



PROTOCOLO DE VIGILANCIA DE INFECCIÓN POR *Staphylococcus aureus* RESISTENTE A METICILINA

Protocolos del Sistema de Vigilancia de las Enfermedades Transmisibles

Red Estatal de Vigilancia en Salud Pública

Protocolo elaborado por la Ponencia de Vigilancia Epidemiológica y aprobado por la Comisión de Salud Pública del Consejo Interterritorial del Sistema Nacional Salud en abril de 2026.

Han contribuido a la elaboración y revisión de los protocolos profesionales de:

Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades. Instituto de Salud Carlos III (ISCIII):

Centro Nacional de Epidemiología (CNE) y Centro Nacional de Microbiología (CNM).

Ministerio de Sanidad. Dirección General de Salud Pública y Equidad en Salud:

Centro de Coordinación de Alertas y Emergencias Sanitarias (CCAES), S.G. de Sanidad Exterior, S.G. de Sanidad Ambiental y Laboral, Área de Programas de Vacunas, y División de control de VIH, ITS, hepatitis virales y tuberculosis.

Otras Agencias y otros Ministerios:

Ministerio de Defensa, Ministerio del Interior (Secretaría General de Instituciones Penitenciarias), Ministerio de Justicia, Agencia Española de Medicamentos y Productos Sanitarios (AEMPS), y Agencia Española de Seguridad Alimentaria y Nutrición (AESAN).

Unidades de Vigilancia de Salud Pública de las Comunidades Autónomas y Ciudades con Estatuto de Autonomía (CC.AA.).

Cita sugerida: Protocolo de vigilancia de infección por *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina. Sistema de Vigilancia de las Enfermedades Transmisibles. Red Estatal de Vigilancia en Salud Pública. 2026.

CC BY-NC-SA 4.0

PRESENTACIÓN DE LOS PROTOCOLOS DEL SISTEMA DE VIGILANCIA DE ENFERMEDADES TRANSMISIBLES

La vigilancia de las enfermedades transmisibles es una actividad fundamental para la Salud Pública ya que garantiza la existencia de información fiable, completa y oportuna para la toma de decisiones en todos los niveles de la Administración, y proteger así la salud de la población.

De acuerdo con lo definido en el artículo 18 del Real Decreto 568/2024, de 18 de junio, las enfermedades objeto de vigilancia contarán con protocolos específicos que permitan la homogeneización de la vigilancia y la notificación a nivel nacional e internacional, así como el establecimiento de medidas de control y prevención de casos y brotes.

En España, los primeros protocolos se publicaron en 1997 y sufrieron una revisión en profundidad en 2013. Estos nuevos protocolos han sido aprobados por la Comisión de Salud Pública del Consejo Interterritorial del Sistema Nacional de Salud en abril de 2026.

En esta revisión han participado: técnicos de las Comunidades Autónomas y Ciudades con Estatuto de Autonomía, profesionales del Instituto de Salud Carlos III (Centro Nacional de Epidemiología y Centro Nacional de Microbiología), de distintas unidades del Ministerio de Sanidad (Centro Coordinador de Alertas y Emergencias, Subdirección General de Sanidad Exterior, Subdirección General de Sanidad Ambiental y Laboral, Área de Programas de Vacunas, y División de control de VIH, ITS, hepatitis virales y tuberculosis), así como profesionales de otras Agencias y Ministerios como la Agencia Española de Medicamentos y Productos Sanitarios, Agencia Española de Seguridad Alimentaria y Nutrición, Ministerio de Defensa, Ministerio del Interior (Secretaría General de Instituciones Penitenciarias), y Ministerio de Justicia.

Durante este proceso, además de actualizar aspectos de la epidemiología y caracterización de la enfermedad, se han revisado las definiciones de caso y la información necesaria para la vigilancia en cada notificación, haciéndolas compatibles con las que están en vigor en la Unión Europea. También se han actualizado las medidas de actuación para la prevención y control de casos y brotes.

Las novedades más relevantes son: la inclusión de un historial de cambios para documentar las futuras modificaciones y mantener los protocolos actualizados; las recomendaciones para el uso de técnicas de secuenciación del genoma en el estudio de casos y especialmente de brotes y el uso de terminologías como SNOMED y LOINC.

Podemos decir que esto supone un hito en la historia de la vigilancia pues, por primera vez, se ha abordado la normalización de la información requerida, incluida la estandarización semántica, y se han desarrollado, en dichas terminologías, los estándares para su uso en vigilancia de salud pública. Esto se ha completado con el acceso de las CC.AA. al Servidor Terminológico del Ministerio de Sanidad. De esta manera se avanza en la interoperabilidad de las bases de datos relevantes para la vigilancia de la salud pública y se cumple con el principio de recoger el dato sólo una vez y garantizar, dentro de las normas de protección de datos, la calidad de la información que se usa en la vigilancia de las enfermedades transmisibles.

