

UNIVERSIDAD
CIENTÍFICA
DEL SUR

FACULTAD DE CIENCIAS DE LA SALUD

CARRERA PROFESIONAL DE MEDICINA HUMANA

“Asociación entre la infección por COVID-19 y la resistencia antimicrobiana en cepas gram negativas provenientes del Hospital María Auxiliadora durante enero y febrero del 2021”

Tesis para optar el título profesional de:

MÉDICO CIRUJANO

Presentado por:

Harold Christopher Rodríguez Aparcana (0000-0002-1012-3499)

Gonzalo Andres Alayo Rodríguez (0000-0002-2541-5945)

Asesor:

Maria Jesús Pons Casellas: (0000-0001-8384-2315)

Lima – Perú

2023

ACTA DE SUSTENTACIÓN

Lima, 20 de abril de 2023.

Los integrantes del Jurado de tesis:

Presidente: Méd. Esp. José Wagner López Revilla	<input type="checkbox"/>
Miembro 1: Méd. Esp. Edyson Aquil Sedano De la Cruz	
Miembro 2: Méd. Diego Alonso Vargas Torres Young	

Se reúnen para evaluar la tesis titulada:

"ASOCIACIÓN ENTRE LA INFECCIÓN POR COVID-19 Y LA RESISTENCIA ANTIMICROBIANA EN CEPAS GRAM NEGATIVAS PROVENIENTES DEL HOSPITAL MARÍA AUXILIADORA DURANTE ENERO Y FEBRERO DEL 2021"

Presentada por

Harold Rodríguez Aparcana y Gonzalo Alayo Rodríguez

Para optar por el Título de Médicos Cirujanos

Con la asesoría de: Dra. María Jesús Pons Casellas

Luego de haber evaluado el informe final de tesis y evaluado su desempeño en la sustentación, concluyen de manera unánime (x) por mayoría simple () calificar a:

Tesisista: Harold Rodríguez Aparcana			Nota (en letras): Dieciséis (16)
Aprobado ()	Aprobado - Muy buena (x)	Aprobado - Sobresaliente ()	Desaprobado ()
Tesisista: Gonzalo Alayo Rodríguez			Nota (en letras): Dieciséis (16)
Aprobado ()	Aprobado - Muy buena (x)	Aprobado - Sobresaliente ()	Desaprobado ()

Los miembros del jurado firman en señal de conformidad.



Méd. Esp. José Wagner López Revilla
Presidente del Jurado



Dra. María Jesús Pons Casellas
Asesora



Méd. Esp. Edyson Aquil Sedano De la Cruz
Miembro 1



Méd. Diego Alonso Vargas Torres Young
Miembro 2

ANEXO: FORMATO DE DECLARACIÓN DE ORIGINALIDAD DE CONTENIDO DE INFORME FINAL DE TESIS O TRABAJO DE INVESTIGACIÓN

UNIVERSIDAD CIENTÍFICA DEL SUR

DECLARACIÓN DE ORIGINALIDAD DE CONTENIDO DE INFORME FINAL DE TESIS / TRABAJO DE INVESTIGACIÓN¹

Lima, 21 de abril del 2023

Señor,
Dr. Carlos Zavalaga Reyes

**Director General de Investigación, Desarrollo e Innovación
Universidad Científica del Sur
Presente.** –

De nuestra consideración,

Yo: Harold Christopher Rodríguez Aparcana; Gonzalo Andres Alayo Rodríguez, egresados de la carrera de Medicina Humana de la Universidad Científica del Sur, en conjunto con la asesora de tesis María Jesús Pons Casellas, declaramos que este informe final de tesis titulado: Asociación entre la infección por COVID-19 y la resistencia antimicrobiana en cepas gram negativas provenientes del Hospital María Auxiliadora durante enero y febrero del 2021, sustentado para obtener el título de Médico Cirujano es original.

Es decir, no contiene plagio parcial ni total, cuando se utilizó información de fuentes externas se reconoció la autoría mediante la adecuada citación y los resultados obtenidos son producto entero de mi (nuestra) investigación y no han sido falseados ni fabricados. Todo esto en cumplimiento del Código de ética en la investigación, Reglamento del Comité de Integridad Científica, Reglamento de Propiedad Intelectual, Normas y procedimientos de los trabajos de investigación para la obtención de títulos profesionales y grados académicos ², que afirmamos conocer en su totalidad.

Por ello, en caso de identificarse alguna situación de plagio, falsificación o fabricación de resultados, nos allanamos al proceso de investigación que establezca la Universidad y las posibles sanciones que pudieran surgir.

