25.4%) en 6 esputos y 8 BAS fue la segunda especie más aislada y como patología de base más frecuente fue EPOC y fibrosis quísticas (4 pacientes cada una). El esputo (54.5%) fue la muestra en la cual obtuvimos cultivos positivos más frecuentemente, siendo *A. fumigatus* la especie más aislada (73.3%). Realizamos la detección de antígeno galactomanano en suero en 34 de los 55 pacientes y en un BAL, siendo positivo en 3 pacientes (8.8%).

Conclusiones:

1. Las especies del género *Aspergillus* fueron las más frecuentemente aisladas.
2. La muestra con más cultivos positivos fue el esputo.
3. *Aspergillus fumigatus* fue la especie más frecuentemente aislada.
4. La patología de base más frecuente fue la EPOC siendo también *A. fumigatus* la especie más aislada en este grupo.

Palabras clave: *Muestras respiratorias, Hongos filamentosos*

P13.Evaluación del VIRCLIA, una nueva técnica de quimiluminiscencia automatizada, en la detección de IgM antiSarampión.

Isabel Casanovas Moreno-Torres

El propósito de este estudio fue realizar una evaluación diagnóstica del VIRCLIA (Vircell, CLIA) en comparación con ELISA Enzygnost (Siemens Healthcare Diagnostics Inn.) en la detección de Sarampión IgM.

Métodos:

Hemos usado 2 paneles de sueros para el estudio: el panel 1 constaba de 20 sueros obtenidos de pacientes de casos confirmados de sarampión en el laboratorio, pertenecientes a un brote en Granada y Sevilla en 2010-2011. La confirmación de sarampión fue realizada por cultivo y/o RT-PCR en orina y/o exudado nasofaríngeo. Las muestras fueron recogidas una media de 5.2 días después de la aparición de la erupción y enviadas al laboratorio siguiendo las recomendaciones WHO. El panel 2 constaba de 15 sueros negativos para sarampión IgM distribuidos de la siguiente forma: 5 positivos para EVB-IgM, 4 para CMV-IgM, 3 Mycoplasma pneumoniae y 3 negativos. Para el cálculo de la sensibilidad y especificidad, los resultados indeterminados se consideraron en el sentido más adverso.

Resultados:

Los casos de falsos negativos para sarampión incluían 1 resultado indeterminado para Virclia y ninguno para Enzygnost.

Los resultados falsos positivos fueron 2 en VIRCLIA y 1 en Enzygnost, siendo en todos los casos sueros positivos para IgM a EVB.

Los valores de Sensibilidad para Virclia fueron del 95 %, frente al 100% del Enzygnost. En cuanto a la especificidad, fue del 86.6 % frente al 93.3 % del Enzygnost.

Conclusión:

En el diagnóstico de laboratorio de Sarampión IgM, el VIRCLIA presenta unos valores de sensibilidad y especificidad similares a Enzygnost, pudiendo ser una buena alternativa a las técnicas tradicionales

Palabras clave: *evaluación, VIRCLIA, Sarampión*

P14. Incidencia de diarrea por *Clostridium difficile* en un hospital de segundo nivel (2014/2015).

Salvador López Cárdenas, Juan Carlos Alados Hernández, Juan Manuel Sánchez Calvo, Ignacio Correa, Jose L de Francisco Ramirez, Maria Dolores López Prieto, Juan Carlos Alados Arboledas

UGC Enfermedades Infecciosas y Microbiología. AGS Norte de Cádiz.

Antecedentes/Objetivo.

La diarrea por *Clostridium difficile* (DCD) es una causa muy importante de diarrea nosocomial con una alta morbilidad y asociada a un elevado sobre coste asistencial. En los últimos años la incorporación de técnicas diagnósticas más sensibles y la mayor concienciación del personal sanitario ha mejorado su manejo. Nuestro objetivo fue revisar los casos diagnosticados de diarrea por *C. difficile* en un periodo de un año en un hospital de segundo nivel.

Material y métodos.

