

## MEMORIAS

## RESISTENCIA BACTERIANA 1 - PRESENTACIONES ORALES

**1. Patrones de resistencia antimicrobiana de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina asociado a la comunidad y a la atención en salud en tres hospitales de alto nivel de complejidad, Medellín, 2008-2010**

Johanna Marcela Vanegas, Ana María Ocampo, Erika Andrea Rodríguez, Margarita María Correa, Judy Natalia Jiménez.  
Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. [jmvm0819@gmail.com](mailto:jmvm0819@gmail.com)

**Introducción.** La emergencia de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (SARM) ha llevado a que el manejo de las infecciones ocasionadas por esta bacteria sea cada vez más complejo; de ahí, la importancia de conocer los patrones locales de resistencia que permitan orientar una terapia empírica más adecuada. **Objetivo.** Describir los patrones de resistencia antimicrobiana de los aislamientos de *S. aureus* resistente a la meticilina asociado a la comunidad (SARM-AC), o extrahospitalario, y a la atención en salud (SARM-AH) en tres hospitales de alto nivel de complejidad de Medellín.

**Materiales y métodos.** Se recolectaron los aislamientos de SARM y se clasificaron como SARM-AC y SARM-AH, según los criterios del CDC. Posteriormente, se determinó la sensibilidad antibiótica de los aislamientos usando el sistema VITEK-2 y se tipificó el casete cromosómico de estafilococos mec (SCCmec) por PCR múltiple.

**Resultados.** Se incluyeron 538 aislamientos; 68 (12,8 %) fueron clasificados como SARM-AC y 470 (87,4 %) como SARM-AH. Las cepas de SARM-AC portaban principalmente el SCCmec IVc (89,7 %), mientras que las de SARM-AH portaban el SCCmec de tipo IVc (52,1 %), seguido por el tipo I (36,6 %). Las cepas con SCCmec IVc presentaron dos principales patrones de resistencia: a oxacilina (50,8 %) y a oxacilina más tetraciclina (42,7 %). Las cepas con SCCmec I tenían diferentes patrones de resistencia; los más frecuentes fueron: i) oxacilina más eritromicina más gentamicina (35,1 %); ii) oxacilina más clindamicina más eritromicina más gentamicina (25,3 %) y iii) oxacilina más clindamicina más eritromicina (16,1 %).

**Conclusiones.** Los patrones de resistencia de SARM-AC y SARM-AH han evolucionado; de allí, la importancia de su conocimiento para el manejo de las infecciones ocasionadas por ese microorganismo. Financiación: Colciencias, Proyecto: 1115-459-21442.

**2. Cepas de SARM genotípicamente diversas con SCCmec IVc desplazan las cepas tradicionales de SARM-AH en los hospitales de Medellín**

Judy Natalia Jimenez, Ana María Ocampo, Johanna Marcela Vanegas, Erika Andrea Rodríguez, José R. Mediavilla, Liang Chen, Carlos E. Muskus, Lázaro Agustín Vélez, Carlos A. Rojas, Andrea V. Restrepo, Sigifredo Ospina Ospina, Carlos Garcés, Liliana Franco, Pablo Bifani, Barry N. Kreiswirth, Margarita María Correa.  
Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. Public Health Research Institute, University of Medicine and Dentistry of New Jersey, NJ, USA. Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET, Universidad de Antioquia.

Grupo Investigador de Problemas en Enfermedades Infecciosas-GRIPE, Universidad de Antioquia. Grupo de Epidemiología, Universidad de Antioquia. Hospital Pablo Tobón Uribe. Hospital Universitario San Vicente Fundación. Clínica Cardiovascular, Congregación Mariana. Medellín, Colombia. Tuberculosis and Mycobacteria Communicable & Infectious Diseases, Scientific Institute of Public Health. Brussels, Belgium. [judynatalia@yahoo.com](mailto:judynatalia@yahoo.com)

**Introducción y objetivo.** Reportes recientes destacan la incursión de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina asociado a la comunidad (SARM-AC) en el ambiente hospitalario. Sin embargo, el conocimiento de este fenómeno sigue siendo limitado en nuestro país. El objetivo de este estudio fue evaluar la epidemiología molecular de SARM en tres hospitales de alta complejidad de Medellín.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional de corte transversal entre 2008 y 2010. Las infecciones por SARM fueron clasificadas siguiendo las definiciones epidemiológicas establecidas por el CDC, en SARM asociado a la comunidad (SARM-AC) y SARM asociado al ambiente hospitalario (SARM-AH). A su vez, las infecciones de SARM-AH se catalogaron en de inicio en la comunidad (SARM-AHIC) o de inicio en el hospital (SARM-AHIH). La caracterización molecular incluyó la detección del SCCmec, la tipificación mediante spa, PFGE y MLST.

**Resultados.** Se incluyeron 538 aislamientos de SARM; 68 aislamientos (12,6 %) fueron definidos como SARM-AC; 243 (45,2 %), como SARM-AHIC, y 227 (42,2 %) como SARM-AHIH. La mayoría de los aislamientos presentaban el SCCmec de tipo IVc (306, 58,2 %), seguido por el SCCmec de tipo I (174, 33,1 %). La prevalencia de SCCmec IVc entre SARM-AC, SARM-AHIC y SARM-AHIH fue de 92,4 %, 65,1 % y 43,6 %, respectivamente. Desde 2008 hasta 2010, la prevalencia de cepas con SCCmec IVc aumentó significativamente, de 50,0 % a 68,2 % (p=0,004). Las cepas que presentaron el SCCmec IVc pertenecían, principalmente, a los tipos de spa t1610, t008 y t024 del complejo clonal 8, sin embargo, la PFGE evidenció que solo las cepas t008 y t1610 estaban estrechamente relacionadas con el clon USA 300.

**Conclusiones.** Cepas SARM genotípicamente diversas que albergan el SCCmec de tipo IVc están predominando y desplazando a los clones previamente reportados de SARM-AH en los hospitales de Medellín.

**3. Detección de un nuevo clon SARM-AC no relacionado con USA300 causante de infecciones pediátricas en Colombia**

Ricaurte Alejandro Márquez, Martha Isabel Álvarez, Betsy Esperanza Castro, Aura Lucía Leal, Sebastián Gaines Acuña, Gloria Natasha Vanegas, Javier Antonio Escobar.  
Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana, Universidad el Bosque. Bogotá, Colombia. [ramarquez@gmail.com](mailto:ramarquez@gmail.com)

**Introducción y objetivo.** En Colombia se ha reportado la diseminación de un clon de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina asociado a la comunidad (SARM-AC) relacionado genéticamente con el clon USA300. Recientemente detectamos aislamientos de un nuevo clon SARM-AC que no está relacionado con USA300 generando infecciones en niños de Bogotá. El objetivo de este estudio fue determinar las características genéticas y moleculares de los aislamientos pertenecientes a este clon.

**Materiales y métodos.** Se realizó la caracterización genética y molecular de los aislamientos SARM-AC que no están relacionados con USA300, y que fueron obtenidos en un estudio multicéntrico en 15 hospitales de Bogotá. Se evaluó por PCR la presencia de 26 genes para

factores de virulencia relevantes y se estableció el tipo de SCCmec, spa y agr, y la relación genética por PFGE y MLST. Se determinó el perfil de resistencia a 11 antibióticos.

**Resultados.** De 154 SARM-AC analizados, 8 (5,2 %) presentaron pulstipos por PFGE no relacionados a USA300, fueron ST8 y tuvieron un SCCmecIVa y los genes *LukS/F-PV*, *seq*, *sek*, *bsaB*, *sak* y *agr I*. A diferencia de USA300, presentaron un tipo de spa t1635, un cambio en la isla de capacidad patógena 5 y no tuvieron ACME. Todos los aislamientos fueron resistentes a la tetraciclina, y 5 a la eritromicina. Un aislamiento presentó resistencia múltiple a tres antibióticos. Los 8 aislamientos fueron recuperados de pacientes pediátricos de todas las edades atendidos en seis instituciones hospitalarias. Seis (75 %) infecciones se originaron en la comunidad, en niños sin factores de riesgo asociados a la atención en salud; los 2 (25 %) casos restantes fueron infecciones de origen hospitalario. Se observaron infecciones de piel y tejidos blandos, sitio operatorio y osteoarticulares en 5, 2 y 1 casos, respectivamente.

**Conclusiones.** Estos resultados demuestran la aparición de un nuevo clon SARM-AC, con características genéticas diferentes a USA300, el cual ya circula en otros países y, aunque está en baja frecuencia (5,2 %), podría aumentar su circulación.

#### 4. Mortalidad de la bacteriemia por *Staphylococcus aureus* resistente a la metilina en pacientes críticos: un estudio multicéntrico de cohortes

Juan Sebastián Castillo, Aura Lucía Leal, Jorge Alberto Cortés, Carlos Arturo Álvarez, Ricardo Sánchez Pedraza, Andrés Leonardo González, Liliana Isabel Barrero, Giancarlo Buitrago Gutiérrez, Daibeth Helena Henríquez. GREBO.  
Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia.  
Bogotá, Colombia. juansecastillo@gmail.com

**Introducción y objetivo.** *Staphylococcus aureus* resistente a la metilina (SARM) representa una preocupación para el ámbito hospitalario. Las infecciones del torrente sanguíneo en la unidad de cuidados intensivos representan un reto por su impacto negativo en los resultados de la atención. El presente estudio evaluó los factores de riesgo relacionados con la resistencia a la metilina, su pronóstico y los factores que determinan la mortalidad en los pacientes críticos.

**Materiales y métodos.** Estudio multicéntrico de cohortes, retrospectivo, en 16 hospitales de alta complejidad de Bogotá. Se incluyeron pacientes de las unidades de cuidados intensivos atendidos de 2005 a 2008. Se analizaron en modelos multivariados la aparición de la resistencia y la mortalidad.

**Resultados.** Se incluyeron 372 pacientes, 186 con bacteriemia por SARM y 186 con bacteriemia por SASM, seleccionados aleatoriamente en la misma institución. La cirugía previa (OR=2,55; IC<sub>95%</sub> 1,59-4,08), la exposición a antibióticos (OR=4,05; IC<sub>95%</sub> 2,31-7,14) y el origen hospitalario de la infección estuvieron asociados con la resistencia. SARM causó estancias hospitalarias más prolongadas en los sobrevivientes (mediana: 24 Vs. 18 días, p=0,014). Los factores predictores de mortalidad fueron: la edad del paciente (HR=1,01; IC<sub>95%</sub> 1,00-1,02), el nivel de creatinina al ingreso a la unidad de cuidados intensivos superior a 1,21 mg/dl (HR=2,13; IC<sub>95%</sub> 1,49-3,04), la presencia de sepsis grave (HR=6,05, IC<sub>95%</sub> 2,11-17,33) y la necesidad de inotrópicos (HR=2,63, IC<sub>95%</sub> 1,51-4,58). Fueron factores protectores la terapia inicial apropiada (HR=0,52; IC<sub>95%</sub> 0,36-0,74) y la corrección del tratamiento durante el curso clínico (HR=0,51; IC<sub>95%</sub> 0,36-0,72), o ser hombre

**Conclusiones.** La resistencia a la metilina no es un factor pronóstico independiente de la mortalidad. Otras variables clínicas explican los desenlaces desfavorables de la infección por SARM. El inicio o la corrección a una terapia antibiótica adecuada son fundamentales. Apoyo financiero de Colciencias y de la Universidad Nacional de Colombia. Apoyo técnico de ACIN, Capítulo Central, y de la Secretaría Distrital de Salud.

#### 5. Epidemiología molecular de la colonización nasal por *Staphylococcus aureus* sensible a la metilina (SASM) y resistente a la metilina (SARM) en la población pediátrica proveniente de un hospital universitario y de la comunidad, Medellín, 2011

Erika Andrea Rodríguez, Alex Fabian Cañas, Andres Giraldo Fonnegra, Santiago León Atehortúa, Sigifredo Ospina Ospina, Margarita María Correa, Judy Natalia Jiménez.  
Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Microbiología y Bioanálisis. Universidad de Antioquia. Hospital Universitario San Vicente Fundación. Medellín, Colombia. andrearrt@hotmail.com

**Introducción y objetivo.** La colonización por *Staphylococcus aureus* juega un papel importante en la patogénesis de las infecciones causadas por este microorganismo; en particular en niños, se ha señalado un mayor riesgo. La mayoría de estudios de colonización se han llevado a cabo en ambientes hospitalarios, mientras que en la comunidad son recientes y han generado resultados contrastantes en la relación colonización e infección. En este trabajo se propuso caracterizar epidemiológica y molecularmente la colonización nasal por *S. aureus* en la población pediátrica proveniente de un hospital Universitario y de la comunidad de Medellín, 2011.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal. Se evaluaron 400 niños de 0 a 5 años, 200 de hogares infantiles y 200 del hospital, en ambas fosas nasales. Se identificó *S. aureus* por métodos fenotípicos y la especie se confirmó molecularmente mediante el gen *nuc*. La genotipificación incluyó, SCCmec y *agr* y la detección de genes de factores de virulencia.

**Resultados.** La prevalencia total de la colonización nasal por *S. aureus* fue de 47,2 % (119 niños), 37 % de la comunidad y 44,5% del hospital. De los aislamientos, 4,75 % (19) eran SARM; de éstos, 8 llevaban el SCCmec IVc, 3 el IVa y 8 no se pudieron tipificar. Se detectó mayor diversidad de genes de factores de virulencia en cepas de SASM, sobresaliendo el gen *seb*. El gen regulador *agrI* fue el más común entre todos los aislamientos.

**Conclusiones.** En ambas poblaciones se detectó una alta prevalencia de colonización nasal por *S. aureus*, asimismo, se evidenció la presencia de SARM. Lo anterior demuestra la gran capacidad de diseminación de esta bacteria y el riesgo existente de que se desarrollen infecciones en dichas poblaciones lo que hace necesario el establecimiento de medidas de control y educación.

#### 6. Cambios en el tiempo de la distribución de los complejos clonales dominantes de SARM en Medellín, Colombia

Ana María Ocampo, Johanna Marcela Vanegas, Erika Andrea Rodríguez, José R. Mediavilla, Liang Chen, Lázaro Agustín Vélez, Jaime Alberto Robledo, Barry N. Kreiswirth, Margarita María Correa, Judy Natalia Jiménez.  
Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Public Health Research Institute, University of Medicine and Dentistry of New Jersey, NJ, USA. Grupo Investigador de Problemas en Enfermedades Infecciosas-GRIPE, Universidad de Antioquia. Corporación para Investigaciones Biológicas. Medellín, Colombia. anamariaocamporios@gmail.com

**Introducción y objetivo.** *Staphylococcus aureus* resistente a la metilina (SARM) es un patógeno de gran importancia en salud pública, debido a la rápida diseminación y diversificación de linajes de pandemia con perfiles variables de virulencia y sensibilidad antimicrobiana. En Colombia, principalmente en los hospitales de tercer nivel de Bogotá, se han identificado varios clones de SARM asociados al hospital, como el pediátrico (ST5-SAMR-IV), el brasilero (ST239-SAMR-III) y el chileno (ST5-SAMR-I). Asimismo, se describió el clon de SARM tradicional-

mente asociado a la comunidad USA300 (ST8-SAMR-IV), que causa infecciones hospitalarias. En Medellín, el conocimiento de los clones circulantes es incipiente. Este trabajo se propuso describir la dinámica en el tiempo de los linajes de SARM en esta ciudad.

**Materiales y métodos.** Se analizaron 538 cepas de SARM recolectadas entre 2008 y 2010 en tres instituciones de alto nivel de Medellín, así como 67 cepas aisladas en 1998. La identificación y la sensibilidad a la meticilina se realizaron en cada institución y, posteriormente, fueron confirmadas molecularmente, mediante los genes *nuc* y *mecA*. La caracterización molecular incluyó la tipificación de spa, SCCmec, PFGE y MLST; se detectaron los factores de virulencia PVL, TSST-1 y ACME.

**Resultados.** Al analizar las cepas de 1998 se encontró un único linaje dominante, ST5-SAMR-IV (Clon pediátrico); sin embargo, en las cepas de los años 2008 a 2010 se identificaron dos linajes dominantes: el ST8-SAMR-IVc, con cepas pertenecientes a los spa tipos t008 y t1610 estrechamente relacionadas a USA 300, y el ST5-SAMR-I (clon chileno), en ausencia del clon pediátrico. Al comparar las instituciones y los años de estudio se encontraron cambios en la distribución de estos linajes que demuestran un desplazamiento paulatino de las cepas ST5-SAMR-I por cepas del ST8-SAMR-IVc.

**Conclusiones.** La naturaleza dinámica y la constante evolución de SARM influyen directamente en su epidemiología; por tal motivo, es imprescindible evaluar la situación en cada región, sobre todo donde SARM es prevalente.

#### 7. Diseño y estandarización de un macroarreglo de ADN para detectar y caracterizar aislamientos de *Staphylococcus aureus* resistentes a la meticilina con genotipo comunitario (SARM-GC) en Colombia

Sebastián Gaines Acuña, Jaime Moreno, Ricaurte Alejandro Márquez, Betsy Esperanza Castro, Paula Díaz, Ingrid Tatiana Gómez, Gloria Natasha Vanegas, Javier Antonio Escobar, Grupo COLCIENCIAS-1308-49326155.

Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana, Universidad el Bosque. Bogotá, Colombia. [sebastiangaines@yahoo.com](mailto:sebastiangaines@yahoo.com)

**Introducción y objetivo.** Se han establecido dos tipos de aislamientos de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (SARM), los de genotipo hospitalario (GH) y los comunitarios (GC). Este último ha adquirido componentes genéticos específicos que lo hacen más patógeno. Nuestro objetivo fue diseñar y estandarizar un macroarreglo de ADN para detectar y caracterizar aislamientos SARM-GC.

**Materiales y métodos.** Se construyó un macroarreglo de ADN para detectar simultáneamente 12 genes (2 específicos para *S. aureus*, 3 para SARM-GH y 7 para SARM-GC). Dos de estos genes fueron identificados por análisis comparativo de 14 genomas de *S. aureus*. Los restantes genes se seleccionaron de acuerdo a la caracterización molecular previamente reportada. La detección de los genes se hizo por hibridación y quimioluminiscencia. Se evaluó la especificidad con 10 aislamientos clínicos previamente caracterizados.

**Resultados.** Los análisis genómicos comparativos permitieron encontrar dos nuevos marcadores moleculares, uno específico para aislamientos SARM-GC y otro para SARM-GH. Se diseñó y estandarizó una técnica molecular basada en macroarreglos de ADN con la cual es posible detectar rápida y simultáneamente 12 genes específicos para SARM-GC y SARM-GH, entre los cuales se encuentran: dos genes específicos de SARM, 5 enterotoxinas, una bacteriocina, uno para la tipificación del SCCmec tipo IV, un gen involucrado en el metabolismo de la arginina, una proteína hipotética y uno para la leucocidina de Panton Valentine. La especificidad del ensayo fue del 100%.

**Conclusiones.** Experimentalmente se confirmó que los dos genes encontrados *in silico* fueron específicos para la diferenciación de SARM-GC y GH. El uso de este macroarreglo permite identificar un aislamiento SARM-GC de manera específica en Colombia y, además, establecer la presencia de 7 genes que codifican para factores de capacidad patógena de relevancia clínica en *S. aureus*.

#### 8. Impacto económico de la resistencia a la meticilina en pacientes con bacteriemias por *Staphylococcus aureus* en hospitales de Bogotá

Liliana Isabel Barrero, Juan Sebastian Castillo, Andrés Leonardo González, Aura Lucía Leal, Jorge Alberto Cortés, Carlos Arturo Álvarez, Giancarlo Buitrago Gutiérrez, Ricardo Sánchez Pedraza GREBO.

Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia. [juansebastillo@gmail.com](mailto:juansebastillo@gmail.com)

**Introducción y objetivo.** Las bacteriemias representan 14 % de las infecciones asociadas a la atención en salud y suelen estar asociadas a la elevada demanda de recursos. *Staphylococcus aureus* es el primer agente causante bacteriemia en nuestro medio. No existe información nacional del costo asociado con la atención por *S. aureus* resistente a la meticilina. Este estudio se aproxima al costo de atención de las infecciones del torrente sanguíneo por *S. aureus* resistente a la meticilina en nueve hospitales de Bogotá.

**Materiales y métodos.** En un estudio multicéntrico de cohorte, retrospectivo, de pacientes críticos con bacteriemia por *S. aureus* durante el periodo 2005 a 2008, se estimaron los valores facturados como aproximación de los costos médicos directos totales y para el periodo de bacteriemia. Mediante microcosteo y aplicando los valores tarifarios ISS 2004 para procedimientos y estancias y SDS de 2009 para medicamentos, se expresaron los valores en pesos estandarizados del 2009. Se compararon las medianas de los costos entre los grupos de exposición según la resistencia a la meticilina. Se incluyeron 206 pacientes emparejados por institución en una razón 1:1, según la resistencia.

**Resultados.** No se encontraron diferencias significativas entre los grupos en las características clínicas generales, con excepción de los antecedentes a la bacteriemia. El 53% de los sujetos falleció durante la hospitalización. La estancia hospitalaria y el valor total facturado durante la hospitalización fueron significativamente mayores en el grupo con bacteriemia por microorganismo resistente. En este grupo se registraron mayores costos por la estancia en la unidad de cuidados intensivos, el uso de antibióticos, los líquidos parenterales, los apoyos diagnósticos de laboratorio y las necesidades de terapia respiratoria. En general, la presencia de resistencia a la meticilina se asocia con un incremento del valor facturado durante el periodo de bacteriemia hasta del 29 % (IC<sub>95%</sub> 8-53).

**Conclusiones.** El presente estudio presenta el impacto importante de la resistencia a la meticilina en los costos de atención de los pacientes con bacteriemia en la unidad de cuidados

#### MICOBACTERIAS 1

#### 9. Situación de la tuberculosis en personas privadas de la libertad en cuatro centros penitenciarios y carcelarios de Medellín y Bucaramanga, Colombia, 2010-2011

Zulma Vanessa Rueda, Lucelly López, Lázaro Agustín Vélez, Diana Marcela Marín, Margarita Rosa Giraldo, Henry Pulido, Luis Carlos Orozco, Fernando Montes, Débora Villa Villa, María Patricia Arbeláez.

Universidad de Antioquia, Dirección Seccional de Salud y Protección Social de Antioquia, Secretaría de Salud de Bello, Universidad Industrial de Santander, Secretaría de Salud de Santander, Secretaría de Salud de Medellín. Medellín Colombia. [zulmaruedav@gmail.com](mailto:zulmaruedav@gmail.com)

**Introducción.** Los centros penitenciarios y carcelarios son considerados grandes reservorios de tuberculosis y, por lo tanto, una amenaza importante para la salud pública.

**Objetivo.** Determinar la incidencia de tuberculosis y las características epidemiológicas de las personas privadas de la libertad en cuatro centros penitenciarios y carcelarios, dos de hombres y dos de mujeres.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio prospectivo de cohorte. Se evaluaron todas las personas privadas de la libertad que tuvieran síntomas respiratorios y sus contactos. Luego de la firma del consentimiento informado, se recolectaron tres esputos espontáneos en días consecutivos y tres muestras de sangre. Se tiñeron con auramina-rodamina, se hicieron cultivos en agar de capa delgada, Löwestein-Jensen y MGIT-960, y se practicaron pruebas de susceptibilidad a los medicamentos de primera línea y serología para VIH. Se recolectaron las variables sociodemográficas y clínicas, se registraron los antecedentes personales y familiares, y de las mediciones del sitio de reclusión.

**Resultados.** Se evaluaron 2.103 personas privadas de la libertad, y se identificaron 961 con síntomas respiratorios bajos (92,5 % hombres). De estos, se diagnosticaron 47 casos de tuberculosis, 12 (25,5 %) de los cuales se detectaron sólo por cultivo. La incidencia anual fue de 494 casos por 100.000 personas privadas de la libertad (Medellín: 515 por 100.000 personas privadas de la libertad; Bucaramanga: 443 por 100.000 personas privadas de la libertad). Entre los casos de tuberculosis, la mediana de la edad fue de 30 años; 25,5 % (12) tuvieron menos de 15 días de tos; 12,7 % tenían antecedente de tuberculosis previa, y 44,6 % (21 personas privadas de la libertad) había tenido contacto con una persona diagnosticada con tuberculosis, de los cuales, 13 eran también personas privadas de la libertad. Se diagnosticó infección simultánea de tuberculosis y VIH en dos personas, y se demostraron dos casos de resistencia a la estreptomycinina y uno a la isoniacida. La mediana de los metros cuadrados por persona fue de 1,84 (P25-P75: 0,96-3,56).

**Conclusiones.** La tuberculosis en estos centros penitenciarios y carcelarios es 20 veces más alta que la incidencia general en Colombia (25 casos por 100.000 habitantes). Es necesario considerar esta enfermedad en presencia de síntomas respiratorios bajos de cualquier duración en los sitios confinados y de alta incidencia, y hacer cultivos para micobacterias para optimizar su diagnóstico.

#### 10. ¿Se debe replantear el tiempo de aislamiento en personas privadas de la libertad con diagnóstico de tuberculosis?

Zulma Vanessa Rueda, Lucelly López, Lázaro Agustín Vélez, Diana Marcela Marín, Margarita Rosa Giraldo, Elsa Zapata, Gloria Isabel Mejía, Jaime Alberto Robledo, María Patricia Arbeláez.

*Universidad de Antioquia, Dirección Seccional de Salud y Protección Social de Antioquia, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Medellín, Colombia. zulmaruedav@gmail.com*

**Introducción.** Según las guías de la OMS, los CDC, la IDSA y la ATS, los pacientes con tuberculosis pulmonar pueden ser considerados como no infecciosos cuando: 1) han recibido tratamiento antituberculoso con múltiples medicamentos por 2 a 3 semanas; 2) se ha evidenciado mejoría clínica, y 3) la posibilidad de tuberculosis resistente a los medicamentos de primera línea es mínima.

**Objetivo.** Determinar el tiempo para tornarse negativo el esputo desde el inicio del tratamiento antituberculoso en personas privadas de la libertad de cuatro centros penitenciarios y carcelarios de Medellín y Bucaramanga entre mayo de 2010 y abril de 2011.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio prospectivo de cohorte. A toda persona privada de la libertad diagnosticada con tuberculosis por cultivo, baciloscopia o ambos, se le hizo seguimiento por dos años, así: mensualmente, los seis primeros meses a partir del inicio del tratamiento; cada dos meses, los siguientes seis meses, y cada tres

meses, el segundo año. En cada seguimiento se recolectaron dos esputos espontáneos y uno inducido para baciloscopia con tinción de auramina-rodamina, y cultivo en agar de capa delgada, Löwestein-Jensen y MGIT-960 a la primera de dichas muestras. Se hizo un análisis de tiempo al caso.

**Resultados.** De 47 pacientes diagnosticados con tuberculosis, se pudo hacer seguimiento a 45; hubo un traslado y una muerte. La mediana para que la baciloscopia se volviera negativa fue de 33 días (P25-P75: 31-60), y para el cultivo de 55 días (P25-P75: 32-68). El 90% de los pacientes tenía baciloscopia y cultivo negativos al día 102. El tiempo para que el cultivo se tornara negativo se relacionó positivamente con el número de cruces en la baciloscopia diagnóstica: mediana de las baciloscopias negativas con cultivo positivo, 31,5 días; de las baciloscopias positivas con una cruz, 58,5 días; de las baciloscopias positivas con dos cruces, 62, y de las baciloscopias positivas con tres cruces, 65 días ( $p=0,007$ ).

**Conclusiones.** A pesar del inicio del tratamiento, el tiempo para que los cultivos se tornaran negativos demoró dos o más meses en 50 % o más de los casos, lo que obliga a replantear las recomendaciones sobre el aislamiento de los pacientes con tuberculosis pulmonar en centros penitenciarios y carcelarios, y sugiere la necesidad de que el seguimiento de estas personas se haga con baciloscopias y cultivo.

#### 11. Tuberculosis: resultado de un intercambio de saberes con comunidades indígenas del departamento de Antioquia

José Mauricio Hernández, Diber Lopera, María Lady Restrepo, Lina María Martínez, Elsa María Zapata, Gloria Isabel Mejía, Victoria Lucía Dávila, Diana Carolina Grajales, Laura Restrepo Serna, Jaime Alberto Robledo.

*Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Medellín, Colombia. jhernandez@cib.org.co*

**Introducción y objetivo.** El derecho a la salud de los pueblos indígenas se ve limitado por razones de conflicto armado, cultura y acceso geográfico. Las enfermedades transmisibles, como la tuberculosis, afectan particularmente estas comunidades. El saber colectivo, los médicos tradicionales y los recursos comunitarios deben ser utilizados para mejorar el modelo de control de la tuberculosis. El objetivo de este proyecto fue determinar la prevalencia de la tuberculosis en las comunidades indígenas de Antioquia y relacionar la sabiduría ancestral de los pueblos embera y olo tule con los conceptos de la medicina moderna en torno a la tuberculosis.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio transversal en diez comunidades indígenas seleccionadas aleatoriamente. Se llevó a cabo un intercambio de saberes siguiendo diez pautas cualitativas sobre los conceptos de salud, enfermedad y tuberculosis.

