

Material y métodos: Estudio observacional en el que se recogen los pacientes que se han remitido al Servicio de Microbiología del Hospital Universitario San Cecilio, para estudio de resistencias tras haber fallado a un régimen basado en G/P. Se recogieron los datos demográficos (sexo, edad), clínicos (cirrosis, tratamientos previos, co-infección por VIH), y virológicos (carga viral, genotipo y resistencias en NS5A, NS3 y NS5B) y de tratamiento previos de estos pacientes.

Resultados: Presentamos los resultados de 12 pacientes con fracaso virológico a glecaprevir/pibrentasvir (G/P). Once (91,7%) pacientes fallaron a un tratamiento de 8 semanas de duración, mientras que un paciente fue tratado durante 12 semanas. Nueve pacientes eran hombres (75%) con una mediana de edad de 54 años (IQR, 47-62). 2 pacientes presentaban co-infección con VIH. La distribución de genotipos fue la siguiente: 4 (33,33%) pacientes infectados por el genotipo (GT) 3a, 4 (33,33%) por GT 1b, 3 (25%) por GT 1a y 1 (8,33%) por GT 2a. Solo un paciente (infectado por genotipo 1a) presentaba cirrosis. Tres (25%) pacientes habían sido tratados previamente con interferón y un paciente había fracasado a un tratamiento de combinación con AAD (telaprevir). Tras el fallo a G/P, 6 pacientes (50%) desarrollaron RAS en NS5A y 2 (16,7%) en NS3. El patrón de RAS más frecuente en NS5A se presentó en los pacientes infectados por genotipo 3, y fue A30K (3, 25%), que se acompañó de Y93H en dos casos. En un paciente genotipo 1b se detectó la delección P32, relacionada con pérdida total de actividad de pibrentasvir. En general, 2 (16,7%) pacientes fracasaron en cualquier régimen de G/P sin RAS. El fracaso sin RAS fue más frecuente en NS3 (70%) que en NS5A (40%).

Conclusiones: Presentamos los primeros datos nacionales de fallo a la combinación de glecaprevir y pibrentasvir. Tras el fallo a G/P, existe mayor compromiso de la actividad de los inhibidores de NS5A que de los inhibidores de NS3. Los estudios de resistencias a AADs pueden ayudar para elegir regímenes de rescate a G/P alternativos a la combinación universal de sofosbuvir velpatasvir y voxilaprevir.

0060. HEPATITIS AGUDA POR VIRUS E: ¿UNA PATOLOGÍA INFRADIAGNOSTICADA?

F. Velasquez Orozco¹, A. Rando Segura¹, L. Goterris Bonet¹, L. Nieto Aponte², R.M. López Martínez¹, G. Ruiz Salinas¹, A. Esteban¹ y F. Rodríguez Frías¹

¹Hospital Universitari Vall d'Hebron, Barcelona. ²Hospital Universitari Germans Trias i Pujol, Badalona.

Introducción y objetivos: La infección por el virus de la hepatitis E (VHE) es la causa más frecuente de hepatitis aguda en la población general. A pesar de esto, la infección por VHE no suele buscarse activamente en los casos de hepatitis agudas y probablemente se encuentra infradiagnosticada. El objetivo de este trabajo es determinar la prevalencia y etiología de los últimos 5 años de las hepatitis agudas víricas diagnosticadas por métodos serológicos en el laboratorio de patología hepática del Hospital Universitario Vall d'Hebron.

Material y métodos: Se incluyeron los pacientes que durante el periodo de estudio (enero 2014 a diciembre de 2018) se les solicitó el perfil diagnóstico de hepatitis aguda y tuvieron un resultado de alanina aminotransferasa 5 veces por encima del valor superior de referencia. El perfil diagnóstico de hepatitis aguda incluyó IgM anti Virus de la Hepatitis A (VHA), antígeno de superficie del Virus de la Hepatitis B (HBsAg), IgM anti core del virus de la hepatitis B (Hbc) y la IgM anti VHE.