Estudio retrospectivo desde abril 2014 a marzo 2015. Las fuentes de datos utilizadas han sido el sistema informático del laboratorio de microbiología y Diraya /Historia clínica. Para el diagnóstico microbiológico se ha utilizado un algoritmo secuencial: Detección de GDH/Toxina (Techlab® *C. DIFF QUICK CHEK COMPLETE*, Alere) o sólo GDH (*C. difficile* antigen GDH test (H&R®) seguido de detección por PCR del gen toxigénico (Xpert® *C. difficile*, Cepheid). En el periodo en que se utilizó la técnica GDH/TOX (abril a Junio de 2014) sólo se hacía PCR cuando la detección directa de la toxina era negativa. Resultados. En este periodo se han recibido en el laboratorio un total de 2639 muestras de 2409 pacientes para la investigación de microorganismos enteropatógenos. La investigación de *Clostridium difficile* (CD) se hizo bajo solicitud o por indicación del laboratorio de microbiología. Se analizaron 490 (440 pacientes), la media de muestras mensuales procesadas fue de 41 (rango 25-64). Se detectó CD en 50 muestras (40 pacientes) siendo toxigénico en 29 de estos (72.5%), observándose importantes variaciones mensuales con un pico máximo en enero coincidiendo con la temporada de gripe. La edad media de estos pacientes fue 66 años (DE 19,2; rango 25-94), 8 casos se produjeron en menores de 60 años y la incidencia fue mayor en mujeres (65%). La distribución por áreas asistenciales fue Medicina interna 6 casos, Hematología 5 casos, Digestivo 5 casos y oncología 4 casos, el resto (9 casos) en otros servicios. La tasa de DCD referida a ingresos hospitalarios fue de 14,3 casos/10,000 ingresos. Se detecta un notable incremento del número de casos diagnosticados respecto al periodo 2012/2013 (29 casos/año vs 20 casos/año).

Conclusiones.

- 1.- Observamos un incremento en los casos diagnosticados en nuestro centro respecto al periodo 2012/2013.
- 2.-La diarrea por *Clostridium difficile* se presenta con más frecuencia en mujeres.
- 3.- Observamos un pico de incidencia que coincide con el de la epidemia de gripe.

Palabras clave: *Clostridium difficile*, Diarrea

P15. Estudio de casos de tos ferina en la provincia de Jaén durante el año 2015

Carolina Roldán(1), Vicente Guillot (1), Lina Martín (1), Purificación Cantudo (2)

(1)U.G.C. Enfermedades Infecciosas, Microbiología Clínica y Medicina Preventiva. C.H. Jaén (2)Área de Microbiología, UGC Laboratorio Análisis Clínicos, Hospital San Agustín, Linares, Jaén,

Antecedentes / Objetivo

La tos ferina es una infección de las vías respiratorias superiores causada por la *Bordetella pertussis*. *Bordetella parapertussis* causa un síndrome tosferinoide, más leve y más infrecuente. La mayor mortalidad se produce en los menores de 6 meses, carentes de primovacunación completa. El calendario vacunal en Andalucía propone la vacunación a los 2, 4 y 6 meses y refuerzo a los 18 meses, 6 años y 14 años. La infección es más frecuente en mujeres aunque datos recientes de la OMS no muestran esta diferencia.

El objetivo es el de estudiar la incidencia de la infección por *Bordetella pertussis* y *parapertussis* en los casos de sospecha de tos ferina de la provincia de Jaén durante el 2015, describiendo las características más importantes encontradas por grupos de edad, género y estacionalidad.

Métodos

Se estudiaron un total de 88 muestras de pacientes con sospecha de tos ferina en el Servicio de Microbiología del Complejo Hospitalario Ciudad de Jaén durante el 2015. La detección se realizó en la plataforma de PCR en tiempo real Smartcycler (Cepheid) utilizando los reactivos de detección de *Bordetella pertussis*/*parapertussis* de la misma casa comercial.

Resultados

34 muestras fueron positivas para *Bordetella pertussis* (38,6%) y 3 (3,4%) para *B. parapertussis*. No hubo diferencias por género (varones: 18 casos/48,6%; mujeres: 19 casos/ 51,4%). El 43,2% (n=16) fueron menores de 2 meses, 1 caso entre 2 y 6 meses y sólo 4 (10,8%) entre 6 meses y 2 años. En mayores de 2 años, la incidencia fue del 43,2% (n=16). El 43,2% de casos positivos provinieron del área Linares, observándose un repunte en el mes de Septiembre debido a un brote en Linares (11 casos) mientras que, en el resto de áreas, los casos se distribuyeron a lo largo del año de manera homogénea.

Conclusiones

- La distribución por grupos de edad de los casos inciden en la importancia los refuerzos a los 18 meses, 6 años y 14 años, además de la implantación de vacunación de gestantes en el tercer trimestre y de familiares en contacto con el recién nacido con el fin de evitar la formación de grupos poblacionales susceptibles de infección y de transmisión a la población menor de 6 meses.
- Los diagnósticos de *B. parapertussis* cursaron con cuadros leves sin necesidad de hospitalización.
- La distribución por género y estacional de casos fue homogénea en todas las áreas de la provincia de Jaén si exceptuamos los casos de brote por contacto directo en el área de Linares.

