

analizaron variables clínicas y de vacunación. Las variables cuantitativas fueron expresadas como media \pm desviación estándar y las cualitativas como porcentajes.

Resultados

Se administró la vacuna frente a HZ a 569 pacientes. Al final del periodo de observación, habían completado la vacunación con 2 dosis un 55,7% (311) de los pacientes. El tiempo medio entre dosis fue de $68,5 \pm 8,9$ días. De los pacientes pendientes de completar la pauta vacunal (258), un 98,5% (254) aún no han completado el intervalo mínimo entre dosis (2 meses). Un 1,5% (4) se han perdido en el seguimiento. La distribución por grupo de riesgo es: infección VIH (34,8%, 198), trasplante de órgano sólido (21,8%, 124), tratamiento con fármacos anti-JAK (20,0%, 114), trasplante de progenitores hematopoyéticos (16,2%, 92), hemopatías malignas (7,0%, 40) y tumores en tratamiento quimioterápico (0,2%, 1).

Conclusiones

Los pacientes con indicación de vacunación frente a HZ por pertenecer a un grupo de riesgo tienen buena adherencia a completar la pauta vacunal.

Palabras clave: Herpes zóster, Vacunación, Grupo de riesgo

doi:[10.1016/j.vacun.2022.09.031](https://doi.org/10.1016/j.vacun.2022.09.031)

31.

IE-7971. Perfil clínico y demográfico de los pacientes candidatos a recibir Evusheld® para la prevención de la COVID-19 grave, en un hospital de tercer nivel

E. García Verduguez, N. Rosillo Ramírez, S. de Miguel García, A. García de Codes, L.P. Cabrera Miranda, P. Arrazola Martínez

Hospital Universitario 12 de Octubre, Madrid, España

Introducción y objetivos

Evusheld®, anticuerpos monoclonales cilgavimab y tixagevimab, están indicados para los pacientes con condiciones de riesgo que cursan con inmunosupresión e inadecuada respuesta a la vacunación o contraindicación de la misma, presentando alto riesgo de la enfermedad grave por SARS-CoV-2. Describir las características de los pacientes con serología negativa tras la vacunación completa según la estrategia de vacunación frente a la COVID-19 en España, es una condición necesaria para recibir Evusheld®.

Métodos

Estudio descriptivo de pacientes mayores de 17 años con serología negativa antiproteína S, extraída entre el 31/03/2022 y el 10/06/2022, tras la administración de la tercera o la cuarta dosis de vacuna frente a la COVID-19 en un hospital de tercer nivel. Las variables cuantitativas se evaluaron mediante media \pm desviación estándar y las cualitativas mediante porcentajes. Se utilizó el estadístico de la U de Mann Whitney.

Resultados

De las 3.103 serologías realizadas, 155 fueron negativas (5,0%). El 47,7% (74) fueron mujeres, y un 52,3% (81) hombres. La edad media fue de $62,7 \pm 11,8$ años, $65,3 \pm 10,3$ en los hombres y $60,9 \pm 13,1$ en las mujeres ($p = 0,114$). El 32,9% de los pacientes que no respondieron a la vacunación eran pacientes tratados con inmunosupresores o inmunomoduladores biológicos y el 51,6% (80) eran pacientes trasplantados, siendo 72 (46,5%) receptores de trasplante de órgano sólido (TOS) y un 5,2% (8) de trasplante

autólogo de progenitores hematopoyéticos. De los receptores de TOS, un 20,2% (34) eran renales y un 12,5% (21) pulmonares.

Conclusiones

Los pacientes que no respondieron adecuadamente a la vacunación frente a la COVID-19 fueron, en su mayoría, receptores de TOS o tratados con inmunosupresores o inmunomoduladores biológicos, siendo por tanto candidatos potenciales para recibir Evusheld®.

Palabras clave: Evusheld®, Vacunación, COVID-19

doi:[10.1016/j.vacun.2022.09.032](https://doi.org/10.1016/j.vacun.2022.09.032)

32.

IE-8063. Predominio del genotipo G3 de origen equino y múltiples casos de fallo vacunal en la temporada epidémica de rotavirus 2021/2022

R. Sánchez León^a Grupo MadRotaNet¹, M. Cabrerizo^a, C. Calvo^b, M.D. Fernández-García^a

^aUnidad de Enterovirus y Gastroenteritis Víricas, Centro Nacional de Microbiología, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, España

^bHospital Universitario La Paz, Madrid, España

¹Más información sobre los componentes del Grupo MadRotaNet está disponible en el anexo 1

Introducción y objetivos

Los rotavirus son una de las principales causas de gastroenteritis aguda (GEA) a nivel global. Este estudio describe la prevalencia y distribución de los genotipos del rotavirus y otros eventos (derivados de vacuna productores de GEA o fallos vacunales) durante la temporada epidémica 2021/2022 en una comunidad autónoma.

Métodos

Se recogieron muestras de heces positivas para rotavirus desde diciembre-2021 hasta abril-2022 de pacientes con GEA. Los genotipos se determinaron mediante RT-PCR y se caracterizaron mediante secuenciación Sanger y análisis filogenético.

Resultados

Se analizaron 301 muestras positivas para rotavirus. Los genotipos más prevalentes fueron G3P[8] (64,5%) y G1P[8] (14,5%). No se detectó G12P[8]. Se detectaron 4 virus derivados de vacuna productores de GEA. El análisis filogenético de las cepas G3 mostró un predominio de las cepas tipo equino (84%). Un 51% de los casos estaban vacunados (con RotaTeq® el 43% y con Rotarix el 57%). Un 34% (87/257) de los casos de rotavirus para los que había datos de vacunación y coinfecciones se clasificaron como casos de fallo vacunal (CFV) ya que tenían la pauta completa de vacunación, no se detectó ningún otro microorganismo enteropatógeno y había > 14 días entre la última dosis de la vacuna y el inicio de los síntomas. Un 33% de CFV fueron hospitalizados. La principal vacuna administrada en CFV fue Rotarix (60%). El G3-tipo-equino se detectó en el 62% de los CFV. Todos los CFV positivos para G2P[4] tenían la vacuna Rotarix. En los CFV, la mediana de tiempo entre la última dosis de vacuna y la infección fue de 1,9 años.

Conclusiones

El predominio del genotipo G3-tipo-equino (reordenamiento genético humano-equino) en la temporada epidémica y en los CFV enfatiza la necesidad de una vigilancia molecular nacional de rotavirus para evaluar la efectividad de las vacunas actuales y que