Firmamos en conformidad con lo declarado,



Firma tesista
DNI: 72686838



Firma tesista
DNI: 73929581



Firma del asesor de tesis
CE: 001817203

INFORME DE REVISIÓN DE ORIGINALIDAD

Título del documento evaluado. Asociación entre la infección por Covid-19 y la resistencia antimicrobiana en cepas Gram negativas provenientes del Hospital María Auxiliadora durante enero y febrero del 2021

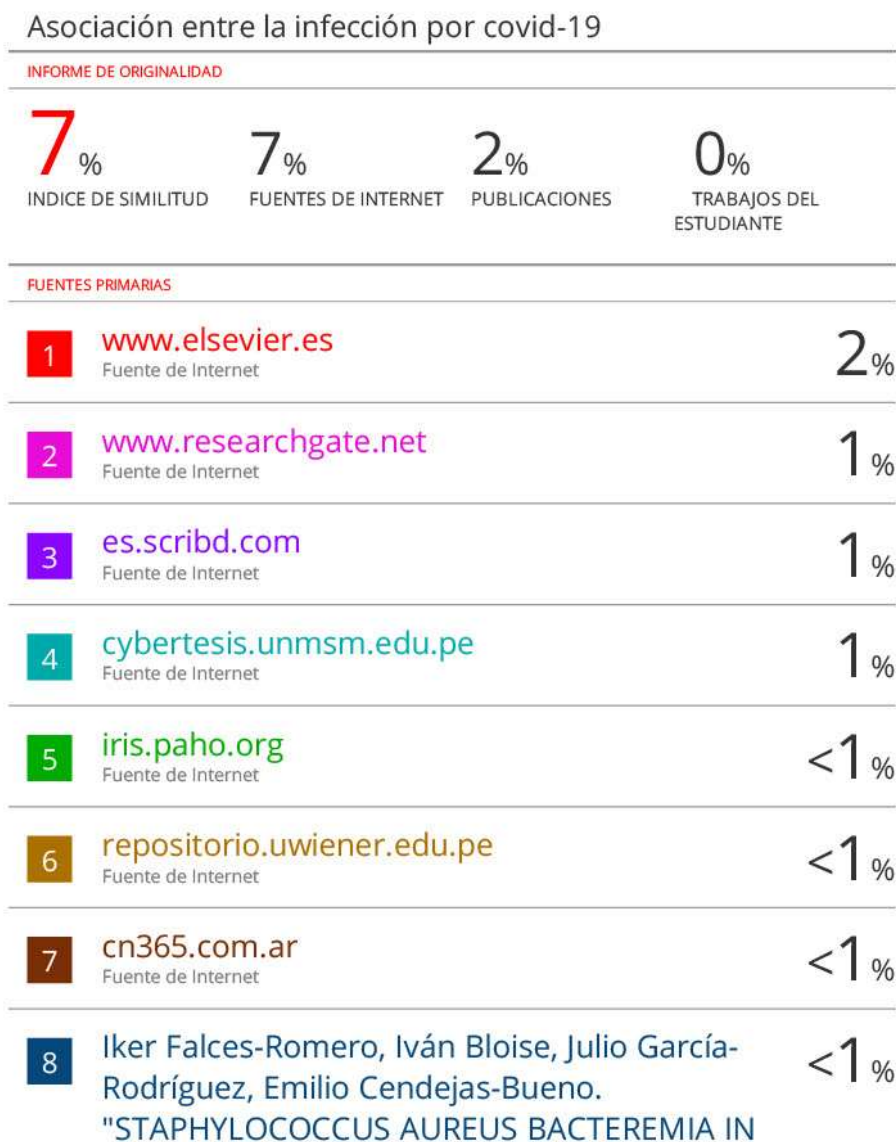
Autores. Harold Christopher Rodriguez Aparcana; Gonzalo Andres Alayo Rodriguez.

Mecanismo de revisión de originalidad. Evaluación con Turnitin (ID 2071623036).

Resultado de la evaluación. 7%

Revisado por. Magaly Kelly Guerrero Huaracallo.

Comentarios sobre la revisión. Filtros usados: excluir fuentes de menos de 12 palabras.



Resumen: La resistencia a los antibióticos es un problema global que afecta la efectividad de manejos terapéuticos, aumentando costos y la morbimortalidad de las infecciones. Debido a la pandemia de la COVID-19, se consideró el uso de antimicrobianos como manejo preventivo y terapéutico de la coinfección, aumentando exponencialmente su consumo. Por ello, en este estudio se determinó la relación en la infección por COVID-19 y la resistencia antimicrobiana, además de los mecanismos implicados en bacterias Gram negativas aisladas de muestras clínicas en el hospital María Auxiliadora en áreas COVID-19 y no COVID-19 durante enero y febrero de 2021.