Palabras clave: *Tos ferina, PCR Bordetella pertussis/parapertusis, Jaén*

P16. Utilidad del empleo adicional de agar sangre en el urocultivo de pacientes con infección urinaria (ITU) complicada.

M. Ballesteros, E. Salamanca, A. Gual de Torrella, I. Portillo, M. de Cueto, A. Pascual

Unidad Intercentros de Enfermedades Infecciosas, Microbiología y Medicina Preventiva. Hospitales Universitarios Virgen del Rocío y Virgen Macarena. Sevilla.

Objetivo

Evaluar la utilidad del empleo adicional de un medio de agar sangre (AS) en el urocultivo de pacientes con patología nefrourológica de base, para favorecer el aislamiento de uropatógenos poco habituales o de difícil crecimiento.

Métodos

Durante el periodo de estudio (junio - agosto 2014) se realizó cultivo cuantitativo de todas las muestras de orina recibidas para urocultivo en medio Brilliance-UTI (Oxoid®) (10 µl, 37°C, 24h.). De forma adicional, todas las muestras enviadas desde las consultas de trasplante renal y urología se cultivaron en medio de agar 5% sangre carnero (Biomedics®) con incubación en atmósfera con 5% CO₂ durante 48 h.

Se consideraron significativos recuentos iguales o superiores a 10.000 UFC/ml de un sólo uropatógeno, valorándose el crecimiento de dos uropatógenos sólo cuando se indicaba la existencia de un sondaje vesical.

Se consideró como flora bacteriana mixta el crecimiento de 3 ó más uropatógenos en cualquier recuento. Se consideró un resultado discrepante entre los dos medios de cultivo empleados cuando, con los criterios establecidos, un cultivo resultó positivo en uno de los medios y negativo en el otro.

Todas las muestras en las que se observaron discrepancias, entre los dos medios de cultivo empleados, fueron sembradas de nuevo siguiendo la misma técnica de procesamiento.

Resultados

Se procesaron 10.511 muestras de orina de las cuales, 565 (5,4%) procedían de las consultas de trasplante renal y urología y fueron cultivadas de forma adicional en medio de agar sangre. En 22 casos (3,9%) se observaron discrepancias en el crecimiento de los dos medios de cultivo empleados. De los cultivos discrepantes, 18 fueron interpretados como cultivo positivo en AS y negativos en UTI: 12 Enterobacteriaceae, 3 Streptococcus agalactiae, 2 S. viridans, y 1 Lactobacillus sp. En los otros 4 casos, se observaron cultivos positivos de E. coli en medio UTI con resultado negativo en el medio de AS.

Los resultados obtenidos después de volver a cultivar las muestras fueron iguales en los dos medios de cultivo.

Conclusiones

El empleo de un medio adicional de AS en el urocultivo de pacientes con sospecha de ITU complicada no ha demostrado, en nuestro estudio, ventajas sobre el cultivo de rutina realizado en el medio cromogénico UTI.

Los errores en la técnica de siembra del urocultivo originan, en nuestro medio, un 3% de resultados falsos negativos.

Palabras clave: Urocultivo, Patología nefrourológica

P17. Bacteriemia por *Leuconostoc citreum* en paciente con intestino corto: A propósito de un caso.

César del Prado Montoro, Carolina Freyre Carrillo, Iría Jesús de la Calle, Carmen Martínez Rubio, Manuel Antonio Rodríguez Iglesias

Hospital Universitario de Puerto Real.

Introducción:

Los microorganismos del género *Leuconostoc* son Cocos Gram positivos, anaerobios facultativos, catalasa negativos y resistentes a vancomicina. Suelen producir infecciones oportunistas asociadas a la presencia de material extraño como catéteres o prótesis. En inmunodeprimidos también son capaces de producir casos de bacteriemia, síndrome séptico, meningitis, neumonía e infección del tracto urinario. Los factores de riesgo para una infección por *Leuconostoc* son: Síndrome de intestino corto, uso de catéter venoso central, nutrición parenteral y alimentación enteral por gastrostomía. El tratamiento de elección es penicilina, ampicilina ó una cefalosporina de primera generación.

Descripción del caso: Paciente varón de 46 años que acude a urgencias por fiebre de una semana de evolución acompañada de escalofríos y tiritona a pesar de tratamiento con Amoxicilina/Clavulánico. También muestra tos sin expectoración, con disnea a moderados esfuerzos. No refiere molestias urinarias, dolor abdominal ni otros síntomas asociados. Como antecedentes de interés presenta que es portador de yeyunostomía y fístula mucosa, con síndrome de intestino corto y malnutrición secundaria severa. Se realizó recientemente implantación de catéter central de inserción periférica para inicio de tratamiento con Nutrición Parenteral domiciliaria. El paciente presenta a su ingreso hipotensión severa, taquicardia, pancitopenia importante e hipoproteinemia moderada.