**Resultados.** La prevalencia de tuberculosis fue de 776 por 100.000 habitantes. En las comunidades visitadas no se había realizado búsqueda activa de tuberculosis por la falta de promotores de salud. El desplazamiento de los indígenas hacia las cabeceras municipales para el diagnóstico y tratamiento, está casi siempre limitado por razones de acceso geográfico y conflicto armado. En los pueblos embera y olo tule, la tuberculosis se conoce como "OssoJai" que significa "tos y espíritu". Aunque algunos aceptan que la enfermedad se transmite persona a persona, otros consideran que tiene un origen espiritual y es transmitida por animales, como los pájaros. **Conclusiones.** La tuberculosis en la población indígena estudiada tiene una prevalencia muy alta. Es difícil controlar la tuberculosis en estas comunidades en las condiciones actuales del programa. Las actividades educativas, de captación de pacientes y el tratamiento a los casos positivos se realizan en la cabecera municipal y pocas veces llegan hasta la comunidad. Es importante involucrar en el programa la figura del promotor de salud indígena, permitiendo el desarrollo de actividades directamente

en la comunidad, evitando que el paciente y su familia se desplacen a la cabecera municipal con las desventajas que esto supone. El intercambio de saberes es el eje para la implementación de las actividades relacionadas con la tuberculosis al interior de las comunidades.

### 12. Características del estudio y manejo clínico de menores de 5 años convivientes de pacientes con tuberculosis pulmonar bacilífera, captados en el periodo 2010-2011 en Medellín

Dione Benjumea Bedoya, María Patricia Arbeláez.  
Universidad de Antioquia, Facultad Nacional de Salud Pública,  
Grupo de Epidemiología, Metrosalud. Medellín, Colombia.  
dionebenjumea@gmail.com

**Objetivo.** Describir el estudio y el manejo clínico de los menores de 5 años convivientes de pacientes con tuberculosis pulmonar bacilífera.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio observacional descriptivo de tipo transversal, de los menores de 5 años convivientes de pacientes con tuberculosis pulmonar bacilífera reportados al sistema de vigilancia epidemiológica durante el año 2010 y el primer semestre del 2011. Se incluyeron los menores de 5 años al momento de la exposición, cuyos padres habían firmado el consentimiento informado y que vivieran en Medellín. Se aplicó la prueba Z para la comparación de los resultados de haber sido estudiado, haber recibido tratamiento para infección latente y prevalencia de tuberculosis activa, con proporciones hipotéticas o ya conocidas. Se calcularon los *odds ratios* (OR) y se ajustaron mediante el modelo binario de regresión logística.

**Resultados.** Se capturaron telefónicamente 70 convivientes, 38 asistieron a la evaluación clínica. Se estudió adecuadamente el 28,6 %; se compararon con una proporción hipotética esperada, y fue menor la proporción de convivientes estudiados que se encontró en el estudio ( $p=0,00$ ;  $IC_{95\%}$  0,547-0,781). La prevalencia de tuberculosis activa (evaluados clínicamente) fue de 7,9 % ( $IC_{95\%}$  1,7-21,4); se comparó con la proporción de casos ya reportada para Medellín (2009, convivientes de igual edad), y no hubo diferencias significativas ( $p=0,38$ ;  $IC_{95\%}$  -0,149-0,059). La proporción de tratamiento para infección latente fue de 19,4%; se comparó con la proporción esperada del 20 %, y no hubo diferencias significativas ( $p=0,88$ ;  $IC_{95\%}$  -0,147-0,156). Algunas variables tuvieron relación con haber sido estudiado (régimen subsidiado o contributivo, OR ajustado=6,77  $IC_{95\%}$  1,5-30,5) y haber recibido tratamiento para infección latente (realización de la prueba de la tuberculina, OR ajustado=40,2  $IC_{95\%}$  2,6-623,6)

**Conclusiones.** En Medellín se requiere la implantación y la supervisión de la aplicación de un protocolo normalizado para el manejo de los menores de 5 años convivientes de pacientes con tuberculosis pulmonar bacilífera.

Convenio Metrosalud.

### 13. Determinación indirecta de la susceptibilidad de *Mycobacterium tuberculosis* a los antituberculosos de primera y segunda línea

Natalia Iveth Rojas, Sandra Milena Coronado, Lillian Barandica Cañon.  
Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. Universidad de  
Cartagena. Cartagena, Colombia. natico\_1212@hotmail.com

**Introducción y objetivo.** El lento crecimiento de *Mycobacterium tuberculosis* dificulta la obtención oportuna de las pruebas de sensibilidad a los fármacos, aun cuando la detección temprana es el pilar para evitar la diseminación de cepas resistentes. El objetivo de este estudio fue determinar la efectividad de dos métodos colorimétricos (TEMA y REMA) para el análisis de la sensibilidad de *M. tuberculosis* a los fármacos antituberculosos.

**Materiales y métodos.** Se usaron dos métodos colorimétricos para

determinar la sensibilidad de nueve aislamientos de muestras clínicas de *M. tuberculosis* a los fármacos de primera y segunda línea. Como referencia se empleó el método de las proporciones múltiples, y como control de sensibilidad, especificidad y concordancia, la cepa de referencia H37Rv. Se consideraron aislamientos sensibles si el valor de concentración inhibitoria mínima era menor o igual al registrado con la cepa H37Rv. Los resultados se obtuvieron entre seis y 15 días.

**Resultados.** TEMA mostró una concordancia mayor o igual al 75 % para estreptomina, isoniacida, pirazinamida, rifampicina, etionamida y ciprofloxacina; la sensibilidad fue del 100 % para estreptomina, isoniacida, rifampicina, etionamida y amikacina, y del 75 % para pirazinamida. La especificidad fue del 75 % para ciprofloxacina. La concordancia con REMA fue mayor o igual al 75% para isoniacida, rifampicina, etionamida, ciprofloxacina y amikacina; la sensibilidad fue del 100 % para isoniacida, rifampicina, etionamida y amikacina. La especificidad fue mayor o igual al 75 % para rifampicina y ciprofloxacina.

**Conclusiones.** En este estudio se encontró alta concordancia entre los métodos colorimétricos y el de referencia para detectar la resistencia a los medicamentos más importantes en el tratamiento de la tuberculosis; estos métodos constituyen una alternativa rápida que puede ser implementada fácilmente en el laboratorio de micobacteriología.

### 15. El modelo estructural de la interacción entre levofloxacina y el sitio catalítico de la girasa en *Mycobacterium tuberculosis* ayuda a comprender los mecanismos de resistencia a las fluoroquinolonas en los aislamientos clínicos colombianos.

Nataly Alvarez Zuluaga, Elsa María Zapata, Gloria Isabel Mejía, Teresa Realpe Quintero, Pedronel Araque Marín, Carlos Alberto Peláez, Francois Rouzaud, Jaime Alberto Robledo.  
Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Universidad Pontificia Bolivariana (UPB), Universidad de Antioquia, Grupo Interdisciplinario de Estudios Moleculares (GIEM). Medellín, Colombia. nalvarez@cib.org.co

**Introducción.** Las fluoroquinolonas son clave en el tratamiento de segunda línea de *Mycobacterium tuberculosis* resistente a los medicamentos de primera línea (TB-MDR). Su blanco es la girasa de ADN codificada por los genes *gyrA* y *gyrB*. La región determinante de resistencia a quinolonas en *gyrA* es parte del sitio catalítico de la enzima donde ocurre el 96 % de las mutaciones asociadas con la resistencia. La detección de esta resistencia facilita el tratamiento temprano de la TB-MDR.

**Objetivo.** Determinar la prevalencia de la resistencia a las fluoroquinolonas en aislamientos clínicos de TB-MDR recolectados en Medellín de 2004 a 2009, y entender los mecanismos moleculares que explican la relación entre las mutaciones en la región determinante de la resistencia a las quinolonas y el fenotipo resistente.

**Materiales y métodos.** Se utilizó el método de las proporciones múltiples en 111 aislamientos TB-MDR para determinar la sensibilidad a la ofloxacina, la moxifloxacina y la levofloxacina. Se secuenció la región determinante de la resistencia a las quinolonas de cada aislamiento. El modelo estructural de las interacciones moleculares se elaboró con el software PC Spartan Pro 1.0.5® (Wavefunction Inc., Irvine, California, USA).

**Resultados.** Se encontró 10 % de aislamientos resistentes a las fluoroquinolonas (11/111), 7 tenían mutaciones en la región determinante de la resistencia a las quinolonas. La mutación A90V cambia un grupo metilo por un isopropilo con modificación esteárica bloqueando el acceso de la levofloxacina al sitio catalítico y confirmando resistencia. La pérdida de un grupo acetilo en la mutación D94G elimina un grupo ácido necesario en la interacción girasa-levofloxacina.

**Conclusiones.** Las mutaciones en la región determinante de la resistencia a las quinolonas son la mayor causa de resistencia a las fluoroquinolonas porque impiden la interacción entre el antibiótico y el sitio

catalítico. Este modelo plantea la hipótesis que las fluoroquinolonas actúan como competidor del ADN por el sitio catalítico. La combinación entre el análisis del modelo estructural y la detección de los polimorfismos es un excelente método para estudiar los mecanismos moleculares implicados en la resistencia a drogas porque permite comprender las modificaciones en los sitios blanco generadas por las mutaciones. Colciencias 221340820408

#### 16. Experiencia de detección rápida de aislamientos de *Mycobacterium tuberculosis* resistentes a los medicamentos de primera línea a partir de cultivos positivos por el método automatizado Bactec MGIT 960®

Gloria Isabel Mejía, María Paulina Barón, Ángela María Guzmán, Elsa María Zapata, Jaime Alberto Robledo, Hilda Álvarez.  
Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB) Medellín, Colombia. [gmejia@cib.org.co](mailto:gmejia@cib.org.co)

**Introducción.** La tuberculosis resistente a los medicamentos de primera línea (TB-MDR) es definida como la resistencia de *Mycobacterium tuberculosis* a la isoniacida y a la rifampicina, dos de los medicamentos más efectivos contra el bacilo. En Colombia, la TB-MDR reportada es de 2,38 % en pacientes sin tratamiento previo. La detección de TB-MDR depende de la disponibilidad de herramientas de fácil acceso para los laboratorios que hacen diagnóstico de infección por tuberculosis, que permitan resultados rápidos, lo cual incide en el manejo y control.

**Objetivo.** Evaluar el método de tamización en capa delgada para la detección de los aislamientos TB-MDR a partir del tubo MGIT positivo de muestras pulmonares y extrapulmonares remitidas al laboratorio de la Corporación para Investigaciones Biológicas en entre 2009 y 2011.

**Materiales y métodos.** Las muestras positivas en MGIT, remitidas entre el 2009 y el 2011 se tamizaron con el método de las proporciones múltiples en medio Middlebrook 7H11 (capa delgada) a las concentraciones críticas recomendadas para la isoniacida y la rifampicina.

**Resultados.** De 6.066 muestras recibidas, 735 (12,1 %) fueron positivas para MTB; de éstas, 63 % eran de origen pulmonar y 37 %, extrapulmonar; 53 %, paucibacilares, y 47 %, multibacilares. A todas las muestras se les realizó la tamización; en 142 (19,3 %) se confirmó el resultado de la tamización mediante el método estándar de las proporciones múltiples o por el sistema automatizado MGIT. Tanto la tamización como el MPM o el MGIT detectaron 82 (57,7 %) aislamientos sensibles, y 51 y 52 MDR, 8 con resistencia un fármaco, por tamización y método estándar. Los resultados para tamización fueron los siguientes: sensibilidad, 98,33 % (IC<sub>95%</sub> 91,06-99,96); 100 % de especificidad (IC<sub>95%</sub> 95,6-100); VPP de 100% (IC<sub>95%</sub> 93,94-100), y VPN de 98,8% (IC<sub>95%</sub> 93,47-99,97). El promedio de tiempo para detectar TB-MDR fue menor de 14 días

**Conclusiones.** La tamización a partir del tubo MGIT positivo, proporciona resultados más rápidamente que los métodos indirectos, es un método sensible y específico, además, de menor costo que los métodos comerciales moleculares, los cuales exigen una infraestructura de laboratorio y personal especializado.

### PEDIATRÍA 1

#### 17. Estrategias para la contención de casos de enterocolitis necrosante en una unidad de recién nacidos de alta complejidad de Bogotá

Juan Carlos López, Gloria Cecilia Ruiz, Yaris Anzully Vargas.  
Hospital Universitario San Ignacio. Bogotá, Colombia.  
[juanklo24@gmail.com](mailto:juanklo24@gmail.com)

**Introducción.** La enterocolitis necrosante es la urgencia gastrointestinal adquirida más frecuente durante el periodo neonatal, especial-

mente en los recién nacidos prematuros; se caracteriza por la necrosis de la pared intestinal de etiología multifactorial.

**Materiales y métodos.** Se trata de un estudio observacional descriptivo. Se detectaron los casos de enero de 2009 a agosto de 2011; se intervinieron con la evaluación de la observancia de las normas institucionales de higiene de manos, precauciones de aislamiento, guía de administración de leche materna y maternizada, protocolo de procesos de recepción, control de calidad y almacenamiento de formulas lácteas líquidas y estudio ambiental.

**Resultados.** Se encontraron 43 pacientes, 20 % (9) con peso menor de 1.000 g; 11,6 % (5) entre 1.001 y 1.500 g; 37,2 (16) entre 1.501 y 2.500, y 30,2 % (13) con peso mayor de 2.501 g. El 34,8 % (15) fueron recién nacidos a término. Los factores de riesgo asociados a la enterocolitis necrosante fueron: prematuridad en 65 % (28); 18,6 % (8), ductus arterioso persistente; 6,9 % (3), cardiopatías congénitas, y 4,6 % (2), retardo de crecimiento intrauterino. Al 58 % (25) de los casos se les administró alimentación mixta, y a 16 % (7), leche materna exclusivamente. Se observó distensión abdominal en 76,7 %, sangre macroscópica en heces en 60,4 %, vómito en 42 % y residuo gástrico en 28,6 %. Los hallazgos radiológicos encontrados fueron: neumatosis en 93 %, neumoperitoneo en 9 %, y asa fija en 3 casos. La mortalidad global fue de 12,8 %. En el estudio microbiológico no se demostró fuente común relacionada con los casos de enterocolitis necrosante. Para el año 2009 teníamos una incidencia de enterocolitis necrosante de 4,5 casos por 1.000 nacidos vivos; para el 2010 la tasa aumentó a 9,3 casos por 1.000 nacidos vivos; posterior a la implementación de las estrategias de contención, nuestra tasa se redujo a 2,8 casos por 1.000 nacidos vivos.

**Conclusiones.** La identificación de los factores de riesgo y la posterior aplicación de las medidas de control logró una disminución de la incidencia de enterocolitis.

#### 18. Bacteriemia en la unidad neonatal de cuidados intensivos de la Fundación Valle del Lili, Cali, 2004-2008

José Fernando Delgado, Oscar Ramírez Württemberger, Pahola Marsela Pérez.  
Fundación Valle del Lili. Cali, Colombia. [jfdelgado06@hotmail.com](mailto:jfdelgado06@hotmail.com)

**Introducción.** Se describen la incidencia, la mortalidad asociada a la bacteriemia, y las bacterias aisladas en la unidad neonatal de cuidados intensivos de la Fundación Valle del Lili, entre 2004 y 2008

**Materiales y métodos.** Se trata de un estudio de tipo retrospectivo observacional. Se consideró como caso a la presencia de bacteriemia en los primeros 28 días de vida, y la población en riesgo era los menores de 28 días de vida que habían sido allí admitidos. En el análisis estadístico, se estimaron los días-persona aportados por cada paciente para utilizar en el denominador de las tasas de densidad de incidencia. Se estimaron las tasas de incidencia para la bacteriemia y de mortalidad globales.

**Resultados.** En 1.146 pacientes, se observaron 118 episodios de bacteriemia. El sexo masculino constituyó el 56,5 % de los casos y 56,6 % de la población en riesgo. Se observó una mediana de peso de los casos de 1.575 g y de la población en riesgo de 2.460 g; y en la edad de gestación, la mediana fue de 32,5 semanas en los casos y de 36 semanas en la población en riesgo ( $p < 0,01$  para ambos). En la estancia hospitalaria, se obtuvo una mediana de 31,5 días para los casos y de 9 días para la población en riesgo. La tasa de mortalidad global para los casos fue de 4,6, y para la población en riesgo de 6,7 ( $p = 0,24$ ). En los casos se observó una diferencia estadísticamente significativa entre los de peso menor de 1.500 g y mayor de 2.500 g, y de edad de gestación menor o mayor de 36 semanas ( $p < 0,01$ ). Las bacterias Gram positivas identificadas (56 %) fueron: *Staphylococcus* coagulasa negativa, 56%; *Staphylococcus aureus*, 18 %, y *S. agalactiae*, 10,6 %; en las Gram negativas (44 %), el 80 % era enterobacterias

**Conclusiones.** No apreciamos diferencias en las tasas de incidencia por grupos de edad, género, ni edad de gestación, ni una mayor mortalidad en los recién nacidos con bacteriemia; pero sí, como determinantes de la mortalidad, el peso al nacer, la edad de gestación y el sexo. Se observó una cifra importante de casos de *Streptococcus* spp. del grupo B, dato que incentiva el desarrollo de estrategias de detección y control para reducir la morbimortalidad por esta causa.

### 19. Caracterización clínica y epidemiológica de la infección por *Bordetella pertussis* en el Hospital Fundación de La Misericordia

Juan Carlos López, Gustavo Sterling Munar, Sandra Liliana Romero.  
Fundación Hospital de la Misericordia. Bogotá, Colombia.  
juanklo24@gmail.com

**Introducción.** La enfermedad causada por *Bordetella pertussis* es una infección bacteriana del tracto respiratorio superior caracterizada por tres fases: catarral, paroxística y de convalecencia, de 8 a 10 semanas de duración, aproximadamente.

**Objetivo.** Describir la incidencia y la caracterización de la infección por *B. pertussis* en el Hospital de La Misericordia en el año 2011 y enero del 2012.

**Materiales y métodos.** Se trata de un estudio retrospectivo realizado por medio de la recolección de datos de la información de las fichas de reporte al Sivigila de enero de 2011 a enero 2012, y de los resultados emitidos por el Laboratorio de Salud Pública de la Secretaría de Salud (PCR, cultivo e inmunofluorescencia).

**Resultados.** Durante el año 2011, el número de casos reportados como "probables" fue de 145, de los cuales, 39 fueron confirmados por PCR de hisopado nasofaríngeo y hubo un caso de mortalidad. El mes de mayor incidencia de casos positivos fue junio de 2011. Durante el primer mes del presente año se reportaron como "probables" 17 casos, de los cuales, 11 fueron positivos y hubo un caso de mortalidad, lo cual evidencia un aumento significativo del número de casos probables, positivos y letales. De todas las pruebas diagnósticas practicadas, la PCR fue positiva en todos los casos, mientras que el cultivo y la inmunofluorescencia sólo fueron positivos en dos casos.

**Conclusiones.** La incidencia de infección por *B. pertussis* en el primer mes de 2012 es significativamente mayor comparada con la del año anterior; esto podría deberse a una búsqueda exhaustiva de casos y a un posible subregistro en el año anterior. La tasa de mortalidad encontrada hasta el momento es similar a la de otros reportes (1 %). Considerando los resultados positivos de la PCR en todos los casos, se confirma que es el método más sensible para la confirmación diagnóstica.

### 20. Cohorte de niños menores de 1 año y sus contactos con sospecha de tos ferina en FCI-IC mediante la reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (PCR-RT), 2011-2012

Jaime Alberto Patiño, Martha Isabel Álvarez, Jenny Consuelo Núñez, Luz Yanet Maldonado.  
Fundación Cardioinfantil, Instituto de Cardiología, Secretaría Distrital de Salud. Bogotá, Colombia. jaim714@yahoo.com

**Introducción y objetivo.** La infección por *Bordetella pertussis* es de alta morbimortalidad en lactantes menores de 1 año. La inmunidad generada por la vacunación dura cerca de 10 años luego de la última dosis. El objetivo del estudio fue demostrar la existencia de adultos vulnerables infectados por *B. pertussis*, como fuentes de contagio a los lactantes menores de un año, mediante la técnica de PCR-RT, la cual es de alta sensibilidad y especificidad.

**Materiales y métodos.** En el Laboratorio de Salud Pública de la Secretaría Distrital de Salud de Bogotá se practicó PCR-RT y cultivo para *Bordetella* spp. (IS 481), *B. pertussis* (PT) y *B. paraptussis* (IS 1001) a

todos los niños menores de un año de edad hospitalizados en la FCI-IC con diagnóstico de sospecha de tos ferina y a uno de sus contactos domiciliarios. Se diligenció un formato de recolección de datos clínicos del paciente y de su contacto.

**Resultados.** Se detectaron 23 niños y 24 contactos con sospecha de tos ferina. Se detectó ADN específico de *Bordetella* spp. en 10 menores y en 6 contactos. De ellos, se detectó ADN específico de *B. pertussis* en 6 menores y en 3 contactos. En un menor con PCR-RT negativo, sus 2 contactos fueron positivos para *B. pertussis*, por lo que se consideró como caso por el nexo epidemiológico. Siete de los menores infectados tenían menos de 2 meses de edad y no tenían ninguna vacuna, y uno de ellos falleció. Cuatro de los menores estaban entre los 2 y los 4 meses de edad y tenían 1 dosis de vacuna contra tos ferina.

**Conclusiones.** La presencia de ADN específico de *Bordetella* spp. y *B. pertussis* en contactos de lactantes menores de 1 año de edad con tos ferina en el FCI-IC, justifica considerar la vacunación de los adultos que conviven con niños menores de 6 meses para interrumpir la transmisión de esta enfermedad.

### 21. Diagnóstico serológico de la infección por *Mycoplasma pneumoniae* en niños hospitalizados por neumonía adquirida en la comunidad, 2011

Sara Cristina Mejía, Zulma Vanessa Rueda, Lucelly López López, María Angélica Maya, Catalina Arango Ferreira, Lazaro Vélez Giraldo, Grupo NAC Niños.  
Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. saracmejia@gmail.com

**Introducción.** *Mycoplasma pneumoniae* causa con frecuencia neumonía pediátrica adquirida en la comunidad. En la práctica, el diagnóstico se hace al demostrar niveles altos de inmunoglobulina M durante la fase aguda de la enfermedad, pero dichos títulos pueden permanecer altos por meses o años.

**Objetivo.** Relacionar los resultados positivos de la fase aguda con los obtenidos por la cuadruplicación de títulos en la serología pareada, tanto de IgM como de IgG, en niños con neumonía adquirida en la comunidad hospitalizados en 13 centros de 4 municipios del valle de Aburrá.

**Materiales y métodos.** Se trata de un estudio prospectivo de cohorte en 134 niños hospitalizados por neumonía adquirida en la comunidad que aceptaron participar. Además de otras etiologías estudiadas, se les realizó IgM e IgG contra *M. pneumoniae* por ELISA (VirCell®) en la fase aguda y de convalecencia de la enfermedad. Se relacionaron los niños positivos para IgM en la fase aguda (>11) con los que cuadruplicaron títulos de IgG o IgM en la serología pareada. También se evaluó la concordancia de la IgM aguda de nuestro laboratorio con las IgM para *M. pneumoniae*, realizadas por cualquier técnica, de los centros (IPS) donde los niños estaban hospitalizados (coeficiente kappa de Cohen).

**Resultados.** De los 134 niños, 26 (19,4 %) fueron positivos para *M. pneumoniae* por títulos de IgM > 11 durante la fase aguda, y 13 (9,7 %) lo fueron por cuadruplicación de títulos en la muestra pareada (uno cuadruplicó ambas Ig, 7 la IgM, y 5 la IgG). De éstos, 30,8% (4/13) tenían infección simultánea con otros patógenos. Cuatro de los 26 niños con IgM > 11 en la fase aguda cuadruplicaron títulos (15,4 %). Por sospecha clínica, también se realizó en la IPS respectiva IgM aguda a 24 de los 134 niños, 11 de ellos positivos. De éstos, 7 también tuvieron IgM aguda positiva en nuestro laboratorio (kappa=0,57), y 3/11 cuadruplicaron los títulos.

**Conclusiones.** El diagnóstico de *M. pneumoniae* por IgM en la fase aguda no es confiable. Este requiere la cuadruplicación de títulos de IgG o IgM en la serología pareada. Los resultados de la serología aguda para IgM varían considerablemente, según las técnicas empleadas en cada institución.

## 22. Neumonía adquirida en la comunidad de origen viral en niños hospitalizados en 13 instituciones del Área Metropolitana de Medellín, evaluación de dos técnicas diagnósticas

Angela Rocio Copete, Yudy Alexandra Aguilar, María Angélica Maya, Lucelly López López, Zulma Vanessa Rueda, Lazaro Vélez Giraldo, Grupo NAC Niños.

Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. clamona@une.net.co

**Introducción.** Se estima que los virus respiratorios son causa importante de neumonía pediátrica adquirida en la comunidad, pero la información al respecto en Colombia es escasa.

**Objetivo.** Determinar la frecuencia de virus respiratorios en niños hospitalizados por neumonía adquirida en la comunidad, y evaluar la concordancia entre las técnicas utilizadas.

**Materiales y métodos.** Se trata de un estudio prospectivo de cohorte de 136 niños con neumonía adquirida en la comunidad que aceptaron participar. Se tomaron muestras de suero pareadas para IgG (Ridascreen®) e hisopado nasofaríngeo (Copan Flocked Swabs®) para detectar por inmunofluorescencia directa (IFD) (Chemicon®) antígenos virales de influenza A o B, adenovirus, virus sincitial respiratorio y parainfluenza 1, 2 y 3. El diagnóstico etiológico se estableció cuando la IFD era positiva o se evidenció cuadruplicación de títulos de IgG. Se comparó la proporción de resultados positivos de cada técnica y se evaluó el porcentaje de acuerdo y la concordancia con el índice kappa de Cohen.

**Resultados.** En 34 % de los casos (46/136) se identificó algún virus respiratorio, 12 por IFD, 29 por cuadruplicación de títulos y 5 por ambas técnicas. El 50 % de ellos estuvieron infectados simultáneamente con bacterias. El virus de la parainfluenza fue identificado en 18 casos (13,2 %), adenovirus en 13 (9,5 %), los de la influenza en 12 (8,8 %) y el virus sincitial respiratorio en 10 (7,3 %). La frecuencia de los virus respiratorios por IFD y serología, respectivamente, fue: parainfluenza (8 % Vs. 6,7 %), adenovirus (1,5 % Vs. 8,1 %), influenza A o B (1,5 % Vs. 8 %) y virus sincitial respiratorio (4,4 % Vs. 4,5 %). En general, la IFD detectó el 36,9 % y la serología pareada el 73,9 % de los casos virales. El porcentaje de acuerdo entre ambas pruebas fue de 68,3 %. La concordancia general ( $\kappa=0,02$ ;  $IC_{95\%} -0,13-0,17$ ) y la específica para cada virus respiratorios fueron malas.

**Conclusiones.** Los virus respiratorios causan la tercera parte de los casos de neumonía pediátrica adquirida en la comunidad. Aunque la serología pareada parece más sensible que la IFD para algunos virus respiratorios, su utilidad clínica está limitada por la necesidad de tomar muestras en la fase de convalecencia. La concordancia entre estas pruebas es baja, lo que obliga a realizar ambas o a desarrollar mejores técnicas para diagnosticar virus respiratorios.

## 23. Utilidad del esputo inducido en niños con neumonía adquirida en la comunidad que requirieron hospitalización en 13 centros del valle de Aburrá

Antonio Macías Torres, Ana María Hernández, María Angélica Maya, Yudy Alexandra Aguilar, Ángela Rocio Copete, Lucelly López López, Zulma Vanessa Rueda, Lazaro Vélez Giraldo, Grupo NAC Niños.

Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. clamona@une.net.co

**Introducción.** La muestra de esputo es una herramienta para el diagnóstico etiológico de la neumonía adquirida en la comunidad, pero en niños es difícil de recolectar y, a menudo, refleja flora oral.

**Objetivo.** Evaluar un protocolo para la obtención de esputo inducido en niños hospitalizados por neumonía adquirida en la comunidad, establecer su rendimiento diagnóstico y describir sus efectos secundarios.

**Materiales y métodos.** Se trata de un estudio prospectivo de cohorte. Se incluyeron niños entre 1 mes y 17 años con diagnóstico clínico y radiológico de neumonía adquirida en la comunidad. Previa firma del consentimiento informado, se les indujo broncodilatación con 100-200  $\mu$ g de salbutamol. Luego de 10 minutos se nebulizaron con solución salina hipertónica al 5 % durante 10 a 15 minutos. Cuando el niño empezaba a presentar tos productiva, se aspiraban las secreciones nasofaríngeas y orofaríngeas con sonda nasal y trampa de Lukens. Se hizo tinción de Gram para determinar la calidad del esputo, y se cultivaron aquellos que cumplían los criterios IV y V de Murray.

