

FICHA RESUMEN
PROYECTOS FONDO CHILE - MÉXICO

Nombre Proyecto	Fortalecimiento de la vigilancia genómica de <i>Acinetobacter baumannii</i> en Latinoamérica a través del establecimiento de un eje de colaboración Chile-México
Área Temática	Desarrollo social (Salud)
Objetivos de Desarrollo Sostenible	Objetivo 3: Garantizar una vida sana y promover el bienestar para todos en todas las edades
Instituciones Involucradas	México: Instituto Nacional de Medicina Genómica Chile: Universidad de Santiago de Chile
País/ciudad	Chile y México
Beneficiarios Finales	Estudiantes de postgrado realizando investigación en las Facultades de Ciencias Médicas y Química y Biología; investigadores/as en Ciencias Médicas, médicos residentes, estudiantes desarrollando su tesis de licenciatura, magister o doctorado, de Chile y México.
Fecha de inicio	Diciembre de 2023, con una duración estimada de 24 meses.
Objetivos	General: Fortalecer las capacidades de análisis de secuencias de <i>A. Acinetobacter baumannii</i> y otras bacterias multirresistentes de importancia clínica en Chile y México. Específico: Contribuir a la vigilancia epidemiológica a través de la secuenciación de genomas completos de <i>A. baumannii</i> y otras bacterias multirresistentes de importancia clínica en América Latina a través del fortalecimiento de un eje Chile y México.
Breve descripción del proyecto	Las infecciones asociadas a la atención de la salud son eventos adversos de las que ningún hospital se libra. Sin embargo, las buenas prácticas clínicas en el manejo de pacientes en áreas críticas impactan directamente en la reducción de estas tasas. Dentro de los agentes causales de las infecciones, las bacterias del grupo ESKAPE (acrónimo que designa a seis bacterias patógenas importantes por su capacidad de escapar de los antibióticos) son las que reportan un mayor impacto en la morbi-mortalidad en los pacientes afectados. Una de las bacterias de este grupo es la <i>Acinetobacter baumannii</i> . En los últimos años se ha producido un rápido incremento en la incidencia de infección y colonización por bacterias multirresistentes en pacientes hospitalizados, lo que se atribuye a la presión que antimicrobianos cada vez más potentes ejercen sobre pacientes cada vez más debilitados, lo que favorece la selección de bacterias resistentes, y la aparición de mecanismos de resistencia y transmisión cruzada entre pacientes. Entre los agentes infecciosos de mayor preocupación destaca el <i>Acinetobacter baumannii</i> , que puede provocar infecciones graves y a menudo letales, como infecciones del torrente sanguíneo y neumonías. Es fundamental para su control epidemiológico la caracterización, tanto fenotípica como genética, de las cepas multirresistentes que actualmente circulan, haciéndose necesario iniciar la vigilancia genómica que permita identificar y tipificar los aislados de este patógeno.
Resultados	1. Grupos científicos de ambos países ejecutores fortalecidos en sus conocimientos en secuenciación de genomas bacterianos. 2. Equipo tecnológico en ambos países ejecutores fortalecidos con nuevo instrumental para la secuenciación. 3. Difusión de las capacidades en secuenciación de genomas.

Información Actualizada el 11 de noviembre de 2025