Se realiza:

- 1.- ECO doppler abdominal: Se estudian los índices de resistencia de stent a nivel de tronco celíaco con arteria mesentérica superior, observando curvas de baja resistencia con signos de estenosis.
- 2.- TAC de tórax: Presenta poliadenopatías de escasa significación sin signos de tromboembolismo pulmonar. Moderado derrame pleural bilateral y condensaciones parenquimatosas difusas de probable naturaleza infecciosa.

En los hemocultivos al ingreso se aísla *Leuconostoc citreum*. Posteriormente se documenta bacteriemia de origen en catéter central por *S. epidermidis*. Otras muestras resultaron negativas (esputo, orina, heces).

Se inició tratamiento empírico de amplio espectro con Meropenem y Linezolid. Tras conocer los resultados microbiológicos se sustituyó la antibioterapia por Ceftriaxona. Se decide retirar el catéter central debido a la gravedad del cuadro y ante la sospecha de bacteriemia asociada al mismo. A los 12 días, y tras la mejoría del paciente, se resuelve dar el alta, completando el tratamiento antibiótico domiciliarmente durante dos días más.

Ante la evolución favorable, se programa la realización de reconstrucción quirúrgica del tránsito intestinal. Conclusiones: Las infecciones por el género *Leuconostoc* han de ser tenidas en cuenta en pacientes que reúnan factores de riesgo asociados como Síndrome de intestino corto, empleo de catéter venoso central, nutrición parenteral total ó alimentación enteral continua. Debe sospecharse infección por este grupo de microorganismos ante aislamientos de colonias alfa hemolíticas resistentes a vancomicina.

Palabras clave: *Leuconostoc*, *Intestino corto*

P18. Endocarditis por *Cardiobacterium hominis* identificado por MALDI-TOF.

I. Gracia Ahufinger, J. Guzman Puche, I. Machuca, G. Gutierrez Ballesteros, F. Rodriguez López, M. Causse Del Rio, R. Tejero García, C. Natera Kindelan, M. Casal Roman

IMIBIC-HOSPITAL REINA SOFÍA-UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA

Introducción y Objetivo:

Presentamos un caso de endocarditis subaguda bacteriana causada por *Cardiobacterium hominis*, en un paciente de 57 años.

Descripción del caso:

Varón de 57 años, sin antecedentes de patología cardiaca, acude a urgencias por dolor y opresión en el pecho, y disnea que ha empeorado en las últimas 72h hasta hacerse de mínimos esfuerzos. Seis meses antes fué estudiado en Reumatología por un cuadro de poliartalgias y febrícula vespertina. Las constantes a su llegada a urgencias fueron: FC 140 lpm, presión sanguínea 120/90 mmHg, pO₂ arterial 80 mm Hg. En la analítica general se observan 13.200 leucocitos (83,7% neutrófilos), hemoglobina 10,4 g/dL, BNP 613,6 pg/ml y coagulación normal. En la exploración inicial se observan edemas en miembros inferiores y signos de insuficiencia venosa profunda. En el TAC se observa cardiomegalia, un pequeño derrame pericárdico y pleural derecho, ligera esplenomegalia, hepatomegalia y ascitis perihepática. En la ECO se observa insuficiencia mitral severa por rotura del velo posterior, y posteriormente la presencia de una verruga en válvula mitral. Es diagnosticado de Insuficiencia cardiaca de novo y derivado a cardiología para ingreso. Tres días después se recogen 2 tandas de hemocultivos, iniciando tratamiento con cloxacilina y gentamicina. Tras 51h de incubación en el BACTEC 6200 se observan bacilos gram negativos en la tinción de gram y se procede a su siembra en medios habituales. Tras 24h de incubación en atmosfera de 5% de CO₂ se observa un velo de crecimiento en agar sangre y agar chocolate, pero no en McConkey. A las 48h se observa crecimiento de unas colonias ligeramente alfa-hemolíticas y deprimidas en el agar, catalasa negativas, indol positivas. Se identifica como *Cardiobacterium hominis* con un índice de 1.4 mediante MALDI-TOF directamente del cultivo. Tras prolongar la incubación 72h más en agar sangre y agar chocolate en microaerofilia se vuelve a identificar como *Cardiobacterium hominis* con un índice de 1.8 mediante MALDI-TOF. El antibiograma realizado por E-test fue sensible para aminoglucósidos, imipenem, piperacilina/tazobactam, cefotaxima y ceftriaxona. Tras la emisión del informe se modificó el tratamiento a Ceftriaxona y gentamicina durante un mes y se decidió cirugía diferida previa obtención de hemocultivos negativos.