**Resultados.** Se tomaron 195 muestras, de las cuales, 179 pudieron estudiarse en forma protocolizada. De estas, 129 (72 %) pertenecían a las categorías IV (23 %) y V (49 %) de Murray. La concordancia entre la bacteria predominante en la tinción de Gram y el cultivo positivo permitió hacer diagnóstico probable en 29 niños (16 %). Se identificaron 8 aislamientos de *Moraxella catarrhalis*, 6 de *Haemophilus influenzae*, 6 de *Staphylococcus aureus*, 4 de *Streptococcus pneumoniae*, 2 de *Escherichia coli*, 1 de *Streptococcus viridans*, 1 de *Sphingomonas paucimobilis* y 1 de *Enterobacter cloacae*. Además, se diagnosticaron 2 casos de tuberculosis por crecimiento en cultivo MGIT, ambos con baciloscopia negativa. El efecto secundario más común fue epistaxis leve que cedió al suspender la aspiración. En dos niños se suspendió transitoriamente el procedimiento por hipoxemia leve, la cual corrigió con oxígeno por cánula nasal. **Conclusiones.** La inducción de esputo es un procedimiento seguro en niños. Permite obtener muestras de buena calidad del tracto respiratorio bajo, cuyo estudio protocolizado contribuye al diagnóstico etiológico de la neumonía pediátrica adquirida en la comunidad en 16 % de los casos.

## 24. Seroprevalencia y evidencia de infección reciente por gérmenes inusuales en niños con neumonía adquirida en la comunidad hospitalizados en cuatro municipios del Área Metropolitana de Medellín, 2011

Lizeth Yamile Urrea, Lina Marcela Ruiz, Carolina Tobón Echavarría, Zulma Vanessa Rueda, Lucelly López López, María Angélica Maya, Yudy Alexandra Aguilar, María Cecilia Oquendo, Lazaro Vélez Giraldo, Grupo NAC Niños

Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. clamona@une.net.co

**Introducción.** La etiología de la neumonía adquirida en la comunidad pediátrica en Latinoamérica es poco conocida, al igual que la prevalencia de gérmenes considerados inusuales.

**Objetivo.** Determinar la incidencia y seropositividad de *Chlamydia pneumoniae*, *Legionella pneumophila*, *Coxiella burnetii*, *Mycobacterium tuberculosis*, *Bordetella pertussis* y *Chlamydia trachomatis* en niños hospitalizados por neumonía adquirida en la comunidad.

**Materiales y métodos.** Se trata de un estudio prospectivo de cohorte. Entre agosto y noviembre de 2011 se incluyeron 136 niños con diagnóstico clínico y radiológico de neumonía adquirida en la comunidad que aceptaron participar. Se realizó baciloscopia (auramina-rodamina) y cultivo para *M. tuberculosis* (MGIT-960) en esputo inducido, prueba de tuberculina, IgG pareada para *C. pneumoniae*, *L. pneumophila*, *C. burnetii*, IgM pareada y detección de antígeno en hisopado de secreción ocular para *C. trachomatis*, inmunofluorescencia directa (IFD) en hisopado nasofaríngeo para *B. pertussis*, y antígeno urinario de *L. pneumophila*, serogrupo 1. El diagnóstico etiológico se consideró definitivo cuando se demostró cuadruplicación de títulos en la IgG pareada. Cualquier valor positivo en la IgG aguda se consideró evidencia de exposición previa a estos agentes.

**Resultados.** Se hizo diagnóstico definitivo en 4 casos de neumonía adquirida en la comunidad causada por *C. pneumoniae* (2,9 %), 4 por *L. pneumophila* (2,9 %) y 5 por *C. burnetii* (3,7 %). Tenían exposición

previa a *C. pneumoniae* 55 niños (40,4 %), 57 a *L. pneumophila* (41,9 %) y 42 a *C. burnetii* (30,9 %). Se diagnosticó tuberculosis en 4 niños (todos negativos en la baciloscopia), 2 confirmados por cultivo; 5 tuvieron tuberculina entre 5 y 9 mm y 8, igual o mayor de 10 mm. La IFD para *B. pertussis* fue positiva en 8 de 19 casos sospechosos; en 1 de 2 niños con secreción conjuntival la IgM aguda para *C. trachomatis* fue positiva. El 80% de las neumonías adquiridas en la comunidad causadas por gérmenes inusuales fueron mixtas. Todos los casos de *L. pneumophila* y 3 de *C. pneumoniae* se presentaron en niños mayores de 5 años.

**Conclusiones.** *Chlamydomphila pneumoniae*, *L. pneumophila*, *C. burnetii*, *B. pertussis*, *C. trachomatis* y *M. tuberculosis* circulan en el medio y juegan un papel importante en la etiología de la neumonía pediátrica adquirida en la comunidad. A menudo se presentan en infecciones mixtas y pasan desapercibidos, por lo que deben considerarse en el diagnóstico etiológico diferencial.

## RESISTENCIA BACTERIANA

### 25. Presencia de la leucocidina de Pantón-Valentine en cepas de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina asociadas a la atención en salud con SCCmec de tipo I

Johanna Marcela Vanegas, Ana María Ocampo, Erika Andrea Rodríguez, Margarita María Correa, Judy Natalia Jiménez.  
Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia jmv0819@gmail.com

**Introducción.** Tradicionalmente, las cepas de *Staphylococcus aureus* resistentes a la meticilina (SARM) asociadas a la comunidad se han caracterizado por la presencia de dos marcadores importantes: el casete cromosómico estafilocócico mec (SCCmec) tipo IV y el factor de virulencia PVL (leucocidina de Pantón-Valentine). Sin embargo, recientemente se ha observado un cambio en la epidemiología de *S. aureus* resistente a la meticilina y la utilización de estos marcadores está comenzando a ser cuestionada.

**Objetivo.** Evaluar la presencia del SCCmec y PVL en aislamientos provenientes de pacientes con infecciones por *S. aureus* resistente a la meticilina asociado a la comunidad y a la atención en salud.

**Materiales y métodos.** Se recolectaron aislamientos de SARM en tres hospitales de alto nivel de complejidad de Medellín. Las infecciones fueron clasificadas como SARM asociado a la comunidad y SARM asociado a la atención en salud según criterios de los CDC. Posteriormente, se realizó tipificación molecular del SCCmec y detección de los genes *lukS/F-PV* que codifican para la leucocidina de Pantón-Valentine.

**Resultados.** Se seleccionaron 538 aislamientos de SARM. Sesenta y ocho (12,6 %) aislamientos se clasificaron como SARM asociados a la comunidad, 94,1 % de ellos presentaban SCCmec IV y, de éstos, 93,7 % portaba la leucocidina de Pantón-Valentine. Por otra parte, 470 (87,4 %) aislamientos se clasificaron como SARM asociados a la atención en salud, 37,0% portaba el SCCmec tipo I y, de éstos, 19,5% presentaba la leucocidina de Pantón-Valentine.

**Conclusiones.** Este es el primer reporte en Colombia de cepas de SARM asociado a la atención en salud, con SCCmec tipo I portando la leucocidina de Pantón-Valentine. Esto confirma que la leucocidina de Pantón-Valentine no es un marcador exclusivo de SARM asociado a la comunidad y que estos marcadores deben ser reevaluados. Financiación: Esta investigación fue financiada por el Departamento Administrativo de Ciencia, Tecnología e Innovación, Colciencias, proyecto 1115-459-21442.

### 26. Prevalencia y determinación de perfiles de susceptibilidad de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (SARM) en niños de hogares infantiles de Montería

Francisco Buelvas, Maren Zuburria, Diana Brango, Luis Ramos, Mayra Racini, Catalina Tovar.  
Universidad del Sinú Grupo de Enfermedades Tropicales y Resistencia Bacteriana. Montería, Colombia. catalina@unisinu.edu.co

**Introducción y objetivo.** En los últimos años, las infecciones en la comunidad causadas por *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (SARM) han ido en incremento; se han reportado características clínicas, epidemiológicas, genéticas y perfiles de resistencia diferentes, con respecto a las cepas hospitalarias. La colonización nasal y faríngea es fuente importante de diseminación, infección y portación del microorganismo. El objetivo del estudio fue establecer la prevalencia y los perfiles de sensibilidad de SARM en niños de hogares infantiles de Montería.

**Materiales y métodos.** Se recolectaron 300 hisopados nasales y faríngeos, de 150 niños de 13 hogares infantiles. Las muestras fueron analizadas por características de crecimiento y pruebas bioquímicas; los perfiles de sensibilidad fueron procesados por el sistema automatizado MicroScan®. La resistencia mediada por el gen *mecA* se analizó por difusión en agar con disco de cefoxitina de 30 µg; de igual modo, se detectó la sensibilidad a mupirucina y tigeciclina por difusión, con disco de 200 µg y 15 µg, respectivamente.

**Resultados.** La prevalencia de *S. aureus* fue de 23,3 % y la de SARM de 12,6 %, con mayor porcentaje de recuperación en las fosas nasales (84,2 %). Los aislamientos de SARM mostraron 100 % de resistencia a penicilina y oxacilina, 52 % a eritromicina y clindamicina, 48 % de resistencia intermedia a eritromicina y tetraciclina, y 10 % a levofloxacina, gentamicina y rifampicina; la sensibilidad fue del 100 % frente a los demás antimicrobianos evaluados.

**Conclusiones.** Se evidencia la circulación de cepas de SARM en población infantil sana, implicándolos como portadores y diseminadores del microorganismo, con perfiles de sensibilidad concordantes con los aislamientos de origen comunitario. Se evidencia un incremento en el número de aislamientos con sensibilidad intermedia.

Financiación CODECYT Córdoba.

### 27. Colonización por *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina en pacientes de la unidad renal de una institución de tercer nivel en Bogotá

Marylin Hidalgo, Lorena Palomá, Sandra Rincón, Lina Paola Carvajal, Marcela Mercado, Jinnethe Reyes, Diana Panesso, Paola García, Carlos Arturo Álvarez, César Arias.  
Grupo de Enfermedades Infecciosas, Departamento de Microbiología, Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá, Colombia. hidalgo.m@javeriana.edu.co

**Introducción.** *Staphylococcus aureus* hace parte de la flora normal humana y es la principal causa de las infecciones hospitalarias y comunitarias. En la actualidad, las infecciones por este microorganismo representan un problema de salud pública. La colonización es considerada un factor de riesgo para la patogénesis, principalmente en personas infectadas con VIH y en pacientes que requieren hemodiálisis.

**Objetivo.** Evaluar la colonización por *S. aureus* de los pacientes que acuden a la unidad renal del Hospital San Ignacio y realizar la caracterización fenotípica y molecular.

**Materiales y métodos.** Se tomaron hisopados de las fosas nasales y las axilas de 33 pacientes incluidos en el programa de hemodiálisis del Hospital San Ignacio, quienes firmaron un consentimiento informado.

Se hizo cultivo de las muestras en agar salado con manitol y se realizaron pruebas fenotípicas de identificación presuntiva. Posteriormente, se realizó identificación de especie, detección del gen *mecA* y de los genes *lukS-PV* y *lukF-PV* por PCR. Finalmente, se evaluó la sensibilidad antimicrobiana siguiendo la metodología de CLSI 2011 por la técnica de dilución en agar.

**Resultados.** De 33 pacientes, 54,5 % (18) estaban colonizados por *S. aureus*, de los cuales, dos (11 %) habían sido colonizados por *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (SARM). Dos aislamientos de SARM y un aislamiento de *S. aureus* sensible a la meticilina (SASM) fueron positivos para la leucocidina de Pantón-Valentine. El 50 % de los aislamientos fueron sensibles a todos los antibióticos evaluados. Los dos aislamientos de SARM no presentaron resistencia a antibióticos diferentes a los  $\beta$ -lactámicos. El aislamiento de SASM positivo para la leucocidina de Pantón-Valentine presentó únicamente resistencia a la gentamicina.

**Conclusiones.** El hallazgo de SARM en los pacientes de hemodiálisis y la presencia de aislamientos con la leucocidina de Pantón-Valentine proveen herramientas de predicción clínica para establecer medidas adecuadas dirigidas al control para disminuir la incidencia de infección por cepas de *S. aureus* en pacientes de alto riesgo.

Financiación: Pontificia Universidad Javeriana-Universidad El Bosque, ID PROY 004339.

#### 28. Primer reporte en Colombia de infección en humanos por *Staphylococcus aureus* ST398, un genotipo asociado a las infecciones en animales

Ana María Ocampo, José R. Mediavilla, Lázaro Vélez Giraldo, Johanna Marcela Vanegas, Erika Andrea Rodríguez, Barry N. Kreiswirth, Margarita María Correa, Judy Natalia Jiménez. Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.

Public Health Research Institute, University of Medicine and Dentistry of New Jersey, Estados Unidos. Grupo Investigador de Problemas en Enfermedades Infecciosas-GRIFE, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. [anamariaocamporios@gmail.com](mailto:anamariaocamporios@gmail.com)

**Introducción.** *Staphylococcus aureus* se ha considerado como un patógeno de gran relevancia a nivel hospitalario y en la comunidad. En los últimos años, el surgimiento de cepas asociadas a los animales como las pertenecientes al ST398, ha generado preocupación, pues se han reportado colonizando y causando infección en la comunidad y generando brotes a nivel hospitalario en diversos países. Esta situación ha resaltado el potencial zoonótico del microorganismo. En este trabajo se describe el primer caso de infección humana en Colombia por *S. aureus* ST398.

**Materiales y métodos.** Se aisló *S. aureus* de un hemocultivo y se identificó fenotípicamente; se obtuvo antibiograma mediante Vitek2. Además, se caracterizó molecularmente con el fin de confirmar la especie y detectar genes de virulencia. La genotipificación incluyó PFGE, *spa*-typing y MLST. Igualmente, se describieron las principales características clínico-epidemiológicas del paciente.

**Resultados.** Se reportó un caso de bacteriemia secundaria a una infección de injerto vascular protésico de pierna izquierda en una mujer de 82 años, habitante del área rural, admitida en urgencias en un hospital de Medellín, con antecedentes de contacto con animales, enfermedad cardiovascular, diabetes mellitus y cirugía. Tras 15 días de cuadro infeccioso, se aisló *S. aureus* sensible a la meticilina y resistente a múltiples antibióticos—entre ellos la tetraciclina—de un hemocultivo. El análisis genotípico de la cepa reveló que era un ST398, con un *spa* t571, que no se pudo tipificar por PFGE y negativo para la leucocidina de Pantón-Valentine.

**Conclusiones.** Aunque en este caso no se pudo comprobar el origen animal de esta cepa, se evidencia la capacidad de adaptación y la patogénesis de estos clones en humanos y se sugiere un riesgo de transmisión de persona a persona. Este hallazgo refuerza la necesidad de estudios que revelen el impacto de la aparición de cepas ST398 en humanos, que ayuden a explorar medidas de control.

#### 29. Caracterización de fenotipos de resistencia a vancomicina (VISA - hVISA) en aislamientos de *Staphylococcus aureus* resistentes a la meticilina de hospitales en la Región Andina

Maritza Berrio, Eduardo Duarte, Jinnethe Reyes, Lorena Díaz, Sandra Rincón, César Arias.

Unidad de Genética y Resistencia Antimicrobiana UGRA, Universidad EL Bosque. Bogotá, Colombia. Laboratory for Antimicrobial Research, Division of Infectious Diseases University of Texas Medical School at Houston. Houston, Estados Unidos. [rincosandra@unbosque.edu.co](mailto:rincosandra@unbosque.edu.co)

**Introducción y objetivo.** La vancomicina permanece como alternativa terapéutica en infecciones por *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (SARM); sin embargo, *S. aureus* resistente a vancomicina (SARV) y SARM con sensibilidad disminuida a la vancomicina, VISA y hVISA, (*S. aureus* con resistencia heterogénea), han emergido en la última década en los hospitales del mundo. Actualmente, no hay disponible un método aplicable a instituciones hospitalarias que permita la apropiada detección de estos fenotipos. El objetivo fue caracterizar los fenotipos VISA y hVISA en SARM de hospitales de la Región Andina por PAP-AUC, y evaluar su relación clonal con prototipos de fenotipos VISA y hVISA.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio de tipo experimental descriptivo; se caracterizaron los fenotipos de resistencia a la vancomicina VISA y hVISA en 9 aislamientos SARM provenientes de un estudio multicéntrico realizado en hospitales de tres países de la Región Andina. Se determinó el perfil de análisis de poblaciones en agar BHI con diferentes concentraciones de vancomicina con inóculo de  $10^8$  UFC/ml. Se graficaron los recuentos celulares y las concentraciones, calculando el área bajo la curva con el software Graphpad Prism 4.0® y se calculó el radio del área bajo la curva de los SARM con el del control Mu3 (hVISA). Se evaluó la relación clonal de los SARM con prototipos de fenotipos VISA (Mu50) y hVISA (Mu3) y clones SARM hospitalarios y comunitarios por electroforesis en campo pulsado (PFGE), interpretado según los criterios de Tenover.

**Resultados.** No se encontraron fenotipos hVISA o VISA en SARM de Colombia. Se confirmaron 3 hVISA de hospitales de Ecuador y Perú, que correspondieron a una prevalencia de 0,46 % de hVISA. Ocho SARM se relacionaron con el clon chileno y uno se relacionó con el clon CA-MRSA/USA300. Un SARM presentó relación clonal con la cepa Mu3 y ningún aislamiento presentó relación con la cepa Mu50.

**Conclusiones.** Los fenotipos hVISA o VISA son raros y no se han reportado en hospitales de Colombia. La única metodología disponible para detectar y confirmar estos fenotipos es perfil de análisis de poblaciones según el área bajo la curva, técnica dispendiosa que no es posible estandarizar como prueba de rutina en los laboratorios clínicos. Financiación: Convocatoria interna, Universidad El Bosque PCI 2009-07 y Universidad de Texas

#### 30. *Staphylococcus sciuri* aislados de las fosas nasales de una población infantil de Montería

Francisco Buelvas, Luis Ramos, Catalina Tovar.

Universidad del Sinú, Grupo de Enfermedades Tropicales y Resistencia Bacteriana. Montería, Colombia. [buelvasfrancisco@hotmail.com](mailto:buelvasfrancisco@hotmail.com)

**Introducción y objetivo.** *Staphylococcus sciuri* es un importante organismo resistente a los antibióticos. Está asociado, principalmente, con pacientes inmunocomprometidos y pacientes pediátricos con infecciones en heridas, peritonitis, endocarditis, choque séptico, endoftalmítis e infecciones urinarias y, también, se asocia a infecciones en animales causando dermatitis. Se ha reportado resistencia a antibióticos como macrólidos, lincosamidas, estreptogramin, linezolid y oxacilina. El objetivo fue determinar la sensibilidad de dos aislamientos de *S. sciuri* aislados en niños.

**Materiales y métodos.** Mediante el sistema MicroScan® PC29, se identificaron y obtuvieron los perfiles de sensibilidad antimicrobiana de dos aislamientos de *S. sciuri* de fosas nasales de niños de hogares infantiles, derivados de un proyecto de portación nasal de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (SARM) en Montería. La resistencia a la meticilina se corroboró mediante disco de cefoxitina.

**Resultados.** Uno de los aislamientos presentó resistencia a los antibióticos oxacilina, clindamicina, penicilina, tetraciclina, trimetoprim-sulfametoxazol, rifampicina, cloranfenicol, gentamicina, levofloxacina y linezolid. El segundo aislamiento presentó resistencia a eritromicina, penicilina, tetraciclina, trimetoprim-sulfametoxazol, cloranfenicol y clindamicina. Ambos aislamientos fueron positivos a la prueba con disco de cefoxitina y presentaban sensibilidad intermedia a la vancomicina.

**Conclusiones.** Otras especies de *Staphylococcus* spp., como *S. sciuri*, pueden convertirse en patógenos de importancia en la población infantil de la ciudad por los perfiles de resistencia que expresan y por convertirse en reservorio para la adquisición de resistencia en cepas de *S. aureus* a los antibióticos, como linezolid y vancomicina, utilizados como alternativas de tratamiento contra aislamientos de SARM en infecciones hospitalarias y comunitarias.

### 31. Detección de portadores de microorganismos multirresistentes en la unidad de cuidados intensivos médicos, Fundación Cardioinfantil, Bogotá, Colombia

Dennys Karina Tovar, Erika María Cabrera, Gloria Cecilia Cortés, Deisy Milena Guevara.

Fundación Cardioinfantil, Instituto de Cardiología. Bogotá, Colombia. dtovar@cardioinfantil.org

**Introducción.** En Colombia, la prevalencia de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (SARM) oscila entre 6 y 15 % para el personal médico, y entre 13 y 26 % en pacientes atendidos en las unidades de cuidados intensivos; no hay reportes de microorganismos productores de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) en fosas nasales y se reportan cifras alarmantes para *Enterococcus* spp. resistentes a la vancomicina.

**Objetivo.** Determinar la prevalencia de portadores de microorganismos multirresistentes en pacientes de la unidad de cuidados intensivos médicos y en personal asistencial dedicado a su cuidado.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo de corte transversal, en el cual se estudiaron 114 sujetos.

**Resultados.** Se encontró una prevalencia de SARM en las fosas nasales de 18 % de los pacientes y de 12,5 % del personal médico y paramédico; en faringe, en el personal asistencial se encontró una prevalencia de 6,3 % y de 25,6 % para los pacientes; la prevalencia de BLEE fue de 0 % en faringe y fosas nasales para los dos grupos; en la muestra rectal tomada únicamente a los pacientes, se encontró una prevalencia de 7,3 % de *Klebsiella pneumoniae* y de 13,4 % de *Escherichia coli* positivos para BLEE, y de 4,9 % de *Enterococcus faecalis* y de 15,9 % de *Enterococcus faecium*, los dos resistentes a la vancomicina.

**Conclusiones.** Las prevalencias encontradas en la unidad de cuidados intensivos de la Fundación Cardioinfantil, comparadas con los datos

publicados en la literatura científica son inferiores, lo cual refleja el uso racional de los antibióticos y la observancia de los protocolos del comité de infecciones.

### 32. Caracterización microbiológica de infecciones asociadas a dispositivos en ocho instituciones hospitalarias de Medellín, 2011

Natalia Andrea Maldonado, Verónica Lopera Velásquez, Carlos Gonzalo Robledo, Jaime Alberto Robledo.

Laboratorio Médico de Referencia - Grupo GERMEN. Medellín, Colombia. investigaciones@labmedico.com

**Introducción.** Las infecciones asociadas a dispositivos son eventos adversos asociados a la atención en salud que siguen siendo frecuentes en las unidades de cuidados intensivos del país.

**Objetivo.** Evaluar la microbiología de las infecciones asociadas a dispositivos en ocho instituciones de Medellín de enero a junio de 2011.

**Materiales y métodos.** Se hizo la extracción y la conversión de los archivos de microorganismos y sensibilidad a antibióticos. En Whonet se identificaron los aislamientos relacionados con las infecciones asociadas a dispositivos y se hicieron análisis de frecuencias de microorganismos y sensibilidad a antibióticos.

**Resultados.** Se analizaron 393 aislamientos relacionados con infecciones asociadas a dispositivos; 55,7 % provenían de infecciones del tracto urinario asociadas a la sonda vesical, 23,6 % a bacteriemias asociadas a catéteres y 22 % neumonías asociadas a respiración mecánica asistida. *Escherichia coli* fue el más frecuente en las infecciones del tracto urinario asociadas a la sonda vesical (38,8 %), seguido por *Klebsiella pneumoniae* (14,2 %). En las bacteriemias asociadas a catéteres, 19,3 % fueron de *Pseudomonas aeruginosa* y 16,1 % de *Staphylococcus coagulans* negativa. En las neumonías asociadas a respiración mecánica asistida, *P. aeruginosa* representa el 21,6 % de los aislamientos y *K. pneumoniae*, el 19,3 %. Se encontró que *E. coli* tenía 90,2 % de sensibilidad a la ceftazidima, 100 % a imipenem y meropenem y 97,3 % a ertapenem. *Klebsiella pneumoniae* fue sensible a ceftazidima en el 83,9 %, mientras que a ertapenem, imipenem y meropenem estos porcentajes fueron de 83,3 %, 88,7 % y 89,6 %, respectivamente. *Pseudomonas aeruginosa* exhibió una sensibilidad a cefepima del 74,1 %, y de 68,5 % y de 67,9 % a imipenem y meropenem. Para estos últimos dos antibióticos, *Enterobacter cloacae* mostró 93,3 % y 92,9 % de sensibilidad, mientras que a cefepima fue de 81,2 %. Todos los *Enterococcus faecalis* aislados fueron sensibles a vancomicina, mientras que el porcentaje de aislamientos de *S. aureus* resistentes a la meticilina fue del 16,7 %.

**Conclusiones.** Se han reportado resultados similares en otros estudios realizados en el país. Se observa un predominio de bacilos Gram negativos en las infecciones asociadas a dispositivos. Financiación: se contó con el apoyo técnico y financiero de la Secretaría de Salud de Medellín.

### 33. Impacto en los perfiles de sensibilidad de *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* y *Pseudomonas aeruginosa* del cambio en los criterios de interpretación de las pruebas de sensibilidad a antibióticos del CLSI 2012, en instituciones hospitalarias de Medellín

Carlos Gonzalo Robledo, Natalia Andrea Maldonado, Jaime Alberto Robledo.

Laboratorio Médico de Referencia - Grupo GERMEN. Medellín, Colombia. investigaciones@labmedico.com

**Introducción.** En el 2012, en la guía CLSI M100-S22 se revisaron los puntos de corte para ertapenem y se modificaron los de piperacilina-tazobactam y carbapenems para *Pseudomonas aeruginosa*.

**Objetivo.** Establecer el impacto de los nuevos criterios de interpretación en los perfiles de sensibilidad de *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* y *P. aeruginosa* en diez instituciones hospitalarias de Medellín.

**Materiales y métodos.** La información de la sensibilidad a los antibióticos en el 2011 de diez instituciones hospitalarias fue analizada usando el programa Whonet 5.6. Se realizaron análisis de sensibilidad para *E. coli*, *K. pneumoniae* y *P. aeruginosa* comparando los puntos de corte estipulados por el CLSI M100-S19 y M100-S22. Se analizaron los aislamientos de pacientes hospitalizados con resultado de concentración inhibitoria mínima (CIM) para los antibióticos de interés, considerando sólo el primero de cada paciente.

**Resultados.** De 3.602 aislamientos de *E. coli*, 88,6 % y 89,7 % mostró sensibilidad a ceftriaxona y cefotaxima, porcentajes que se reducen en 0,9 % y 3,3 % al ser analizados con los criterios de interpretación más recientes, mientras que 99,2 % de sensibilidad a ertapenem disminuyó 2,2%. *Klebsiella pneumoniae*, con 1.569 presentó 72,2 % de sensibilidad a ceftazidima y 75,5 % a cefotaxima; para la ceftazidima la disminución fue de 0,8 %, mientras que con cefotaxima no se observaron cambios en el porcentaje de sensibilidad. Para el ertapenem, la sensibilidad encontrada de 82,4 % se redujo a 80,2 % con los puntos de corte del 2012. *Pseudomonas aeruginosa*, con 986 aislamientos, tuvo una sensibilidad del 83,2 % a piperacilina-tazobactam de 79,1 % a meropenem que descendió a 67,1 % y 74,1 %, respectivamente, con los nuevos criterios del 2012.

**Conclusiones.** En *E. coli* y *K. pneumoniae* el análisis de sensibilidad empleando los criterios de interpretación recientes, arroja diferencias menores al 4 % para las cefalosporinas de tercera generación y los carbapenems. Por el contrario, en *P. aeruginosa* se presentó una reducción de más del 15 % en la sensibilidad a piperacilina-tazobactam alrededor del 5 % a carbapenems. Se sugiere el análisis exhaustivo de los nuevos criterios de interpretación en cada una de las instituciones, con la participación del laboratorio de microbiología y los comités de prevención y control de infecciones y de farmacia y terapéutica.

#### 34. Sensibilidad a vancomicina y metronidazol de *Clostridium difficile* aislado de pacientes con diarrea

Diana Y. Molina C., Patricia M. Sierra V., Clara Lina Salazar G. Grupo de Investigación en Bacterias Anaerobias y Aerobias de importancia clínica (GIBAA), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. IPS Universitaria-Clinica Leon XIII. Medellín, Colombia. clarlin27@gmail.com

**Introducción y objetivo.** La resistencia de *Clostridium difficile* a los antimicrobianos varía entre países; la mayoría de los aislamientos provenientes de materia fecal, son sensibles al metronidazol y a la vancomicina, considerados la terapia de elección.

El objetivo de este estudio fue evaluar la sensibilidad a vancomicina y metronidazol de las cepas aisladas de materia fecal de pacientes con clínica indicativa de enfermedad asociada a *C. difficile*.

