

Implementación de técnicas moleculares para la optimización del diagnóstico de virus respiratorios en pacientes pediátricos con criterio de internación.

Autores: Cresta Morgado María Lila (1), Alfonso Claudia (2), Yernazian María Valeria (2), Ruiz O'Neill Moira (2), Marucco Andrea (2), Marino Silvia (2), Quintana Silvia (3), Sisuela Johana (2), Greco Alejandra (4), Schwarzbach Verónica (4), Ormazábal Cecilia (2).

(1) Laboratorio de Genética Hospital Donación Francisco Santojanni, (2) Sección Microbiología Laboratorio Central Hospital Donación Francisco Santojanni, (3) Laboratorio Central Francisco Santojanni, (4) Servicio de Pediatría Hospital Donación Francisco Santojanni. C.A.B.A. Argentina.

Introducción:

Las técnicas de Biología Molecular optimizan el diagnóstico de virus respiratorios, mejorando la sensibilidad/especificidad, permitiendo la cohortización de pacientes y haciendo uso racional de antibióticos.

Objetivos:

- 1) Conocer la circulación viral en la población pediátrica internada
- 2) Comparar la performance de una PCR MultiplexFilmArray (FA) vs. Inmunofluorescencia directa (IFD)
- 3) Demostrar la contribución al uso racional de antimicrobianos

Materiales y métodos:

Estudio descriptivo retrospectivo observacional.

Se evaluaron muestras de aspirado/hisopado nasofaríngeo de pacientes pediátricos con síntomas respiratorios (0-14 años; Mediana: 1,5 años) que requirieron internación.

Se analizaron 900 muestras procesadas por FA de junio 2021 a mayo 2023 (P1), calculando porcentaje de positividad, co-infecciones y tiempo de emisión de resultados. El panel de FA incluye Adenovirus (ADV), SARS-CoV-2, Coronavirus HKU1, Coronavirus NL63, Coronavirus 229E, Coronavirus OC43, Metapneumovirus humano (MPHV), Rhinovirus/enterovirus humano, Influenza A (FLUA), y sus subtipos H1, H3, H1-2009, Influenza B (FLUB), Virus parainfluenza 1, 2, 3 y 4 (Para1, Para2, Para3, Para4), Virus sincicial respiratorio (RSV), Bordetella pertusis, Chlamydia pneumoniae, Bordetella parapertusis y Mycoplasma pneumoniae.

Se comparó con 713 muestras procesadas por IFD en igual período 2017-2019 (P2). Se realizó la detección de los antígenos virales de FLUA, FLUB, Para1, Para2, Para3, RSV, ADV y MPHV.

Se cuantificaron los días de tratamiento (DDT) del P1 y P2. Se utilizó para el análisis estadístico el test de Diferencia de Proporciones.

Resultados:

Distribución viral en P1: Rhino/Enterovirus 514 (44%), Virus Sincicial Respiratorio 288 (25%), Adenovirus 117 (10%), Metapneumovirus 63 (5%), Sars-CoV-2 42 (4%), otros coronavirus 44 (4%), Parainfluenza3 41 (3%), InfluenzaA 26 (2%), Parainfluenza4 11 (1%), Parainfluenza2 9 (1%), InfluenzaB 6 (0.5%) y Parainfluenza1 6 (0.5%).

	P1 (2021-2023)		P2 (2017-2019)	
TOTAL	900	PORCENTAJE	713	PORCENTAJE
POSITIVOS	813	90%	302	42%
NEGATIVOS	87	10%	411	58%
COINFECCIONES	288	32%	6	1%

El Turnaround time (TAT) por PCR fue 2 hs. y por inmunofluorescencia, 6 hs. En P1, los DDT=575 y en P2, DDT= 1492.

Conclusiones: FA permitió ampliar el panel de agentes virales diagnosticados. Observamos diferencia estadísticamente significativa (p -valor<0.001) entre el porcentaje de positividad entre FA e IFD, la proporción de coinfección por FA e IFD, el TAT y los DDT (entre P1 y P2). El cambio de

metodología diagnóstica permitió optimizar el aislamiento de pacientes y disminuir el uso de tratamientos antibióticos innecesarios.