CONTROL DE VERSIONES DE LOS PROTOCOLOS DEL SISTEMA DE VIGILANCIA DE LAS ENFERMEDADES TRANSMISIBLES

Descripción del documento	Protocolo para la vigilancia y notificación de infección por <i>Staphylococcus aureus</i> resistente a meticilina.
Cita sugerida	Protocolo de vigilancia de infección por <i>Staphylococcus aureus</i> resistente a meticilina. Sistema de Vigilancia de las Enfermedades Transmisibles. Red Estatal de Vigilancia en Salud Pública. 2026.
Resumen de cambios entre versión de abril 2019 y actual	
<ul style="list-style-type: none"> – Actualización del apartado de Descripción de la enfermedad y referencias bibliográficas. – Adecuación del formato y estructura del protocolo al resto de protocolos de vigilancia. – Adaptación de la definición de caso a los criterios clínicos, de laboratorio y epidemiológicos, en línea con resto de protocolos de vigilancia. – Se establece que el periodo de vigilancia sea anual. – Se cambia definición de brote incluyendo sólo casos de infección, no se incluyen colonizados. – Se elimina el apartado de Diagnóstico microbiológico y Seguimiento del caso infectado/colonizado por SARM. – Se elimina apartado de Análisis de datos. Indicadores. Se incluirán en un manual de indicadores como documento aparte. – Se incluye apartado de medidas de control. – Encuesta epidemiológica: <ul style="list-style-type: none"> ○ En datos de casos, se incluyen las variables de identificación similar a otros protocolos de vigilancia. ○ Se elimina la variable prevalente o incidente. ○ Se eliminan variables de fecha de inicio y fin y causas de finalización de las medidas de precaución en el caso. ○ Se incluya la variable Desenlace de la infección por SARM y se elimina la variable Defunción del caso al alta o al final del seguimiento. ○ Se incluye la variable: Ingreso en UCI y fecha de ingreso en UCI ○ Para la variable Ingreso hospitalario previo, se establece el periodo en 1 año. – Datos de hospitales y denominadores se solicitarán a la C.A. una vez al año en una encuesta común para todos los módulos de vigilancia de las IRAS. 	

En España el [Real Decreto 568/2024](#), de 18 de junio de 2024, por el que se crea la Red Estatal de Vigilancia en Salud Pública amplía la vigilancia a todos los aspectos de interés para la salud pública, de conformidad con lo dispuesto en la Ley General de Salud Pública (33/2011), e incluye dentro del Sistema de Vigilancia de Enfermedades Transmisibles la vigilancia de las resistencias a los antimicrobianos y de las infecciones relacionadas con la asistencia sanitaria (IRAS). La vigilancia nacional de las IRAS incluye la vigilancia de las infecciones de localización quirúrgica, las IRAS en las Unidades de Cuidados Intensivos, la prevalencia de las IRAS y uso de antimicrobianos, brotes de IRAS y la vigilancia de tres grupos de microorganismos seleccionados por su problema de resistencias a los antimicrobianos (Enterobacteriales productoras de carbapenemasas y *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina) o por su relevancia clínico epidemiológica (*Clostridioides difficile*) en los hospitales de agudos.

DESCRIPCIÓN DE LA ENFERMEDAD

Introducción

Staphylococcus aureus puede producir una amplia variedad de infecciones, que pueden ser leves, como algunas infecciones de piel y partes blandas, o graves, como endocarditis, neumonía, osteomielitis o sepsis que pueden llegar a causar la muerte^{1,2}. *S. aureus* posee factores de virulencia y toxinas, siendo responsable de muchas enfermedades mediadas por toxinas, como el síndrome de shock tóxico, las toxiinfecciones alimentarias o el síndrome de la piel escaldada. Sin embargo, en general, no es causa frecuente de infecciones graves potencialmente mortales en individuos sanos². Puede producir una colonización asintomática, lo que facilita su transmisión y diseminación.

S. aureus presenta resistencia de alto nivel a múltiples clases de antibióticos, lo que complica el tratamiento. Las cepas de *S. aureus* resistente a la meticilina (SARM) deben considerarse resistentes a todos los betalactámicos (penicilinas, cefalosporinas y carbapenémicos) y a las combinaciones de betalactámicos con inhibidores de betalactamasas (amoxicilina-clavulánico, piperacilina-tazobactam). Pero, además, pueden ser corresponsables a otros antibióticos como aminoglucósidos, quinolonas, macrólidos, tetraciclinas y linezolid³⁻⁵ y, además, puede presentar disminución de la sensibilidad a vancomicina⁶.

El SARM es uno de los principales patógenos multirresistentes y una de las principales causas de infecciones relacionadas con la asistencia sanitaria (IRAS) en Europa y a nivel mundial⁷. Las infecciones causadas por cepas de SARM se asocian con mayores tasas de mortalidad que las causadas por cepas sensibles. Además, alargan las estancias hospitalarias y producen un aumento de los costes sanitarios^{8,9}.

Las cepas de SARM adquirido en hospital (SARM-H) se encuentran entre las causas más comunes de infecciones asociadas a catéteres intravenosos, neumonías asociadas a ventiladores, endocarditis infecciosa e infecciones de heridas quirúrgicas².

Durante mucho tiempo ha sido considerado un patógeno clásicamente hospitalario, pero desde los años 90 se ha experimentado un incremento de la incidencia de clones de SARM comunitario (SARM-C) a nivel mundial⁷. El SARM-C es genéticamente distinto del SARM-H, ya que es resistente a menos antibióticos no β -lactámicos y contiene una versión más pequeña del cromosoma casete estafilocócico *mec* (*SCCmec*). También difieren en sus toxinas asociadas y/o factores de virulencia y enzimas, así como en la vía y el sitio de infección, lo que afecta a diferentes grupos de riesgo². Las cepas de SARM-C se limitaban tradicionalmente a poblaciones fuera de los entornos sanitarios, siendo responsables de causar infecciones no complicadas de piel y tejidos blandos, pero ahora también pueden causar IRAS. La distinción epidemiológica y molecular entre estos dos tipos de cepas se ha vuelto menos definida, ya que se ha identificado al SARM-C como el agente etiológico de brotes nosocomiales^{2,10}.

Uno de los principales factores de riesgo asociados a la infección por SARM es la colonización nasal por *S. aureus*. La colonización por SARM en casos hospitalizados se asocia con la edad avanzada, estancia hospitalaria prolongada, presencia de dispositivos invasivos, lesiones cutáneas o tratamiento antibiótico previo. Además, se ha observado que el ingreso en una habitación hospitalaria previamente ocupada por un caso infectado por SARM también se asocia con un mayor riesgo de contraer SARM¹¹.