**Materiales y métodos.** Se evaluaron 12 cepas aisladas de materia fecal de 86 pacientes con sospecha de enfermedad asociada a *C. difficile* y que se encontraban hospitalizados en la IPS Universitaria-Clinica León XIII entre junio y diciembre de 2011. Se determinó la presencia de toxinas A-B para *C. difficile* por un método inmunoenzimático y se hizo cultivo cuantitativo en agar cefoxitina-cicloserina-fructosa. Se determinó la concentración inhibitoria mínima (CIM) de la vancomicina y el metronidazol mediante la técnica dilución en agar descrita en el documento M11-A7 de 2007 del *Clinical and Laboratory Standard Institute* (CLSI). La categorización de la sensibilidad se basó en los puntos de corte para metronidazol establecidos en M100S22-2012 del CLSI y para la vancomicina, los puntos de corte establecidos por *European Committee on Antimicrobial Susceptibility Testing* (EUCAST).

**Resultados.** Todas las cepas de *C. difficile* fueron sensibles a vancomicina (CIM<sub>50%</sub> rango: 0,25 a 1 µg/ml) y a metronidazol (CIM<sub>50%</sub> rango: 0,25 - 2 µg/ml). El 16,6 % (2/12) de los pacientes a quienes se les aisló *C. difficile* presentaron prueba negativa para toxina A-B, a pesar de presentar clínica indicativa y cultivo positivo.

**Conclusiones.** El metronidazol y la vancomicina presentaron buena actividad contra las cepas de *C. difficile* evaluadas. Nuestros resultados son congruentes con la rara resistencia reportada en la literatura para estos antimicrobianos. La presencia negativa de toxina en pacientes con sintomatología y cultivo positivo puede ser explicada, entre otros, por la cantidad elaborada o por la degradación de la toxina.

#### 35. Genes putativos de virulencia en *Enterococcus faecium* resistentes a la vancomicina relacionados al linaje genético hospitalario, 1998-2010

Sandra Rincón, Paola Carvajal, Lindybeth Sarmiento, Gabriel Ibarra, Jinnethe Reyes, Diana Panesso, César Arias.

Unidad de Genética y Resistencia Antimicrobiana UGRA, Universidad EL Bosque, Bogotá. Colombia. Laboratory for Antimicrobial Research, Division of Infectious Diseases University of Texas Medical School at Houston. Houston, Estados Unidos. carvajallinap@unbosque.edu.co

**Introducción y objetivo.** *Enterococcus faecium* resistente a la vancomicina ha emergido como un microorganismo causante de infecciones hospitalarias, y un linaje clonal específico de *E. faecium* es la mayor subpoblación adaptada al hospital, además, presenta la mayoría de genes de resistencia a la vancomicina y genes putativos de virulencia. El objetivo fue evaluar 17 genes putativos de virulencia, los perfiles de sensibilidad a antibióticos y la tipificación molecular de *E. faecium* resistente a la vancomicina recolectados de hospitales colombianos en el periodo 1998-2010.

**Materiales y métodos.** Se estudiaron 75 aislamientos clínicos de *E. faecium* resistente a la vancomicina recolectados de 1998 a 2010, enviados a nuestro laboratorio de 13 hospitales de cuatro ciudades de Colombia para confirmación molecular. Se realizó concentraciones inhibitorias mínimas para vancomicina, TEI, ampicilina, CHL y altos niveles de resistencia a aminoglicósidos. Se evaluaron 17 genes potenciales de virulencia que codifican para adhesinas y componentes de la superficie microbiana que reconocen moléculas de la matriz celular y componentes del *pili*: espEfm, hyl Efm, scmEfm, acmEfm y fmsEfm por PCR. La tipificación de secuencias multilocus se les practicó a cepas representativas.

**Resultados.** En los 75 *E. faecium* resistente a la vancomicina se encontró altos niveles de resistencia a vancomicina y TEI, además, resistencia a ampicilina y CIP (100 %), altos niveles de resistencia a GEN (41 %) y STR (61 %). Todos los *E. faecium* resistente a la vancomicina fueron sensibles a CHL y LIN. Los grupos de genes que codifican para proteínas putativas de *pili* fms9/pilB-fms5-fms1 se encontró en todos los *E. faecium* resistente a la vancomicina, y, por su parte, fms21/pilA-fms20 se detectaron en 100 % y 97 % aislamientos, respectivamente. Los grupos fms16-fms19-fms11 y fms14-fms13-fms17 se encontraron en 74 (98,6 %) aislamientos; fms15 y fms18 se encontraron en 95 % y 92 %. Además, scmEfm y acmEfm se detectaron en todos los *E. faecium* resistente a la vancomicina, mientras que espEfm y hylEfm se encontraron en 96 % y 6 % de los *E. faecium* resistente a la vancomicina, respectivamente. La tipificación de secuencias multilocus indicó la presencia de ST17 y ST412.

**Conclusiones.** *Enterococcus faecium* resistente a la vancomicina con características de multirresistencia y genes putativos de virulencia relacionados al linaje genético hospitalario están presentes en los hospitales de Colombia. La alta presencia de estos genes puede indicar un incremento en virulencia y en potencial de diseminación en ambientes hospitalarios. Financiación: Convocatoria Interna, Universidad El Bosque, PCI 2010-85 y Universidad de Texas.

### 36. Caracterización molecular de *Escherichia coli* causante de infección del tracto urinario de inicio en la comunidad en pacientes adultos de un hospital de tercer nivel de Bogotá

Betsy Esperanza Castro, Javier Antonio Escobar, Alejandro Márquez, Natasha Vanegas, Aura Lucía Leal.

Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana, Universidad el Bosque. Bogotá, Colombia. [betsy2402@gmail.com](mailto:betsy2402@gmail.com)

**Introducción y objetivo.** *Escherichia coli* es el principal patógeno causante de infección urinaria de inicio en la comunidad, cuya resistencia a los antibióticos está aumentando por la adquisición de elementos genéticos móviles. El objetivo fue determinar molecularmente los principales mecanismos de resistencia a los antibióticos y factores de virulencia de *E. coli* causantes de infección urinaria de inicio en la comunidad, en una institución de tercer nivel de Bogotá.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio prospectivo, entre abril y noviembre del 2009, en el que se incluyeron 133 pacientes con diagnóstico de infección urinaria de inicio en la comunidad por *E. coli*. Se determinó el filogruppo, el perfil de resistencia y la amplificación de los genes *aac(6)-Ib-cr* (quinolonas), *tetA*, *tetB*, *tetC* (tetraciclinas), *suI1*, *suI2*, *suI3* (sulfonamidas), y *blaSHV*, *blaTEM*, *blaCTXM* ( $\beta$ -lactámicos), integrón clase 1, 2 y 3 y factores de virulencia. La relación genética de los aislamientos se determinó por ERIC-PCR.

**Resultados.** En los 133 aislamientos analizados se encontró resistencia a: TET, 87 (65,0 %); SAM, 68 (51,0 %); STX, 65 (49,0 %); CIP, 46 (34,0 %); GEN, 22 (17,0 %), y CTX- CAZ, 2 (1,5 %). En la confirmación molecular, 75 (56,0 %) aislamientos presentaron *blaTEM-1*; 2 (2 %), *blaCTXM-15*; 1, *blaSHV-5*; también se encontraron los genes *tetA* en 31 (23,0 %) aislamientos. Los genes *tetC* y *tetB* se encontraron en 22 (17,0 %) y 5 (4,0 %) aislamientos, respectivamente. En 50 (38,0 %) y 9 (7,0 %) aislamientos se encontraron integrones 1 y 2, respectivamente. Ochenta y seis (65 %) aislamientos fueron clasificados como extraintestinales (B2 y D) y 47 (35 %) como intestinales (A y B1). Del total de los aislamientos, 93 (69,9 %) presentaron el gen *fimG/H*, 32 (24,0 %) *papC*, 10 (7,5 %) *usp*, 9 (6,7%) *SfaD/sfaE*, 8 (6,0 %) *hly* y 6 (4,5 %) *cnf1*. Los genes *papC*, *usp*, *SfaD/sfaE*, *hly* y *cnf1* fueron más frecuentes en los aislamientos extraintestinales.

**Conclusiones.** Es importante resaltar la aparición en nuestro país de *E. coli* extraintestinal de circulación comunitaria con amplio perfil de resistencia a los antibióticos de uso clínico y virulencia, que favorece el desarrollo de infecciones complicadas.

### 37. *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* productoras de CTX-M aisladas de infecciones del tracto urinario adquirida en la comunidad, Valledupar

Denisse Garzón, Pedro Martínez, Salim Mattar.

Universidad de Córdoba. Montería, Colombia. [mattarsalim@hotmail.com](mailto:mattarsalim@hotmail.com)

**Objetivo.** Describir la presencia de betalactamasas de espectro extendido del subgrupo filogenético CTX-M-1, asociados con los genes *TEM* y *SHV*, y el gen que codifica la cefalosporinasa, *CMY-2*, en *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* aisladas de infecciones del tracto urinario adquiridas en la comunidad.

**Materiales y métodos.** Se obtuvieron 102 aislamientos de *E. coli* y 21 de *K. pneumoniae* de pacientes con infecciones del tracto urinario demostradas por cultivo, durante febrero y marzo de 2011. La sensibilidad antimicrobiana se realizó mediante la difusión en disco según el *Clinical and Laboratory Standard Institute* (CLSI). La tamización de *E. coli* y *K. pneumoniae* resistentes a las cefalosporinas se realizó mediante el ensayo de PCR para genes *blaTEM*, *blaSHV*, *blaCTX-M-1*, -2, -8, -9, *bla-*

*PER-2* y *blaCMY-2*. El análisis estadístico se realizó mediante la prueba de ji al cuadrado y el análisis de regresión logística multivariada.

**Resultados.** La producción de BLEE se detectó en 12 (11,7 %) aislamientos de *E. coli* y 4 (19 %) de *K. pneumoniae*. BLEE de tipo TEM se detectó en 7 aislamientos de *E. coli* y 3 de *K. pneumoniae*. SHV de tipo BLEE se encontraron en 4 cepas de *K. pneumoniae*. CTX-M del subgrupo filogenético 1 fue positiva en 7 aislamientos de *E. coli* y 3 de *K. pneumoniae*. El gen  $\beta$ -lactamasa *CMY-2* se detectó en 9 aislamientos de *E. coli* y 1 de *K. pneumoniae*. Se observó asociación significativa de la expresión de BLEE en *E. coli* con la resistencia a la tobramicina ( $p \leq 0,001$ ), tetraciclina ( $p = 0,043$ ) y ciprofloxacina ( $p \leq 0,001$ ). En *K. pneumoniae* se encontró asociación significativa con la resistencia a la tobramicina y ciprofloxacina ( $p = 0,006$ ), y trimetoprim-sulfametoxazol ( $p = 0,043$ ). El análisis multivariado no mostró asociación entre la producción de BLEE en *E. coli* y *K. pneumoniae*, y la resistencia a antibióticos no  $\beta$ -lactámicos.

**Conclusiones.** BLEE de tipo CTX-M en uropatógenos aislados de la comunidad es motivo de preocupación debido al enorme potencial de multiresistencia que tienen las cepas productoras de estas enzimas, lo que podría llevar al fracaso de las terapias empíricas administradas y el desarrollo de infecciones urinarias complicadas.

### 38. Frecuencia de aislamientos de *Escherichia coli* extraintestinales relacionados con clon ST 131 causante de infección de tracto urinario de inicio en la comunidad

Betsy Esperanza Castro, Aura Lucía Leal, Alejandro Marquez, Natasha Vanegas, Javier Antonio Escobar.

Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana, Universidad el Bosque. Bogotá, Colombia. [betsy2402@gmail.com](mailto:betsy2402@gmail.com)

**Introducción y objetivo.** *Escherichia coli* extraintestinal relacionada con el clon ST131 es un patógeno multiresistente y muy virulento, causante de infecciones del tracto urinario de inicio en la comunidad de importancia mundial. El objetivo de este estudio fue establecer la frecuencia de aislamientos de *E. coli* de filogrupos B2 y D relacionado con este clon causantes de infección urinarias adquiridas en la comunidad en Bogotá.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo prospectivo, entre abril y noviembre de 2009, en el que se incluyeron 86 aislamientos procedentes de adultos con diagnóstico clínico de infecciones del tracto urinario de inicio en la comunidad por *E. coli* extraintestinal. Se determinó el perfil de resistencia por dilución en agar y amplificación de genes de resistencia *blaSHV*, *blaTEM*, *blaCTXM*, *suI1*, *tetA*, *tetB*, *tetC* y *aac(6)-Ib-cr*. También se detectó la presencia de genes de virulencia *papC*, *sfaD/sfaE*, *cnf1*, *usp*, *hly*, *fimG/fimH/fyuA*, *uitA*, *kpsMT*, *traT*, *ompT*, *malX* y *sat*. La relación genética de los aislamientos se determinó por PFGE y MLST.

**Resultados.** De los 86 aislamientos analizados, 44 (51,1 %) pertenecían al filogruppo B2 y 42 (48,8 %) al D. Catorce (16,2 %) aislamientos fueron relacionados con el clon ST131, y 11 pertenecían al grupo filogenético B2, y 3 al D. De los aislamientos ST131, 35,7 % presentó el perfil AMP-GEN-CIP-SXT-TET. Los genes *aac(6)-Ib-cr* y *aac(6)-Ib*, *blaTEM-1* y *blaCTX-M-15* se detectaron en 4 (28,5 %), 2 (14,2 %), 10 (71,4 %) y 1 (7,1 %), respectivamente. Ninguno de estos aislamientos amplificó los genes *blaSHV* y *tetB*. Todos los aislamientos ST131 presentaron relación genética mayor de 80 % entre ellos.

**Conclusiones.** Cerca del 16 % de las infecciones del tracto urinario de inicio en la comunidad son causadas por *E. coli* extraintestinal (B2 y D) relacionadas con el clon ST131, que presentan un perfil de virulencia y resistencia a varias familias de antibióticos, pero baja frecuencia de *blaCTX-M-15*, lo que limita cada vez más las opciones terapéuticas para el tratamiento de este tipo de infecciones de inicio en la comunidad.

### 39. Resistencia a antimicrobianos de uropatógenos aislados de pacientes ambulatorios atendidos en un laboratorio clínico de tercer nivel de complejidad de Bucaramanga, Santander

Juanita Trejos Suárez, Karina Orduz Pérez.  
Universidad de Santander (UNDES). Bucaramanga, Colombia.  
juanita.trejos@undes.edu.co

**Introducción.** Actualmente, se conocen, aproximadamente, 250 millones de casos de infecciones del tracto urinario por año en todo el mundo, y *Escherichia coli* es el agente causal más frecuente (75 a 95 %). La resistencia a los antibióticos se ha visto acelerada por diferentes causas, y la más común es el uso abusivo e inadecuado de antibióticos.

**Objetivos.** Determinar la resistencia a antimicrobianos de uropatógenos aislados de pacientes ambulatorios atendidos en el Laboratorio Clínico de Especialidades Bolívar, S.A., de Bucaramanga, Santander.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo a 1.394 pacientes ambulatorios atendidos en el Laboratorio Clínico de Especialidades Bolívar S.A. de Bucaramanga, con evidencia clínica o no de infección urinaria y orden médica de coloración de Gram, urocultivo y antibiograma.

**Resultados.** De los 1.394 urocultivos realizados, hubo 805 urocultivos negativos (57,7 %) y 589 pacientes con urocultivos positivos (42,3 %); del total de urocultivos positivos, la mayoría correspondió a uropatógenos Gram negativos; *E. coli* fue el microorganismo más frecuentemente aislado. Con respecto a los agentes utilizados en el tratamiento de las infecciones del tracto urinario en la población de estudio, el perfil de sensibilidad encontrado para *E. coli* y para otros microorganismos, mostró elevadas tasas de resistencia para amoxicilina (59,1 %), ácido nalidixico (52,1 %), cotrimoxazol (42,2 %) y ciprofloxacina (40,7 %). Las menores tasas de resistencia se observaron para antibióticos como imipenem (0,8 %) y fosfomicina (3,1 %).

**Conclusiones.** *Escherichia coli* sigue siendo el microorganismo más frecuentemente aislado y el que ha presentado en los últimos años mayor resistencia a antibióticos de uso empírico.

### 40. Colonización y perfiles de susceptibilidad de *Streptococcus agalactiae* en mujeres gestantes de centros hospitalarios de Montería

Francisco Buelvas, Luis Ramos, Mayra Racini, Catalina Tovar.  
Universidad del Sinú, Grupo de Enfermedades Tropicales y Resistencia Bacteriana. Montería, Colombia. catalina@unisinu.edu.co

**Introducción y objetivo.** *Streptococcus* del grupo B es el responsable de las infecciones perinatales y de las infecciones en mujeres gestantes y en adultos inmunocomprometidos. *Streptococcus* del grupo B hace parte de la flora normal del tracto gastrointestinal, fácilmente coloniza la vagina de las mujeres embarazadas y puede transmitirse al hijo por el canal vaginal durante el parto, por infección intrauterina o infección hospitalaria posparto. El objetivo fue detectar la colonización y perfiles de sensibilidad de *Streptococcus* del grupo B en mujeres gestantes que acuden a consulta prenatal en dos centros hospitalarios de Montería.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo de corte transversal en una población de 100 mujeres gestantes que asistían a control prenatal entre diciembre 2010 y marzo de 2011; se tomó un hisopado vaginal y anorrectal, se recuperaron en medio de Todd Hewitt con suplementos, y se subcultivó en agar sangre al 5 %. Los aislamientos de *Streptococcus* del grupo B se confirmaron por medio

cromógeno y API20 strep. Las pruebas de sensibilidad antibiótica se practicaron por el método de Kirby-Bauer, según las recomendaciones CLSI 2010.

**Resultados.** Se encontró un porcentaje de colonización de *Streptococcus* del grupo B del 9 % (9/100), principalmente en vagina (55,5 %) y recto (44,4 %) de colonización. La edad promedio (23 años), la media del número de hijos (2), la amenaza de parto prematuro (66,6%) y las infecciones urinarias (55,5%) fueron los factores de riesgo obstétricos observados con mayor frecuencia. Todos los aislamientos de *Streptococcus* del grupo B fueron resistentes a la tetraciclina y sensibles a los demás antibióticos ensayados

**Conclusiones.** A pesar del tamaño de la muestra, el seguimiento epidemiológico a *Streptococcus* del grupo B en la población gestante permite la oportuna profilaxis y contribuye a disminuir la tasa de morbilidad infantil. Financiación: COCECyT Córdoba.

### 41. Comparación de la actividad antibacteriana *in vitro* de dos variedades de miel colombiana frente a la miel Manuka contra cuatro cepas asociadas a infecciones de tejidos blandos

Juanita Trejos Suárez, Elide Herrera Estupiñán, Andrés Jagua Gualdrón.  
Universidad de Santander (UNDES). Bucaramanga, Colombia.  
juanita.trejos@undes.edu.co

**Introducción y objetivo.** La miel de abejas ha sido utilizada desde tiempos ancestrales en el cuidado de heridas. La miel Manuka es la variedad de miel más estudiada por su actividad contra cepas de bacterias productoras de infecciones de tejidos blandos. No existen hasta ahora estudios que demuestren esta actividad en variedades de miel colombiana y, por esta razón, se comparó la actividad antibacteriana *in vitro* de la miel de abejas de tipo cítrica de la sabana de Bogotá y la miel de abejas "robusta" del oriente antioqueño frente a la miel Manuka contra cuatro cepas asociadas a infecciones de tejidos blandos.

**Materiales y métodos.** Se diseñó un estudio experimental *in vitro* para comparar la actividad de dos variedades de miel colombiana frente al tipo Manuka contra cepas de *Escherichia coli* (ATCC 25922), *Pseudomonas aeruginosa* (ATCC 27853), *Staphylococcus aureus* (ATCC 25923) y *Klebsiella pneumoniae* (ATCC 13883) utilizando la técnica de microdiluciones en placa con colorante de rezasurín.

**Resultados.** Se encontró inhibición del crecimiento bacteriano: para *E. coli* en las siguientes concentraciones: 11,25 % p/v de la miel de abejas de tipo cítrica de la sabana de Bogotá, 22,5 % p/v de la miel de abejas "robusta" del oriente antioqueño y 11,25 % p/v de la miel de tipo Manuka de Australia; para *S. aureus*, 90 % p/v de la miel de abejas de tipo cítrica de la sabana de Bogotá, 22,5 % p/v de la miel de abejas "robusta" del oriente antioqueño y 22,5 % p/v de la miel de tipo Manuka de Australia; para *P. aeruginosa*, 45% p/v de la miel de abejas de tipo cítrica de la sabana de Bogotá, 45 % p/v de la miel de abejas "robusta" del oriente antioqueño y 45 % p/v de la miel de tipo Manuka de Australia; para *K. pneumoniae*, 11,25 % p/v de la miel de abejas de tipo cítrica de la sabana de Bogotá, 22,5 % p/v de la miel de abejas "robusta" del oriente antioqueño y 11,25 % p/v de la miel de tipo Manuka de Australia.

**Conclusiones.** Se observó que las mieles de abejas procedentes de las dos zonas de Colombia mostraban actividad antibacteriana contra las cepas analizadas; la más efectiva para la inhibición de los tres microorganismos Gram negativos la miel de abejas de tipo cítrica de la sabana de Bogotá, y para el microorganismo Gram positivo la miel de abejas "robusta" del oriente antioqueño.

#### 42. Caracterización fenotípica y genotípica de *Salmonella enteritidis* resistente a ácido nalidíxico asociado a un brote de enfermedad transmitida por alimentos en Popayán, Cauca, 2011

Miguel Angel Díaz, Paula Lucía Díaz, Edna Catering Rodríguez, Lucy Angeline Montaña, Doris Mabel Gartner, María Elisa Vernaza, Victoria Eljach, María Elena Realpe.

*Instituto Nacional de Salud, Instituto Nacional de Vigilancia de Medicamentos y Alimentos. Bogotá, Colombia. Secretaria de salud del Cauca. Popayán, Colombia. migandi@gmail.com*

**Introducción y objetivo.** *Salmonella enteritidis* es reconocida a nivel mundial como uno de los principales agentes asociados a las enfermedades transmitidas por alimentos. Varios reportes han indicado la presencia de aislamientos con sensibilidad disminuida a la ciprofloxacina que se pueden asociar a una falla clínica o a respuesta retardada durante el tratamiento con fluoroquinolonas. En este estudio se llevó a cabo la caracterización fenotípica y genotípica de aislamientos de *Salmonella enteritidis* resistentes a ácido nalidíxico relacionados a un brote de enfermedades transmitidas por alimentos en Popayán, Cauca.

**Materiales y métodos.** Se analizaron 10 aislamientos de *Salmonella enteritidis*, nueve de pacientes y uno de alimentos (emparedado de pollo), por pruebas bioquímicas, serotipificación y sensibilidad antimicrobiana. La concentración inhibitoria mínima (CIM) a ciprofloxacina se determinó por el método de E-test y el perfil genético de los aislamientos se evaluó por electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE) con las enzimas XbaI y BlnI.

**Resultados.** En todos los aislamientos se identificó *Salmonella enteritidis* con resistencia al ácido nalidíxico igual a 13 mm o menor, y sensibilidad disminuida a la ciprofloxacina entre 0,25 y 0,5 µg/ml; todos fueron sensibles a los demás antimicrobianos ensayados. De acuerdo con el análisis de los patrones de PFGE con la enzima XbaI, los 10 aislamientos se agruparon en el patrón COIN11.JEG.X01.0038, el cual es considerado el segundo patrón más frecuente (20,4 %) de los identificados en la vigilancia, y siete aislamientos de pacientes se confirmaron con la enzima BlnI con el patrón COIN11.JEG.A26.0009.

**Conclusiones.** Se caracteriza por primera vez los aislamientos de *Salmonella Enteritidis* con resistencia al ácido nalidíxico relacionados con un brote de enfermedades transmitidas por alimentos en Colombia y se logra confirmar por análisis fenotípico y genotípico la asociación entre los aislamientos de pacientes con el del emparedado de pollo como la fuente de infección. Estudio financiado por el Instituto Nacional de Salud.

### MICOBACTERIAS

#### 43. Micobacterias en la cadena de producción porcina en Colombia

Maira Wintaco, Claudia Marcela Castro, Gloria Puerto, Bibiana Chavarro, Irene Cerezo, Martha Inirida Guerrero.

*Instituto Nacional de Salud, Subdirección de Investigación, Grupo de Micobacterias. Bogotá Colombia. gpuerto@ins.gov.co*

**Introducción.** El cerdo es vulnerable a la infección bacteriana por *Mycobacterium bovis*, y por micobacterias del complejo *avium*, las cuales llevan a la producción de enfermedad zoonótica por el consumo de carnes mal preparadas, afectando, además, la producción porcícola y la economía nacional.

**Objetivo.** Identificar *M. bovis* y otras especies del género *Mycobacterium* en muestras de diferentes puntos de la cadena de producción porcina.

**Materiales y métodos.** Se recolectaron 258 muestras de 68 plantas de sacrificio en 11 departamentos de Colombia; las muestras fueron sometidas a búsqueda de *M. bovis* y de otras micobacterias mediante el uso de pruebas microbiológicas y moleculares, PCR-IS6110 y PCR ITS, cuyo producto se sometió a secuenciación.

**Resultados.** El porcentaje de resultados positivos de microbiología fue de 5,74 % y se identificó *Mycobacterium avium*, seguido de *Mycobacterium gordonae* y *Mycobacterium scrofulaceum*. La identificación molecular

presentó resultados positivos en 26,2 %, evidenciando la presencia del complejo *Mycobacterium tuberculosis* y *Mycobacterium intracellulare*.

**Conclusiones.** La sensibilidad de los estudios moleculares para micobacterias fue cinco veces mayor a la de los estudios microbiológicos; la presencia de *M. avium* es importante y es el primer hallazgo en Colombia, lo cual sugiere la necesidad de la vigilancia de esta posible fuente zoonótica, especialmente para personas inmunosuprimidas.

#### 44. Investigación científica en tuberculosis: evaluación bibliométrica de las contribuciones de la literatura colombiana

Diana Castañeda-Hernández, Adrián Bolívar-Mejía, Alfonso J. Rodríguez-Morales.

*Programa de Tuberculosis y Lepra, Secretaría de Salud y Seguridad Social de Pereira, Fundación Universitaria del Área Andina, Seccional Pereira, Pereira, Colombia. Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Grupo Infección e Inmunidad, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira; Oficina de Investigación Científica de la Cooperativa de Entidades de Salud de Risaralda (COODESURIS). Pereira, Colombia. ajrodriguezmm@gmail.com*

**Introducción y objetivo.** La tuberculosis es un importante problema de salud tanto a nivel mundial y, también, en Colombia, por lo cual se requiere intensificar más acciones en salud y en investigación. Se realizó una evaluación bibliométrica de las contribuciones de la literatura colombiana sobre la tuberculosis con el objeto de determinar el nivel de producción en la materia.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio de la producción colombiana en tuberculosis en las bases Medline/GoPubMed (1809-2012), Scopus (1959-2012), Scielo Colombia (2004-2012) e Imbiomed (2005-2012). Se incluyeron todos los tipos de estudios, caracterizándolos por años, cooperación internacional, ciudad de origen de la publicación, revista de publicación y autores con mayor contribución.

**Resultados.** En Medline se encontraron 232 artículos (0,12 % del total en tuberculosis, 0,49 por 100.000 habitantes), de los cuales, 52,2 % fueron de 2005 a 2012, con promedio para 2007-2011 de 19,6±5,1. Se observó cooperación internacional en 21,9 %. Bogotá, Medellín y Cali publicaron 65,52 % de los artículos, 16,4 % en *Biomédica*, 5,2 % en la *Revista de Salud Pública* y 4,3 % en *IJTL*. En Medline, el autor con mayor contribución es Luis F. García (Universidad de Antioquia). En Scopus los resultados son similares a los de Medline (n=168, 0,08 %). En Scielo sólo existen 29 registros (de 30) y en Imbiomed 35 (de 513, 6,8 %).

**Conclusiones.** La producción científica en tuberculosis en Colombia es baja, no sólo al compararla con países desarrollados (Estados Unidos, 4,08 artículos por 100.000 habitantes) sino con otros en América Latina, incluso de menor incidencia como Chile (34 por 100.000 habitantes) pero con una productividad 2,19 veces mayor (1,09 artículos por 100.000 habitantes). Un mayor fomento de la investigación, desde pregrado, una mayor interacción entre los organismos públicos y los privados, así como mayor cooperación académica e internacional, podrían permitir disminuir tales brechas y incrementar la publicación científica y que la aplicación de dichos conocimientos generados en el propio país contribuya a mejorar la epidemiología y los diferentes aspectos de la enfermedad.