Metodología: Estudio analítico transversal que describe niveles y genes de resistencia a antimicrobianos en muestras respiratorias de los servicios del Hospital María Auxiliadora (área COVID y no COVID). Se determinó la Concentración Mínima Inhibitoria (CMI) de antimicrobianos mediante técnicas automatizadas (Microscan). Se procedió a analizar la asociación de los pacientes COVID-19 y la resistencia a antimicrobianos en el patógeno aislado. Los genes implicados en resistencia a carbapenems y presencia de β -lactamasas de espectro extendido (BLEE) fueron determinados por PCR.

Resultados: Se recibieron 85 muestras respiratorias de pacientes para incluir en el estudio (69.41% pertenecen a pacientes con COVID-19). Del total de muestras, 42 muestras (49.41%) pertenecían a *Acinetobacter baumannii*, 28 muestras (32.94%) a *Pseudomonas aeruginosa*, y 15 muestras (17.65%) a *Klebsiella pneumoniae*. Se evidenció que las muestras de *A. baumannii* se encontraban en su mayoría presentes (55.93%) en pacientes COVID-19 ($p < 0.05$). En *A. baumannii* el gen con mayor frecuencia fue *bla_{oxa}-24* (34,80.9%), para *P. aeruginosa* la co-presencia de *bla_{IMP}* y *bla_{VIM}* (6), seguido de *bla_{IMP}* (5). Destacar que la presencia de *K. pneumoniae* productora de BLEE solo se reportaron en muestras aisladas de pacientes COVID-19 (7 muestras), todos vinculados a la presencia de *bla_{CTX-M}* del grupo1. **Conclusión:** *A. baumannii* se reportó más frecuente en muestras de pacientes COVID-19. Los niveles de resistencia a antimicrobianos fueron elevados; destacar que no se reportaron diferencias en los niveles de resistencia a antimicrobianos entre pacientes provenientes de áreas COVID-19 y no COVID-19.

Palabras clave: Antimicrobianos, COVID-19, Resistencia antimicrobiana, Bacterias Gram-negativas

Abstract: Antibiotic resistance is a global problem that affects the effectiveness of therapeutic management, increasing costs and the morbidity and mortality of infections. Due to the COVID-19 pandemic, the use of antimicrobials was considered as preventive and therapeutic management of coinfection, exponentially increasing their consumption. Therefore, this study determined the relationship between COVID-19 infection and antimicrobial resistance, in addition to the mechanisms involved in Gram-negative bacteria isolated from clinical samples at the María Auxiliadora hospital in COVID-19 and non-COVID-19 areas during January and February 2021. **Methodology:** Cross-sectional analytical study that describes levels and genes of antimicrobial resistance in respiratory samples from the services of the María Auxiliadora Hospital (COVID and non-COVID area). The Minimum Inhibitory Concentration (MIC) of antimicrobials was determined using automated techniques (Microscan). We proceeded to analyze the association of the COVID-19 patients and the resistance to antimicrobials in the isolated pathogen. The genes involved in resistance to carbapenems and the presence of extended-spectrum β -lactamases (ESBL) were determined by PCR. **Results:** 85 respiratory samples were received from patients to be included in the study (69.41% belong to patients with COVID-19). Of the total samples, 42 samples (49.41%) belonged to *Acinetobacter baumannii*, 28 samples (32.94%) to *Pseudomonas aeruginosa*, and 15 samples (17.65%) to *Klebsiella pneumoniae*. It was evidenced that the *A. baumannii* samples were mostly present (55.93%) in COVID-19 patients ($p < 0.05$). In *A. baumannii* the most frequent gene was *bla_{oxa-24}* (34.80.9%), for *P. aeruginosa* the co-presence of *bla_{IMP}* and *bla_{VIM}* (6), followed by *bla_{IMP}* (5). It should be noted that the presence of ESBL-producing *K. pneumoniae* was only reported in isolated samples from COVID-19 patients (7 samples), all linked to the presence of *bla_{CTX-M}* from group1. **Conclusion:** *A. baumannii* was reported more frequently in samples from COVID-19 patients. Antimicrobial resistance levels were high; It should be noted that no differences were reported in the levels of antimicrobial resistance between patients from COVID-19 and non-COVID-19 areas.

Keywords: Antimicrobials, COVID-19, Antimicrobial resistance, Gram-negative bacteria