Resultados: Se realizaron un total de 7.685 determinaciones. Los resultados serológicos, divididos por etiología y año se resumen en la tabla. Durante todos los años estudiados la causa más prevalente de hepatitis aguda fue por VHE a excepción del año 2017 en el cual la

prevalencia de VHA supero a la del VHE debido a un brote de VHA en la ciudad de Barcelona.

Resultados positivos respecto al total de determinaciones realizadas para el diagnóstico de hepatitis aguda causada por VHA, VHB o VHE

Año	IgM VHA	HBsAg-Hbc IgM	IgM VHE
2014	8/419 (1,91%)	12/332 (3,61%)	23/252 (9,13%)
2015	11/615 (1,79%)	14/504 (2,78%)	22/399 (5,51%)
2016	11/673 (1,63%)	14/560 (2,5%)	19/440 (4,32%)
2017	49/763 (6,42%)*	16/599 (2,67%)	26/457 (5,69%)
2018	19/695 (2,73%)	7/579 (1,21%)	19/398 (4,78%)
Total	98/3.165 (3,10%)	63/2.574 (2,45%)	109/1.946 (5,60%)

*Durante este año ocurrió un brote de VHA en la ciudad de Barcelona.

Conclusiones: La prevalencia de hepatitis agudas causadas por VHE en nuestra serie fue del 5,60% lo que corresponde a 1,81 veces más que las causadas por VHA y 2,29 veces más que las debidas a VHB. A pesar de que el VHE fue la causa mayoritaria de hepatitis aguda en nuestra serie, las determinaciones solicitadas para el VHA y el VHB fueron 1,81 y 1,32 veces superior respectivamente. Teniendo en cuenta los datos obtenidos en esta serie y que tanto el VHE como el VHA se transmiten por vía fecal oral, podríamos deducir que actualmente existe un infra diagnóstico de la patología causada por VHE ya sea por una baja sospecha clínica o por la falta de automatización de las técnicas actualmente disponibles.

Sesión oral 07:

Métodos fenotípicos y moleculares de diagnóstico en microbiología y de determinación de la sensibilidad a los antimicrobianos II
Viernes, 24 de mayo de 2019 - Sala Madrid- 09:30 h

0061. ANÁLISIS DEL ESPECTRO DE MASAS MALDI-TOF PARA LA IDENTIFICACIÓN DE PSEUDOMONAS AERUGINOSA MDR/XDR PERTENECIENTE AL CLON DE ALTO RIESGO ST175 EN UN ESTUDIO MULTICÉNTRICO NACIONAL

X. Mulet¹, M. Fernández², E. del Barrio-Tofiño¹, L. Zamorano¹, I. Sánchez-Diener¹, G. Bou³, L. Martínez-Márquez⁴, A. Oliver¹ y Grupo de Estudio Pseudomonas GEMARA-SEIMC/REIPI

¹Hospital Universitario Son Espases, Palma de Mallorca. ²Hospital Universitario Miguel Servet, Zaragoza. ³Complejo Hospitalario Universitario de A Coruña, A Coruña. ⁴Hospital Universitario Reina Sofía, Córdoba.

Introducción y objetivos: La creciente prevalencia de infecciones nosocomiales por *Pseudomonas aeruginosa* MDR/XDR se debe, en parte, a la diseminación epidémica a nivel mundial de un número limitado de cepas denominadas clones de alto riesgo. En España el clon más prevalente es el ST175. El objetivo de este estudio fue evaluar la tipificación por espectrometría de masas (MALDI-TOF) utilizando el modelo basado en la presencia de dos picos biomarcadores para identificar el clon ST175 MDR/XDR en una colección de aislados procedente de un estudio multicéntrico a nivel nacional.