Desde 2019 se ha observado una disminución en el porcentaje de SARM en algunos de los países de la Unión Europea/Espacio Económico Europeo (UE/EEE) siendo atribuible, en parte, a una mejora de las medidas de prevención y control de la infección y el uso prudente de antibióticos^{12, 13}.

En 2023, la incidencia estimada de bacteriemias por SARM en la UE fue de 4,64 por 100.000 habitantes, 17,6 % inferior a 2019 y 0,15 por 100.000 habitantes inferior al objetivo de la UE para 2030^{14, 15} de 4,79 por 100 000 habitantes. En el conjunto de la UE, se detectó una tendencia descendente estadísticamente significativa entre 2019 y 2023¹³. A pesar de esta evolución positiva general, el SARM sigue siendo un patógeno importante en Europa y aún se observan altos porcentajes de SARM en varios países, especialmente del sur de Europa, entre ellos España, con prevalencias por encima del 25% frente al 15,8 % de la UE/EEE en 2023^{13,16}.

La Organización Mundial de la Salud ha incluido el SARM como un patógeno de alta prioridad en su lista mundial de prioridades de bacterias resistentes a los antibióticos, haciendo hincapié en las importantes dificultades para el tratamiento que pueden ser críticas en algunas poblaciones¹⁷.

El SARM no se limita a los humanos, la infección y la colonización por SARM se han vinculado tanto a mascotas como al ganado, y aunque la direccionalidad de la transmisión puede no estar clara, existe evidencia de que el ganado actúa como reservorio. El uso indiscriminado de agentes antimicrobianos en la ganadería y otras actividades agrícolas ha contribuido en gran medida a la amplia distribución del SARM entre el ganado¹⁸. Se han detectado cepas de SARM asociado al ganado en alimentos y animales destinados a la producción de alimentos entre 2021 y 2022¹⁹. Una encuesta del ECDC ha documentado un número creciente de detecciones y la dispersión geográfica de SARM asociado al ganado en humanos en la UE/EEE durante el período 2007-2013, lo que destaca la importancia de la salud animal y la salud pública del SARM asociado al ganado como un problema de "Una sola salud"²⁰.

Es fundamental, por tanto, contar con estrategias integrales contra el SARM que integren a todos los sectores sanitarios para frenar su propagación en Europa.

Agente

S. aureus es un patógeno grampositivo y coagulasa positivo perteneciente a la familia Staphylococcaceae.

Las cepas de SARM producen una proteína transportadora de penicilina alterada, asociada con una menor afinidad por la mayoría de las penicilinas semisintéticas. Esta proteína está codificada por un gen adquirido, *mecA*. Este componente genético resistente a la meticilina se encuentra en un elemento genético móvil, denominado cromosoma casete estafilocócico *mec* (*SCCmec*). La aparición de cepas de *S. aureus* resistente a la meticilina (SARM) se debe a la adquisición e inserción de estos elementos genéticos móviles en los cromosomas de cepas susceptibles. Este *SCCmec* puede tener distintos genotipos que se diferencian entre sí por sus determinantes de resistencia, de tal manera que los genotipos *SCCmec* I, IV, V, VI y VII codifican para resistencia exclusivamente a los antibióticos betalactámicos mientras que los *SCCmec* II, III y VIII poseen genes adicionales de resistencia a múltiples clases de antimicrobianos además de a los betalactámicos. Esta adquisición de resistencia a los antimicrobianos ha representado un desafío para el mundo médico en términos de tratamiento y control de las infecciones estafilocócicas².

En el año 2011 se describió un gen homólogo de *mecA* denominado *mecC*. Se han aislado cepas de SARM con *mecC* en humanos y en una gran variedad de animales. Las cepas con *mecC* no se detectan mediante las pruebas de laboratorio basadas en la amplificación del gen *mecA* o en la aglutinación de la proteína PBP2a²¹.

Reservorio

S. aureus es un microorganismo que habitualmente coloniza a los seres humanos. Alrededor del 20% de los individuos son portadores nasales persistentes y alrededor del 30% son portadores intermitentes. Por lo tanto, esta colonización aumenta significativamente las probabilidades de infección al proporcionar un reservorio del patógeno^{2, 22}.

Desde la aparición del nuevo clon de SARM asociado al ganado, los métodos de tipificación molecular han confirmado la relación de esta cepa con la producción de alimentos, los animales y los seres humanos en contacto con estos animales. Los animales destinados al consumo humano pueden convertirse en un reservorio permanente de infecciones humanas por SARM^{2, 18}.

Modo de transmisión

El SARM se transmite en la comunidad a través del contacto directo con personas infectadas, heridas u objetos que hayan estado en contacto con piel infectada o a través del contacto con portadores asintomáticos.

Las personas portadoras de SARM pueden contraer una infección por SARM. La autoinfección es frecuente¹.

La transmisión del SARM entre diferentes hospedadores se produce principalmente por contacto físico con la fuente. La capacidad de transferir el SARM entre diferentes especies hospedadoras, incluyendo humanos y animales, es un rasgo característico de los linajes de SARM. El SARM-H se adquiere principalmente en entornos hospitalarios, por contacto directo con fómites y superficies contaminadas e indirecto principalmente a través de las manos, mientras que el SARM-C se adquiere principalmente por contacto físico con personas infectadas o portadoras sanas, ya que *S. aureus* es una bacteria comensal en las fosas nasales de individuos sanos. El SARM-asociado al ganado se transmite a humanos cuando el individuo tiene contacto físico con animales y el entorno²³. El SARM puede encontrarse presente en diversas fuentes de alimentos, como la carne de cerdo o de vacuno, aves, leche, verduras y otros alimentos para consumo humano, lo que podría representar un riesgo potencial para los consumidores^{24, 25}.

