

ANÁLISIS DE DETECCIÓN DE BROTES INFECCIOSOS EN ENTORNOS HOSPITALARIOS USANDO R: APLICACIONES EN SALUD PÚBLICA

Análisis de Detección de Brotes Infecciosos en Entornos Hospitalarios Usando R: Aplicaciones en Salud Pública

Palabras clave: iaas, salud pública, epidemiología, resistencia antimicrobiana

Tópicos: Aplicaciones de R en distintas disciplinas de la academia y la industria. Todos los campos del conocimiento y sus combinaciones son de interés; Análisis de grandes datos con R; Usos de R en el servicio público Investigación reproducible usando R

Abstract

Antecedentes: Las infecciones causadas por cepas multirresistentes (MDR) representan una amenaza creciente para la salud pública, y se espera que sean la principal causa de muerte para el año 2050. La pandemia de COVID-19 ha exacerbado esta problemática, aumentando la prevalencia de estas infecciones y generando desafíos adicionales en la gestión hospitalaria. Este estudio explora el uso de herramientas avanzadas de análisis de datos y modelado predictivo en R para mejorar la vigilancia epidemiológica y la detección temprana de brotes en entornos hospitalarios.

Métodos: Se analizaron datos diarios de infecciones hospitalarias entre 2021 y 2024, siguiendo un proceso robusto de extracción, transformación y carga (ETL) para garantizar la calidad e integridad de los datos. Para seleccionar la mejor distribución estadística que representara los datos, se evaluaron varias distribuciones (normal, lognormal, exponencial, gamma, Weibull, y Poisson) usando las pruebas de Kolmogorov-Smirnov, Anderson-Darling y Cramer-von Mises. Las distribuciones más adecuadas se seleccionaron para cada germen según la bondad de ajuste de los modelos. Además, se utilizaron modelos autoregresivos ARIMA junto con Prophet y XGBoost para realizar la predicción de casos a 6 meses para casos diarios, semanales y mensuales. Los modelos predictivos se evaluaron utilizando errores absolutos medios (MAE), errores cuadráticos medios (RMSE) y errores estándar de regresión (RSE), eligiendo el modelo con los mejores resultados en estas métricas. A la predicción a seis meses, se agregó su intervalo de confianza (IC), que se empleó para definir los límites superiores de la probabilidad de ocurrencia de brotes durante el período en estudio. Para cada germen, se definieron los mejores estadísticos tanto para la bondad de ajuste como para el análisis de predicción. Una vez identificada la mejor distribución, se calcularon la mediana y el rango intercuartílico (IQR) para definir los niveles de endemia.

Resultados: La metodología permitió identificar brotes potenciales de *Klebsiella pneumoniae* productora de BLEE en UCI, *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina en Pediatría, y *Enterococcus faecium* resistente a vancomicina en Cirugía. Los niveles endémicos superaban consistentemente los umbrales de hiperendemia, definidos como el percentil 75 más 1.5 veces el IQR. En comparación con la metodología establecida por el Ministerio de Salud, que define un brote como tres o más casos en un intervalo prolongado de hasta tres meses (considerando episodios larvados), este enfoque permitió identificar patrones de brote no evidentes anteriormente mediante análisis diarios, semanales y mensuales de los casos.

Interpretación: Este enfoque mejora significativamente la precisión y la oportunidad en la detección de brotes infecciosos, permitiendo un análisis más detallado y frecuente que los métodos tradicionales, proporcionando un marco robusto para implementar medidas preventivas y mejorar la respuesta ante brotes. R fue elegido en este estudio por su amplia gama de librerías especializadas en análisis epidemiológicos, su capacidad para reproducir resultados de manera eficiente y su robustez en la manipulación de series temporales. Aunque lenguajes como Python y Julia son alternativas viables, R sobresale en su ecosistema optimizado para análisis estadísticos avanzados en epidemiología. Este trabajo forma parte de un estudio más amplio orientado a transformar la gestión de infecciones hospitalarias mediante el uso de técnicas avanzadas de análisis de datos.

ANÁLISIS DE DETECCIÓN DE BROTES INFECCIOSOS EN ENTORNOS HOSPITALARIOS USANDO R: APLICACIONES EN SALUD PÚBLICA

Conclusiones: Las herramientas avanzadas de R demostraron ser eficaces en la mejora de la vigilancia epidemiológica hospitalaria, permitiendo la detección temprana de brotes. Esta metodología podría contribuir significativamente a la reducción de infecciones nosocomiales y mejorar la calidad de la atención médica.

Financiamiento: Este estudio no recibió financiamiento específico de sectores públicos, comerciales o sin fines de lucro.

Tabla 1: Frecuencia de Aparición de Gérmen más frecuente por Servicio

Servicio	Microorganismo	Resistencia	Frecuencia
Cirugía Sector A	Enterococcus faecium	VanB	21
Cirugía Sector B	Staphylococcus aureus	Meticilino Sensible	28
Intermedio Médico 4° piso	Klebsiella pneumoniae	BLEE	30
Intermedio Quirúrgico	Enterococcus faecium	VanB	11
Medicina Agudos 2° piso	Enterococcus faecium	VanB	11
Neonatología	Staphylococcus epidermidis	Meticilino Resistente	31
Pabellón Recuperación	Staphylococcus aureus	Meticilino Sensible	14
Pediatría	Staphylococcus aureus	Meticilino Sensible	15
Traumatología	Staphylococcus aureus	Meticilino Sensible	30
UPC Adultos	Klebsiella pneumoniae	BLEE	92
UTAC/UTINCx	Klebsiella pneumoniae	BLEE	13
Unidad Coronaria	Staphylococcus aureus	Meticilino Sensible	13
Urgencia Adulto	Escherichia coli	BLEE	89
Urología	Klebsiella pneumoniae	NDM	13

Tabla 2: Resumen de Brotes e Hiperendemias Detectadas

Microorganismo	Resistencia	Procedencia	Endemia				
			Brote	Hiperendemia	Endemia	Hipoendemia	En vías de erradicación
Klebsiella pneumoniae	BLEE	UPC Adultos	2.5	1-2.5	0-1	-1.5-0	-Inf--1.5
Staphylococcus aureus	Meticilino Sensible	UPC Adultos	2.5	1-2.5	0-1	-1.5-0	-Inf--1.5
Escherichia coli	BLEE	Urgencia Adulto	2.5	1-2.5	0-1	-1.5-0	-Inf--1.5

Casos Diarios de Infecciones únicas por Klebsiella pneumoniae BLEE
Servicio UPC Adultos