Material y métodos: Se estudiaron de forma ciega 306 aislados (los 6 primeros de cada hospital) de *P. aeruginosa* procedentes de cada uno de los 51 hospitales españoles participantes en el proyecto GEMARA-SEIMC/REIPI, durante octubre de 2017. Se analizó su espectro de masas MALDI-TOF (Bruker) aplicando tanto un modelo ya descrito basado en la presencia de un solo pico biomarcador característico del ST175 MDR/XDR a *m/z* 7359 (Cabrolier *et al*, JCM 2015) como también un nuevo modelo basado en la presencia de dos picos a *m/z* 7359 y *m/z* 6911 (Mulet *et al*, EJCMID 2019). Para la tipificación molecular de

las cepas con perfil MDR/XDR (Magiorakos, CMI 2012) se utilizó el *multilocus sequence typing* (MLST).

Resultados: De las 306 cepas estudiadas el 23,5% fueron MDR, la mayoría de ellas además XDR (15,0%). El 76,4% de los aislados MDR/XDR fueron no sensibles a meropenem y el 20,8% a amikacina mientras la resistencia a ceftolozano/tazobactam y colistina fue del 15,3% y 12,5% respectivamente. El 7,2% de los aislados pertenecieron al clon ST175, y todos fueron XDR menos 3 que eran MDR; el ST175 representó el 39,1% del total de aislados XDR. El 19,9% de las cepas presentaron un espectro de masas compatible con el ST175 MDR/XDR usando el modelo de un pico, mientras que el 6,2% lo presentaron con el modelo basado en la presencia simultánea de dos picos. Tal como recoge la tabla, el modelo basado en la presencia de dos picos presentó una mayor especificidad y valor predictivo positivo, conservando una buena sensibilidad para la detección del ST175 MDR/XDR.

	Presencia pico 7358	Presencia picos 7358 + 6911
Sensibilidad (%)	95,2%	85,7%
Especificidad (%)	85,6%	99,6%
Valor predictivo positivo (%)	32,8%	94,7%
Valor predictivo negativo (%)	99,6%	99,0%

Conclusiones: El clon ST175 representó el 39,1% de los aislados XDR, coincidiendo con su elevada prevalencia a nivel nacional. Aunque es imprescindible la validación de este tipo de modelos atendiendo a la epidemiología local, en este estudio ciego el análisis por MALDI-TOF demuestra ser una técnica adecuada y fácilmente incorporable a la rutina para la identificación del clon ST175 MDR/XDR. La adición de un nuevo pico biomarcador (*m/z* 6911) en el análisis del espectro de masas mejora la especificidad del modelo previamente descrito sin prácticamente modificar la elevada sensibilidad del mismo. Dada la importancia de la antibioterapia adecuada precoz y de la aplicación de medidas de control epidemiológico, esta técnica supone una herramienta útil para la identificación y manejo de las infecciones por *P. aeruginosa* MDR/XDR.

0062. ANTIBIOGRAMA RÁPIDO A PARTIR DE ORINAS SELECCIONADAS MEDIANTE ALFRED 60/AST

M. Aroca-Ferri, T. Tosco-Núñez y M. Ojeda-Vargas

Hospital Universitario Insular de Gran Canaria, Las Palmas de Gran Canaria.

Introducción y objetivos: Identificar los microorganismos y su sensibilidad antibiótica en el menor tiempo posible es uno de los principales objetivos de la microbiología actual. Sistemas como Alfred 60 (Alifax) permiten cuantificar por nefelometría el inóculo bacteriano de muestras clínicas, como líquidos biológicos estériles y orinas. Nuestro objetivo es analizar la rentabilidad de realizar el antibiograma directo de orinas, tras realizar un cribado por el sistema Alfred 60.

Material y métodos: Durante un mes, se procesaron 3.279 orinas de pacientes extrahospitalarios por el sistema Alfred 60/AST. Un total de 309 orinas obtuvieron un recuento superior a 10.000.000

UFC/ml. Se centrifugó 3 ml de muestra y se realizó un lavado. Finalmente, se obtuvo un pellet, desde el cual se realizó el antibiograma mediante disco-difusión en Mueller-Hinton Medium (Becton Dickinson). Los antibióticos testados fueron: amoxicilina/ac.clavulánico, cefuroxima, cefoxitina, cefixima, ciprofloxacino, fosfomicina, cotrimoxazol y nitrofurantoína. Tras 24 horas de incubación a 37 °C, se realizó la identificación mediante espectrometría de masas tipo MALDI-TOF (Bruker Daltonics), de aquellos antibiogramas con un único tipo de microorganismo. Este método se comparó con el que realizamos rutinariamente: identificación de colonia por MALDI-TOF y estudio de sensibilidad mediante tarjetas Vitek (Biomerieux) y disco-difusión en placa, obteniendo el resultado final a 48 horas.