La transmisión aérea es poco frecuente, pero se ha demostrado en casos con enfermedad respiratoria vírica asociada. La propagación aérea puede desempeñar un papel en la transmisión del SARM asociado al ganado en la cría industrial de cerdos¹.

Periodo de incubación

El periodo de incubación es muy variable e indefinido dependiendo del tipo de infección.

Periodo de transmisibilidad

El periodo de transmisibilidad continúa mientras las lesiones purulentas sigan drenando o persista el estado de portador.

VIGILANCIA DE LA ENFERMEDAD

Objetivos

1. Objetivo general
 - Contribuir a la reducción del impacto de las infecciones por SARM en casos hospitalizados.
2. Objetivos específicos
 - Conocer la incidencia de las infecciones por SARM, la evolución temporal y los cambios en los patrones epidemiológicos en casos hospitalizados.
 - Disponer de unos indicadores homogéneos y estándares de referencia a nivel de comunidad y nacional.
 - Identificar precozmente a los casos con infección por SARM.
 - Establecer medidas para prevenir la transmisión de SARM en el ámbito hospitalario.

Definición de caso

Criterio clínico

Infección, no colonización, según criterio clínico.

Criterios epidemiológicos

Casos hospitalizados, independientemente de que la fecha de inicio de síntomas haya sido previa al ingreso.

Criterios de laboratorio

Cultivo de SARM de muestras clínicas que hayan servido para confirmar un diagnóstico de infección.

Clasificación de los casos

Caso sospechoso: no procede.

Caso probable: no procede.

Caso confirmado: se deben cumplir los criterios clínicos, de laboratorio y epidemiológico.

Clasificación del caso según origen

- **Infección por SARM relacionada con la asistencia sanitaria (SARM-IRAS)**
 - **Caso de infección por SARM con origen en el presente ingreso:** inicio de síntomas en día 3 o posterior después del ingreso (considerando día de ingreso como día 1)
 - **Caso de infección por SARM no originado en el presente ingreso:** inicio de síntomas durante las primeras 48 horas de ingreso (día 1 o día 2, siendo el día 1 el día de ingreso) si se cumple alguno de los siguientes criterios *en los últimos 12 meses*: antecedentes de ingreso de más de 48 h en algún hospital o centro de larga estancia, ha recibido atención domiciliaria especializada, diálisis o tratamiento en hospital de día, ha sido intervenido quirúrgicamente o ha sido sometido a procedimientos invasivos.

- **Infección por SARM comunitaria (SARM-C):** se aísla SARM de un caso no ingresado o en las primeras 48 horas de ingreso (día 1 o día 2, siendo el día 1 el día de ingreso), sin que se dé ninguna de las circunstancias anteriores.

NOTA: Si no se dispone de información sobre la fecha de inicio de síntomas, se puede utilizar como referencia la fecha de la primera muestra diagnóstica.

Definición de brote

Consideraremos brote a notificar a nivel nacional a tres o más casos nuevos de infección por SARM con origen en el presente ingreso (que aparecen en las 48 horas posteriores a su ingreso), con sospecha de transmisión nosocomial y con vínculo epidemiológico entre ellos.

MODO DE VIGILANCIA

Sólo se declarará la primera infección detectada en cada ingreso de un caso.

Se declararán las infecciones, no los casos con SAMR, es decir, si un caso con SAMR después del alta hospitalaria reingresara de nuevo y cumpliera criterios de caso, se consideraría un caso nuevo a notificar.

Se excluyen los casos colonizados identificados a partir de la búsqueda activa (para la identificación precoz de los casos colonizados asintomáticos previa a la infección) y los casos colonizados identificados a partir de muestras clínicas. Si un caso del que se conoce que está o ha estado colonizado, desarrolla una infección durante el ingreso, será incluido como caso a declarar.

Población a vigilar

La población bajo vigilancia serán todos los casos ingresados en los hospitales públicos o privados del Sistema Nacional de Salud.

Periodo de vigilancia

Se hará una vigilancia prospectiva y continua durante todo el año, del 1 de enero al 31 de diciembre del año de vigilancia.

Circuito de vigilancia

La notificación a la comunidad autónoma (C.A.) la realizarán los servicios de Medicina Preventiva o el equipo de vigilancia de las IRAS designado en cada hospital.

La C.A. notificará, de forma individualizada, los casos en la plataforma establecida para el Sistema de Vigilancia de Enfermedades Transmisibles, con periodicidad anual. Se recogerán variables relativas al caso, a la infección y microbiológicas (Anexo I. Encuesta epidemiológica).

Los datos relativos a los hospitales se solicitarán a la C.A. 1 vez al año, al inicio del comienzo de la vigilancia en una encuesta común para todos los módulos de vigilancia de IRAS. Anexo II. Encuesta de datos hospitalarios. Datos anuales.

Si se produjera un brote, se notificarán los resultados de su investigación en la misma plataforma, en un periodo de tiempo no superior a tres meses después de que haya finalizado el brote. Además, se notificará la información individualizada de los casos del brote.

Ante la sospecha o aparición de un brote supracomunitario o cuando su magnitud o extensión requieran medidas de coordinación nacional, el Servicio de Vigilancia Epidemiológico de la C.A. lo comunicará de forma urgente al CCAES y al CNE. El CCAES valorará junto con las CC.AA. afectadas las medidas a tomar y, si fuera necesario, su notificación al Sistema de Alerta y Respuesta Rápida de Unión Europea y a la Organización Mundial de la Salud (OMS) de acuerdo con el Reglamento Sanitario Internacional (2005).