Discusión:

El aislamiento de microorganismos del grupo HACEK como causantes de endocarditis es poco frecuente dada la dificultad de crecimiento de la mayoría de los componentes de este grupo. En estos casos la identificación con un índice entre 1.7 y 1.9 es suficiente para el diagnóstico de género y especie.

Palabras clave: Endocarditis, MALDI-TOF, *Cardiobacterium hominis*

P19. Frecuencia de la resistencia a meticilina en las infecciones causadas por *Staphylococcus aureus* en pacientes con bronquiectasias y fibrosis quística.

Trujillo-Soto, T, Aznar-Marin, P, Arca-Suárez, J, Galán-Sánchez, F, Barrera-Ledesma, M, Marín-Casanova, P, Rodríguez-Iglesias, M

UGC de Microbiología y Enfermedades Infecciosas, H.U. Puerta del Mar, Cádiz

Introducción/Objetivo

Staphylococcus aureus, junto a *Pseudomonas aeruginosa*, *Haemophilus influenzae* y otros bacilos gran negativos no fermentadores son los microorganismos que se aíslan más frecuentemente en pacientes que con bronquiectasias y fibrosis quística (FQ). Este tipo de pacientes se coloniza fácilmente por microorganismos multirresistentes, ya que están sometidos a infecciones recidivantes y reinfecciones debido a tratamientos antibióticos prolongados. Nuestro objetivo es comunicar la incidencia de *S. aureus* resistente a meticilina (SARM) y con respecto a las cepas sensibles (SAMS) en pacientes con bronquiectasias y FQ en un período de 5 años.

Material y Métodos:

Se realizó un estudio retrospectivo, de 68 pacientes afectados por fibrosis quística y bronquiectasias atendidos en los servicios de Pediatría y Neumología del Hospital Universitario Puerta del Mar de Cádiz, en los últimos 5 años. Las muestras se procesaron según metodología la metodología convencional, con tinciones y siembra en medios habituales, (agar sangre, agar chocolate, agar McConkey, agar manitol y agar Saboureaud) y cuantificación de colonias. La identificación y sensibilidad se realizó, mediante el sistema automatizado WIDER (Soria Melguizo) y espectrometría de masas MALDI-TOF (Bruker Daltonik). Para la confirmación de la resistencia a meticilina, se utilizaron discos de cefoxitina de 30 microgramos.

Resultados:

En los 68 pacientes estudiados (55 varones y 13 mujeres), se aisló SARM en 18 (26,4%) y el resto fueron cepas SASM. En la mayoría de los cultivos se aislaron otros microorganismos asociados: *P. aeruginosa* (16), *Burkholderia cepacia* (3), *H. influenzae* (3), *Achromobacter xylosoxidans* (2), *Aspergillus fumigatus* (2) y *Enterobacter cloacae*, entre otros. La sensibilidad a los antimicrobianos de los SARM fue notablemente inferior en comparación con las cepas SASM: tobramicina, amikacina y levofloxacina (29% vs 78%) eritromicina (29% vs 61%), clindamicina (71% vs 100%), cotrimoxazol (76% vs 72%), gentamicina (81% vs 88%), fosfomicina (95% vs 88%) y todas las cepas sensibles frente a vancomicina, teicoplanina, rifampicina y linezolid.

Conclusiones:

Los SARM presentan una mayor resistencia a los antimicrobianos que los SASM. Generalmente se asocian a otros microorganismos multirresistentes en este tipo de patología lo cual genera un problema añadido en la instauración del tratamiento. Cloxacilina es el tratamiento de elección en la infecciones por SAMS, siendo linezolid una buena alternativa para los SARM. Los nuevos fármacos y las nuevas formas de administración contribuyen a mejorar la calidad de vida de estos pacientes y la prolongación de la misma.

Palabras clave: *Staphylococcus aureus*, MRSA, fibrosis quística

P20. Análisis de los resultados de CMI de seis antibióticos indicados para tratamiento de MRSA mediante puntos de corte (Microscan WalkAway) y eTest.

César del Prado Montoro, Carolina Freyre Carrillo, Carmen Martínez Rubio, Manuel Rodríguez Iglesias

Hospital Universitario de Puerto Real

Introducción:

La dificultad creciente en el tratamiento de las infecciones por MRSA ha llevado recientemente a la aparición de nuevos antibióticos activos frente a los mismos, si bien las indicaciones actualmente aprobadas por la AEMPS (Agencia Española del Medicamento y Productos Sanitarios) están restringidas no solo por el tipo de microorganismo, sino también por la localización y gravedad de la enfermedad.