Resultados: De las 309 orinas trabajadas, un total de 231 (75%) fueron cultivos puros con un único microorganismo, mientras que en 75 (24%) se visualizó más de uno. En 3 casos (1%) no hubo crecimiento. Los microorganismos aislados en cultivo puro y su porcentaje de sensibilidad antibiótica siguiendo las recomendaciones de EUCAST, se observan en la tabla. Se identificaron 23 cepas portadoras de betalactamasas de espectro extendido (BLEE): 20 *Escherichia coli* y 3 *Klebsiella pneumoniae*. Todos los antibiogramas de estos cultivos coincidieron con los obtenidos de forma rutinaria, así como la identificación de las cepas portadoras de BLEE. Los 3 casos en los que no hubo crecimiento correspondieron a especies que no crecen en Muller-Hinton Medium: *Aerococcus urinae* (2) y *Streptococcus agalactiae* (1).

Conclusiones: Realizar el antibiograma directo de orina en muestras con recuentos > 10.000.000 UFC/ml por Alfred 60/AST, resulta útil en un 75% de los casos para aplicar el tratamiento dirigido tras 24 horas de trabajo en el laboratorio. Las BLEE se pueden identificar observándose la sinergia entre discos dispuestos en un orden deliberado, permitiendo detectar estas cepas con mayor rapidez. Consideramos interesante poder aplicar este método a pacientes hospitalarios y de urgencias para agilizar el diagnóstico y tratamiento de infecciones potencialmente graves.

0063. PRIMERA DETECCIÓN DEL CLON *ESCHERICHIA COLI* ST410 CO-PRODUCTOR DE NDM-5 Y OXA-181 EN ESPAÑA

A. Moreno-Mingorance, B. Viñado, T. Cornejo-Sánchez, C. Ferrer, M. Guerrero, J. Serra, M.N. Larrosa, B. Almirante, J.J. González-López y A. Fàbrega

Hospital Universitari Vall d'Hebron, Barcelona.

Introducción y objetivos: La diseminación internacional del clon multiresistente (MDR) ST410 de *Escherichia coli* es alarmante por la similitud en el proceso con el clon de alto riesgo ST131. Estudios recientes han detectado ST410 co-productores de OXA-181 y NDM-5 en Egipto, Dinamarca, Myanmar y el Reino Unido. En el presente estudio se describe la primera detección de *E. coli* ST410 portador de blaOXA-181 y blaNDM-5 en España y su transmisión a un paciente contacto.

Material y métodos: El estudio de sensibilidad antibiótica se realizó por técnica de disco-difusión; en el caso de los carbapenémicos y las nuevas combinaciones de betalactámicos (ceftazidima-avibactam y ceftolozano-tazobactam) el análisis fue por difusión en gradiente (E-

Tabla. Comunicación 0062
Sensibilidad antibiótica

Microorganismo	N	AMC	CFR	FOX	CFX	CIP	FOS	SXT	NIT
<i>E. coli</i>	168	83	84	99	88	70	96	76	100
<i>Klebsiella sp</i>	41	90	88	98	90	88	-	80	-
<i>E. faecalis</i>	9	100	-	-	-	78	-	-	100
<i>Enterobacter sp</i>	7	0	0	0	86	86	-	86	-
<i>Citrobacter sp</i>	3	100	100	100	100	100	-	100	-
<i>P. aeruginosa</i>	2	-	-	-	-	0	-	-	-
<i>S. marcescens</i>	1	0	0	100	100	100	-	100	-