MEDIDAS DE CONTROL

La vigilancia de las infecciones por SARM debe dar lugar a indicadores útiles para guiar y evaluar los programas de prevención y control de la infección, programas de optimización del uso de antimicrobianos, elaboración de guías terapéuticas, acciones de educación y capacitación del personal sanitario en el manejo de estas infecciones.

Las recomendaciones^{26,27,28} para prevenir la transmisión de la infección nosocomial se establecen a dos niveles: precauciones estándar, diseñadas para el cuidado de todos los casos, independientemente de su diagnóstico o presunto estado de infección y precauciones basadas en la transmisión, diseñadas para casos en los que se sospecha o está documentada la infección o colonización con patógenos epidemiológicamente importantes o altamente transmisibles, para los que se necesitan precauciones añadidas a las estándar con el objetivo de interrumpir la transmisión:

1. Implementación de las precauciones estándar en los hospitales: cumplimiento de las normas básicas de higiene de manos, uso racional de guantes y uso de mascarillas ante riesgo de salpicaduras de líquidos biológicos en el cuidado de todos los casos. La higiene de manos es uno de los pilares fundamentales del control de la infección hospitalaria y de los patógenos multirresistentes. La recomendación es el frotado de manos con soluciones alcohólicas.
2. Precauciones basadas en la transmisión (contacto) para casos hospitalizados: cuando el caso se diagnostica con certeza o sospecha de colonización/infección por SARM se deben implantar medidas adicionales, siguiendo los protocolos hospitalarios, de la C.A. o nacionales vigentes.
3. Tratamiento de descolonización. La colonización asintomática por SARM es uno de los factores de riesgo más importantes para el desarrollo subsiguiente de infección por este microorganismo. Se seguirán las pautas de tratamiento descolonizador recomendadas por protocolos hospitalarios, de la C.A. o nacionales vigentes.

BIBLIOGRAFÍA

1. Kaasch A. Staphylococcal diseases. Updated 24/08/2021. En: Heymann DL. Control of Communicable Diseases Manual. 21st Edition. Washington: American Public Health Association; 2022. Pag 591-603.
2. Lakhundi S, Zhang K. 2018. Methicillin resistant *Staphylococcus aureus*: molecular characterization, evolution, and epidemiology. *Clin Microbiol Rev* 31:e00020-18. <https://doi.org/10.1128/CMR.00020-18>.
3. Cuevas O, Cercenado E, Goyanes MJ, et al. *Staphylococcus* spp en España: situación actual y evolución de la resistencia a antimicrobianos (1986-2006). *Enferm Infecc Microbiol Clin* 2008; 26(5):269-77.
4. Baos E, Candel FJ, Merino P, et al. Characterization and monitoring of linezolid-resistant clinical isolates of *Staphylococcus epidermidis* in an intensive care unit 4 years after an outbreak of infection by cfr-mediated linezolid-resistant *Staphylococcus aureus*. *Diagn Microbiol Infect Dis*. 2013; 76(3):325-9.
5. de Dios Caballero J, Pastor MD, Vindel A, et al. Emergence of cfr-mediated linezolid resistance in a methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* epidemic clone isolated from patients with cystic fibrosis. *Antimicrob Agents Chemother*. 2015; 14;60(3):1878-82.
6. Aguadero V, González-Velasco C, Vindel A, et al. An analysis of the association between genotype and antimicrobial resistance in methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* clinical isolates. *Rev Esp Quimioter*. 2015;28(2):79-85.
7. Köck R, Becker K, Cookson B, et al. Methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA): burden of disease and control challenges in Europe. *Euro Surveill*. 2010;15(41):pii=19688.
8. Thampi N, Showler A, et al. Multicenter study of health care cost of patients admitted to hospital with *Staphylococcus aureus* bacteremia: impact of length of stay and intensity of care. 2015. *Am J Infect Control* 43:739 –744. <https://doi.org/10.1016/j.ajic.2015.01.031>.
9. Antonanzas F, Lozano C, et al. Economic features of antibiotic resistance: the case of methicillin-resistant *Staphylococcus aureus*. 2015. *Pharmacoeconomics* 33:285–325. <https://doi.org/10.1007/s40273-014-0242-y>.
10. Otter JA, French GL. 2011. Community-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* strains as a cause of healthcare-associated infection. *J Hosp Infect* 79:189 –193. <https://doi.org/10.1016/j.jhin.2011.04.028>.
11. Huang SS, Datta R, Platt R. 2006. Risk of acquiring antibiotic-resistant bacteria from prior room occupants. *Arch Intern Med* 166:1945–1951. <https://doi.org/10.1001/archinte.166.18.1945>.
12. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). Directory of online resources for the prevention and control of antimicrobial resistance (AMR) and healthcare-associated infections (HAI). Stockholm: ECDC; 2018.
13. European Centre for Disease Prevention and Control. Antimicrobial resistance in the EU/EEA (EARS-Net) - Annual Epidemiological Report 2023. Stockholm: ECDC; 2024.
14. European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). Antimicrobial resistance targets: how can we reach them by 2030? Disponible en: <https://www.ecdc.europa.eu/sites/default/files/documents/amr-brief-eaad-2023-update.pdf>
15. Recomendación del Consejo sobre la intensificación de las medidas de la UE para luchar contra la resistencia a los antimicrobianos de acuerdo con el concepto «Una sola salud». DOUE-Z-2023-70029
16. Aracil García B, Oteo Iglesias J, et al. Informe de Vigilancia: Resistencia a los Antibióticos en Aislados Invasivos en España: Memoria Anual 2023 de la Red Europea (EARS-Net).
17. World Health Organization (WHO). WHO bacterial priority pathogens list, 2024: Bacterial pathogens of public health importance to guide research, development and strategies to prevent and control antimicrobial resistance. Geneva: WHO; 2024. Available at: <https://www.who.int/publications/i/item/9789240093461>
18. Bellis KL, Dissanayake OM, et al. Community methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* outbreaks in areas of low prevalence. *Clin Microbiol Infect*. 2025 Feb;31(2):182-189. doi: 10.1016/j.cmi.2024.06.006.