#### 45. Epidemiología de la tuberculosis en habitantes de la calle, Pereira, Risaralda, 2007-2010, y propuesta de un proyecto para mejorar su abordaje y evolución

Diana Castañeda-Hernández, Alfonso J. Rodríguez-Morales. *Programa de Tuberculosis y Lepra, Secretaría de Salud y Seguridad Social de Pereira. Fundación Universitaria del Área Andina, Seccional Pereira. Grupo Infección e Inmunidad, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Oficina de Investigación Científica de la Cooperativa de Entidades de Salud de Risaralda (COODESURIS). Pereira, Colombia. ajrodriguezmm@gmail.com*

**Introducción y objetivo.** La tuberculosis es una de las enfermedades infecciosas más importantes mundialmente y su ocurrencia en grupos de riesgo, con infección VIH/sida, población indígena, sujetos en condiciones de hacinamiento o pobreza extrema, como los habitantes de la calle, más aun. Por esta razón, se evaluó el comportamiento de la tuberculosis en la población registrada de habitantes de la calle del municipio de Pereira, 2007-2010, y se diseñó una propuesta para mejorar su abordaje y evolución.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio epidemiológico de morbimortalidad y evolución clínico-terapéutica en población registrada de habitantes de la calle, bajo el programa de tuberculosis, haciendo diagnóstico clínico-epidemiológico y bacteriológico. Se analizaron las tasas de incidencia acumulada y mortalidad comparándolas con las de la población general en el mismo municipio.

**Resultados.** Entre 2007 y 2010 se evaluaron 74 habitantes de la calle con tuberculosis, de 1.470 registrados por la Secretaría de Desarrollo Social (incidencia acumulada=50,3 casos por 1.000 habitantes; rango: 5,44 a 22,44; año 2010=16,32). La condición de egreso fue: 43,2 % en abandono del tratamiento (rango: 36,4 a 55,6 %); fracasos, 4,1 % (rango: 0,0 a 9,1 %); fallecidos, 2,7 % (rango: 0 a 8,3 %, 2010); curados, 39,2 % (rango: 33,3 a 42,4 %), y tratamientos terminados, 10,8 % (rango: 4,2 a 25,0 %).

**Conclusiones.** Al comparar la incidencia del 2010 en habitantes de la calle con la de la población general (0,6585 por 1.000 habitantes), es 76,45 veces mayor en esa población de riesgo. De igual forma, la proporción de fallecidos (letalidad) en 2010 fue 2,5 veces mayor que en la población general (3,3 %). Estos datos tienen importantes repercusiones en salud pública así como en el manejo y la progresión (incluso fatal) de la enfermedad en el sujeto, persistencia de la infección, resistencia a los medicamentos y potencialidad de la transmisión del agente infeccioso a quienes les puedan rodear, por lo cual se desarrolló un proyecto de Centro de Atención para habitantes de la calle con tuberculosis con el fin de brindar un manejo integral, social, epidemiológico, clínico, diagnóstico y preventivo.

#### 46. Micobacteriemia en pacientes con sospecha de tuberculosis diseminada

Santiago León Atehortúa, Sigifredo Ospina Ospina, Gloria Elena Durango, Claudia Fuentes, Cristina Gómez, Johana Gómez, Lilibiana Franco, Sebastian Hernández, Natalia Arias.  
*Hospital Universitario de San Vicente Fundación. Medellín, Colombia. slam@elhospital.org.co*

**Introducción y objetivo.** La tuberculosis en el paciente con infección por el VIH puede tener una presentación atípica, lo que hace que los métodos tradicionales de diagnóstico, como la baciloscopia y el cultivo de esputo, no sean suficientes para obtener el diagnóstico, por lo que se deben buscar muestras alternativas como los hemocultivos. El propósito de este estudio fue evaluar el desempeño de un sistema automatizado de hemocultivos para micobacterias en pacientes con sospecha de infección tuberculosa diseminada y determinar el tiempo de positivo de las muestras.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo retrospectivo, de enero de 2007 a junio de 2009, en pacientes hospitalizados a quienes se le ordenaron hemocultivos para micobacterias. Se utilizaron, además, baciloscopia, cultivo y la determinación de deaminasa de adenosina en líquido cefalorraquídeo.

**Resultados.** Se incluyeron 642 pacientes, con edad promedio de 36,1 años (DE=3,3); de estos, 429 (67 %) eran de sexo masculino, y 256 (39,8 %) presentaron infección por VIH. Los resultados positivos en general para la tuberculosis fue de 17,4 % (112/642) y los positivos para el hemocultivo fueron el 3,5 % (22/642). Los resultados positivos del hemocultivo frente al total de pacientes con tuberculosis fue de 19

6 % (22/112). En 5 pacientes el hemocultivo fue el único medio diagnóstico. La infección simultánea de VIH y tuberculosis se observó en 20 % de los casos (51/256); 50 % de los pacientes con hemocultivo positivo para micobacterias (11/22) tenía infección simultánea con VIH. El tiempo promedio para un hemocultivo positivo fue de 18,8 días, en comparación con 44 días para el cultivo en medio de Ogawa-Kudoh.

**Conclusiones.** Se demostró la alta frecuencia de tuberculosis diseminada en los pacientes con infección VIH/sida, la cual alcanzó el 21,5 %, además de la disminución importante en el tiempo para la obtención de un resultado positivo.

#### 47. Análisis sociodemográfico y espacial de la transmisión de la tuberculosis en Armenia, Colombia

Nelson Enrique Arenas, Lilibiana Quintero, Katherine Rodríguez Marin, Jorge Enrique Gómez. Universidad del Quindío.  
*Armenia, Colombia. krodriiguez@uqvirtual.edu.co*

**Introducción.** Armenia es un municipio que reporta anualmente una alta incidencia de tuberculosis a nivel nacional, por lo cual es importante analizar los factores que dificultan la ejecución de las estrategias del programa de control de la tuberculosis.

En este trabajo se presenta un análisis sociodemográfico y espacio-temporal de las áreas mayormente comprometidas de Armenia.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional prospectivo, en el que se analizaron los datos de casos notificados al programa de control de la tuberculosis de Armenia por todas las unidades primarias generadoras de datos en el periodo del 2005 al 2010 y se hizo la respectiva referencia geográfica por comunas.

**Resultados.** La población más afectada correspondió a personas del sexo masculino (razón hombre-mujer de 2:1) en edades económicamente productivas (25 a 54 años) con bajos ingresos económicos (58 %). De acuerdo con la localización anatómica, la tuberculosis pulmonar fue más frecuente (78 %) que las formas extrapulmonares (22 %). Se encontraron diferencias significativas de carga de enfermedad entre comunas con tasas por 100.000 habitantes que en unas localidades eran de 10 y en otras eran de 30, lo que indica heterogeneidad de la situación en la ciudad ligada estrechamente a las condiciones socioeconómicas.

**Conclusiones.** Este estudio permitió definir los focos críticos de la tuberculosis en Armenia donde la cadena de transmisión es activa y una relación estadística con los factores sociodemográficos de los pacientes, lo cual permitirá el fortalecimiento de la estrategia del "alto a la tuberculosis" en el municipio de Armenia.

#### 48. Diagnóstico de tuberculosis pulmonar por PCR en tiempo real (Xpert MTB/RIF) y detección de la resistencia a la rifampicina en pacientes hospitalizados en un hospital de alta complejidad, 2010-2011

Santiago León Atehortúa, Sigifredo Ospina Ospina, Lina María Echeverri.  
*Hospital Universitario de San Vicente Fundación. Medellín, Colombia. slam@elhospital.org.co*

**Introducción y objetivo.** La tuberculosis es una de las principales causas de morbilidad y mortalidad, la propagación de cepas resistentes a los medicamentos de primera línea plantea retos importantes. La prueba Xpert MTB/RIF detecta la presencia del ADN del complejo *Mycobacterium tuberculosis* y la sensibilidad a la rifampicina mediante la detección de mutaciones en el gen *rpoB*. Se evaluó el desempeño de la prueba Xpert MTB/RIF para el diagnóstico de tuberculosis pulmonar, comparada con el cultivo y las pruebas convencionales de sensibilidad.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio transversal de evaluación de una prueba en pacientes con sospecha clínica de tuberculosis pulmonar a los que se les solicitó PCR-TR para el diagnóstico, entre septiembre de 2010 y septiembre de 2011.

**Resultados.** Se incluyeron 97 pacientes, 31 (32 %) fueron positivos para la detección de ADN de *M. tuberculosis*; la edad promedio fue de 36,04 años, y 42 % era de sexo femenino. Las enfermedades concomitantes fueron: VIH, 4 (12,9 %); complicación de trasplantes, 2 (6,4 %); lupus eritematoso sistémico, 1 (3,2 %), y otras causas, 11 (35,7 %). En los 4 pacientes con VIH, el diagnóstico de tuberculosis se hizo por primera vez y fue definitivo de sida. Las muestras estudiadas fueron: lavado broncoalveolar, 19 (61,1 %); esputo 11 (35,7 %), y aspirado traqueal, 1 (3,2 %). El mayor número de resultados positivos de los cultivos y la PCR se obtuvo en las muestras con baciloscopias positivas. La concordancia de cultivo y PCR positivas fue de 19,5 % y de las negativas en 70,7 % de las muestras. En 8,6 % el cultivo fue negativo que la PCR determinó positivo y en 1,1 % la PCR fue negativa y el cultivo determinó positivo. La PCR determinó positivas 31 muestras; de éstas, 90,3 % fueron sensibles a rifampicina y 9,7, resistentes. Todos los resultados de los 18 pacientes con cultivos positivos (17 sensibles y 1 resistente a rifampicina) concordaron en las pruebas de sensibilidad de las proporciones múltiples, con el reporte la prueba molecular. En 5 pacientes no se encontró registro de tratamiento y en 3 se inició el esquema de tratamiento para cepas resistentes a los medicamentos de primera línea.

**Conclusiones.** Las ventajas del diagnóstico rápido en poblaciones de alto riesgo y la detección de resistencia radican en la posibilidad de iniciar un tratamiento eficaz desde el principio, reducir los periodos de contagio y mejorar la respuesta clínica de los pacientes.

#### 49. Análisis de costo-efectividad de dos alternativas para el diagnóstico rápido de tuberculosis con farmacoresistencia múltiple

José Mauricio Hernández, Milton Martínez, Gloria Isabel Mejía, Elsa María Zapata, Jaime Robledo.  
Universidad Pontificia Bolivariana de Medellín. Medellín, Colombia. [jhernandez@cib.org.co](mailto:jhernandez@cib.org.co)

**Introducción y objetivo.** La tuberculosis es una enfermedad que produce 9 millones de casos cada año en el mundo, de los cuales, cerca de 2 millones mueren. La tuberculosis resistente a los medicamentos de primera línea (TB-MDR), definida como la resistencia de *Mycobacterium tuberculosis* a, por lo menos, isoniazida y rifampicina, representa la mayor amenaza para el control de la enfermedad. El objetivo del presente estudio fue comparar el costo y efectividad entre la técnica tradicional para el diagnóstico de TB-MDR (proporciones múltiples) y un cultivo directo en agar de capa delgada.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio prospectivo, longitudinal, realizado en la Unidad de Micobacterias de la Corporación para Investigaciones Biológicas. Se ingresaron pacientes con diagnóstico de tuberculosis y factores de riesgo para padecer TB-MDR. Para la estimación del valor de cada prueba se tuvieron en cuenta los costos de implementación y ejecución en los que incurre el laboratorio y la perspectiva institucional; la efectividad se valoró en términos de sensibilidad, especificidad y tiempo en proporcionar resultados. Se utilizó un modelo de análisis de decisiones TreeAge® para comparar las alternativas.

**Resultados.** Se evaluaron 100 pacientes con diagnóstico de tuberculosis. Se encontró una prevalencia de resistencia a la rifampicina de 10,8 % y a la isoniazida de 14,3 %. El costo del método de las proporciones múltiples fue de US\$ 71, con una media de tiempo para ser reportado de 49 días. El costo de la prueba rápida en agar de capa delgada fue de US\$ 18 con una media de tiempo para ser reportado de 14 días. La sensibilidad y la especificidad fueron valoradas como similares en las dos técnicas.

**Conclusiones.** El método de diagnóstico de resistencia de *M. tuberculosis* a isoniazida y rifampicina basado en el cultivo directo en agar de capa delgada es más barato, tiene una efectividad mayor valorada en el menor número de días necesarios para arrojar un resultado definitivo, y tiene una sensibilidad y especificidad similar al método tradicional.

## PEDIATRÍA

### 51. Etiología de la fiebre de origen desconocido en el hospital pediátrico de Cartagena

Denisses Garzón, Virginia Rodríguez, Samia Barrera, Hernando Pinzón, Orlando Mizar de la Hoz, Jackelineth Luna, Jorge Luis Miranda, Salim Mattar.

Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico. Montería, Colombia. Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja. Universidad de Cartagena. Cartagena, Colombia. [denissesgarzon@gmail.com](mailto:denissesgarzon@gmail.com)

**Introducción y objetivo.** En muchos casos, la fiebre de origen desconocido no es posible determinarla por su amplia etiología; aunque existen causas no infecciosas, se estima que entre el 30 y el 40 % se deben a agentes bacterianos y virales. Este trabajo buscó establecer la etiología infecciosa de 20 casos de pacientes pediátricos con diagnóstico de fiebre de origen desconocido.

**Materiales y métodos.** Se analizaron 20 muestras pareadas recolectadas en fase aguda y de convalecencia. Las pruebas de laboratorio incluyeron: inmunocromatografía para detección de AgN1 y anticuerpos IgM e IgG contra el virus del dengue (SD Dengue Duo®, Standard Diagnosis, Inc), IFI para la detección de IgG contra *Rickettsia* spp., detección de anticuerpos aglutinantes contra *Leptospira interrogans* por la técnica de microaglutinación, e IFI para la detección de IgM contra *Legionella pneumophila*, *Mycoplasma pneumoniae*, *Coxiella burnetii*, *Chlamydia pneumoniae*, adenovirus, virus sincitial respiratorio, influenza A y B y virus parainfluenza 1, 2 y 3 (NSLIDEM®, Vircell).

**Resultados.** De los 20 pacientes en estudio, se encontraron anticuerpos IgM contra *M. pneumoniae* (35 %, n=7), virus parainfluenza (25 %, n=5), *L. pneumophila* (20 %, n=4) y virus sincitial respiratorio (15 %, n=3). La serología para dengue fue positiva en 5 casos (25 %): 4 pacientes con IgM e IgG positivas y 1 con AgN1 positivo. Los títulos positivos de anticuerpos contra *L. interrogans* en muestras pareadas se obtuvieron en 2 pacientes (10 %, n=2). En el 20 % (n=4) de los casos no se detectó ninguno de los gémenes estudiados. El 40% (n=8) presentó anticuerpos contra dos o más microorganismos: *L. interrogans* y dengue; *L. interrogans* y parainfluenza; *L. pneumophila* y *M. pneumoniae*; *M. pneumoniae* y parainfluenza; *L. pneumophila*, *M. pneumoniae* y parainfluenza; *M. pneumoniae*, virus sincitial respiratorio y parainfluenza, y dengue, *L. pneumophila*, *M. pneumoniae* y virus sincitial respiratorio.

**Conclusiones.** *Mycoplasma pneumoniae* fue el agente etiológico más implicado en la fiebre de origen desconocido en el hospital pediátrico de Cartagena. Dado el gran número de gémenes encontrados, se concluye que el diagnóstico diferencial de la fiebre de origen desconocido es fundamental para el correcto abordaje clínico y terapéutico de los pacientes.

### 52. Relación del polimorfismo de repetición de dinucleótidos (GT) n del gen de la hemoxigenasa-1 y la capacidad antioxidante en pacientes pediátricos con sepsis

Gabriela Vázquez Armenta, Natalia González Leal, Arturo Plascencia, Fernando Siller López.

Centro Universitario de Ciencias de la Salud, Universidad de Guadalajara. México. [fsiller@cucs.udg.mx](mailto:fsiller@cucs.udg.mx)

**Introducción y objetivo.** La respuesta inmune y antioxidante de los pacientes con sepsis es de vital importancia para su resolución. La hemoxigenasa 1 (HMOX1) es una enzima antiinflamatoria y antioxidante clave y es inducida como protección ante los estímulos de estrés. La expresión del gen de HMOX1 depende significativamente del polimorfismo de repetición de (GT)<sub>n</sub> de su región promotora. Nos propusimos evaluar el estado antioxidante y antiinflamatorio de los pacientes pediátricos mexicanos con sepsis y su relación con los niveles y polimorfismo de HMOX1.

**Materiales y métodos.** Se recolectó sangre periférica de 64 pacientes pediátricos con sepsis y 72 pacientes sin sepsis como controles. La genotipificación del polimorfismo de HMOX1 (GT)<sub>n</sub> se realizó por PCR y los marcadores del estado antioxidante e inflamatorio se cuantificaron por análisis de la capacidad de absorción del radical oxígeno, proteínas con carbonilo y niveles de IL6, IL10 y HMOX1 por ELISA.

**Resultados.** Los parámetros de oxidación e inflamatorios en el grupo de sepsis fueron significativamente superiores que en grupo control. Los pacientes con sepsis tuvieron una correlación positiva entre los niveles de HMOX1 e IL10. No hubo diferencias entre grupos en la distribución de alelos y genotípica del polimorfismo de HMOX1. Los portadores de alelos cortos con sepsis (S, <25 repetidos GT) tuvieron los parámetros antioxidantes de absorción del radical oxígeno y proteínas con carbonilo y un balance antiinflamatorio IL10/IL6 más favorable que los portadores largos (L, >25 repeticiones GT). En los pacientes control, los portadores de alelos S tuvieron mayores niveles de HMOX1, mientras que los niveles superiores de HMOX1 en pacientes sépticos fueron independientes del genotipo.

**Conclusiones.** Una activa respuesta antioxidante y antiinflamatoria en los pacientes con sepsis puede ser modulada por la expresión de HMOX1 y la IL10 asociada. Los pacientes con sepsis con alelos S se relacionaron con una respuesta antioxidante superior. Los portadores de alelos S de HMOX1 pueden poseer un ambiente favorable para la resolución de la sepsis.

## VIROLOGÍA

### 53. Resultados de la vigilancia intensificada de infección respiratoria aguda grave en el Hospital Universitario San Ignacio

Jorge Cuellar, Juan Carlos López, Ana Londoño, Dolly Galeano.  
Hospital Universitario San Ignacio. Bogotá, Colombia.  
juanklo24@gmail.com

**Introducción y objetivo.** La aparición del virus pandémico de la influenza A (H1N1) en el año 2009 junto con los anteriores episodios de nuevos virus como la influenza aviar H5N1, generó la necesidad de realizar el seguimiento continuo y sistemático de la infección respiratoria aguda grave. El objetivo de este trabajo fue mostrar los resultados de este sistema de vigilancia en un hospital de tercer nivel.

**Materiales y métodos.** La institución implementó la estrategia de vigilancia intensificada de la infección respiratoria aguda grave, en la cual se tienen en cuenta los casos de pacientes mayores de 1 año y menores de 60 años que ingresan a la institución con aparición súbita de fiebre superior a 38 °C, tos o dolor de garganta, dificultad para respirar y necesidad de hospitalización; a los pacientes hospitalizados identificados que cumplan con la definición de infección respiratoria aguda grave, se les toma muestra de las secreciones respiratorias bajo la técnica de aspirado nasofaríngeo o aspirado bronquial, para la identificación de virus sincitial respiratorio, influenza A, parainfluenza 3, parainfluenza 2 y adenovirus, mediante la técnica de inmunofluorescencia indirecta (IFI) y, en el laboratorio de salud pública del ente territorial, por medio de reacción en cadena de la polimerasa (rRT-PCR), influenza A y H1N1/09.

**Resultados.** De la semana epidemiológica 13 a la semana 52, ingresaron a hospitalización 422 pacientes con criterios de infección respiratoria aguda grave, de los cuales, 397 lo hicieron al servicio de hospitalización general y 25 a la unidad de cuidados intensivos. Se presentó una defunción por infección respiratoria aguda grave (0,3 %). De los 126 casos en que se realizó IFI, se identificaron: 3 (2,4 %) pacientes con infección por influenza A; 1 (0,8 %) con parainfluenza 3; 2 (1,6 %) con parainfluenza 2; 5 (4 %) con adenovirus, y en 22 (17,5 %) se identificó virus sincitial respiratorio. Además, mediante rT-PCR se identificó influenza A H1N1/09 en 12 (6 %) pacientes e influenza A no H1N1/09 en 5 (3 %). Los mayores resultados positivos se presentaron de la semana 25 a 29 para el virus sincitial respiratorio, mientras que los demás se mantuvieron estables durante el periodo evaluado.

**Conclusiones.** El sistema de vigilancia de infección respiratoria aguda grave, permite identificar los posibles agentes etiológicos y orientar las políticas locales de atención de pacientes con esta entidad.

### 54. La infección con el virus del dengue neuroadaptado induce cambios en la expresión de proteínas del citoesqueleto.

Myriam Lucía Velandia, Jaime Eduardo Castellanos.  
Grupo de Virología, Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia.  
mlvelandiar@gmail.com

**Introducción.** En nuestro grupo se desarrolló un modelo de neuroinfección *in vivo* con el virus del dengue (DENV), que infecta las neuronas y células de la microglía y estimula la activación de las células de la glía; sin embargo, no se conocen los mecanismos que favorecen la infección ni los cambios estructurales y funcionales que se presentan en el tejido nervioso durante la infección con este virus.

**Objetivo.** Evaluar la expresión de los transcritos para algunas moléculas del citoesqueleto de células neuronales y no neuronales durante la infección con la variante D4MB-6 en ratones de diferentes edades.

**Materiales y métodos.** Se inocularon intraperitonealmente con el virus D4MB-6, grupos de 8 o 10 ratones Balb/C de 2, 7, 14 y 21 días de nacidos; al sexto día después de la infección, los animales se sacrificaron, se homogenizó el cerebro y se extrajo el ARN con el fin de cuantificar por PCR los transcritos para nestina, tubulina beta III y GFAP.

**Resultados.** Los resultados demostraron que en los animales de las cuatro edades evaluadas, la infección indujo un aumento –entre 2 y 5 veces– de la expresión del ARNm para nestina, tubulina beta III y GFAP, comparados con sus respectivos controles.

**Conclusiones.** Estos cambios sugieren que las células del tejido nervioso, como las neuronas y las células de la glía, modificaron su estructura y forma durante la infección, lo que sugiere que estas proteínas pueden actuar como elementos citoprotectores que intentan controlar la infección y buscan favorecer la regeneración y supervivencia de las células.

### 55. Evaluación de los niveles de lípidos séricos como factores predictores de gravedad en el síndrome febril agudo por dengue

Anyela Yuliana Lozano, Luis Ángel Villar, Oscar Fernando Herrán.  
Universidad Industrial de Santander. Bucaramanga, Colombia.  
angelalozano30@hotmail.com

**Introducción.** Existe la necesidad de contar con marcadores válidos y reproducibles que permitan predecir tempranamente el desenlace del dengue para reducir la posibilidad de complicaciones. Se ha descrito que los lípidos séricos podrían asociarse a la gravedad. Se valoraron los niveles de lípidos como posibles factores predictores de gravedad en dengue.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio de casos y controles anidado en una cohorte. Se seleccionaron al azar 125 casos con den-

que confirmado por laboratorio que en el seguimiento evolucionaron a dengue grave y 120 controles con dengue no complicado. La detección de los niveles séricos de colesterol total, triglicéridos, lipoproteína de alta densidad (HDL), lipoproteína de baja densidad (LDL) y lipoproteína de muy baja densidad (VLDL) se realizó en los sueros obtenidos entre las 48 y las 96 horas del inicio de la enfermedad. Para evaluar el valor pronóstico de cada biomarcador se establecieron puntos de corte, con una sensibilidad del 90% en la detección de casos graves.

**Resultados.** Los puntos de cortes fijados fueron: colesterol total, 70 mg/dl; triglicéridos, 65 mg/dl; HDL, 11 mg/dl; LDL, 25 mg/dl, y VLDL 13 mg/dl, y se consideraron asociados a gravedad los valores superiores para cada uno de ellos. Se obtuvieron los siguientes resultados: colesterol total (OR=1,96; IC<sub>95%</sub> 0,58-4,16; p=0,374); triglicéridos (OR=0,88; IC<sub>95%</sub> 0,39-1,96; p=0,752); HDL (OR=1,35; IC<sub>95%</sub> 0,59-3,07; p=0,472); LDL (OR=1,04; IC<sub>95%</sub> 0,46-2,39; p=0,919), y VLDL (OR=0,88; IC<sub>95%</sub> 0,39-1,96; p=0,752).

**Conclusiones.** En condiciones reales (pacientes con dengue que consultan tempranamente) no se observó ninguna asociación de pronóstico entre los niveles de los lípidos y la gravedad del dengue.

Financiación: Programa Jóvenes Investigadores, Colciencias, y Universidad Industrial de Santander

#### 56. Infección simultánea con diferentes serotipos del virus del dengue en casos fatales, Colombia, 2009-2010

Jairo Andrés Méndez-Rico, Lissethe Pardo, Martha Gracia, Gloria Rey-Benito.

Laboratorio de Virología, Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia. [jmendez@ins.gov.co](mailto:jmendez@ins.gov.co)

**Introducción y objetivo.** El virus del dengue (DENV) es responsable de una importante enfermedad viral reemergente en los países tropicales y subtropicales, que afecta 50 millones de personas al año en todo el mundo. Los brotes en Colombia se producen cada cinco o seis años, aunque la infección es endémica en la mayor parte del país. Durante los años 2009 y 2010, Colombia presentó la mayor epidemia de dengue ocurrida en las últimas décadas, con 157.152 casos notificados, 217 muertes confirmadas y los cuatro serotipos virales circulando simultáneamente. En este trabajo buscamos determinar la infección simultánea con diferentes serotipos del virus del dengue en pacientes fallecidos durante el periodo 2009-2010.

**Materiales y métodos.** Se procesaron por RT-PCR muestras de casos fatales (suero o tejido fresco) utilizando iniciadores específicos de serotipo. Mediante electroforesis en gel se demostró amplificación con, al menos, dos serotipos diferentes. Los resultados se confirmaron por secuenciación de los fragmentos amplificados y su posterior análisis por BLAST.

**Resultados.** En los casos fatales analizados fue posible evidenciar infección simultánea con, al menos, dos serotipos del virus del dengue, principalmente DENV2/DENV3 y DENV2/DENV4.

**Conclusiones.** Aunque la circulación simultánea de los cuatro serotipos de dengue es común en zonas altamente endémicas, la infección simultánea con dos serotipos diferentes sigue siendo un evento muy inusual. Este es el primer reporte de infección simultánea con serotipos del virus del dengue en casos fatales en Colombia. Sin embargo, el papel de la infección simultánea en la gravedad de la enfermedad se debe estudiar más.

#### 57. Detección de NS1 para el diagnóstico de pacientes con dengue agudo

Jeanette Prada-Arismendy, Jenniffer Buitrago Cuellar, Jessica Beltrán, Olga Lucía Chavarro, Jaime Eduardo Castellanos.

Instituto de Virología, Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia. [jpradaarismendy@yahoo.es](mailto:jpradaarismendy@yahoo.es)

**Introducción y objetivo.** La confirmación temprana del diagnóstico de dengue es difícil, ya que el cuadro clínico es inespecífico. Actualmente, el diagnóstico se hace por la detección de IgM específica en una única muestra de suero, aunque esta prueba tiene baja sensibilidad en los primeros tres días de fiebre. La confirmación de los casos se debe hacer por aislamiento viral, RT-PCR o cuantificación de los títulos de anticuerpos en el suero del periodo de convalecencia. Sin embargo, estas pruebas son costosas y requieren de personal y equipo especializado. Lo anterior justifica la implementación de pruebas que permitan un diagnóstico oportuno, por lo cual se planteó en este trabajo comparar los resultados obtenidos en las pruebas ELISA para la proteína no estructural NS1 e IgM específica en el diagnóstico de casos probables de dengue.

**Materiales y métodos.** Se determinó la presencia de la proteína no estructural NS1 de virus del dengue (DENV) mediante el kit Pan-E (PanBio) en 88 sueros de pacientes que contaban con prueba ELISA para IgM (44 positivas y 44 negativas), que habían consultado por síndrome febril agudo en Cundinamarca en el 2010.

**Resultados.** Según el resultado de las pruebas, los pacientes se agruparon en tres grupos: 1) 38 casos confirmados de dengue agudo con ELISA positiva para NS1; de éstos, 15 habían sido reportados como negativos en el ensayo de IgM, y pertenecían a pacientes que consultaron antes del quinto día de enfermedad; 2) 28 casos negativos para NS1 e IgM, y 3) 23 casos con diagnóstico indefinido (negativas para NS1 pero positivas para IgM).

**Conclusiones.** La detección de NS1 del DENV tiene gran valor diagnóstico en los cinco primeros días de inicio de la fiebre en pacientes con sospecha de dengue, lo que permite un diagnóstico y tratamiento oportunos en comparación con la prueba ELISA para IgM cuya mayor utilidad está después del quinto día de inicio de la fiebre. Sin embargo, la prueba de IgM en muestra única se emplea en nuestro país como método diagnóstico para dengue, por lo que se requieren estrategias más adecuadas para confirmar los casos probables de dengue.