Objetivos:

Nos planteamos evaluar los resultados de las lecturas mediante puntos de corte Microscan WalkAway (W/A) en comparación con eTest con inóculo estandarizado (0.5 MCF) mediante lectura en turbidímetro en cinco antibióticos: Vancomicina, Teicoplanina, Linezolid, Ceftarolina y Daptomicina. Asimismo, estudiamos la CMI de Telavancina, antibiótico de reciente autorización para la indicación “Neumonía Nosocomial en adultos por MRSA sin otra alternativa”.

Resultados:

Analizamos un total de 31 cepas de *Staphylococcus aureus* Resistentes a Meticilina (MRSA) correspondientes a 27 pacientes aisladas en los últimos seis meses en el Hospital de Puerto Real. Dichas cepas fueron identificadas mediante paneles comerciales Combo 42 (Microscan WalkAway, Beckman Coulter). Estudiamos la CMI leída con dicha técnica frente a la lectura mediante eTest (Izasa) con los gradientes que incluye la casa comercial. Al no existir paneles comerciales con el antibiótico Telavancina, la CMI de este se determinó solamente mediante eTest (Izasa)

Conclusiones:

- 1.- Las lecturas coinciden en el caso de Vancomicina, Teicoplanina y Daptomicina.
- 2.- En el caso de Vancomicina, cuando se considera crítica la CMI exacta para el éxito del tratamiento, es preciso determinar ésta mediante eTest, independientemente de la lectura de Microscan.
- 3.- Para Linezolid, si la CMI leída por Microscan de $\geq 4 \mu\text{g/mL}$, de debe comprobar con eTest.
- 4.- Todas las lecturas de Ceftarolina son interpretadas como Sensibles (criterio EUCAST), si bien para las CMI por debajo de $0.5 \mu\text{g/mL}$, los resultados de un tercio de las cepas no son coincidentes.
- 5.- En todos los casos la CMI de Telavancina estaba por debajo de $0.125 \mu\text{g/mL}$, considerado como sensible según EUCAST.

Palabras clave: MRSA, CEFTAROLINA, TELAVANCINA

P21. Blefaritis por *Phthirus pubis* en un niño de 7 años: a propósito de un caso.

Carolina Freyre Carrillo, César del Prado Montoro, Carmen Martínez Rubio, Iría Jesús de la Calle, Manuel Rodríguez Iglesias

Hospital Universitario de Puerto Real.

Introducción:

La blefaroconjuntivitis palpebral por *Phthirus pubis* es una infestación de carácter cosmopolita que afecta exclusivamente al hombre, y que se observa con escasa frecuencia en la edad pediátrica, casi siempre asociada a situaciones de escasa higiene. El diagnóstico ante casos de blefaroconjuntivitis pruriginosa no es sencillo, ya que no siempre es posible observar los parásitos en las pestañas. Se considera una Infección de Transmisión Sexual, aunque puede adquirirse por contacto con ropa y otros utensilios, especialmente en niños y ancianos. *Phthirus pubis* es el más frecuentemente implicado en la pediculosis de las pestañas. En adultos esta localización es poco común, pero no así en niños, donde se observa con cierta frecuencia al no existir otras zonas de vello grueso. El tratamiento de la pediculosis palpebral presenta dificultades añadidas por la alta toxicidad de los compuestos que se utilizan sobre el epitelio corneal y conjuntival. Existen preparaciones tópicas de distintos agentes, normalmente en vehículos acuosos, que aunque menos tóxicos también son poco eficaces.

Descripción del caso:

Presentamos el caso de un niño de 7 años que acude a la Consulta de Oftalmología del Hospital Universitario de Puerto Real derivado por su Médico de Atención Primaria, por observar formas compatibles con parásitos en las pestañas. En el examen físico se observa la presencia de pequeños elementos esferoidales oscuros, de aproximadamente 1 a 1,5 mm, adheridos al tercio proximal de las pestañas. Se recibe en el Laboratorio de Microbiología un frasco conteniendo múltiples parásitos con restos de pestañas. A la observación al microscopio con lente de baja resolución, se observan formas compatibles con *Phthirus pubis*. Se instaura tratamiento habitual, pero al no resultar efectivo en 48 horas, se procede a la extracción en dependencias quirúrgicas de los elementos parasitarios. En el seguimiento del paciente, se observa resolución completa de la infestación.