19. European Food Safety Authority (EFSA) and European Centre for Disease Prevention and Control (ECDC). The European Union Summary Report on antimicrobial resistance in zoonotic and indicator bacteria from humans, animals and food in 2021-2022. *EFSA Journal* 2024;22:e8583. Available at: <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/european-union-summary-report-antimicrobial-resistancezoonotic-and-indicator-8>.
20. Kinross P, Petersen A, Skov R, Van Hauwermeiren E, Pantosti A, Laurent F, et al. Livestock-associated methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA) among human MRSA isolates, European Union/European Economic Area countries, 2013. *Eurosurveillance*. 2017;22(44):16-00696. Available at: <https://www.eurosurveillance.org/content/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.44.16-00696>
21. Bou Arévalo G, Chaves Sánchez F, et al. Métodos microbiológicos para la vigilancia del estado de portador de bacterias multirresistentes. 55. Oteo Iglesias J (coordinador). *Procedimientos en Microbiología Clínica*. Cercenado Mansilla E, Cantón Moreno R (editores). Sociedad Española de Enfermedades Infecciosas y Microbiología Clínica (SEIMC). 2015.
22. Wertheim HF, Melles DC, et al. The role of nasal carriage in *Staphylococcus aureus* infections. 2005. *Lancet Infect Dis* 5:751–762. [https://doi.org/10.1016/S1473-3099\(05\)70295-4](https://doi.org/10.1016/S1473-3099(05)70295-4).
23. Shoaib M, Aqib AI, Muzammil I, Majeed N, Bhutta ZA, Kulyar MF-e-A, Fatima M, Zaheer C-NF, Muneer A, Murtaza M, Kashif M, Shafqat F and Pu W (2023) MRSA compendium of epidemiology, transmission, pathophysiology, treatment, and prevention within one health framework. *Front. Microbiol.* 13:1067284. doi: 10.3389/fmicb.2022.1067284.
24. Krumova-Valcheva G. The role of food in the spread of the Methicillin – resistant *Staphylococcus aureus* (MRSA). *Food Science and Applied Biotechnology*, 2023, 6(1), 87-94
25. Kadariya J, et al. *Staphylococcus aureus* and staphylococcal food-borne disease: an ongoing challenge in public health. *Biomed Res Int*. 2014:827965
26. Rodríguez-Baño J, Bischofberger C, Álvarez-Lerma F, et al. Vigilancia y control de *Staphylococcus aureus* resistente a metilina en hospitales españoles. Documento de consenso GEIH-SEIMC y SEMPSPH *Enferm Infecc Microbiol Clin*. 2008;26(5):285-98.
27. Plan Nacional de Resistencias a Antibióticos (PRAN). Recomendaciones sobre precauciones estándar y precauciones basadas en la transmisión de microorganismos. Disponible en: https://resistenciaantibioticos.es/sites/default/files/2022-04/recomendaciones_sobre_precauciones_estandar.pdf
28. Popovich KJ, Aureden K, et al. SHEA/IDSA/APIC Practice Recommendation. SHEA/IDSA/APIC Practice Recommendation: Strategies to prevent methicillin-resistant *Staphylococcus aureus* transmission and infection in acute-care hospitals: 2022 Update. *Infection Control & Hospital Epidemiology*. 2023;44:1039–1067. doi:10.1017/ice.2023.102

ANEXO I. ENCUESTA EPIDEMIOLÓGICA DE INFECCIONES POR SARM

DATOS DE LA DECLARACIÓN

C.A. declarante:

Provincia declarante:

Hospital declarante (ID):

Identificación del registro para el declarante:

DATOS DEL CASO

Fecha de nacimiento: / /

Edad en años: Edad en meses en menores de 2 años:

Sexo al nacimiento: Hombre Mujer Intersexual Desconocido

Sexo administrativo: Hombre Mujer No determinado Desconocido

Lugar de residencia del caso:

País de residencia:

C.A. de residencia:

Provincia de residencia:

Municipio de residencia:

Código postal de residencia:

Fecha de ingreso en hospital¹: / / Fecha de alta hospitalaria²: / /

DATOS DE LA ENFERMEDAD

Fecha del caso³: / /

Fecha de inicio de síntomas⁴: / /

Infección por SARM presente al ingreso hospitalario: Sí No Desconocido

Localización de la infección: en el caso de infecciones simultáneas indicar todas las localizaciones que apliquen (*sólo se indican aquí las más relevantes, en metadata aparecerá un listado más exhaustivo*):

- | | |
|---|---|
| <input type="checkbox"/> Infección de localización quirúrgica | <input type="checkbox"/> Infección cardiovascular |
| <input type="checkbox"/> Neumonía | <input type="checkbox"/> Infección ocular |
| <input type="checkbox"/> Infección vías respiratorias bajas, no neumonía | <input type="checkbox"/> Infección nariz, garganta o boca |
| <input type="checkbox"/> Infección del tracto urinario | <input type="checkbox"/> Gastroenteritis |
| <input type="checkbox"/> Bacteriemia | <input type="checkbox"/> Infección de piel/partes blandas |
| <input type="checkbox"/> Infección osteoarticular | <input type="checkbox"/> Infección sistémica |
| <input type="checkbox"/> Infección del sistema nervioso central | <input type="checkbox"/> Piomiositis/fascitis |
| <input type="checkbox"/> Infección de material protésico (no ILQ) | <input type="checkbox"/> Fiebre sin foco |
| <input type="checkbox"/> Infección del aparato digestivo (no gastroenteritis) | |