#### 58. Una fracción activa derivada de *Psidium guajava* inhibe in vitro la replicación del virus del dengue.

Carolina Hernández, Diana Carolina Quintero-Gil, Fredyc Díaz, Marlén Martínez-Gutiérrez

Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET. Escuela de Microbiología. Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. Laboratorio de Investigaciones Fitoquímicas y Farmacológicas (LIFFUC). Universidad de Cartagena. Cartagena, Colombia. [mmartinezg@pecet-colombia.org](mailto:mmartinezg@pecet-colombia.org)

**Introducción y objetivo.** Gracias a la información etnobotánica recolectada en el Caribe colombiano, se ha identificado que la planta *Psidium guajava* (Myrtaceae), conocida comúnmente como guayaba, es utilizada para el tratamiento de la fiebre, síntoma característico del dengue. Por tal razón, el objetivo de este trabajo fue comparar el efecto antiviral del extracto etanólico y cinco fracciones de *P. guajava* contra la infección por DENV.

**Materiales y métodos.** A partir del extracto etanólico de corteza de *P. guajava*, se realizó un ensayo de viabilidad por MTT. Utilizando concentraciones no tóxicas se evaluó el efecto antiviral del extracto con diferentes estrategias experimentales: tratamiento antes de la infección, durante la infección y después de la infección. El número de copias genómicas liberadas a los sobrenadantes se cuantificó por RT-qPCR luego de 48 horas de la infección. Se consideraron diferencias significativas si p era menor de 0,05 (t de Student, n=4).

**Resultados.** Al evaluar del efecto antiviral a una concentración no citotóxica (20 µg/ml) sobre los pasos del ciclo de replicación del DENV-2, se encontraron diferencias estadísticamente significativas (p<0,01) cuando las células VERO fueron sometidas a los esquemas antes del

tratamiento y después del mismo (porcentajes de inhibición del 96,4 % y 100 %, respectivamente). Un comportamiento similar se obtuvo en las células U937, con porcentajes de inhibición del 98,9 % y 94,2 %, respectivamente. A partir del extracto se obtuvieron cinco fracciones. Utilizando una concentración no citotóxica (15 µg/ml), se evaluó el efecto antiviral de estas fracciones utilizando un esquema de después del tratamiento. Se encontró que la fracción PG-3 inhibía de manera significativa la infección viral comparada con el control sin tratamiento ( $p < 0,05$ ).

**Conclusiones.** Se ha identificado una fracción activa que inhibe en más del 80 % la infección por DENV en dos líneas celulares, lo que la convierte en un antiviral promisorio. Los estudios en curso nos permitirán identificar la molécula específica responsable de dicho efecto.

### 59. El tratamiento con ácido retinoico provoca cambios en la expresión de los genes de respuesta inmunitaria innata en células de neuroblastoma infectadas con virus del dengue

Jeanette Prada-Arismendy, Jaime Eduardo Castellanos.  
Instituto de Virología-Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia.  
jpradaarismendy@yahoo.es

**Introducción y objetivo.** Del 5 al 7% de los pacientes con dengue grave presentan manifestaciones neurológicas. Sin embargo, no se conoce en profundidad la fisiopatología de la infección nerviosa por el virus del dengue (DENV) y es escasa la evidencia *in vivo* de la infección por este virus en neuronas. Se sabe que las células infectadas detectan el ARN del DENV mediante la proteína llamada RIG-I (*Retinoic Acid Inducible Gene 1*), cuya activación desencadena una cascada que lleva a la activación de genes de respuesta inmunitaria innata y la activación de vías proapoptóticas. En este trabajo se evaluó la expresión de algunos genes relacionados con RIG-I en células de neuroblastoma infectadas con DENV y tratadas con ácido retinoico.

**Materiales y métodos.** Células de neuroblastoma humano SH-SY5Y fueron tratadas con ácido retinoico por 24 horas e infectadas con DENV por 12, 24 y 48 horas. Pasado cada uno de estos tiempos, se extrajo el ARN para realizar una RT-qPCR para cuantificar la expresión de RIG-I, IPS1 y caspasas 1 y 3.

**Resultados.** El tratamiento con ácido retinoico indujo un aumento de la expresión temprana de los genes RIG-I, IPS1 y caspasa 3 en células SH-SY5Y infectadas con DENV y tratadas con ácido retinoico. Este resultado se acompañó de aumento significativo de la mortalidad de las células infectadas con DENV y tratadas con ácido retinoico durante estos mismos tiempos evaluados.

**Conclusiones.** Previamente demostramos que el tratamiento de células SH-SY5Y con ácido retinoico inhibe la replicación del DENV. En este trabajo, se señala que esta inhibición se relaciona con el aumento de la expresión de los genes de la respuesta inmunitaria innata, tales como RIG-I e IPS-1, que, a su vez, inducen genes estimulados por el interferón. Además, se encontró un aumento en la expresión de caspasa 3, relacionado con un mayor porcentaje de células apoptóticas. Estos hallazgos podrían aportar nuevos elementos al entendimiento del proceso fisiopatológico e inmunológico que ocurre en las neuronas durante la infección por DENV.

### 60. La replicación diferencial del virus del dengue en células de mosquito y mamífero es dependiente del serotipo infectante.

Diana Carolina Quintero-Gil, Luisa Fernanda Arbelaez, Marta Ospina, Marlén Martínez-Gutiérrez.  
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET. Universidad de Antioquia. Escuela de Microbiología. Universidad de Antioquia. Laboratorio Departamental de Antioquia. Medellín, Colombia. mmartinezg@pecet-colombia.org

**Introducción y objetivo.** La eficiente circulación del virus del dengue (DENV) entre el vector y el huésped vulnerable es un factor determinante para el desarrollo de la enfermedad, sobre todo en zonas endémicas donde hay circulación simultánea de los cuatro serotipos virales. Por esta razón, resulta importante evaluar las diferencias en la replicación de los cuatro serotipos del DENV en líneas celulares derivadas de huéspedes vertebrados e invertebrados.

**Materiales y métodos.** Células C6/36 (insecto) y VERO (mamífero) fueron infectadas con cepas de referencia y aislamientos clínicos de los cuatro serotipos del virus (DENV-1 a DENV-4). Se realizó una cinética de crecimiento viral y desde el día 2 hasta el día 14 después de la inoculación se cuantificó el genoma viral por RT-qPCR y la viabilidad celular por MTT. Los valores obtenidos se compararon mediante la prueba de U Mann-Whitney ( $n=4$ ). Además, se comparó la capacidad de la formación de placa de las diferentes cepas.

**Resultados.** DENV-2 y DENV-4 causaron una menor pérdida de viabilidad celular en VERO y C6/36, respectivamente ( $p < 0,05$ ). Las cepas de referencia afectaron en mayor grado la viabilidad en VERO; mientras que los aislamientos afectaron más la viabilidad en C6/36. Ambas cepas de DENV-2 se replicaron de manera más eficiente tanto en VERO como en C6/36. DENV-3 tuvo la replicación menos eficiente en ambas líneas celulares ( $p < 0,05$ ). En los cultivos infectados con DENV-1 y DENV-3 las placas fueron pequeñas, mientras que en los cultivos infectados con DENV-2 y DENV-4, las placas fueron más grandes. En ninguno de los cultivos infectados con los aislamientos clínicos hubo formación de placas.

**Conclusiones.** El comportamiento biológico diferencial de las cepas en líneas celulares podría verse representado en implicaciones en el ciclo de transmisión del virus entre el huésped vertebrado y el vector. Además, estos hallazgos concuerdan con resultados previos en los que se encontró que DENV-2 se replica de manera más eficiente en mosquitos *Aedes aegypti* infectados en condiciones de laboratorio.

### 61. La variante D4MB-6 induce la toxicidad de excitación por glutamato en ratones de 7 días de nacidos.

Myriam Lucía Velandia, Jaime Eduardo Castellanos.  
Grupo de Virología, Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia.  
velandiamyriam@unbosque.edu.co

**Introducción.** Los daños observados en el tejido nervioso durante algunas infecciones virales son debidos a múltiples factores, tales como la respuesta inmunitaria local, la apoptosis de las células y a la pérdida de la regulación de neurotransmisores como el glutamato.

**Objetivo.** Determinar si la infección con la variante del virus dengue D4MB-6 induce la toxicidad de excitación por el glutamato como parte del proceso neuropatogénico.

**Materiales y métodos.** Se tomaron ratones Balb/C de 7 días de edad y se inocularon intraperitonealmente con el virus D4MB-6. A las 24 horas después de la infección y durante 5 días se aplicó intraperitonealmente, 1 µg/g de peso del fármaco MK-801 (antagonista del receptor NMDA) y al 6 día después de la infección, los animales se procesaron para evaluar la producción viral y la morfología del tejido.

**Resultados.** Se observó que los animales infectados y tratados con el fármaco desarrollaron de forma leve y tardía, algunos de los signos neuropatológicos, como parálisis y alteraciones en la postura corporal; además, en estos animales se redujo la infiltración de leucocitos, la hemorragia y otros daños citoarquitectónicos del tejido. Además, se observó nuevamente que el tratamiento reducía la producción de virus en el tejido.

**Conclusiones.** Nuestros resultados sugieren que durante la neuroinfección con la variante D4MB-6 se alteran las vías metabólicas que regulan la recaptura del glutamato, lo cual incrementa el daño estructural y funcional del tejido aumentando la neuropatogenia. Estos

resultados abren ventanas farmacológicas que permitirían prevenir o controlar los daños neurológicos durante la infección con el DENV.

### 62. Identificación de la presencia de metapneumovirus y posibles infecciones simultáneas en muestras de secreción respiratoria en Colombia

Juliana Barbosa Ramirez, Gloria Janneth Rey, Jairo Andres Mendez, Paola Pulido.  
*Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia. jbarbosa@ins.gov.co*

**Introducción.** El metapneumovirus humano (hMPV) es un virus ARN de la familia Paramyxoviridae. Se ha descrito como un virus estacional que afecta todos los grupos de edad y que genera manifestaciones clínicas similares a las producidas por virus como el virus sincitial respiratorio. Se ha demostrado que hMPV tiene una distribución mundial, asociado fundamentalmente a infecciones respiratorias agudas altas y bajas en niños y en adultos. En Suramérica diversos estudios han reportado la presencia de hMPV en muestras recolectadas desde 1998. A pesar del impacto de las infecciones respiratorias en Colombia, el hMPV no había sido identificado y vigilado como agente etiológico de infecciones respiratorias agudas en nuestro medio.

**Objetivo.** Identificar la presencia de metapneumovirus humano en Colombia y evidenciar posibles infecciones simultáneas con otros virus respiratorios definiendo sus características clínicas.

**Materiales y métodos.** Se analizaron muestras respiratorias de pacientes pediátricos y adultos con infección respiratoria remitidas al Laboratorio de Virología de la Subdirección Red Nacional de Laboratorios del Instituto Nacional de Salud durante el año 2011. El ácido nucleico se obtuvo a partir de 200 µl de muestras respiratorias utilizando el kit (pInvitrogen); mediante la RT-PCR en tiempo real se detectó la presencia de hMPV con la amplificación de iniciadores específicos para este virus y para otros virus respiratorios, siguiendo el protocolo diseñado por los CDC.

**Resultados.** Del total de muestras procesadas, se identificaron cinco muestras respiratorias con infección por hMPV. En tres de los casos identificados se encontró el hMPV asociado a dos virus parainfluenza y uno a adenovirus. Los cinco casos correspondieron a cuatro pacientes de sexo femenino (de 1, 2, 77 y 85 años) y uno masculino (de 2 meses). Cuatro de los cinco casos requirieron hospitalización, con presencia de fiebre, tos y dificultad respiratoria. Los casos identificados con infección por hMPV procedían de Bogotá, Huila y Santander.

**Conclusiones.** Se evidenció la presencia de metapneumovirus humano en Colombia. El cuadro clínico asociado es indistinguible de las infecciones por otros virus respiratorios. Los casos de infección respiratoria aguda identificados correspondieron tanto a pacientes adultos como pediátricos.

### 63. Seroprevalencia del virus fiebre del valle del Rift en animales ovinos y bovinos, búfalos y humanos de Córdoba y Cesar, Colombia

Salim Mattar, Vaneza Paulin Tique, Alfonso Calderón, Marco González, Germán Arrieta, Jaime Álvarez, Lilian Gutiérrez, Jessica Ortiz, Ricardo Romero.  
*Universidad de Córdoba. Montería, Colombia. mattarsalim@hotmail.com*

**Introducción.** La fiebre del valle del Rift es producida por un virus ARN perteneciente al género Phlebovirus, de la familia Bunyaviridae. El virus de la fiebre del valle del Rift causa en humanos una enfermedad febril de resolución espontánea, aunque puede producir una enfermedad grave hemorrágica y encefalitis. La fiebre del valle del Rift es una zoonosis importante en países africanos y asiáticos, en América Latina aún no se ha tenido notificación de brotes de del virus de la

fiebre del valle del Rift pero si de otros Phlebovirus en Brasil, Panamá, Trinidad y Tobago y Colombia.

**Objetivos.** Estimar la seroprevalencia del virus de la fiebre del valle del Rift en animales ovinos, caprinos y bovinos, en búfalos y en humanos en los departamentos de Córdoba y Cesar.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo y transversal que incluyó 75 muestras de sueros de especies rumiantes: bovinos (n=73), bufalinos (n=81), caprinos (n=61) y ovinos (n=95) y población humana (n=65) de los departamentos de Córdoba y Cesar. Para determinar la seroprevalencia de la fiebre del valle del Rift se utilizó el kit RVF C-ELISA Inhibition ELISA (Biological Diagnostic Supplies Limited, South Africa)

**Resultados.** Se estableció una seroprevalencia de 18,9 % (71/375) distribuido de la siguiente manera en las especies: caprinos, 31,14 % (19/61); ovinos, 26,3 % (25/95); bufalinos, 11,1 % (9/81), y bovinos, 8,2 % (6/73), y en la población humana de 18,4 % (12/65).

**Conclusiones.** Este es el primer estudio en Colombia sobre el virus de la fiebre del valle del Rift. La información permite conocer en Colombia la circulación del virus de la fiebre del valle del Rift y otros de los serogrupos de fiebre por Phlebovirus, o Uukuvirus, que han sido reportados en otros países de América Latina. Se requiere confirmar estos resultados por PRNT con otros Phlebovirus desconocidos aún en el país.

### 64. Identificación molecular de la infección genital por Virus del Papiloma Humano (VPH) en un grupo de hombres Colombianos.

Dayanne Rodríguez Hernández, Liliana Díaz, Sandra L Gómez, Daniel Toledo, Carminia Varón Valbuena, Hernán Vargas  
*Laboratorio de Salud Pública, Secretaría de Salud de Bogotá. Bogotá, Colombia. hernan.vargas@yahoo.com*

**Introducción y objetivo.** El virus del papiloma humano (HPV) es una de las infecciones de transmisión sexual más comunes a nivel mundial. Al igual que otras infecciones de transmisión sexual, los hombres están involucrados en la cadena de contagio al actuar como portadores o vectores de la infección, contribuyendo al riesgo que tienen sus parejas sexuales en desarrollar lesiones asociadas con carcinomas de cuello uterino o anogenitales. A pesar del vínculo establecido entre el HPV y dichas lesiones, la historia natural de la infección en hombres aún no es clara. Este estudio permitió estimar la prevalencia de HPV y de los tipos virales de alto riesgo HPV16 y HPV18 en muestras de la zona balano-prepucial de hombres asintomáticos evaluando las condiciones de riesgo para la infección por este virus.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo de corte transversal para detectar el HPV en 66 muestras de hombres voluntarios del departamento del Tolima, asintomáticos a la infección. La detección de HPV se realizó mediante una PCR anidada con los iniciadores MY09/MY11 y GP5+/GP6+ y la específica de tipo con los iniciadores VPH16 y VPH18. Los resultados positivos se relacionaron con las variables de interés mediante el programa SPSS®.

**Resultados.** Se detectó HPV en 28 de 66 muestras (42,4 %) y HPV16 en diez de ellas (15,2 %). La asociación entre la positividad para HPV no fue significativa en la mayoría de las variables.

**Conclusiones.** El riesgo de contraer la infección entre los hombres de 18 a 25 años es dos veces mayor si se compara con la de los hombres mayores de 25 años. En este estudio, el riesgo de contraer la infección por HPV entre quienes consumían alcohol fue seis veces más si se compara con la de no consumidores. La identificación molecular de HPV en hombres contribuye al conocimiento de la dinámica infecciosa del virus y podría complementar el rediseño de las políticas de promoción y prevención del cáncer de cuello uterino en nuestro país. Este proyecto fue financiado por el Laboratorio de Salud Pública de la Secretaría de Salud de Bogotá, la Secretaría de Salud de Ibagué y Colciencias.

## EPIDEMIOLOGÍA HOSPITALARIA

**65. Estudio de intervención comparando el paquete de medidas de control administrativas, ambientales y de protección personal para disminuir la incidencia de tuberculosis ocupacional en un hospital general, 2005-2011**

Fernando Martín Ramírez, Zoila Rosa Díaz. DISA Lima-Sur, MINSA.

Facultad Ciencias de la Salud, Universidad Nacional del Callao. Perú. [fmrawo@gmail.com](mailto:fmrawo@gmail.com)

**Introducción.** En el 2005 se identificaron los peligros y riesgos para la transmisión de tuberculosis, situación por la que creamos la vigilancia de casos de tuberculosis desde el Comité Control de Infección Hospitalaria, implementando y manteniendo estrategias de control conjunto (*bundle*) del 2006 al 2008.

**Objetivos.** Determinar la estrategia más exitosa para disminuir las tasas de incidencia acumulada de la infección tuberculosa ocupacional.  $H_0$ : La aplicación de las cinco estrategias de intervención es igual para la tasa de tuberculosis ocupacional.  $H_1$ : al menos, la aplicación de dos estrategias de intervención es diferente para la tasa de tuberculosis ocupacional.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio longitudinal de intervención, que valoró cada intervención sanitaria con la tasa mensual de incidencia acumulada de la infección tuberculosa ocupacional, en 1.300 trabajadores, implementadas temporalmente así: en el 2006 se aplicaron medidas de control administrativo y se dotó de equipos de protección personal a todos los trabajadores; en el 2007 se instruyó y entrenó en el Curso Anual de Bioseguridad; en el 2008 se entrenó y aplicó el uso de la guía de colocación del R-N95 y en buen uso de ventilación natural; en el 2009 se desactivó esta intervención para dar paso a la construcción de predios denominados centros de excelencia para la atención del programa control de la tuberculosis y sólo se le hizo seguimiento a la observancia de las medidas de control administrativo y la guía de uso de R-N95; en el 2010 se le hizo seguimiento a la observancia de las medidas de control administrativo y supervisión de la dotación de los equipos de protección personal; se compararon las medianas de tasas de incidencia acumulada de la infección tuberculosa ocupacional con la prueba Kruskal-Wallis.

**Resultados.** Con un límite de confianza del 95 %, las tasas de incidencia acumulada de la infección tuberculosa ocupacional disminuyeron de 1,200 por 100.000 habitantes en el año 2005 a 200 por 100.000 en el 2008, pero esta reducción no fue estadísticamente significativa. Con  $p=0,416$  la disminución de las tasas de incidencia acumulada de la infección tuberculosa ocupacional fue igual con las cinco estrategias empleadas. En el 2011 aconteció un brote de tuberculosis ocupacional. El uso adecuado de ventilación natural disminuyó 6 veces las tasas de incidencia acumulada de la infección tuberculosa ocupacional; las medidas de control administrativo, 4 veces; el entrenamiento en bioseguridad respiratoria, 2 veces, y la dotación de equipos de protección personal, 1 vez. La suspensión de la intervención para dar paso a la construcción del predio y esperar durante dos años y el no aplicar las estrategias en paquete-combo-*bundle* como se logró en el 2008, facilitaron el brote infección tuberculosa ocupacional del 2011.

**Conclusiones.** Si bien los resultados no corroboran la eficacia del programa de intervención, el mantener la combinación de las medidas de control en paquete (*bundle*) como las usadas del 2006 al 2008, disminuyeron el número de casos de tuberculosis ocupacional. La financiación del trabajo fue del plan operativo anual.

**66. Intervención focal: una experiencia en el control de las infecciones en un hospital universitario de tercer nivel en Colombia**

Sandra Liliana Ossa, Anyi Lorieth Molina, Elsa Yasmin Vente, Dolly Villegas Arenas, Hilda Mary Gómez, Ernesto Martínez Buitrago, Christian José Pallares.

Hospital Universitario del Valle. Cali, Colombia. [icako@hotmail.com](mailto:icako@hotmail.com)

**Introducción.** La infección asociada a la atención en salud genera un gran impacto en costos y calidad en la atención. En el Hospital Universitario del Valle se identificaron fallas en las prácticas básicas durante la atención con respecto a la higiene de manos, las precauciones de aislamiento y el ambiente físico.

**Objetivo.** Implementar y medir el impacto de una estrategia encaminada a fortalecer las buenas prácticas en la seguridad del paciente.

**Materiales y métodos.** Se generó un cronograma de trabajo acorde a los hallazgos identificados en higiene de manos, aislamientos y ambiente físico. Por un período de tres meses, el equipo de control de infecciones capacitó, evaluó, verificó y realizó seguimiento conformando un grupo de líderes en cada área para garantizar la continuidad de la estrategia. Algunas áreas se intervinieron simultáneamente. Se establecieron diferencias de las mediciones antes de la intervención y después de ella mediante el test de Fisher o de ji al cuadrado. Los valores de  $p$  menores de 0,05 fueron considerados significativos.

**Resultados.** Se intervinieron diez áreas desde octubre 2009 hasta octubre 2011 y se logró, en promedio un aumento significativo en la observancia de la higiene de manos de 22,7 % ( $p=0,001$ ), en aislamientos de 13 % ( $p=0,002$ ), y en limpieza y desinfección del 12,8 % ( $p=0,000$ ).

**Conclusiones.** Las estrategias de capacitación, seguimiento y evaluación a los trabajadores de la salud mejoran la observancia de las buenas prácticas en seguridad del paciente en una institución hospitalaria.

**67. Adherencia del personal de salud a las medidas de aislamientos en una institución de III nivel de atención**

Anyi Lorieth Molina, Elsa Yasmin Venté, Sandra Liliana Ossa, Suleiman Cañas Taborda, Magnolia Díaz Ramos, Janeth Quiñones, Ernesto Martínez Buitrago, Christian José Pallares.

Hospital Universitario del Valle. Cali, Colombia. [icako@hotmail.com](mailto:icako@hotmail.com)

**Introducción.** La observancia de los aislamientos es una de las prácticas más importantes y efectivas para el control de las infecciones asociadas a la atención en salud.

**Objetivo.** Determinar el cumplimiento de las precauciones de aislamiento en las áreas de prestación de servicios de salud de un hospital de III nivel de atención.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo de corte transversal. Se evaluó el cumplimiento de las pautas en el manejo de todos los pacientes hospitalizados con indicación de aislamiento. Las variables observadas fueron: tipo de aislamiento, uso de mecanismos de barrera y elementos de protección personal, y razones conductuales de incumplimiento. Se usaron proporciones para la descripción de las variables.

**Resultados.** Se hicieron 52 observaciones en toda la institución, de las cuales, 34,6 % ( $n=18$ ) fueron de vía aérea, 44,2 % (23) de contacto y 21,2 % (11) de gotas. La observancia del protocolo de aislamientos global fue del 27 %. El 13,8 % (24) del total del personal de salud evaluado no ordenó el aislamiento y el 20,6 % (35) no tenía conocimiento de las precauciones necesarias.

**Conclusiones.** Mediante el seguimiento de la observancia del protocolo de aislamientos se logró identificar oportunidades de mejoramiento para diseñar y aplicar diferentes estrategias.

### 68. Contaminación bacteriana de ropa y superficies inanimadas en un hospital de tercer nivel de Medellín, Colombia

Lina María Echeverri, Juan Carlos Cataño.  
Hospital Universitario de San Vicente Fundación. Medellín,  
Colombia. linamariae@hotmail.com

**Introducción y objetivo.** Las bacterias resistentes a los antibióticos están implicadas en una gran cantidad de infecciones hospitalarias. Aunque la mayor parte de los esfuerzos de la comunidad hospitalaria para disminuir dichas infecciones se han enfocado en la higiene de manos, existen otras posibles fuentes de infección que siguen siendo tema de debate. Para el presente estudio se seleccionaron algunas superficies inanimadas que están en contacto continuo con los pacientes y médicos, como posible fuente de reservorios bacterianos, a saber: teclados de computadores, cortinas de las habitaciones, objetos personales de los trabajadores de la salud como corbatas, batas blancas y celulares, con el objetivo de evaluar su tasa de contaminación y su relación como reservorios de patógenos. Se identificaron las bacterias y sus perfiles de resistencia a los antibióticos, con el fin de buscar nuevas estrategias para reducir las infecciones hospitalarias.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio de corte transversal en un hospital universitario de tercer nivel de Medellín que cuenta con 650 camas de hospitalización. Se hicieron cultivos de forma aleatoria de 30 teclados de computadores, 32 cortinas, 40 celulares, 35 batas blancas y 22 corbatas.

**Resultados.** Se obtuvieron 235 aislamientos bacterianos a partir de 159 superficies cultivadas. En el 98,7 % de las superficies se obtuvo crecimiento de bacterias potencialmente patógenas como *Enterococcus faecium* resistente a la vancomicina y *Staphylococcus aureus* resistente a la metilina; se obtuvo crecimiento bacteriano en 56,4% de teclados, 79,6 % de cortinas, 88 % de los celulares, 75 % de batas y 66,6% de las corbatas.

**Conclusiones.** Una importante proporción de las superficies inanimadas estudiadas estaba contaminada con bacterias potencialmente patógenas, posibles causantes de infecciones hospitalarias; por lo tanto, consideramos relevante reforzar la importancia de la higiene hospitalaria para evitar la transmisión cruzada de bacterias. Se requieren más investigaciones que permitan evaluar estrategias para reducir el riesgo de la transmisión de patógenos a partir de superficies contaminadas. Financiación: Hospital Universitario de San Vicente Fundación, Medellín

### 69. Caracterización clínica y microbiológica de los pacientes con infecciones asociadas a la atención y el cuidado en unidades de cuidados intensivos de un hospital de tercer nivel de atención de Cali

Luisa Fernanda Ospina, Ernesto Martínez Buitrago, Christian José Pallares.  
Hospital Universitario del Valle. Cali, Colombia. icako@hotmail.com

**Introducción.** Las infecciones asociadas a la atención y el cuidado en salud tienen gran importancia por su alta morbimortalidad y costos institucionales, razón por la que su descripción es importante para enfocar estrategias de contingencia.

**Objetivo.** Describir las características clínicas y microbiológicas de los pacientes con infecciones asociadas a la atención y el cuidado en salud en unidades de cuidados intensivos en un hospital de tercer nivel de atención.

**Materiales y métodos.** De enero a junio de 2011 se observaron 189 pacientes con diagnóstico de infección, según los criterios sugeridos por el sistema de vigilancia hospitalaria de *Clinical Disease Control*. Se estudiaron variables sociodemográficas, clínicas y microbiológicas. Se usaron proporciones para describir cada variable.

**Resultados.** La mayor proporción por grupo de edad fue de los mayores de 70 años (27,4 %). Las infecciones más comunes fueron del torrente sanguíneo con catéter vascular (30 %), tracto urinario con sonda vesical (24 %) y neumonía asociada a la respiración mecánica asistida (22 %); la mortalidad fue de 54 %. El 79 % de los aislamientos asociados a las infecciones eran Gram negativos, de los cuales, 12,5 % eran productores de betalactamasas de espectro extendido; 8% eran resistentes a los carbapenémicos.

**Conclusiones.** Es importante caracterizar las infecciones asociadas a la atención en salud para así encaminar las estrategias de control de las infecciones, reducir la resistencia bacteriana y disminuir la mortalidad en estos pacientes.

### 70. Caracterización de los pacientes adultos con infección asociada a la atención en salud en una institución de tercer nivel de atención en el periodo de enero a diciembre de 2010 en Cali, Colombia

Anyi Lorieth Molina, Sandra Liliana Ossa, Elsa Yasmin Vente, Ernesto Martínez Buitrago, Christian José Pallares.  
Hospital Universitario del Valle. Cali, Colombia. icako@hotmail.com

**Introducción.** Las infecciones hospitalarias son un problema en la prestación de servicios de salud porque aumentan la morbilidad y la mortalidad. Según las estadísticas de la Organización Mundial de la Salud, el 8,7 % de los pacientes en una institución presentan infecciones intrahospitalarias. Las más frecuentes son las de la herida quirúrgica, las del tracto urinario asociadas a sonda vesical, las de las vías respiratorias inferiores y las asociadas al uso de catéteres.

**Objetivo.** Describir las características epidemiológicas del adulto con infección asociada a la atención en salud, hospitalizado en una institución de tercer nivel de atención en el periodo de enero a diciembre de 2010.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo retrospectivo. Se incluyeron 271 pacientes mayores de 18 años con infección asociada a la atención en salud según los criterios del sistema de vigilancia hospitalaria sugeridos por el *Clinical Disease Control*. Se excluyeron pacientes con historia clínica incompleta o infecciones provenientes de otra institución. Se evaluaron variables sociodemográficas y microbiológicas y el uso de dispositivos. Se usaron promedios y medidas de dispersión para las variables continuas y proporciones para las variables categóricas.