Conclusiones:

La blefaroconjuntivitis parasitaria es una entidad poco frecuente, a tener en cuenta sobre todo en casos pediátricos que se resuelve lentamente con los tratamientos habituales, aun en situaciones sociosanitarias e higiénicas adecuadas. No siempre están en relación con casos de transmisión sexual. Es importante la valoración integral del paciente y así mismo el examen de contactos y el tratamiento familiar o de grupos afectados.

Palabras clave: *Phthirus pubis*, *Blefaroconjuntivitis*

P22. Micobacterias no tuberculosas en el año 2014 en el Hospital Universitario Virgen del Rocío

Ángel Rodríguez-Villodres, Verónica González Galán, Javier Aznar

Servicio de Microbiología. Unidad Clínica de Enfermedades Infecciosas, Microbiología y Medicina Preventiva (UCEIMP). Hospital Universitario Virgen del Rocío. Sevilla.

Antecedentes/Objetivo

Las micobacterias no tuberculosas (MNT), a diferencia de *Mycobacterium tuberculosis* complex, se comportan como patógenos oportunistas y normalmente requieren factores predisponentes del hospedador para producir enfermedad. Entre las infecciones producidas por este tipo de micobacterias se encuentran enfermedad infecciosa pulmonar, infecciones cutáneas o infección diseminada. Sin embargo, aunque en ocasiones son considerados contaminantes, en los últimos años se ha producido un incremento progresivo de los aislamientos de MNT en muestras clínicamente significativas.

El objetivo de este estudio es comparar la proporción y distribución de las MNT en comparación con el complejo *M. tuberculosis* en nuestro servicio en el año 2014.

Métodos

El estudio comprendió el periodo enero-diciembre de 2014, ambos inclusive. Los datos se obtuvieron a partir de una base de datos propia del servicio de Microbiología y se analizaron con el programa Microsoft Excel. Se incluyeron muestras clínicas de distinta procedencia y se eliminaron los aislados duplicados para un mismo paciente.

Resultados

Se analizaron un total de 4014 pacientes para los que se habían procesado 9146 muestras. 190 (4.7%) tuvieron cultivos positivos para micobacterias. De estos, 100 (52.6%) presentaron aislamientos correspondientes a especies de complejo *M. tuberculosis*, mientras que en 90 de ellos (47.3%) se aislaron MNT (Tabla 1). En cuanto a su distribución, 83 (92,3%) de las MNT se aislaron en muestras respiratorias, 2 (2.2%) en biopsias óseas, otras 2 (2.2%) en heridas y 3 (3,3%) en muestras urinarias.

Tabla 1. Especies aisladas en el año 2014.

RESULTADOS (2014)	Nºde pacientes
<i>M. tuberculosis</i> complex	100 (52,6%)
<i>M. Intracellulare</i>	17 (8,9%)
<i>M. chelonae</i>	15 (7,9%)
<i>M. fortuitum</i>	13 (6,8%)
<i>M. abscessus</i>	11 (5,8%)
<i>M. lentiflavum</i>	10 (5,3%)
<i>M. peregrinum</i>	6 (3,2%)
<i>M. avium</i>	5 (2,6%)
<i>M. xenopi</i>	2 (1,1%)

<i>M. simiae</i>	2 (1,1%)
<i>M. scrofulaceum</i>	2 (1,1%)
<i>M. kansasii</i>	2 (1,1%)
<i>M. mucogenicum</i>	1 (0,5%)
<i>M. interjectum</i>	1 (0,5%)
<i>M. goodii</i>	1 (0,5%)
<i>M. colombiense</i>	1 (0,5%)
<i>M. celatum</i>	1 (0,5%)
TOTAL	190 (100%)

Conclusiones

1. Casi la mitad de los pacientes con cultivos positivos presentaron aislamientos de MNT, siendo *M. intracellulare* la más prevalente (8,9%).
2. Del grupo de pacientes con aislamientos de MNT, un 51% corresponden a micobacterias de crecimiento rápido, siendo *M. chelonae* (7,9%), *M. fortuitum* (6,8%) y *M. abscessus* (5,8%) las más prevalentes.
3. La mayoría de las MNT proceden de muestras respiratorias.

Palabras clave: *Micobacterias no tuberculosas, Prevalencia*

P23. Colecistitis por *Cellulosimicrobium cellulans*: a propósito de un caso.

César del Prado Montoro, Carolina Freyre Carrillo, Carmen Martínez Rubio, Iría Jesus de la Calle, Manuel Rodríguez Iglesias

Hospital Universitario de Puerto Real.

Introducción:

El género *Cellulosimicrobium* está compuesto por bacilos Gram positivos aerobios, filamentosos y ramificados. Suele producir infecciones oportunistas asociadas a la presencia de material extraño como catéteres o prótesis. Es capaz de causar bacteriemia en pacientes inmunodeprimidos. También se han descrito casos de artritis, endocarditis, endoftalmitis, tenosinovitis, infección de tejidos blandos e incluso meningitis.

