

EPIDEMIOLOGÍA GENÓMICA DE *CAMPYLOBACTER* SPP, AISLADOS DE COPROCULTIVOS DEL HOSPITAL ROBERTO DEL RÍO.

Dona Benadof Fuentes 1-2; Mirta Acuña Ávila 1-2; Christopher Grim 3; Narjol Gonzales Escalona 3; Assaf Katz 4; Carlos Blondel 5; Verónica Bravo 6

1 Laboratorio Clínico y unidad de Infectología, Hospital de Niños Dr. Roberto del Río

2 Departamento de Pediatría y Cirugía infantil norte, Facultad de Medicina, Universidad de Chile

3 Center for Food Safety and Applied Nutrition, Food and Drug Administration, College Park, MD, USA

4 Programa de Biología Celular y Molecular, ICBM, Facultad de Medicina, Universidad de Chile.

5 Instituto de Ciencias Biomédicas, Facultad de Medicina y Facultad de Ciencias de la Vida, Universidad Andrés Bello

6 Centro de Investigaciones Biomédicas y aplicadas (CIBAP), Escuela de Medicina, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad de Santiago de Chile.

Antecedentes: *Campylobacter* spp., es la causa más frecuente de diarrea aguda en el mundo, representando alrededor del 25% de las etiologías. En Chile, si bien *Campylobacter* spp. forma parte de las enfermedades de notificación obligatoria, los protocolos de diagnóstico actuales subestiman su identificación.

Objetivo: Determinar la frecuencia, diversidad genética y presencia de determinantes de resistencia a antimicrobianos en *Campylobacter* spp. aislados de pacientes pediátricos con diarrea aguda que consultaron entre julio 2021 a julio 2022 en el Hospital Dr. Roberto del Río.

Métodos: Para este estudio introducimos al protocolo de cultivo de heces el uso de agar CASA, microaerofilia e incubación a 42°C durante un período de un año descrito más arriba.

Resultados: De 1.550 coprocultivos, obtuvimos una tasa de positividad global del 8,9%. Entre los cultivos positivos, *Campylobacter* spp fue el agente aislado más frecuente de diarrea aguda (50%), siendo *C. jejuni* la especie más frecuente (95,7%) seguida de *C. coli* (4,3%). Aunque el patógeno se detectó durante todo el período de análisis, pareció predominar durante octubre-noviembre (temporada de primavera). Además, se secuenciaron 66/69 cepas (NextSeq, Illumina) para determinar su diversidad genética y predecir la resistencia a los antimicrobianos. El análisis de tipificación de secuencia multilocus in silico (MLST) de cepas de *C. jejuni* reveló una alta diversidad genómica que incluye 24 tipos de secuencia diferentes (ST). En un estudio previo realizado en un centro de salud privado de Santiago, ST-475 y ST-883 siguen siendo las ST más abundantes. Curiosamente, en nuestro grupo de pacientes ST-21 y ST-353 están sobrerrepresentados, lo que sugiere que las fuentes de exposición a *Campylobacter* son diferentes en estas dos poblaciones. Además, la mayoría de las cepas que pertenecen a estas ST albergan la mutación puntual C257T en el gen *gyrA*, que confiere resistencia en toda la clase a las fluoroquinolonas.

Conclusión: la introducción de la búsqueda dirigida de este agente duplica el rendimiento general del cultivo de heces. Se revela que este agente es la principal etiología de la diarrea aguda en nuestro medio. Aislar *Campylobacter* spp y estudiar sus variables genéticas ayuda a una mejor comprensión de la epidemiología de este patógeno y facilita sistemas de control efectivos e integrados para reducir el impacto de la campilobacteriosis en humanos.