**Resultados.** El promedio de edad de los pacientes fue de 46 años. El 39 % eran mujeres y el 61 %, hombres. Las infecciones más frecuentes fueron de herida quirúrgica (14,8 %), infección del tracto urinario asociada a la sonda vesical (13,4 %) y neumonía (11,1 %). El 37 % de las infecciones asociadas a dispositivo fueron por respirador, 34 % por sonda vesical y 28 % por catéter venoso. Los microorganismos aislados más prevalentes fueron *Escherichia coli* (33,7 %), *Candida* spp. (19,6 %) y *Klebsiella pneumoniae* (15,8 %). El 42 % de todos los aislamientos presentaba algún grado de resistencia a antibióticos.

**Conclusiones.** La caracterización de los pacientes con infecciones intrahospitalarias permite identificar oportunidades específicas de mejora para hacer intervenciones puntuales que reduzcan el riesgo de infección.

### 71. Consumo de antibióticos en un hospital de alta complejidad de Bogotá entre 2001 y 2011

Andrés Fernando Meneses, Sandra Liliana Valderrama, Carlos Hernando Gómez, José Roberto Támara, Claudia Linares Miranda, Juan Carlos López, Oscar Córdoba, Carlos Arturo Álvarez.  
Hospital Universitario San Ignacio. Bogotá, Colombia. afmenesesr@gmail.com

**Introducción y objetivo.** El consumo intrahospitalario de antibióticos se encuentra asociado con la aparición de resistencia bacteriana; por esta razón, se hace fundamental hacer el seguimiento del consumo a nivel institucional y evaluar sus variaciones a lo largo del tiempo. El objetivo de este trabajo fue describir el comportamiento del consumo de antimicrobianos en el Hospital Universitario San Ignacio, entre 2001 y 2011.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo, retrospectivo, del consumo de los principales antimicrobianos de uso parenteral inductores de resistencia (13 antibióticos) en los servicios de hospitalización del Hospital Universitario San Ignacio, entre 2001 a 2011. El consumo de antibióticos se midió en dosis diarias definidas por 100 días cama (DDD por 100 días cama) (OMS). La información se obtuvo del servicio de farmacia y estadística de la institución.

**Resultados.** El consumo global de antimicrobianos entre 2001 y 2011 fue de 63,8 DDD por 100 días cama, con un aumento a lo largo del tiempo (38,8 en 2001 y 75,7 en 2011). El consumo fue: decarbenémicos, 3,9 DDD por 100 días cama (1,6 en 2001 y 7,1 en 2011); de cefalosporinas, 10,3 DDD por 100 días cama (8,0 en 2001 y 10,3 en 2011); de betalactámicos más inhibidor de beta lactamasa, 25,1 DDD por 100 días cama (8,4 en 2001 y 35,2 en 2011); de vancomicina, 2,8 DDD por 100 días cama (1,5 en 2001 y 4,0 en 2011); de oxacilina, 10,5 DDD por 100 días cama (4,6 en 2002 y 12,1 en 2011); de ciprofloxacina, 5,4 DDD por 100 días cama (8,8 en 2001 y 2,6 en 2011); de clindamicina 4,8 DDD por 100 días cama (8,2 en 2001 y 4,0 en 2011); y de amikacina, 0,9 DDD por 100 días cama (2,3 en 2001 y 0,3 en 2011).

**Conclusiones.** Los betalactámicos más inhibidor de betalactamasa son la principal prescripción en el Hospital Universitario San Ignacio, en concordancia con las guías institucionales de manejo. Con la estrategia de racionalización del uso de antibióticos se ha logrado la disminución del consumo de algunas moléculas altamente inductoras de resistencia, como las quinolonas, en tanto que no ha sido posible con otras, como los carbapenémicos; esto se explica por los cambios en la microbiología local con la aparición de gérmenes con resistencia múltiple.

### 72. Riesgo de infección del sitio operatorio a partir del cálculo de las tasas de infección quirúrgica por procedimiento quirúrgico, años 2009 a 2011, según metodología NHSN, Clínica Palermo

María del Pilar Torres, Otto Alberto Sussmann, Guillermo Hunter Cuartas, Hna Flor Gladys Suarez.  
Clínica Palermo. Bogotá, Colombia. mpilartor@gmail.com

**Introducción.** La infección del sitio operatorio se constituye en una de las primeras causas de infección asociada a la atención en salud con riesgos de morbilidad, mortalidad y costos mayores.

**Objetivo.** Evaluar el riesgo quirúrgico de los pacientes intervenidos en la Clínica Palermo, utilizando la metodología de la *National Healthcare Safety Network*(NHSN).

**Materiales y métodos.** Se trata de un estudio descriptivo. A partir del diseño de un reporte en el sistema de información institucional, se recolectaron las variables: nombre del procedimiento quirúrgico, riesgo anestésico (ASA), tiempo quirúrgico y clasificación de la herida; aplicando la estrategia de vigilancia del riesgo para infección del sitio operatorio del NHSN, se obtuvieron las tasas de infección por procedimiento quirúrgico de los años 2009 a 2011 de los procedimientos con mayor prevalencia de infección del sitio operatorio, a partir de los cuales se construyeron los percentiles y se evaluó el riesgo de los pacientes atendidos en la Clínica Palermo. Para controlar la calidad del registro, se revisó la variable de clasificación de la herida revisándola según los criterios establecidos; se excluyeron los registros con datos incompletos.

**Resultados.** Se recolectaron 65.302 registros, de los cuales se excluyeron, aproximadamente, entre 10 y 15 % en cada uno de los procedimientos

evaluados por fallas en el registro o por falta de registro de alguna de las variables requeridas. Se pudo evidenciar que en las apendicectomías los pacientes con riesgo NHSN 1 presentaban un riesgo desde 1,24 para el percentil 25 hasta 2,05 en el percentil 90; en reemplazo total de cadera en riesgo NHSN 1, el riesgo está entre 1,85 y 2,20, observándose en varios casos que no se presentaban episodios de infección asociada a la atención en salud en pacientes con riesgo NHSN 2 o 3.

**Conclusiones.** El estudio permitió evaluar el riesgo de infección del sitio operatorio en una institución privada de III nivel. Se evidenció una mayor probabilidad de infección del sitio quirúrgico en pacientes con menor riesgo NHSN.

### 73. Diagnóstico de la situación de los sistemas de vigilancia epidemiológica en infecciones asociadas a la atención en salud en IPS de nivel III del Valle del Cauca, Red de Vigilancia de Eventos Nosocomiales del Valle

Ernesto Martínez Buitrago, María Virginia Villegas, Crisithian Hernández Gómez, Robinson Pacheco López, Stella Murillo.  
RENOVA, Secretaria de Salud Cali, Secretaria de Salud Valle del Cauca. Cali, Colombia. renova\_cali@hotmail.com

**Introducción y objetivo.** Las infecciones asociadas a la atención en salud constituyen un importante problema de salud pública en el ámbito mundial. Los sistemas de vigilancia epidemiológica en este tipo de infecciones deben ser coherentes con los lineamientos nacionales e internacionales, priorizando la trazabilidad y oportunidad del sistema enfocado en estrategias de promoción de prácticas seguras, prevención y control de infecciones asociadas a la atención en salud. El objetivo de este estudio fue hacer un diagnóstico de los comités de infecciones de clínicas y hospitales de nivel III del Valle del Cauca.

**Materiales y métodos.** La alianza entre las Secretarías de Salud del Valle del Cauca, SSM Cali y RENOVA, implementó la encuesta para el diagnóstico de la situación de los programas de prevención y control de las infecciones asociadas a la atención en salud, adaptada de la guía rápida de evaluación de los programas de infecciones asociadas a la atención en salud de la OPS en 16 IPS de nivel III del departamento del Valle del Cauca.

**Resultados.** El 100 % de los comités de infecciones de las IPS caracterizadas depende de altos niveles gerenciales de la institución, el 75 % presenta planes de seguimiento y retroalimentación con el personal, y el 60 % de las IPS presenta planes actualizados y cumple con los lineamientos de las sociedades científicas en sistemas de vigilancia epidemiológica, mientras que el 80 % de las IPS tiene estrategias de comunicación con el laboratorio de microbiología y los servicios farmacéuticos, mientras que todas las IPS reconocen la necesidad de acompañamiento mediante comités de expertos que permitan el fortalecimiento interinstitucional.

**Conclusiones.** La mayoría de las IPS de nivel III del Valle del Cauca presenta procesos encaminados al control de las infecciones asociadas a la atención en salud basados en modelos de vigilancia de casos, que requieren hacer énfasis en la actualización técnica de protocolos, estrategias de implementación y socialización, además del fortalecimiento de prácticas seguras en prevención y control de dichas infecciones enmarcado en la política nacional de seguridad del paciente.

### 74. Factores de riesgo para infección o colonización por *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos en un hospital universitario de tercer nivel, Bogotá, 2009-2010

Claudia Linares Miranda, Carlos Hernando Gómez, Carlos Arturo Álvarez, Aura Lucía Leal, Fabian Gil, Judy Puerta, Sandra Liliana Valderrama.  
Unidad de Infectología, Hospital Universitario San Ignacio. Bogotá, Colombia. cylv25@yahoo.com, cjlinares@husi.org.co

**Introducción y objetivo.** La prevalencia de infecciones intrahospitalarias por *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos se ha incrementado en la población hospitalizada, y constituye un problema de gran magnitud por su alta morbilidad y mortalidad.

El objetivo de este estudio fue identificar los factores de riesgo asociados a infección o colonización por *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos en pacientes hospitalizados.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio de casos y controles pareado por tipo de muestra microbiológica de enero 2009 a abril 2011 (1:2). Los casos fueron los pacientes con diagnóstico de infección o colonización por *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos, y los controles, los pacientes hospitalizados en el mismo periodo de los casos con infección o colonización por *K. pneumoniae* sensible a carbapenémicos. La muestra fue de 99 pacientes, 33 casos y 66 controles.

**Resultados.** Se confirmó la presencia de un brote de infección por *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos de tipo KPC3. El análisis bivariado demostró factores de riesgo asociados al uso previo de antibióticos ( $p=0,004$ ), particularmente cefepima ( $p=0,021$ ) y carbapenémicos ( $p=0,019$ ), los días de asistencia respiratoria mecánica ( $p=0,003$ ), los días de uso de catéter central ( $p=0,016$ ), los días de estancia en la unidad de cuidados intensivos antes del aislamiento ( $p=0,003$ ) y el tiempo de estancia hospitalaria total antes del aislamiento ( $p=0,001$ ); en el análisis multivariado se encontró una asociación significativa en el número de días de uso previo de carbapenémicos (OR=2,08; IC<sub>95%</sub> 1,03-4,17;  $p=0,04$ ). Se observó que la mortalidad atribuible fue de 25 % y los días de uso previo de carbapenémicos se relacionaron con la infección por *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos.

**Conclusiones.** El uso de carbapenémicos está asociado con la presencia de *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos; sin embargo, se resalta la importancia de las medidas de control como el aislamiento y el lavado de manos para contener el brote.

#### 75. Detección y control de un brote de *Enterococcus faecium* resistente a la vancomicina en una unidad de cuidados intensivos de adultos, de un hospital universitario de Colombia

Claudia Linares Miranda, David Leonardo Mantilla, Ivan Riaño, Carlos Hernando Gómez, Sandra Liliana Valderrama, Beatriz Ariza, Jinnethe Cristina Reyes, Carlos Arturo Álvarez.  
Unidad de Infectología, Hospital Universitario San Ignacio, Bogotá, Colombia. [cjlinares@husi.org.co](mailto:cjlinares@husi.org.co)

**Introducción y objetivo.** Los enterococos han emergido como un problema de salud pública en las últimas décadas, generando alarmantes porcentajes de letalidad y dificultades terapéuticas. El objetivo de este estudio fue describir un brote de *Enterococcus faecium* resistente a vancomicina en la unidad de cuidados intensivos de adultos.

**Materiales y métodos.** La unidad de cuidados intensivos de adultos está compuesta por 32 camas distribuidas en sala cardiovascular, respiratoria y general, en un hospital universitario de tercer nivel de atención con 356 camas. Entre marzo y abril de 2011, en el hospital se identificaron seis casos de aislamientos por *E. faecium* resistente a la vancomicina, mediante el análisis de los perfiles fenotípicos de resistencia en el programa Whonet 5.6®.

**Resultados.** Los pacientes se encontraban entre las edades de 34 y 76 años, cinco casos de sexo masculino (83,3 %) y uno femenino (16,6 %); en tres casos la muestra analizada fue de sangre y en los tres casos restantes hubo aislamiento de *E. faecium* en la secreción del mediastino, trombo arterial y hueso. Todos los pacientes habían recibido tratamiento antibiótico antes del aislamiento, resaltándose que cinco usaron previamente vancomicina; además, todos los pacientes presentaban un antecedente quirúrgico previo al aislamiento y en todos se confirmó la presencia del gen de resistencia para la vancomicina, vanA (banda de 732 pb).

**Conclusiones.** Se estableció una estrategia para contener el brote mediante una búsqueda activa (cultivos en las habitaciones de los casos, cultivos de hisopos rectales semanalmente para todos los pacientes de la unidad de cuidados intensivos de adultos), optimización de los procesos de desinfección del entorno hospitalario, lavado de manos y medidas de aislamiento, reeducación y entrenamiento del personal asistencial. La suma de las medidas implementadas permitió contener el brote por *E. faecium* resistente a la vancomicina. Se hace necesario buscar estrategias adicionales para mantener el cumplimiento de las estrategias implementadas a largo plazo.

#### 76. Caracterización clínica y molecular de un brote de infección por *Acinetobacter baumani* en una unidad de cuidados intensivos de Sincelejo, Colombia

Willmer Ernesto Villamil, Pedro Martínez, Luis Enrique Dajud, Iveth Vilaro, Carlos Gaviria Ramos, Carlos Villareal Isac.  
Hospital Universitario de Sincelejo, Universidad de Córdoba, Instituto De Investigación de Biología y Enfermedades Tropicales. Sincelejo, Colombia. [willamil07@gmail.com](mailto:willamil07@gmail.com)

**Objetivo.** Caracterizar un brote de infección por *Acinetobacter baumannii* en la unidad de cuidados intensivos del hospital universitario de Sincelejo, determinar los factores asociados y hacer la caracterización molecular.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio de casos y controles anidado en una corte de pacientes críticos entre abril de 2011 y mayo 2011. Los criterios de inclusión fueron haber estado hospitalizado en la unidad de cuidados intensivos en el mismo periodo y haber sido sometido a procedimientos invasivos; se excluyeron los pacientes que fallecieron en las primeras 24 horas que habían sido remitidos de otras instituciones. Se evaluó la edad, el sexo, los antecedentes de enfermedades crónicas, los procedimientos quirúrgicos, el tiempo de exposición y la estancia hospitalaria. La investigación epidemiológica de los aislamientos incluyó la tipificación molecular por electroforesis en gel de campo pulsado.

**Resultados.** Los seis aislamientos fueron resistentes a carbapenems, y portaban los genes *blaOXA-23* y *blaOXA-51*. La PFGE mostró un único perfil en los seis aislamientos. Se encontró asociación estadísticamente significativa entre la infección por *A. baumannii* y antecedentes de cirugía mayor ( $p=0,006$ ), la estancia total fue de 41 días (DE=51) ( $p=0,04$ ), y los días de infección asociada a la atención en salud, 40,7 (DE=53,5) ( $p=0,01$ ).

**Conclusiones.** La infección por *A. baumannii* se asoció a un mayor índice de cirugía mayor, estancia total y al número de días de infección asociada a la atención en salud del paciente. Los aislamientos se encontraron relacionados genéticamente.

#### VIRUS DE LA INMUNODEFICIENCIA HUMANA

##### 77. Expresión de la proteína NS5A del GBV-C en un sistema Tet-Off para la evaluación del efecto sobre la replicación del virus de la inmunodeficiencia humana de tipo 1

Johanna Carolina Arroyave, Marta Ospina, Flor Helene Pujol, Héctor Rangel, María Cristina Navas, Fabián Mauricio Cortés.  
Instituto Tecnológico Metropolitano (ITM), Institución Universitaria adscrita a la Alcaldía de Medellín- Grupo SINERGIA Laboratorio Departamental de Salud Pública de Antioquia. Laboratorio de Virología Molecular, Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas (IVIC). Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. [fabiancortes@itm.edu.co](mailto:fabiancortes@itm.edu.co)

**Introducción y objetivos.** El virus GB tipo C pertenece a la familia Flaviviridae; a la fecha no se ha establecido su papel patógeno en humanos. Sin embargo, los estudios *in vitro* han aportado evidencia de la inhibición de la replicación del VIH-1 por el GBV-C, en parte por un efecto inmunomodulador mediado por la proteína NS5A, aunque se sugiere la existencia de un mecanismo adicional. Se pretendió evaluar en un modelo *in vitro* la existencia de un mecanismo directo de inhibición mediado por la proteína NS5A.

**Materiales y métodos.** Se analizaron mediante RT-PCR y secuenciación de un segmento de la región NS5A-NS5B, 25 sueros pertenecientes a individuos infectados por el VIH, remitidos al Laboratorio Departamental de Salud Pública, Seccional Antioquia. Con base en las secuencias, se diseñaron nuevos grupos de iniciadores para clonar la región codificadora de NS5A en el vector pJET1.2. Para la evaluación del efecto sobre la replicación del VIH-1 y la localización subcelular de NS5A, se utilizaron los vectores pTRE-Tight y pTRE-Tight-DsRed2, respectivamente. Se generó una línea celular estable para evaluar el efecto inhibitorio, mediante la transfección secuencial de pTet-Off y pTRE-Tight/NS5A. La replicación del VIH-1 se evaluó mediante la cuantificación de los títulos de p24 en presencia y en ausencia de tetraciclina.

**Resultados.** La amplificación de NS5A-NS5B se pudo llevar a cabo en 12 muestras; la secuenciación de los amplicones permitió confirmar la presencia del GBV-C en los casos (frecuencia de infección simultánea de 48%). Al evaluar los iniciadores diseñados, se logró estandarizar una RT-PCR para amplificar la secuencia completa de la NS5A del GBV-C, lo que permite la generación de los constructos en los vectores antes mencionados.

**Conclusiones.** Se confirma por primera vez en Colombia la infección por GBV-C en individuos infectados por el VIH. Se describe un nuevo modelo experimental tendiente a evaluar el efecto directo de NS5A sobre la replicación del VIH-1. Este proyecto fue financiado por el Instituto Tecnológico Metropolitano, proyecto P10243.

#### 78. Análisis de secuencias del virus GB-C aislado de individuos infectados por el virus de la inmunodeficiencia humana de tipo 1

Johanna Carolina Arroyave, Marta Ospina, Flor Helene Pujol, Héctor Rangel, María Cristina Navas, Fabián Mauricio Cortés. *Instituto Tecnológico Metropolitano (ITM), Institución Universitaria adscrita a la Alcaldía de Medellín- Grupo SINERGIA Laboratorio Departamental de Salud Pública de Antioquia. Laboratorio de Virología Molecular, Instituto Venezolano de Investigaciones Científicas (IVIC). Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. fabiancortes@itm.edu.co*

**Introducción.** El virus GB-C (GBV-C) es frecuente en pacientes que han recibido múltiples transfusiones, usuarios de drogas endovenosas y seropositivos para VIH. El GBV-C es miembro de la familia Flaviviridae, con transmisión parenteral, y no se ha demostrado su potencial patógeno; por el contrario, los estudios recientes lo reconocen como un factor protector de la progresión a sida. Se han descrito siete genotipos, sin embargo, en Colombia no se ha reportado su distribución, ni el estado de infección simultánea en individuos infectados por el VIH.

**Materiales y métodos.** Se analizó el suero de individuos con infección por VIH, cuyas muestras fueron remitidas al Laboratorio Departamental de Salud Pública (Seccional Antioquia) entre febrero y agosto de 2011. Se extrajo el ARN total y se amplificó por RT-PCR de la región no codificante 5' (5'UTR) y de la secuencia que codifica las proteínas NS5A-NS5B. Se secuenciaron los productos de la PCR. Se realizaron análisis bioinformáticos con el fin de confirmar el estado de coinfección, el genotipo infectante, las sustituciones y la recombinación.

**Resultados.** De 25 muestras obtenidas, 12 fueron positivas para ambos protocolos. En todos los casos, la secuenciación confirmó la infección por GBV-C en los pacientes con VIH. Al determinar la filogenia de

los aislamientos (5'UTR) con prototipos del GenBank, siete correspondían al genotipo 2a y cinco al genotipo 3 de GBV-C; ambos genotipos han sido reportados en Latinoamérica. Las secuencias NS5A-B no se correlacionaron con la distribución geográfica de los genotipos. Se discute el posible efecto de los eventos de recombinación en este segmento genómico.

**Conclusiones.** Los genotipos 2a y 3 del GBV fueron prevalentes en la población de estudio. Este es el primer reporte en Colombia de la caracterización molecular de aislamientos del GBV-C en individuos infectados por VIH. El análisis de las secuencias 5'UTR concordó con la distribución geográfica del GBV-C en Latinoamérica pero no las de NS5A-B. Este proyecto fue financiado por el Instituto Tecnológico Metropolitano, proyecto P10243.

#### 79. Frecuencia de mutaciones en epítomos de T CD8+ de VIH-1 presentados por alelos HLA de clase I frecuentes en Colombia

Liliana Yazmín Acevedo, Patricia Olaya García, Paula Andrea Velilla, María Teresa Rugeles, Francisco Javier Díaz. *Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. Centro de Análisis Molecular. Bogotá, Colombia. franciscodiaz314@gmail.com*

**Introducción y objetivo.** Los linfocitos T CD8+ juegan un papel central en el control de la replicación del virus de la inmunodeficiencia humana (VIH). El virus, por su parte, presenta una alta variabilidad genética que le permite evadir la respuesta inmune y el tratamiento antirretroviral. Como exploración inicial de la frecuencia de virus mutantes, presumiblemente asociados con escape inmune en Colombia, determinamos el porcentaje de individuos infectados por VIH con mutaciones en los epítomos de la proteasa y de la transcriptasa inversa, restringidos a algunos de los alelos HLA-I prevalentes en el país.

**Materiales y métodos.** En 626 secuencias de la proteasa y parte de la transcriptasa inversa de aislamientos colombianos, se identificaron las mutaciones presentes en los epítomos asociados a las moléculas HLA-A\*03, -B\*18, -B\*07, -B\*35, -B\*44 y -B\*51 y se clasificaron como seleccionadas por la presión inmune o por la terapia antirretroviral.

**Resultados.** La mayor frecuencia de mutantes se observó en los péptidos EW9 (58,40 %) y TI8 (51,12 %), mientras que para el epítopo AK9 se observó un mayor porcentaje de secuencias no mutadas (90,99 %). En el caso de los demás epítomos, las frecuencias de mutantes fueron de 23,24 % para NY10, 26,17 % para SM9 y 34,03 % para NY9. Se encontraron más mutaciones asociadas a terapia antirretroviral que a evasión inmune.

**Conclusiones.** Existe alta frecuencia de mutantes en varios epítomos T CD8+, las cuales se han asociado con evasión de la respuesta inmune. Algunas mutaciones inducidas por la terapia antirretroviral podrían tener un efecto en la unión del epítopo a la molécula HLA-I o al reconocimiento de este por la transcriptasa inversa del LT CD8+.

#### 80. Prevalencia del virus de la inmunodeficiencia humana-sida en personas atendidas en una IPS de Medellín, 2006-2012

Claudia Marcela Alvarez, Jaiberth Antonio Cardona, Gildardo Gil Ruiz. *Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín, Colombia. claudiam.alvarez@ucc.edu.co*

**Introducción.** El virus de la inmunodeficiencia humana-sida es un problema de salud pública; en nuestro medio son pocos los estudios que reportan la prevalencia y la asociación con aspectos demográficos.

**Objetivo.** Determinar la prevalencia de infección por VIH/sida y su asociación con factores demográficos en una población atendida en una IPS de Medellín entre 2006 y 2012.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo transversal. Se incluyó la totalidad de personas que se practicaron pruebas presuntivas para la infección entre junio de 2006 y febrero de 2012, con confirmación por Western blot, 6.250 en total. Para la descripción de la población y el cálculo de la prevalencia se emplearon medidas de resumen y proporciones; para explorar las asociaciones de la infección con los factores demográficos se empleó la prueba H de Kruskal Wallis y U de Mann Whitney. Se calculó la razón de prevalencia para la infección entre hombres y mujeres.

**Resultados.** La edad promedio fue de 27 años con rango entre 0 y 94 años, 69 % correspondió a mujeres, 6,2 % fue positivo en la prueba tamiz y, según la prueba confirmatoria, la prevalencia de la infección fue de 1,7 %, lo que equivale a una prevalencia anual aproximada de 0,3 %. Se hallaron asociaciones estadísticas con sexo y edad, y la mayor prevalencia fue en hombres con 59 % (razón de prevalencias=1,59; IC<sub>95%</sub> 1,2 a 2,1).

**Conclusiones.** La prevalencia hallada es significativamente mayor a la registrada en el departamento de Antioquia; la razón de prevalencias evidencia que el índice de infección hombre/mujer es menor al de otras poblaciones, lo que refleja la feminización de la infección en nuestro medio.

### 81. Evaluación de propiedades psicométricas de instrumentos de calidad de vida relacionada con la salud de personas con el virus de la inmunodeficiencia humana-sida

Jaiberth Antonio Cardona.  
Universidad de Antioquia, Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín, Colombia. jaiberthcardona@gmail.com

**Introducción.** En Colombia no existen estudios que valoren algunas propiedades psicométricas de los instrumentos genéricos y específicos para medir la calidad de vida relacionada con la salud de personas con el virus de la inmunodeficiencia humana-sida.

**Objetivo.** Analizar algunas propiedades psicométricas de tres instrumentos de la calidad da vida relacionada con la salud de personas con VIH/sida.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio transversal de 180 personas con VIH/sida de Medellín. Se abordó la calidad de vida relacionada con la salud según las dimensiones de dos instrumentos genéricos, el MOS-SF36 (*Medical Outcome Study Short Form-36*) y WHOQOL-BREF (*World Health Organization Quality of Life*, versión resumida) y uno específico para personas con VIH, el WHOQOL-IHV-BREF. Para cada instrumento se evaluó la fiabilidad con alfa de Cronbach, la consistencia interna y la validez discriminante con coeficientes de correlación de Pearson y la validez convergente-divergente con la correlación entre los dominios de los instrumentos.

**Resultados.** El MOSSF-36 presentó excelente desempeño psicométrico en sus ocho dominios. El WHOQOL-BREF presentó un perfil psicométrico excelente en los constructos de salud física, ambiente y relaciones sociales, y bueno para salud psicológica. El WHOQOL-IHV-BREF presentó excelente psicometría en relaciones sociales, ambiente, espiritualidad e independencia, y bueno para salud física y psicológica. Las correlaciones entre los dominios de los diferentes instrumentos fueron superiores a 0,4.

**Conclusiones.** La fiabilidad, la consistencia interna, la validez discriminante y la validez convergente-divergente halladas, evidencian que en Colombia se dispone de un buen grupo de instrumentos para evaluar la calidad da vida relacionada con la salud de las personas con VIH/sida, lo que es útil para evaluar la prestación de servicios de salud, mejorar los modelos de atención en salud, optimizar la toma de decisiones médicas, orientar acciones de salud pública y mejorar el cumplimiento del tratamiento.

### 82. Caracterización retrospectiva de parámetros inmunológicos, virológicos y clínicos de una cohorte de individuos positivos para el virus de la inmunodeficiencia humana sin terapia antirretroviral

Edwin Andres Higueta, Fabián Alberto Jaimes, Claudia Patricia Velásquez, María Teresa Rugeles, Carlos Julio Montoya.  
Universidad de Antioquia. Medellín Colombia. andreshiguitad@gmail.com

**Introducción.** Los infectados por el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) exhiben una evolución clínica y de laboratorio muy variable. Diferentes factores se han asociado con menor velocidad de progresión, como la presencia heterocigota de la mutación CCR5-Δ32 (Δ32/WT); otros infectados controlan espontáneamente la replicación del VIH y tienen mejor patrón de progresión.

**Objetivo.** Definir parámetros inmunológicos, virológicos y clínicos en una cohorte de adultos infectados por VIH, sin terapia antirretroviral (HAART), seguidos por un año, y compararlos según el nivel de replicación viral y genotipo CCR5-Δ32.

**Materiales y métodos.** Se genotipificaron 112 pacientes para la mutación CCR5-Δ32; el recuento de células T CD4+, los marcadores de activación inmunitaria HLA-DR y CD38, la carga y el tropismo viral, se determinaron a los 0, 6 y 12 meses de seguimiento. Además, cada mes se hizo valoración clínica.