Descripción del caso:

Se trata de un hombre de 59 años que acude al servicio de urgencias del Hospital Universitario de Puerto Real en Septiembre de 2014, por dolor epigástrico progresivo de tipo cólico, acompañado de náuseas y vómitos biliosos de varios días de evolución. No presenta fiebre, ictericia, diarrea ni síndrome miccional. Tampoco posee antecedentes personales de interés.

Datos complementarios: Analítica con leucocitosis con desviación izquierda y elevación de Reactantes de Fase Aguda. Bilirrubina (BT/BD) 1,8/0,8. Amilasa normal. ECO/TAC: Colecistitis aguda con pared engrosada y cálculo impactado en cuello. Se realiza cultivo de muestra de líquido biliar obtenido en el acto quirúrgico, donde se aisló *Cellulosimicrobium cellulans* como único microorganismo. Resultó ser sensible a Cefalosporinas de segunda y tercera generación, Amoxicilina/Ac. Clavulánico, Piperacilina/Tazobactam, Eritromicina. La identificación se realizó por espectrometría de masas MALDI-TOF, con un score de 2.360.

Evolución:

Tras ingresar en el servicio de Cirugía Digestiva con el diagnóstico de Colelitiasis con colecistitis aguda obstructiva, se decide realizar una Colecistectomía laparoscópica, que transcurre sin complicaciones. Tras 4 días el paciente recibe el alta por mejoría clínica, y tratamiento vía oral con Amoxicilina+Ác.Clavulánico. No ha requerido revisiones posteriores.

Conclusiones:

Cellulosimicrobium cellulans es un microorganismo a tener en cuenta en caso de su aislamiento en muestras estériles, capaz de producir infección en pacientes no inmunodeprimidos. La espectrometría de masas MALDI-TOF permite su identificación de manera fiable, con alto score.

Palabras clave: *Cellulosimicrobium*, *Colecistitis*

P24. Aislamientos de *Haemophilus influenzae* en el Complejo Hospitalario Ciudad de Jaén

Carolina Roldán Fontana, M^a del Carmen Liébana Martos, Lina Martín Hita, Vicente Guillot Suay
Unidad Gestión Clínica Interniveles de Enfermedades Infecciosas, Microbiología Clínica y Medicina Preventiva. Complejo Hospitalario Ciudad de Jaén. Jaén

Resultados:

Entre 2011 y 2015 se aislaron 767 cepas de *H. influenzae* (130, 127, 199 y 138 respectivamente en los años 2011, 2012, 2013, 2014 y 2015), de ellas 11 (1,43%) correspondían a muestras invasivas. Dentro de las muestras no invasivas se aislaron 137 cepas (17,86%) en exudados conjuntivales; 114 (14,86%) en exudados atípicos; 429 (55,9%) en muestras respiratorias; 71 (5,44%) en muestras genitales y 5 (0,65%) en otras localizaciones. El 64,14% (492) de los aislados correspondieron a niños: 117 cepas en niños de 0-1 año; 242 de 1-4 años; 113 de 5-9 años; y 19 de 10-14 años, perteneciendo, a niños y niñas un 59,56% y 40,44% de los aislados respectivamente. En cuanto a la sensibilidad global, fueron sensibles a ampicilina el 80,26% de los aislados; frente a amoxicilina-clavulánico el 91,57%; frente a azitromicina el 82,42%; frente a cefotaxima el 99,47%; frente a levofloxacina el 98,62% y frente a trimetoprim-sulfametoxazol el 50,2%, no observándose variaciones especialmente notables en los perfiles de sensibilidad entre un año y el siguiente. Si nos centramos en las infecciones invasivas, se ha aislado *H. influenzae* en 4 líquidos peritoneales, 2 exudados, 2 abscesos, 2 hemocultivos y 1 drenaje abdominal. Los pacientes con enfermedad invasiva fueron en un 63,7% hombres y 36,6% mujeres. Destaca una cepa aislada en hemocultivo que resulta ser la única resistente a cefotaxima de todas las aisladas. Todas las cepas caracterizadas resultaron no tipables. Conclusiones: *H. influenzae* no tipable es el más frecuente en nuestra área. No existen cambios significativos en el perfil de sensibilidad en el tiempo. Epidemiológicamente afecta más a varones. La mayor incidencia de infección por *H. influenzae* se da en menores de 5 años.

Palabras clave: *Haemophilus*

PATROCINADORES



COLABORADORES:

