



## Comunicaciones

### 2º Congreso de COVID-19

12-16 de abril de 2021

#### Sociedad Española de Microbiología (SEM)

##### 75. DETECCIÓN DE SARS-CoV-2 EN AIRE: ¿SON EFICACES LOS PURIFICADORES HEPA CONTRA EL VIRUS?

**María Rodríguez Pérez**, M<sup>a</sup> de los Llanos Palop Herreros, Susana Seseña Prieto y Ana Rodríguez Cervantes

Universidad de Castilla-La Mancha, Toledo, España.

**Palabras clave:** Aire. Q-PCR. Purificador.

La COVID-19 es la enfermedad infecciosa que ha originado la grave pandemia actual en la que nos encontramos inmersos. El agente responsable es un coronavirus de ARN monocatenario de sentido positivo denominado SARS-CoV-2, desconocido hasta diciembre del 2019, fecha en la que se detectó el primer caso de neumonía en la localidad china de Wuhan. Los síntomas más frecuentes de la enfermedad son de tipo respiratorio, aunque pueden darse otros, siendo también variable la intensidad de los mismos. Los primeros estudios epidemiológicos y virológicos efectuados sugirieron que la transmisión ocurría principalmente por dos vías: 1) por contacto entre personas, a través de las gotitas de Pflügge o por contacto directo, o 2) por contacto con objetos y superficies contaminados. Posteriormente, se demostró que, en espacios cerrados y mal ventilados, la vía de contagio predominante es mediante aerosoles que contienen partículas víricas viables, generados por las personas infectadas. Por este motivo, las autoridades sanitarias dictaron una serie de recomendaciones entre las que se encuentran el uso de mascarillas, el mantenimiento de una distancia física interpersonal y la adecuada ventilación de los espacios interiores, objeto de nuestro estudio. La ventilación de los espacios interiores puede realizarse mediante ventilación natural o mecánica y, cuando no sea posible conseguir una tasa de ventilación adecuada, se recomienda el uso de purificadores de aire con filtros HEPA, motivo por el que su uso se ha incrementado notablemente en los últimos meses. Cabría ahora preguntarse ¿son realmente eficaces para la eliminación del virus? En este estudio, se ha llevado a cabo la optimización de un método de análisis de la presencia del ARN del COVID-19 en aire, utilizando un captador MD8 Airport (Sartorius) con filtros de gelatina y su posterior detección mediante q-PCR. Posteriormente, se ha determinado la eficacia de un purificador de aire marca Dyson, en espacios interiores con elevada carga viral, efectuándose muestreos en 6 espacios cerrados, donde se encontraba confinado un enfermo positivo de COVID-19, y analizándose la presencia de ARN viral antes y después

de la utilización del purificador. Los resultados obtenidos permiten afirmar que el protocolo de análisis desarrollado es adecuado, ya que se confirmó la presencia del virus en el aire de todos los hogares muestreados antes de usar el purificador, y se ha calculado que su utilización tiene una eficacia de eliminación de partículas víricas en torno al 80%.

##### 183. TRANSMISIÓN DE SARS-CoV-2 POR TRATAMIENTO DE AGUAS RESIDUALES

**Bárbara Muñoz Palazón**<sup>1</sup>, Paula Rodríguez Bouzas<sup>1</sup>, Adoración Barros Rodríguez<sup>2</sup>, Jorqe Hernández Marín<sup>3</sup>, Emilio Molero Melgarejo<sup>1</sup>, Francisco Rueda Valdivia<sup>1</sup>, Concepción Calvo Sainz<sup>1</sup> y Jesús González López<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidad de Granada, Granada, España. <sup>2</sup>VitaNtech Biotechnology S.L, Granada, España. <sup>3</sup>Gis<sup>4</sup>Tech S.L, Granada, España.

**Palabras clave:** Aguas residuales. Serología. COVID-19.

Dada la presencia de material genético del virus SARS-CoV-2 en aguas residuales, se ha propuesto el seguimiento epidemiológico de esta pandemia de COVID-19 a través del análisis de las aguas en estaciones depuradoras de aguas residuales (EDAR) y a través de la red de saneamiento de distintas áreas geográficas. Tanto en los procesos de tratamiento de aguas residuales habituales, como durante los análisis de seguimiento del SARS-CoV-2 se ha generado una controversia sobre la seguridad de este proceso y si puede representar un punto focal de transmisión de la COVID-19. Para conocer la posible incidencia de este proceso en la transmisión de la COVID-19, se realizó un análisis epidemiológico a 134 trabajadores de aguas residuales de 59 EDAR de la provincia de Granada (España) para conocer si tienen un mayor riesgo asociado a su exposición a estas aguas y si deben continuar trabajando en las condiciones actuales. El análisis se basó en el empleo de kits rápidos de detección de anticuerpos contra COVID-19 IgG/IgM (sangre total) para determinar si existe una seroprevalencia inusual asociada con este tipo de trabajadores. A pesar de la posible exposición de estos trabajadores al SARS-CoV-2 contenido en las aguas residuales, este estudio muestra que no existe una incidencia diferente de COVID-19 en esta población profesional. La seroprevalencia de trabajadores de aguas residuales fue del 8,95% en IgG para SARS-CoV-2, similar a la incidencia encontrada para la población general de la provincia de Granada (9,6%, IC95%: 7,2-12,8) en el momento de muestreo. Estos resultados apuntan a la ausencia de transmisión feco-oral del virus SARS-CoV-2.

## 254. LA IMPORTANCIA DEL GEN ELEGIDO EN LA DETECCIÓN DEL SARS-CoV-2 MEDIANTE QRT-PCR

Elena Campos Pardos<sup>1</sup>, Juan Calvet Seral<sup>1</sup>, Antonio Aguilera Guirao<sup>2</sup>, Ana Milagro Beamonte<sup>3</sup>, Ana Martínez Sapiña<sup>3</sup>, María Luisa Pérez del Molino<sup>2</sup> y **Jesús Gonzalo Asensio<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Universidad de Zaragoza, Zaragoza, España. <sup>2</sup>SERGAS Servicio Gallego de Salud, Santiago de Compostela, España. <sup>3</sup>Hospital Universitario Miguel Servet, Zaragoza, España.

**Palabras clave:** RNA subgenómico. Ct. Sensibilidad PCR.

El virus SARS-CoV-2 es un virus RNA de 29.903 ribonucleótidos, el cual está constituido por varios genes estructurales, todos ellos orientados en dirección 3' del genoma viral. Entre ellos, caben destacar los genes orf1A, orf1B, S, E, M y N, debido a su utilización en el diagnóstico molecular mediante qRT-PCR. Una de las características del transcriptoma del SARS-CoV-2 es la transcripción de sus genes, a excepción del gen orf1AB, en forma de RNAs subgenómicos (sRNAs). Estos sRNAs son el producto de la transcripción de un gen determinado, así como del resto de genes que se encuentran a partir de su extremo 3' en el genoma viral. Así, a modo de ejemplo, el sRNA del gen S también contendrá en su extremo 3' la secuencia de los genes E, M y N, entre otros. Esta propiedad, inherente al transcriptoma de los beta-coronavirus, tendría una importante implicación en su diagnóstico mediante qRT-PCR, así como en la asociación de los Cts de los diferentes genes con la carga viral e infecciosidad del SARS-CoV-2, ya que la abundancia de un RNA, y por tanto la sensibilidad en su detección, sería directamente proporcional a su cercanía al extremo 3'. Para comprobar esta hipótesis, se ha trabajado con muestras clínicas –tratadas con medio de transporte e inactivación- en las que se ha llevado una extracción de RNA total y se han determinado los Ct de varios genes. Un conjunto de muestras clínicas fue utilizado para determinar los Ct de los genes orf1A, orf1B, S, E, M y N, con el objetivo de obtener información clínica sobre el transcriptoma del SARS-CoV-2 mediante qRT-PCR. En un estudio complementario con 360 muestras clínicas, en las que se detectaron simultáneamente varios genes en la misma muestra, se comprobó que la expresión del gen orf1AB es menor que la del gen E, y ésta a su vez es menor que la del gen N. En consecuencia, dentro de una misma muestra, los valores de Ct obtenidos para los genes orf1AB, E y N muestran valores decrecientes, respectivamente, consistente con una mayor abundancia de los RNAs de los genes situados en el extremo 3'. Este estudio no solo permite interpretar molecularmente los resultados obtenidos en el diagnóstico mediante qRT-PCR, sino también pone de manifiesto la diferente sensibilidad de los métodos de detección del SARS-CoV-2.

## 652. POSITIVIDAD DE HEMOCULTIVOS EN LA INFECCIÓN POR SARS-CoV-2 SEGÚN SU PROCEDENCIA

**Martín Gericó Aseguinolaza<sup>1</sup>**, Anxela Crestelo Vieitez<sup>1</sup>, María del Mar García Andreu<sup>1</sup>, Nicolás Alcalá Rivera<sup>1</sup>, Paula Aragónés Pequerul<sup>1</sup>, Laura Peiro Muntadas<sup>1</sup>, María Luisa Monforte Cirac<sup>2</sup>, María Isabel Millán Lou<sup>2</sup>, Carmen Aspiroz Sancho<sup>2</sup> y Esther del Corral Beamonte<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Medicina Interna; <sup>2</sup>Microbiología y Parasitología. Hospital Royo Villanova, Zaragoza, España.

**Palabras clave:** Hemocultivos. SARS-CoV-2. Fiebre.

La infección por SARS-CoV-2 produce una amplia variedad de síntomas y signos, siendo la fiebre uno de los más frecuentes. Una práctica habitual ante la presencia de fiebre sin foco es la extracción de muestras para cultivo, generalmente hemocultivos. Al ser la fiebre habitual en la infección por SARS-CoV-2, hay dudas acerca de su necesidad y rentabilidad en estos pacientes. En este estudio

se han analizado todos los hemocultivos realizados a pacientes con infección activa por SARS-CoV-2 en el servicio de Medicina Interna desde el inicio de la pandemia hasta el 31/01/2021. Se ha atendido a 875 pacientes con infección activa por SARS-CoV-2, con extracción de hemocultivos a 232 (26,5%). Se procesaron 687 hemocultivos, de los cuales 484 (70,5%) fueron extraídos en urgencias, 171 (24,9%) en planta convencional y 32 (4,7%) en la UCI. 106 (15,4%) de los hemocultivos extraídos fueron positivos. Hubo diferencias significativas entre su positivización en función del momento de extracción ( $\chi^2 = 10,73$ , gl = 2, p = 0,005). Fueron positivos 87 (18%) en urgencias, 13 (7,6%) en planta y 6 (18,8%) en UCI. Se hallaron 22 microorganismos diferentes. Los más frecuentes fueron *Staphylococcus hominis* con aislamiento en 29 hemocultivos (27,36% de los positivos) y *Staphylococcus epidermidis* con 25 (23,58%). Con menor frecuencia *Enterococcus faecalis* y *Staphylococcus aureus* meticilin resistente con 7 aislamientos (6,6%) y *Escherichia coli* y *S. aureus* meticilin sensible con 6 (5,66%). Finalmente se encontraron *Enterobacter aerogenes*, *Streptococcus pneumoniae* y *Staphylococcus capitis* con 3 (2,83%) aislamientos, *Clostridium paraputrificum* y *Staphylococcus lugdunensis* con 2 (1,89%) y *Candida parapsilosis*, *Corynebacterium sp*, *Enterococcus faecium*, *Gemella sp*, *Lactobacillus sp*, *Propionibacterium acnes*, *Staphylococcus cohnii*, *Staphylococcus haemolyticus*, *S. hominis* subesp. *nobilepticum*, *Staphylococcus petrasii* y *Staphylococcus simulans* con 1 (0,94%). Gran parte de los positivos correspondió a estafilococos coagulasa negativa, considerados como contaminantes en la gran mayoría de los casos. Algunas de las explicaciones a estos resultados pueden ser las condiciones de extracción de los hemocultivos por parte del personal sanitario (con EPI, presión asistencial). Los hemocultivos valorados microbiológicamente y clínicamente como verdaderos positivos fueron 42 (6,11%). El rendimiento de los hemocultivos significativos en los pacientes con COVID fue muy bajo, encabezado por *E. faecalis*, *S. aureus* y *E. coli*.

## 743. SARS-CoV-2 Y DETERMINACIÓN DEL ARN SUBGENÓMICO

**Laura Viñuela González**, Adolfo de Salazar González, Ana Fuentes López, Esther Serrano-Conde Sánchez, Marta Illescas López, Lucía Chaves Blanco y Federico García García  
Hospital Universitario San Cecilio, Granada, España.

**Palabras clave:** ARN. Subgenómico.

**Introducción y objetivos:** El ARN de SARS-CoV-2 puede ser detectado mediante RT-PCR varias semanas después de la resolución clínica. Sin embargo, el hecho de que los pacientes sigan siendo contagiosos tras la resolución de los síntomas sigue siendo objeto de dudas. Durante la replicación del ARN se generan fragmentos de ARN subgenómico que codifican proteínas estructurales (S, E, N y M) y proteínas accesorias. Estudios recientes sugieren que la detección de ARN subgenómico mediante PCR puede ser un indicador de infección/transcripción activa viral. Nuestro objetivo ha sido comparar la detección de ARN subgenómico con la detección de ARN total mediante PCR en muestras nasofaríngeas.

**Material y métodos:** Se seleccionaron 96 muestras positivas para el gen E y N realizadas mediante el kit SARS-CoV-2 (Vircell). Para el estudio se incluyeron 50% de muestras con CTs < 30 y 50% CTs > 30 para ambos genes. A partir de los eluidos de ARN, que se conservaron a -20°C hasta su procesamiento, se realizó en paralelo una RT-PCR para la amplificación del gen E y del gen E subgenómico (sg) en un termociclador CFX-96 (Bio-rad). Para la amplificación de estos últimos se utilizaron los primers publicados por Wölfel et al. (<https://doi.org/10.1038/s41586-020-2196-x>).

**Resultados:** En el total de las muestras se observó una desviación media de ΔCT -3,77 del E sg con respecto al E total. En todas las mues-

tras con valor de E < 30, amplificó el E sg con una desviación media de  $\Delta CT$  -4,42, mientras que en las muestras con E > 30, solo amplificaron 21/48 (44%,  $p < 0,0001$  con respecto a grupo de CT < 30 = 48/48) con el E sg, presentando una desviación media de  $\Delta CT$  -2,44. La máxima diferencia observada fue de 8 CT en una muestra con E total = 28,54.

**Conclusiones:** En nuestro estudio, se han detectado diferencias significativas en la detección de ARN subgenómico en los pacientes con CTs inferiores a 30, lo que sugiere una posible asociación con la replicación viral y la infectividad.

## 863. DINÁMICA DE SARS-CoV-2 EN UNA PLANTA DE TRATAMIENTO DE AGUAS RESIDUALES

Marta Lois Alvedro<sup>1</sup>, Marta Clemente Marginet<sup>2</sup>, Sonia Barros Prieto<sup>3</sup>, Guillermo Traba Lago<sup>4</sup>, David Polo Montero<sup>1</sup>, Leticia Rodríguez Hernández<sup>2</sup>, Susana Fernández Fernández<sup>5</sup> y **Jesús L. Romalde<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Universidade de Santiago de Compostela, Santiago de Compostela, España. <sup>2</sup>Viaqua Gestión Integral de Aguas de Galicia, Santiago de Compostela, España. <sup>3</sup>IDOM- Apoyo Técnico Augas de Galicia, Santiago de Compostela, España. <sup>4</sup>ADANTIA-Apoyo Técnico Augas de Galicia, Santiago de Compostela, España. <sup>5</sup>Augas de Galicia, Santiago de Compostela, España.

**Palabras clave:** Aguas residuales. Detección. Eliminación.

El material genético del SARS-CoV-2 es detectable en heces de buena parte de los casos de COVID-19, tanto sintomáticos como asintomáticos y, por tanto, en las aguas residuales. Este hecho ha llevado a autoridades sanitarias de todo el mundo a establecer programas de monitoreo de aguas residuales como herramienta útil de predicción epidemiológica. Pero también plantea la posibilidad de que, en función de la efectividad de los tratamientos empleados para las aguas residuales, se pueda producir contaminación medioambiental con SARS-CoV-2. En este trabajo, hemos estudiado la dinámica de eliminación del material genético de SARS-CoV-2 en una planta de tratamiento de aguas residuales (EDAR), analizando tanto la línea de aguas como la línea de fangos. En la línea de aguas se ha analizado el agua bruta de entrada en la EDAR, agua pretratada y salidas de tratamiento primario y tratamiento secundario. En la línea de fangos, se analizaron lodos de desarenado/desengrasado, lodo primario, licor de mezcla (reactor biológico) y lodos deshidratados. Las muestras se concentraron utilizando un método de adsorción-elución con aluminio, y se extrajo el RNA viral utilizando el kit Nucleospin® RNA Virus Kit (Macherey-Nagel). El RNA viral se detectó mediante RT-qPCR, empleando el kit One-Step PrimeScript™ RT-PCR (Takara Bio), amplificando las regiones IP4 (gen de la RNA polimerasa-RNA dependiente), E (gen de la envoltura) y N1 (gen de la nucleocápside). Se utilizó RNA sintético (RNA Twist Synthetic SARS-CoV-2; Twist Bioscience) como control positivo y para la construcción de las rectas estándar para la cuantificación. Los resultados preliminares indican que en las primeras etapas de tratamiento la mayor parte de los virus se encuentran en la fase líquida, observándose niveles elevados de RNA vírico en agua bruta, agua pretratada y salida de tratamiento primario ( $10e+4$ – $10e+6$  cg/L dependiendo de la región diana) y niveles mucho más bajos en lodos de desarenado/desengrasado o lodo primario ( $< LoQ$ – $10e+4$  cg/g). Durante el tratamiento biológico el RNA vírico se une al material particulado, derivándose a partir de ahí a la línea de fangos y no detectándose en el agua de salida del tratamiento secundario. Tampoco se ha detectado RNA de SARS-CoV-2 en los lodos deshidratados tratados con cal. Los resultados obtenidos parecen indicar que, en condiciones correctas de operatividad de la EDAR, los efluentes secundarios no suponen un problema de dispersión de SARS-CoV-2 al medio ambiente.

## 865. DETECCIÓN DE ARN DE SARS-CoV-2 EN MOLUSCOS BIVALVOS Y SEDIMENTOS MARINOS

**David Polo Montero<sup>1</sup>, Marta Lois Alvedro<sup>1</sup>, María Teresa Fernández Núñez<sup>2</sup> y Jesús L. Romalde<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Universidade de Santiago de Compostela, Santiago de Compostela, España. <sup>2</sup>Cofradía de Pescadores de Miño, Miño, España.

**Palabras clave:** Detección ambiental. Moluscos. Medio marino.

La presencia de SARS-CoV-2 en heces de pacientes infectados y, en consecuencia, en las aguas residuales, ha llamado la atención sobre la posibilidad de una vía de transmisión fecal-oral de este nuevo virus y la contaminación del medio ambiente a través de las aguas residuales. Como otros virus humanos comúnmente presentes en las heces (virus entéricos), el SARS-CoV-2 puede liberarse a través de aguas residuales en cursos de agua que finalmente llegan a las áreas costeras. Los moluscos bivalvos tienen una larga historia como vectores de transmisión de virus entéricos, consecuencia de la contaminación fecal de sus aguas de cultivo y su naturaleza filtradora. En este trabajo investigamos la posible presencia de SARS-CoV-2 en el medio marino. Para ello, analizamos 12 muestras de sedimentos y 12 muestras de almeja japonesa (*Ruditapes philippinarum* y *R. decussatus*) recogidas entre mayo y julio de 2020 en dos bancos naturales ubicados en dos pequeños estuarios gallegos, clasificados como zonas de "clase C" (normativa UE). El ARN viral se detectó mediante RT-qPCR, dirigida a las regiones genómicas IP4, E y N1. Las muestras positivas se sometieron a un ensayo indirecto de viabilidad con PMAxx para discriminar entre cápsides intactas y alteradas. Se detectó ARN de SARS-CoV-2 en 9 muestras de almeja y en 3 muestras de sedimento mediante RT-qPCR. Los valores de Ct variaron de 36 a 39,9 dependiendo de la región genómica, con niveles máximos de cuantificación de 3,60 y 4,48 Log copias genómicas/g de sedimento y g de tejido digestivo, respectivamente. Solo 4 de las 9 muestras fueron positivas para dos regiones diana y las señales de ARN desaparecieron en el ensayo de viabilidad con PMAxx. Hasta donde sabemos, esta es la primera detección de ARN del SARS-CoV-2 en un organismo marino y demuestra que los viriones del SARS-CoV-2 o, al menos, su ARN pueden alcanzar las aguas costeras. Los resultados también sugieren un estado infeccioso del virus y un alto grado de degradación de su ácido nucleico, lo que implica un riesgo extremadamente bajo de adquirir SARS-CoV-2 a través del consumo de moluscos. Sin embargo, es necesario ahondar más en el estudio de su posible persistencia en los sistemas acuáticos, así como el riesgo para los usuarios de aguas recreativas y la vida marina.

## 953. NEW QPCR-KIT SPECIFIC OF SARS-CoV-2 BRITISH-VARIANT TO ASCERTAIN REAL INCIDENCE

**Antonio Martínez Murcia<sup>1,2</sup>, Aarón Navarro García<sup>2</sup>, Adrián García Sirera<sup>2</sup> and Marta Martínez Candela<sup>2</sup>**

<sup>1</sup>Universidad Miguel Hernández, Alicante, Spain. <sup>2</sup>Genetic Analysis Strategies SL, Elche, Spain.

**Keywords:** RT-QPCR. SARS-CoV-2. B.1.1.7 Lineage.

Last 14<sup>th</sup> December 2020, the Public Health England (PHE, London) reported an increase in the SARS-CoV-2 incidence associated with new viral genome sequences belonging to B.1.1.7 lineage, also named as VUI-202012/01 and VOC-202012/01. Epidemiological data suggest this variant may exhibit a higher transmissibility than the original strains. Most countries worldwide are using the Spike Gene Target Failure (SGTF) methodology to analyse the prevalence of this variant over the rest, as recommended by official entities. On this method, a sample is considered presumptive B.1.1.7 positive if the S gene-targeted qPCR fails for amplification. Confirmation of UK-variant needs further genome sequencing, a rather tedious and not always affordable technology. S-gene qPCR is based on the  $\Delta 69/70$  HV deletion but, how-

ever, our in-silico analysis showed above mutation is not B.1.1.7 specific (found in > 18% sequences from other lineages) and, consequently, real incidence may be biased. In view of the need for a fast and reliable method to detect this new SARS-CoV-2 variant, genetic PCR solutions™ developed a RT-qPCR kit which design was based on D3L, a mutation found in 99% of B.1.1.7 available genomes to date (> 65,000 sequences) and almost fully exclusive (99.7%). GPS™ undertakes a Post Market Surveillance Plan that includes rigorous fortnightly reviews of new sequences published in the GISAID and NCBI databases. Validation of the UK-variant B.1.1.7 SARS-CoV-2 dtec-RT-qPCR kit was achieved internally following the norm UNE/EN ISO/IEC 17025:2005. In vitro specificity was assayed using a synthetic standard template and full genomic RNA of two UK-variant isolates (England/205041766/2020 and England/MILK9E05B3/2020), and non-UK-variant isolates Wuhan-Hu-1 and Australia/VIC01/2020. Finally, diagnostic trial was carried out over SARS-CoV-2-positive clinical samples previously analysed by two independent laboratories, some of them identified by full genome sequencing. This kit, available since January 2021, may be useful for B.1.1.7 screening, can be run simultaneously with the diagnostic GPS™ CoVID-19 RT-qPCR kit in the same samples, and represents an affordable alternative to sequencing as, currently, PCR facilities have increased by far. Massive B.1.1.7 testing would be unvaluable to monitor at real-time the incidence of this lineage originated in the UK. The kit has also caused interest to water companies and it is being used in waste water treatment plants.

## 1095. INVESTIGACIÓN NOSOCOMIAL POR COVID-19 EN EL HOSPITAL VIRGEN DE LA VICTORIA (MÁLAGA)

**Rocío Martínez Pérez**, Darius Piotr Narankiewicz, César Rodríguez García, Genoveva Santillana Cernuda y María del Rocío Lorenzo Ortega

Hospital Universitario Virgen de la Victoria, Málaga, España.

**Palabras clave:** COVID-19. Nosocomial. SARS-CoV-2.

**Introducción y objetivos:** La transmisión nosocomial de COVID-19 pone a los pacientes con otros problemas médicos en ries-

go de enfermedad grave y muerte. El objetivo general del estudio es conocer la proporción de casos de COVID-19 identificados entre los pacientes ingresados con este diagnóstico.

**Material y métodos:** Estudio descriptivo retrospectivo de 4293 pacientes ingresados con COVID-19 en el Hospital Universitario Virgen de la Victoria de Málaga entre agosto 2020 y enero 2021. Se estudiaron los siguientes datos: fecha ingreso, PCR realizadas, presencia y tipo de sintomatología y resultado de IgG. Se define como caso nosocomial aquel que ha sido diagnosticado tras un mínimo de 3 días de ingreso hospitalario y no presentara síntomas compatibles de infección por COVID-19 al ingreso ni IgG positiva en los 7 primeros días. Se utilizaron las definiciones y clasificación del Grupo de Trabajo de la SAMSP. Para realizar el estudio, se ha contado con información obtenida de las bases de datos hospitalarias, gestionada y estudiada mediante hoja de cálculo de Libre Office y el programa RStudio.

**Resultados:** De 4293 pacientes ingresados durante el periodo estudiado, 85 obtuvieron PCR positiva tras el ingreso. De estos, solo 25 cumplieron la definición de caso nosocomial, suponiendo una proporción del 0.58%. De estos, 7 (28%) fueron clasificados como casos indeterminados; 7 (28%) fueron clasificados como casos probables; y 11 (44%) como casos definitivos. En cuanto al estudio y seguimiento de todos los casos, 24 de ellos (96%) tenían al menos una prueba PCR negativa anterior al diagnóstico durante el periodo de estancia hospitalaria. Solo 3 casos (12%) se mantuvieron asintomáticos durante todo el ingreso. El intervalo en días desde el día de ingreso hasta el diagnóstico de la infección fue heterogéneo, presentando una mediana de 11,11 días. Se realizó una investigación de trazabilidad para determinar el posible origen. Si bien la mayoría era desconocido (21 casos, 84%), 3 de ellos (12%) estaban asociados a familiares. No apareció ningún caso secundario, es decir, asociado a un caso nosocomial.

**Conclusiones:** La capacidad diagnóstica conseguida a lo largo de la pandemia gracias a las pruebas PCR, así como la mejora en la gestión de la información han conseguido que sea factible obtener un estudio fiel y útil de la transmisión nosocomial de SARS-CoV-2, permitiendo evaluar las herramientas de control, facilitando la reducción de pacientes expuestos a COVID-19.