Infección del aparato reproductor femenino/masculino

Ingreso en UCI: Sí No Desconocido

Ingreso en UCI debido a la SARM: Sí No Desconocido

Fecha de ingreso en UCI: / /

Desenlace de la infección por SARM⁵ :

Vivo

Fallecido, SARM fue causa contributiva

Fallecido, SARM fue causa única

Fallecido, SARM no contribuyó

Fallecido, SARM fue parte de la secuencia causal

Fallecido, relación desconocida con la SARM

Fecha de defunción: / /

DATOS DEL LABORATORIO

Fecha de toma de muestra positiva: / /

Tipo de muestra⁷: indicar todas las muestras que apliquen (*sólo se indican aquí las más relevantes, en metadata aparecerá un listado más exhaustivo*):

Exudado de herida

Muestra respiratoria

Sangre

Absceso

Orina

Biopsia

Líquido articular/sinovial

Líquido pleural

Material protésico

Número de muestra clínica del laboratorio origen del caso:

Envío de muestra al Laboratorio Nacional de Referencia (LNR): Sí No Desconocido

Identificación de muestra del declarante al LNR:

Identificación de muestra en el LNR:

DATOS DEL RIESGO

Ingreso hospitalario previo (en el último año): Sí No Desconocido

En caso afirmativo, especificar: Hospital Centro de larga estancia

CATEGORIZACIÓN DEL CASO

Clasificación del caso según origen

Infección por SARM relacionada con la asistencia sanitaria:

Infección por SARM con origen en el presente ingreso

Infección por SARM no originada en el presente ingreso.

En caso de marcar esta opción, especifique el origen de la infección si se conoce:

- anterior ingreso en este hospital
- otro hospital
- centro de larga estancia
- otro tipo de centro

Infección por SARM Comunitaria

Desconocido

El caso forma parte de un BROTE: Sí No Desconocido

Identificación del brote:

C.A. de declaración del brote⁸:

Envío de muestra asociada a brote al Laboratorio Nacional de Referencia (LNR):

Sí No Desconocido

Si se han enviado muestras al LNR, indicar el identificador de brote asignado por el LNR:

OBSERVACIONES⁹

1. La fecha de ingreso en el hospital puede ser anterior o posterior a la fecha de diagnóstico de la infección por SARM.
2. Fecha de alta hospitalaria: Fecha de alta hospitalaria o fecha del fallecimiento en el hospital o fecha del último seguimiento del caso si se desconoce la fecha de alta.
3. Fecha del caso: será por orden de prioridad según disponibilidad: 1) fecha de inicio de signos o síntomas, 2) fecha de la primera toma de muestra diagnóstica, 3) fecha de inicio del tratamiento antimicrobiano específico para el SARM, y 4) fecha de declaración.
4. Fecha de inicio de los síntomas: Sólo contestar si el inicio de los síntomas fue en el ingreso actual. Si se desconoce, poner la fecha de inicio del tratamiento para esta infección o la fecha de la toma de la primera muestra microbiológica. Si no tiene tratamiento o no se ha tomado muestra, tratar de hacer una estimación.
5. Desenlace de la infección por SARM: al final del seguimiento, bien por curación, alta hospitalaria o fallecimiento. Sistema ECDC WHOCAT: la metodología WHOCAT del ECDC se desarrolló en 2017 y se comparó con otras metodologías para evaluar la mortalidad atribuible en un estudio del ECDC en 11 países. WHOCAT es una aplicación práctica de la categorización de la Organización Mundial de la Salud para la certificación médica de la causa de muerte:
 - Vivo: El caso fue dado de alta con vida o el caso seguía hospitalizado y con vida al final del seguimiento durante esta estancia hospitalaria;
 - Fallecido, infección por SARM fue causa única: La infección por SARM fue la única causa de muerte; no se presentó ninguna otra enfermedad o afección que causara la muerte (afección suficiente);
 - Fallecido, infección por SARM fue parte de la secuencia causal. La infección por SARM formó

parte de la secuencia causal de eventos que llevaron a la muerte, pero no fue suficiente por sí sola;

- Fallecido, infección por SARM fue causa contributiva. La infección por SARM fue una causa contributiva, pero no estuvo relacionada con la enfermedad o afección que causó la muerte;
 - Fallecido, infección por SARM no contribuyó. La infección por SARM no contribuyó al fallecimiento o su contribución fue redundante; es decir, el caso habría fallecido de todos modos;
 - Fallecido, relación desconocida con la infección por SARM: Contribución de la infección por SARM al fallecimiento del caso desconocida o no verificada.
6. Fecha del cultivo (o técnica diagnóstica empleada) positivo: Fecha de recogida del cultivo positivo que define el caso.
 7. Muestra que define el caso de infección por SARM.
 8. C.A. de declaración del brote: Aquella que ha asignado el identificador del brote.
 9. Observaciones: Incluir toda la información relevante no indicada en el resto de la encuesta.

ANEXO II. ENCUESTA DE DATOS HOSPITALARIOS. DATOS ANUALES.

Estos datos se solicitarán a la C.A. 1 vez al año, al inicio del comienzo de la vigilancia, común para todos los módulos de vigilancia de IRAS-RAM

DATOS DEL HOSPITAL DECLARANTE COMUNES A TODOS LOS MÓDULOS DE VIGILANCIA IRAS-RAM

Año de referencia de los datos del hospital:

Hospital declarante (ID):

C.A. donde está ubicado el hospital:

Provincia donde está ubicado el hospital:

Forma parte de un complejo hospitalario: Sí No

En caso afirmativo, los datos aportados son: del complejo hospitalario del hospital declarante

Tamaño del hospital (nº de camas)¹:

Tipo de hospital²:

- Grupo 1
- Grupo 2
- Grupo 3
- Grupo 4
- Grupo 5

Número de ingresos hospitalarios en el año de vigilancia:

Estancia hospitalaria (nº total días -caso) en el año de vigilancia:

DATOS DE LA UCI DECLARANTE PARA LA VIGILANCIA DE LAS IRAS EN LAS UCIs

UCI declarante (ID):

Tamaño de la UCI (nº de camas):

Tipo de UCI en la que está ingresado el caso³:

- | | | |
|--------------------------------------|--|--|
| <input type="checkbox"/> Polivalente | <input type="checkbox"/> Coronaria | <input type="checkbox"/> Pediátrica |
| <input type="checkbox"/> Médica | <input type="checkbox"/> Quemados | <input type="checkbox"/> Adultos sin especificar |
| <input type="checkbox"/> Quirúrgica | <input type="checkbox"/> Neuroquirúrgica | <input type="checkbox"/> Otra |

DATOS DEL HOSPITAL DECLARANTE PARA LA VIGILANCIA DE LA INFECCIÓN POR *Clostridioides difficile*

Número total de muestras de heces testadas para *C. difficile*⁴:

Número total de muestras de heces positivas para *C. difficile*⁵:

Método microbiológico utilizado para diagnóstico de la ICD⁶:

- GDH-EIE y PAAN
- GDH-EIE y TOXINAS AB-EIE y PAAN
- GDH-EIE y PAAN y CULTIVO TOXIGÉNICO
- GDH-EIE y TOXINAS AB-EIE y PAAN y CULTIVO TOXIGÉNICO
- GDH-EIE y TOXINAS AB-EIE
- TOXINAS AB-EIE sólo
- PAAN sólo
- GDH-EIE y CULTIVO TOXIGÉNICO (si GDH es negativo)

¿Se incluyen para diagnóstico de ICD las muestras recibidas en el laboratorio sin solicitud expresa de diagnóstico de ICD por parte del clínico solicitante?⁷:

- Sí, se incluyen todas.
- Sí, pero solo cuando el episodio está relacionado con la asistencia sanitaria.
- Sí, pero determinadas condiciones; especificar:
- No, nunca.

¿Se utilizan PAAN capaces de detectar la delección del gen *tcdC*, típica del ribotipo 027?⁸:

- Sí No

-
1. Tamaño del hospital (nº de camas): Indica el número de camas instaladas, dotación fija del hospital y que están en disposición de ser usadas, aunque algunas de ellas puedan, por diversas razones, no estar en servicio (<https://regcess.mschs.es/regcessWeb/descargaManualDefinicionesInformacion.do>)
 2. Tipo de hospital: agrupación de hospitales en conglomerados teniendo en cuenta diferentes variables de dotación, oferta de servicios, actividad, complejidad e intensidad docente, que establece las siguientes cinco categorías de hospitales generales: (<https://www.sanidad.gob.es/estadEstudios/estadisticas/docs/CMBD/CLASIFICACIONHOSPITALESCLUSTER.pdf>)
 - GRUPO 1: Pequeños hospitales comarcales, con menos de 150 camas de media, sin apenas dotación de alta tecnología, pocos médicos y escasa complejidad atendida
 - GRUPO 2: Hospitales generales básicos, tamaño medio menor de 200 camas, mínima dotación tecnológica, con algo de peso docente y algo mayor complejidad atendida.
 - GRUPO 3: Hospitales de área, de tamaño medio en torno a 500 camas. Más de 50 médicos MIR y 269 médicos de promedio. Complejidad media (1,5 servicios complejos y 1,01 case mix).
 - GRUPO 4: Grupo de grandes hospitales, pero más heterogéneos en dotación, tamaño y actividad. Gran intensidad docente (más de 160 MIR y elevada complejidad (4 servicios complejos de media y case mix mayor de 1,20).

- GRUPO 5: Hospitales de gran peso estructural y mucha actividad. Oferta completa de servicios. Más de 680 médicos y en torno a 300 MIR. Incluye los grandes complejos.
- 3. Tipo de UCI: Si el 80% de los casos pertenecen a una categoría en particular, asignar a la UCI caerá esa categoría.
- 4. Número total de muestras de heces testadas para *C. difficile*: Cada muestra debe contarse solo una vez, incluso si se ha realizado más de una prueba en esa muestra
- 5. Número total de muestras de heces positivas para *C. difficile*: Cada muestra debe contarse solo una vez
- 6. GDH-EIE: detección de la enzima glutamato deshidrogenasa mediante enzimoinmunoensayo; PAAN: amplificación de ácidos nucleicos (detección de los genes codificadores de las toxinas A y/o B); Toxinas AB-EIE: detección de las toxinas A o B por EIE.
- 7. ¿Se incluyen para diagnóstico de ICD las muestras recibidas en el laboratorio sin solicitud expresa de diagnóstico de ICD por parte del clínico solicitante?: Variable para valorar infradiagnóstico por falta de sospecha clínica.
- 8. ¿Se utilizan PAAN capaces de detectar la delección del gen *tcdC*, típica del ribotipo 027? Valora la capacidad del laboratorio de estos para detectar en tiempo real cepas del ribotipo 027 u otras similares que presentan la misma delección (como la 181 y otras del clado 2). Estas cepas suelen ser capaces de producir brotes con gran facilidad, y su detección rápida —junto con una capacidad de respuesta ágil, por supuesto— puede marcar la diferencia entre la aparición de unos pocos casos secundarios o la aparición de un gran brote con decenas o incluso centenas de casos (como está ocurriendo actualmente en varios hospitales españoles con el ribotipo 181).