

## XII Congreso SEICAV

Comunicaciones ORALES

1-ID: 9

**Identificación bacteriana en endocarditis infecciosa mediante secuenciación masiva de lecturas largas del gen ARNr 16S**

S. Molinos<sup>1,2,3,4,5,6,7,\*</sup>, A.E. Bordoy<sup>1,2,3,4,5,6,7</sup>, L. Soler<sup>1,2,3,4,5,6,7</sup>, N. Vallejo<sup>1,2,3,4,5,6,7</sup>, E. Berastegui<sup>1,2,3,4,5,6,7</sup>, L. Mateu<sup>1,2,3,4,5,6,7</sup>, P.J. Cardona<sup>1,2,3,4,5,6,7</sup>, E. Martró<sup>1,2,3,4,5,6,7</sup>, M.D. Quesada<sup>1,2,3,4,5,6,7</sup>, V. Saludes<sup>1,2,3,4,5,6,7</sup>

<sup>1</sup> Servicio de Microbiología, Laboratori Clínic Metropolitana Nord, Hospital Universitari Germans Trias i Pujol, Institut de Recerca Germans Trias i Pujol (IGTP), Badalona

<sup>2</sup> Servicio de Cardiología, Hospital Universitari Germans Trias i Pujol, Badalona

<sup>3</sup> Servicio de Cirugía Cardiovascular, Hospital Universitari Germans Trias Pujol, Badalona

<sup>4</sup> Servicio de Enfermedades Infecciosas, Hospital Universitari Germans Trias i Pujol, Badalona

<sup>5</sup> CIBER en Enfermedades Respiratorias (CIBERES), Instituto de Salud Carlos III, Madrid

<sup>6</sup> Departament de Genètica i Microbiologia, Universitat Autònoma de Barcelona, Cerdanyola del Vallès

<sup>7</sup> CIBER en Epidemiología y Salud Pública (CIBERESP), Instituto de Salud Carlos III, Madrid

\*para correspondencia.

**Justificación:** La identificación del agente causal es crucial para la administración precisa de antibióticos en la endocarditis infecciosa (EI). El cultivo positivo es el método de referencia para el diagnóstico microbiológico, pero su sensibilidad es limitada tras la toma de antibióticos y en microorganismos exigentes o de crecimiento lento. La secuenciación masiva de lecturas largas permite analizar el gen completo ARNr 16S para identificar con precisión las bacterias a nivel de especie. En este sentido, la secuenciación basada en nanoporos es rápida, flexible y fácil de utilizar.

**Objetivo:** Validar e implementar la secuenciación masiva de lecturas largas para una rápida identificación de especies bacterianas que causan EI.

**Método:** Se seleccionaron muestras congeladas de biopsia o prótesis cardíacas de pacientes con EI de forma retrospectiva (2020-2022) y prospectiva (dic. 2022-mayo 2023). Se realizó la extracción de ADN con el QIAamp DNA Mini Kit (QIAGEN). Mediante el 16S Barcoding Kit (Oxford Nanopore Technologies; ONT) se amplificó el gen ARNr 16S completo y se indexaron las librerías, que se secuenciaron en  $\leq 24$  h en un secuenciador MinION Mk1C (ONT). Las lecturas bacterianas se clasificaron con el workflow EPI2ME 16S (ONT) y

el pipeline EMU. El método de referencia consistió en el cultivo convencional (hemocultivo y cultivo del tejido/sonicado) e identificación del aislado con MALDI biotyper (Bruker Daltonics). Se evaluó la concordancia entre la secuenciación y el cultivo convencional.

**Resultados:** Se incluyeron 31 muestras (i) 25 retrospectivas (19 biopsias y 6 prótesis); 7 hemocultivo y cultivo positivos, 3 hemocultivo negativo y cultivo positivo, 12 hemocultivo positivo y cultivo negativo, y 3 hemocultivo y cultivo negativos, y (ii) 6 prospectivas (5 biopsias y 1 prótesis); 3 hemocultivo y cultivo positivos, y 3 hemocultivo y cultivo negativos. La secuenciación requirió de 1-3 días (de extracción a identificación), mientras que el método de referencia requirió de 1-9 días. En muestras retrospectivas, la concordancia a nivel de especie fue del 100% (7/7) cuando ambos cultivos fueron positivos, y del 86,7% (13/15) cuando uno de los dos cultivos fue negativo al no identificarse especies bacterianas por secuenciación. La concordancia fue del 100% (3/3) cuando ambos cultivos fueron negativos. En muestras prospectivas, la concordancia a nivel de especie fue del 100% (3/3) cuando ambos cultivos fueron positivos. En las 3 muestras con cultivos negativos se detectó por secuenciación *Mycoplasma hominis*, *Streptococcus pneumoniae* y *Coxiella burnetii*. Los resultados se informaron al personal clínico y se adaptó la terapia antimicrobiana.

**Conclusiones:** La secuenciación completa del gen ARNr 16S mediante la metodología de ONT es un método sensible para la identificación bacteriana en biopsias y prótesis cardíacas con un tiempo de respuesta rápido, y complementa el diagnóstico convencional especialmente en los casos con cultivo negativo.

<https://doi.org/10.1016/j.circv.2023.11.003>

2-ID: 13

**Infecciones de dispositivos de asistencia ventricular izquierda: experiencia unicéntrica**

A. Alonso Álvarez<sup>1,2,3,\*</sup>, L. Ramos Merino<sup>1,2,3</sup>, E. Barge Caballero<sup>1,2,3</sup>, R.M. Fernández Varela<sup>1,2,3</sup>, D. Couto Mallón<sup>1,2,3</sup>, M.A. Solla Buceta<sup>1,2,3</sup>, E. Sánchez Vidal<sup>1,2,3</sup>, L. Fernández Arias<sup>1,2,3</sup>, M.D. Sousa Regueiro<sup>1,2,3</sup>, M.G. Crespo Leiro<sup>1,2,3</sup>

<sup>1</sup> Unidad de Enfermedades Infecciosas. Hospital Universitario A Coruña

<sup>2</sup> Unidad de Insuficiencia Cardíaca Avanzada. Hospital Universitario A Coruña

<sup>3</sup> Unidad de Cuidados Intensivos Cardíacos. Hospital Universitario A Coruña

\*para correspondencia.

**Justificación:** El implante de dispositivos de asistencia ventricular izquierda (DAVI) de larga duración como terapia de la insuficiencia cardíaca avanzada, está en aumento. Una complicación relevante es la infección (IDAVI), con manejo complejo ya que, entre otros factores, pueden ser causadas por microorganismos resistentes, la