

**Material anexo al informe final proyecto FCE\_1\_2019\_1\_156632 - Investigación de la etiología bacteriana y serotipos de *Streptococcus pneumoniae* en niños con empiema pleural.**

**Tabla 1. Sensibilidad y especificidad para la detección de *S. pneumoniae* en líquido pleural de niños con empiema pleural. CHPR 2015-2021. N=126**

	Cultivo (n=126)		16S rRNA (n=125)		Latex (n=67)		FA (n=69)		Xisco (n=126)		ply (n=84)	
	Pos	Neg	Pos	Neg	Pos	Neg	Pos	Neg	Pos	Neg	Pos	Neg
<b>SPN + (n=94)</b>	17	77	48	46	40	15	51	3	85	9	59	1
<b>SPN - (n=32)</b>	0	32	0	31	0	12	3	12	2	30	0	24
	17	109	48	77	40	27	54	15	87	39	59	25
Sens	18.09		51.06		72.73		94.44		90.43		98.33	
IC	11.61 - 27.07		41.12 - 60.93		59.77 - 82.72		84.89 - 98.09		82.8 - 94.88		91.14 - 99.71	
Esp	100		100		100		80.00		93.75		100	
IC	89.28 - 100		88.97 - 100		75.75 - 100		54.81 - 92.95		79.85 - 98.27		86.2 - 100	

**Tabla 2. Comparación de la identificación de *S. pneumoniae* por métodos convencionales y 16S rDNA así como del serotipo obtenido mediante técnica de Quellung y secuenciación de fragmento del gen *cpsB*. N=17**

Número extracto ADN	Cultivo	Tipificación Quellung	Sec 16S	Serotipo Sec CPS	Categorización
3	SPN	3	SPN	3	coincidencia
17	SPN	3	SPN	3	coincidencia
28	SPN	3	SPN	3	coincidencia
33	SPN	1	SPN	1	coincidencia
42	SPN	8	SPN	8	coincidencia
79*	SPN	12F	SPN	Prob 12B	concordante
81	SPN	3	SPN	3	coincidencia
88	SPN	1	SPN	1	coincidencia
100**	SPN	9N	SPN	9N/9L	serogrupo específica
134	SPN	3	SPN	3	coincidencia
136	SPN	3	SPN	3	coincidencia
144	SPN	19 A	SPN	19A	coincidencia
166	SPN	3	SPN	3	coincidencia
167	SPN	3	SPN	Prob 3	coincidencia
169	SPN	3	SPN	3	coincidencia
174	SPN	3	No detectable	Pos. Baja concentración.	no identificó
176	SPN	3	SPN	Pos. Muy baja concentración.	no identificó

\* Se identificó serotipo 12B con un porcentaje de identidad de 99,4% (2 no coincidencias y 1 gap en la secuencia nucleotídica), los serotipos 46 y 12 A con un porcentaje de identidad de 99,1% (5 no coincidencias y 1 gap en la secuencia nucleotídica) y los serotipos 44 y 12F un porcentaje de identidad de 98,5% (11 no coincidencias y 1 gap en la secuencia nucleotídica).

\*\* Se identificó serotipos 9n con un porcentaje de identidad 99,70% (2 no coincidencias y 1 gap en la secuencia nucleotídica) y serotipo 9l con un porcentaje de identidad de 99,60% (3 no coincidencias y 1 gap en la secuencia nucleotídica).

**Tabla 3. Serotipos de *S. pneumoniae* identificados por año (incluye técnica de Quellung en muestras con desarrollo en el cultivo y secuenciación de fragmento del gen *cpsB* en muestras sin desarrollo en el cultivo). N=67**

Serotipos	2015	2016	2017	2018	2019	2020	2021	Total
1	2	2		1				5
Prob 1		1	1					2
3	1	10	3	9	5		8	36
Prob 3		5	2	1			1	9
7B/C							1	1
8		1						1
Prob 8			1					1
9N					1			1
Prob 9n/9l								0
12 F	1	1						2
14	1							1
Prob 14/19F					1			1
15A	1							1
Prob 15A/F		1						1
19A		1	2	1				4
24F				1				1
total	6	22	9	13	7	0	10	67