**Resultados.** El 11,6 % de los pacientes se comportó como controladores virales (<2.000 copias/ml), y ninguno de ellos tenía genotipo CCR5-Δ32; estos controladores tenían un aumento significativo del porcentaje y recuento de células T CD4+ (p=0,002 y 0,02, respectivamente) frente a los no controladores, pero no existió diferencia en los marcadores de activación inmunitaria. Otro 11,6 % de los pacientes tenía genotipo Δ32/WT, y el resto, genotipo silvestre (WT/WT). Durante el seguimiento, los individuos WT/WT que no eran controladores, presentaron un incremento significativo de la carga viral y una disminución de los linfocitos T CD4+ (p<0,05 para ambos). No se observó diferencia en la frecuencia de cepas X4 del VIH entre los individuos controladores, Δ32/WT y WT/WT. Tampoco se presentaron enfermedades definitorias de sida pero, al final del seguimiento, 25,9 % de los pacientes WT/WT tenía criterios inmunológicos para iniciar terapia HAART, lo que no se observó en los Δ32/WT ni en controladores.

**Conclusiones.** La genotipificación CCR5-Δ32 y un seguimiento virológico regular permiten detectar pacientes con infección por VIH con evolución estable y sin indicación para iniciar terapia HAART.

### 83. Efectividad y seguridad de un programa de atención integral especializada ambulatoria, Cali, Colombia, 2011

Ximena Galindo-Orrego, Héctor Fabio Mueses-Marín, Inés Constanza Tello-Bolívar, Jaime Galindo-Quintero  
Corporación de Lucha Contra el Sida. Cali, Colombia. centroinvestiga.clsida@hotmail.com

**Introducción.** En Colombia se dispone de poca evidencia sobre la efectividad y seguridad de los programas integrales de salud para la atención de personas positivas para VIH. El presente estudio describe los resultados de un programa de este tipo para pacientes del suroccidente colombiano.

**Materiales y métodos.** Se evaluó al corte del 31 de diciembre de 2011, los resultados de efectividad y seguridad de los pacientes que se encontraban bajo atención integral (constituida por atención médica especializada, asesoría integral por trabajo social, enfermería, psicología, química farmacéutica y terapia asistida, servicio farmacéutico y laboratorio clínico) en la institución. La información se obtuvo, bajo consentimiento informado, de los registros clínicos de 1.010 pacientes. Se evaluaron las características sociodemográficas y las condicio-

nes relacionadas con el VIH/sida. Los análisis estadísticos se hicieron en SPSS®, versión 17.

**Resultados.** La edad promedio fue de 41±10,8 años (hombres: 41,5; mujeres: 39,6). El 74 % eran hombres; 59 % procedían de Cali. El 62 % tenía enfermedad avanzada al diagnóstico, más notorio en hombres que en mujeres (65 % Vs. 53 %;  $p < 0,001$ ). La mayoría (58 %) llevaba más de 3 años de tratamiento, y con medicamentos de primera línea, el 77 %. El 86 % con estado actual de salud bueno o excelente (con CD4 > 200-350 células/mm<sup>3</sup>, 22 %; > 350-500: 24 %; > 500, 40 %) y 71 % con carga viral actual menor de 40 copias, sin diferencias por sexo ni edad para estas mediciones. Hubo baja frecuencia (<5 %) de necesidad de estudios genotípicos por falla virológica, y el factor protector porcentual de población frente a hospitalizaciones fue del 100 %. Se observaron mejores resultados en los pacientes con más de un año bajo atención integral con antirretrovirales y en quienes lo iniciaron sin enfermedad avanzada.

**Conclusiones.** El programa de atención integral de la institución es altamente efectivo y seguro, en términos de supresión viral máxima, reconstitución inmunológica, bienestar físico y emocional, cumplimiento del tratamiento, y ausencia casi total de adversidades clínicas. Financiación: 100 % de la Corporación de Lucha contra el Sida

#### 84. Efectividad de la terapia antirretroviral en una cohorte de pacientes con diagnóstico de infección por el virus de la inmunodeficiencia humana en el Hospital Universitario San Ignacio, Bogotá, Colombia

Carlos Arturo Álvarez, José Roberto Támara, Sandra Liliana Valderrama, Carlos Hernando Gómez, David Leonardo Mantilla, María Clara Castro, Diana Marcela Pinzón, Ellen Lowenstein de Mendivelson.

Unidad de Infectología, Hospital Universitario San Ignacio, Bogotá, Colombia. [Calvarem@gmail.com](mailto:Calvarem@gmail.com)

**Introducción y objetivo.** La atención integral de las personas infectadas con el virus de inmunodeficiencia humana (VIH) se debe reflejar en el control virológico asociado a la terapia antirretroviral. El objetivo de este estudio fue evaluar el impacto en el control virológico del modelo de atención integral basado en las guías nacionales de VIH/sida.

**Materiales y métodos.** Mediante una cohorte retrospectiva se realizó un análisis descriptivo de los pacientes que fueron atendidos en un hospital universitario en el periodo comprendido entre enero de 2008 y diciembre de 2011. Se incluyeron variables epidemiológicas y las relacionadas con la efectividad de la terapia antirretroviral como tipo de esquema, cumplimiento del tratamiento, carga viral, recuento de células CD4 por  $\mu\text{l}$  y estadio de la infección VIH/sida, entre otras.

**Resultados.** Se incluyeron 1.438 pacientes, de los cuales, 78,8 % eran hombres y con un porcentaje de tendencia homosexual del 58,4 %; el principal mecanismo de transmisión descrito fue la vía sexual (99,6 %). Al ingreso (54,8%) se encontraban con sida y, durante el seguimiento, 1.309 (91%) tuvieron indicación para recibir terapia antirretroviral. La efectividad de la terapia antirretroviral, determinada por la carga viral indetectable (<40 copias), se logró en 84,5 % (1.106) de la población con indicación de terapia antirretroviral; en el grupo de pacientes que presentaron fracaso virológico (15,5 %), en 13,8 % se detectó incumplimiento del tratamiento secundario a dificultades económicas, laborales, personales u otras. De los pacientes que recibieron terapia antirretroviral, 82,5 % mantuvieron esquemas de primera línea, con mayor frecuencia 3TC, AZT, EFV (43 %); 12,6 %, de segunda línea con DDI, ABC, Lop/r (6,8 %), y 4,8 % de tercera línea. La mediana del recuento de CD4/ $\mu\text{l}$  al inicio de la cohorte fue de 230 y al final de 405.

**Conclusiones.** El estudio permitió establecer en un amplio grupo de pacientes con infección por VIH, que la atención integral es efectiva no sólo en obtener un éxito virológico e inmunológico sino en mantener un buen cumplimiento en el tiempo.

#### 85. Causas de hospitalización en un programa de atención a pacientes con el virus de la inmunodeficiencia humana-sida

Carlos Arturo Álvarez, Jorge Oswaldo Suárez, Sandra Liliana Valderrama, Ellen Lowenstein de Mendivelson, Carlos Hernando Gómez, José Roberto Támara, Francisco Bernal-Cano. Grupo de Investigación en Enfermedades Infecciosas Hospital Universitario San Ignacio, Bogotá, Colombia. [calvarem@gmail.com](mailto:calvarem@gmail.com)

**Introducción y objetivo.** El tratamiento antirretroviral altamente efectivo (*Highly Active Antiretroviral Therapy*, HAART) ha cambiado la epidemiología del virus de la inmunodeficiencia humana-sida, con un aumento de la supervivencia y una disminución de la progresión de la enfermedad y del número de eventos por infecciones oportunistas. El objetivo de este estudio fue describir las causas de hospitalización en un programa de atención a pacientes con VIH/sida.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo retrospectivo a partir de la base de datos clínicos del periodo de 1997 a 2010. Se buscó el número de egresos hospitalarios.

**Resultados.** Se registraron 976 ingresos; la tasa de hospitalización por año fue de 69,71 ( $IC_{95\%}$  30,22-109,21). Los diagnósticos más frecuentes fueron: enfermedad diarreica aguda, 123 (12,6 %); neumonía, 114 (11,68 %); cefalea, 66 (6,76 %); tuberculosis, 34 (3,48 %); gastroenteritis, 34 (3,48 %); episodios depresivos, 28 (2,86 %); toxoplasmosis, 24 (2,45 %); neumocistosis, 22 (2,25 %); cesárea, 21 (2,15 %); criptococosis, 20 (2,05%); neurosífilis, 14 (1,43 %), y otros, (48,77 %). El total de días de estancia hospitalaria fue de 428.733 (mediana=5, rango: 1 a 199). El porcentaje de pacientes que estaba recibiendo tratamiento antirretroviral fue de 93,64 %.

**Conclusiones.** La prevalencia de hospitalizaciones por infecciones es similar a la de los reportes epidemiológicos locales; sin embargo, la frecuencia de hospitalizaciones por infecciones oportunistas es baja. La infección simultánea por tuberculosis sigue siendo un evento prevalente. Llama la atención la frecuencia de enfermedad neurológica y psiquiátrica.

#### 86. Efectividad de la implementación de indicadores de alerta temprana para la vigilancia de la farmacoresistencia del virus de la inmunodeficiencia humana en un hospital universitario de Colombia

Ellen Lowenstein de Mendivelson, Andrés Fernando Meneses, Jorge Oswaldo Suárez, David Leonardo Mantilla, Bertha Gómez, Carlos Hernando Gómez, Sandra Liliana Valderrama, José Roberto Támara, María Clara Castro, Carlos Arturo Álvarez.

Unidad de Infectología, Hospital Universitario San Ignacio, Bogotá, Colombia. [ellenlowenstein11@gmail.com](mailto:ellenlowenstein11@gmail.com)

**Introducción y objetivo.** La Organización Mundial de la Salud y la Organización Panamericana de la Salud han desarrollado una estrategia global para la prevención y evaluación de la farmacoresistencia en VIH por medio de indicadores para mantener la eficacia de esquemas de terapia antirretroviral. El objetivo de este estudio fue evaluar el impacto de la implementación y seguimiento de 7 indicadores de alerta temprana para la vigilancia de la farmacoresistencia en VIH.

**Materiales y métodos.** Se hizo un análisis descriptivo de una cohorte retrospectiva del periodo comprendido entre enero de 2007 y diciembre de 2009 de pacientes *naïve* que fueron atendidos en un hospital universitario. Se incluyeron 7 de 9 indicadores escogidos para Colombia, dado que 2 indicadores no son seguidos por el hospital.

**Resultados.** Se incluyeron 392 pacientes *naïve* de una muestra de 1.110 pacientes con VIH/sida, de los cuales se obtuvo una efectividad en la prescripción de terapia antirretroviral del 100 %, consejería antes del inicio de la terapia antirretroviral del 100 %, abandono (inasistencia en los siguientes 3 meses a la última cita) en el primer año de la terapia antirretroviral de 10,9 %, 60 % por causas desconocidas y 40 % por

dificultades personales, laborales y falla en el cumplimiento del tratamiento. Se clasificaron los esquemas de la terapia antirretroviral en de primera o de segunda línea, según la guía nacional de manejo del VIH. Se encontró que había 86,9 % de continuidad en el esquema de primera línea durante los 12 meses iniciales; que el cumplimiento de los pacientes a las citas médicas en el primer año de terapia fue del 80,4 % y que la supresión de carga viral menor de 500 copias/mm<sup>3</sup> a los 12 meses de iniciada la terapia antirretroviral fue de 83,3 %; además, el número de pacientes trasladados de programas se mantuvo en 0.

**Conclusiones.** El estudio permitió demostrar que la vigilancia en la farmacorresistencia del VIH, por medio de indicadores de alerta temprana es efectiva para corregir factores que pueden llevar a la farmacorresistencia del VIH en los programas de atención a este tipo de pacientes. Los indicadores en este hospital universitario cumplieron los parámetros exigidos por la OMS/OPS.

### 87. Prevalencia de infecciones de transmisión sexual en una cohorte de pacientes con diagnóstico del virus de la inmunodeficiencia humana-sida de Bogotá, Colombia

Otto Alberto Sussmann, Jorge Oswaldo Suárez, César Leonardo Cruz.

Asistencia Científica de Alta Complejidad. Bogotá, Colombia. osussmann@gmail.com

**Introducción y objetivo.** Las infecciones de transmisión sexual se han considerado un problema de salud pública, sobre todo en países en desarrollo y en población con el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH). Las infecciones de transmisión sexual y el VIH son interdependientes, el control de las primeras previene la transmisión de la segunda. El objetivo de este estudio fue establecer la prevalencia de infecciones de transmisión sexual en una cohorte de pacientes con diagnóstico de VIH/sida.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo transversal. con base en la revisión de la base de datos de las historias clínicas de 1.425 pacientes en el año 2010. Se extrajo la información sobre los antecedentes sexuales y las variables epidemiológicas descriptivas.

**Resultados.** De 1.425 pacientes registrados, 407 (28,56 %) tenían, al menos, un antecedente de infecciones de transmisión sexual, de los cuales, 388 (95,33 %) eran hombres y 19 (4,67 %) mujeres. La media de edad fue de 41,42 años (rango: 21 a 77; DE=10,82). Se registraron 548 casos de infecciones de transmisión sexual, desde un episodio por paciente hasta seis; 295 (72,48 %) pacientes tuvieron una infección de transmisión sexual, 86 (21,13 %) tuvieron dos, 22 (5,40 %) pacientes con tres y 4 pacientes (0,98 %) más de cuatro. Las infecciones de transmisión sexual más frecuentes fueron: sífilis con 154 (28,10 %) casos, condilomas con 106 (19,34 %), gonorrea con 99 (18,07%), virus de la hepatitis B con 86 (15,69 %), herpes genital con 81 (14,78%), chancro blando con 4 (0,73 %), linfogranuloma venéreo con 3 (0,55 %), tricomoniasis con 2 (0,36 %) y otras con 13 (2,37 %).

**Conclusiones.** Este estudio muestra la epidemiología de la coinfección de VIH con otras infecciones de transmisión sexual. Es importante mantener la vigilancia de la frecuencia de estos casos e identificar las intervenciones que disminuyan su transmisión.

### 88. Prevalencia de reagina plasmática rápida y neurosífilis en un programa de atención a pacientes con el virus de la inmunodeficiencia humana-sida

Carlos Arturo Álvarez, Francisco Bernal-Cano, Jorge Oswaldo Suárez, Diego Ballén, José Roberto Támara, Ellen Lowenstein de Mendivelson, Sandra Liliana Valderrama, Carlos Hernando Gómez. Grupo de Investigación en Enfermedades Infecciosas Hospital Universitario San Ignacio. Bogotá, Colombia. calvarem@gmail.com

**Introducción y objetivo.** En la pandemia por el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) se ha reconocido la frecuencia de la infección simultánea con *Treponema pallidum*, razón por la cual es importante su diagnóstico y tratamiento temprano, en especial cuando existe compromiso del sistema nervioso central con el fin de tratarlas y disminuir la morbimortalidad. El objetivo de este trabajo fue establecer la prevalencia de los resultados positivos de reagina plasmática rápida y la prevalencia de período de la neurosífilis en un programa de atención a pacientes con diagnóstico de infección por VIH/sida, y describir los síntomas neurológicos y los hallazgos en el líquido cefalorraquídeo.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio retrospectivo de cohorte. La información se recopiló de la base de datos clínicos del programa de enero de 2004 a diciembre 2010. Se buscó el número de solicitudes de reagina plasmática rápida y se revisaron las historias clínicas de los pacientes con resultados positivos, líquido cefalorraquídeo con reagina plasmática rápida (reactivo o positivo para FTA-abs, pleocitosis (más de 5-10 células/mm<sup>3</sup>) o proteinorraquia (>40 mg/dl).

**Resultados.** Durante seis años se solicitaron 1.167 pruebas de reagina plasmática rápida a 873 pacientes; el promedio de pruebas por año fue de 177 (rango: 103 a 269; DE=64,79). La prevalencia de reagina plasmática rápida positiva fue de 27,15 % (237/873), de las cuales, 98,4 % (859) fueron de hombres y 1,6 % (14) de mujeres; la media de edad fue de 34,88 años (rango: 19 a 64; DE=8,69). Durante el periodo de 2008 a 2009, 47 pacientes tuvieron diagnóstico de sífilis, de los cuales, 21,28 % (10/47) tuvieron neurosífilis; la presentación más frecuente fue la meníngea (6/10) seguida de la asintomática (3/10) y la meningovascular (1/10). La media de células CD4+ fue de 351,9 células/μl, la mediana de reagina plasmática rápida en suero en el momento del diagnóstico fue de 1/256 diluciones; la mediana de reagina plasmática rápida en líquido cefalorraquídeo fue 1/4 diluciones: el número medio de células fue de 15,2 por mm<sup>3</sup> y de proteínas de 80,8 mg/dl. Se presentó un caso de reinfección.

**Conclusiones.** La frecuencia de infección simultánea con sífilis o neurosífilis es alta y similar a la encontrada en la literatura científica. El compromiso del sistema nervioso central es significativo por lo que se justifica la tamización con la prueba de serología.

### 89. Prescripción de la prueba de tuberculina en pacientes inmunocomprometidos por el virus de la inmunodeficiencia humana-sida en la población del eje cafetero

Ricardo Martínez García.

Clínica COMFAMILIAR. Pereira, Colombia. ricardoMartinezg@hotmail.com

**Introducción.** Dada la mayor posibilidad de enfermedad tuberculosa en el paciente inmunocomprometido por el virus de la inmunodeficiencia humana-sida, se hace necesario la prescripción profiláctica con fármacos como la isoniácida, una vez se confirme la presencia de infección latente según una prueba de Mantoux positiva; a pesar de lo anterior, llama la atención, el número escaso de solicitudes de dicha prueba, sin que se ofrezca profilaxis para una de las enfermedades oportunistas más relevantes en esta población.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de 162 pacientes con diagnóstico de infección por el virus de la inmunodeficiencia humana en población atendida de los tres departamentos del eje cafetero entre junio de 2002 y el 15 de junio de 2011, y que hubiesen estado en un programa de atención al paciente con VIH por un periodo de, al menos, 2 años, buscando en ellos si en ese lapso de tiempo se había realizado la solicitud de la prueba de la tuberculina.

**Resultados.** El recuento de CD4 al final de los 2 primeros años de atención fue: inferior a 100 en 14 (8,6 %), entre 100 y 200 en 16 (9,8 %), superior a 200 en 132 (81,48%); la prueba de la tuberculina sólo se indicó en 2

pacientes (1,2 %); el diagnóstico de enfermedad tuberculosa se estableció en 21 pacientes (12,96 %) durante el mismo periodo de tiempo.

**Conclusiones.** Si bien la anergia propia del inmunocompromiso del VIH-sida puede limitar la solicitud de la prueba de la tuberculina a pacientes con recuentos de más de 200 CD4, la prescripción de esta prueba diagnóstica no se hace con la frecuencia suficiente (sólo 1,2 % en el presente estudio). La pregunta es en cuántos de los 21 pacientes que presentaron enfermedad tuberculosa, esta se hubiese podido prevenir con la profilaxis al diagnosticarse infección latente por una prueba positiva. Entre las razones que se asumen para no solicitarla están: 1) en número limitado de centros que realizan la prueba –4 en el eje cafetero durante la realización del estudio–; 2) la poca utilidad que se le da al resultado por parte de algunos grupos de atención, lo que hace necesario reforzar la revisión de las guías y de los protocolos; 3) la falta de la aprobación administrativa del examen solicitado por no hacer parte del plan de atención de la enfermedad de base, VIH-sida. Se hace necesario tomar medidas correctivas que permitan y faciliten la correcta aplicación de los protocolos de manejo, buscando disminuir la mortalidad por tuberculosis.

#### 90. Hallazgos microbiológicos en pacientes inmunocomprometidos por el virus de la inmunodeficiencia humana-sida y patrón miliar radiográfico

Ricardo Martínez García.  
Clínica COMFAMILIAR. Pereira, Colombia. ricardoMartinezg@hotmail.com

**Introducción.** El componente miliar radiográfico plantea un dilema diagnóstico en el paciente inmunocomprometido por el virus de la inmunodeficiencia humana-sida, debiendo considerarse alternativas nosológicas diferentes a la enfermedad tuberculosa, cuya orientación inicial sólo por hallazgos radiográficos, dilata el diagnóstico y el tratamiento oportuno de otras enfermedades que presenta hallazgos imaginológicos similares.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de 45 pacientes inmunocomprometidos por VIH/sida con presentación miliar en la radiografía simple de tórax o en la escanografía con contraste, sumada a síntomas generales, como fiebre, diaforesis o pérdida de peso, o a síntomas respiratorios y que requirieron hospitalización de 1° de enero de 2005 al 31 de diciembre de 2010, y a quienes, como parte de su estudio, se les practicó fibrobroncoscopia, lavado broncoalveolar, cultivo de dicho lavado y hemocultivos seriados y en médula ósea, aspirado-biopsia y cultivo.

**Resultados.** La edad promedio de los pacientes fue de 30 años, 36 hombres y 9 mujeres, con valores de CD4 menores de 100 por mm<sup>3</sup> en 25 pacientes (56 %), 18 (40 %) entre 100 y 200 CD4, y 2 (4 %) con cifras superiores a 200. Se obtuvieron resultados positivos en 28 pacientes (62 %); el germen más frecuente fue *Mycobacterium tuberculosis* en 12 pacientes, 9 obtenidos en mielocultivos y 3 en cultivo de lavado broncoalveolar: se reportó *Histoplasma capsulatum* en 9 pacientes mediante mielocultivo; *Cryptococcus neoformans* en 3 pacientes, 2 obtenidos en lavado broncoalveolar y 1 en mielocultivo; un paciente con linfoma no Hodgkin, determinado por biopsias de médula ósea y pulmonar; un paciente con *Rhodococcus equi* obtenido en lavado broncoalveolar y hemocultivo; un paciente con crecimiento de *Mycobacterium avium* en cultivo de médula ósea y de lavado broncoalveolar, y un paciente con *Toxoplasma gondii* en el lavado broncoalveolar.

**Conclusiones.** El patrón miliar radiográfico es frecuente en pacientes con VIH/sida, con un componente etiológico diverso que no sólo debe incluir el de *M. tuberculosis*, siendo necesario considerar alternativas etiológicas diferentes tanto infecciosas como neoplásicas, sin descartarse la coinfección en un mismo paciente y apoyarse en métodos diagnósticos diferentes a los fibrobroncoscópicas.

#### VIRUS DE LA INMUNODEFICIENCIA HUMANA 1

##### 91. Problemas en el manejo de la enfermedad tuberculosa en población con VIH-sida atendidos en el departamento de Risaralda

Ricardo Martínez García, Ángela María Giraldo.  
Clínica COMFAMILIAR. Pereira, Colombia. ricardoMartinezg@hotmail.com

**Introducción.** El diagnóstico de enfermedad tuberculosa y el inicio del esquema acordado supervisado en el paciente inmunocomprometido por VIH-sida en tratamiento antirretroviral, plantea situaciones relacionadas no sólo con el cumplimiento de la prescripción sino también con interacciones farmacológicas que ocasionan dificultades en la adecuada aproximación terapéutica de ambas enfermedades, ocasionando problemas en su respectivo manejo que, finalmente, pueden asociarse no sólo a falla virológica por el retiro injustificado de la terapia antirretroviral sino también a otras enfermedades oportunistas.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de 36 pacientes en quienes se confirmó el diagnóstico de enfermedad tuberculosa mientras recibían terapia antirretroviral, siendo necesario el inicio del esquema acordado supervisado. Los datos se obtuvieron de la revisión de las historias clínicas y de las notas de remisión de los usuarios atendidos de enero de 2008 a junio de 2011 en la Clínica Comfamiliar Risaralda en los servicios de consulta externa de infectología y hospitalización.

**Resultados.** Llama la atención que sólo 3 pacientes (8,3 %) continuaron su prescripción tanto del tratamiento antirretroviral como del esquema acordado supervisado, y en 6 de ellos se paso de un fármaco con alta barrera genética (inhibidor de proteasa) a otro con baja barrera (efavirenz) y que existió dilación en los restantes 27 en el reinicio del tratamiento antirretroviral hasta que se terminó dicho tratamiento antituberculoso, elevando así el riesgo de falla virológica, inmunológica o de nuevas enfermedades oportunistas en pacientes con inmunocompromiso avanzado. Es clara la interacción medicamentosa entre fármacos, como la rifampicina y los inhibidores de proteasa, por la vía del citocromo p450 que contraíndican su administración simultánea no sólo por esta interacción sino también por intolerancia cuando se incrementan las dosis de los últimos. La rifabutina –ya disponible en Colombia– es una alternativa a la rifampicina que permitiría dar continuidad a los inhibidores de proteasa y evitar la suspensión de estos fármacos o cambiarlos a otros medicamentos con baja barrera genética (efavirenz), lo que podría ocasionar resistencia futura. Asimismo, los pacientes que estén con esquemas a base de inhibidores no nucleósidos de la transcriptasa inversa podrían continuar esta medicación ajustando la dosis de la rifabutina en caso de que el fármaco sea la nevirapina. En caso de dar continuidad a la rifampicina, los esquemas contruidos con inhibidores de integrasa pueden ser alternativas de manejo a los inhibidores no nucleósidos de la transcriptasa inversa compartiéndose igual barrera genética, disminuyendo la potencial aparición de mutaciones o haciendo parte de esquemas que se construyan con otros antirretrovirales, y conservándose dicha barrera si el fármaco inicial es un inhibidor de proteasa. Es claro que, como ocurrió en esta serie de pacientes, muchas veces debido a las interacciones medicamentosas entre la rifampicina y algunos antirretrovirales, estos últimos sea suspendidos, práctica que se debe evitar al máximo por todas las connotaciones negativas que puede acarrear el atrasar o retirar la terapia antirretroviral, que van desde su resistencia futura hasta la aparición de nuevas enfermedades oportunistas; con las alternativas terapéuticas actuales el retiro de la terapia antirretroviral no se debe de seguir presentando en pacientes con infección simultánea de VIH y tuberculosis y siempre se deben buscar alternativas de manejo.

**Conclusiones.** Llama la atención que sólo 3 pacientes (8,3%) hayan continuado su prescripción tanto del tratamiento antirretroviral como

del esquema acertado supervisado, y en 6 de ellos se paso de un fármaco con alta barrera genética (inhibidor de proteasa) a otros con baja barrera (efavirenz) y que existió dilación en los restantes 27 en el reinicio de la terapia antirretroviral hasta que se terminó dicho tratamiento antituberculoso, elevando así el riesgo de falla virológica, inmunológica o de nuevas enfermedades oportunistas en pacientes con inmunocompromiso avanzado. Es clara la interacción medicamentosa entre fármacos como la rifampicina y los inhibidores de proteasa por la vía de el citocromo p 450 que contraindican su coadministración no solo por esta interacción sino tambien por intolerancia cuando se incrementan dosis de estos últimos. La rifabutina ya disponible en Colombia es una alternativa a la rifampicina que permitiría dar continuidad a los IPs y evitar así suspender estos fármacos o cambiarlos a otros medicamentos con baja barrera (efavirenz), lo que ocasionaría resistencia futura, a la vez los pacientes que esten con esquemas a base de INNTR podrían continuar esta medicación ajustando la dosis de la rifabutina en caso que el fármaco sea la nevirapina. En caso de dar continuidad a la rifampicina, esquemas construidos con inhibidores de integrasa pueden ser alternativas de manejo a los INNTR compartiendose así igual barrera genética , disminuyendo así la potencial aparición de mutaciones o haciendo parte de esquemas que se construyan con otros antiretrovirales conservandose dicha barrera si el fármaco inicial es un IP. Es claro que como ocurrió en esta serie de pacientes, muchas veces debido a las interacciones medicamentosas entre la rifampicina y algunos antiretrovirales, estos últimos son suspendidos, práctica que debe de ser evitada al máximo por todas las connotaciones negativas que puede acarrear el atrasar o retirar la terapia antiretroviral, que van desde su resistencia futura hasta la aparición de nuevas enfermedades oportunistas ; es así como con las alternativas terapéuticas actuales el retiro de la TAR no se debe de seguir presentando en pacientes con coinfección vih/tbc y alternativas de manejo deben ser siempre buscadas.

## 92. Prescripción de antirretrovirales genéricos en pacientes inmunocomprometidos por VIH/sida en el departamento de Risaralda

Ricardo Martínez García, César Bueno Serrano, César González Giraldo.

*Clínica COMFAMILIAR. Pereira, Colombia. ricardoamartinezg@hotmail.com*

**Introducción.** El manejo integral del paciente inmunocomprometido por VIH-sida genera costos elevados para las instituciones prestadoras de salud, entidades que, además de la prescripción medicamentosa, están obligadas a garantizar, entre otras, la solicitud de exámenes de laboratorio y la atención multidisciplinaria por un equipo de profesionales que brinden una atención adecuada y oportuna que lleve a la recuperación física y social del paciente. Al plantear esta situación no debemos olvidarnos que nuestro país es un lugar de recursos económicos limitados y que si se logra garantizar respuesta clínica, virológica e inmunológica, así como adecuado cumplimiento con los antiretrovirales genéricos, debería ofrecerse su prescripción en beneficio no sólo del paciente, sino también del mismo sistema de salud, por la notoria diferencia de precios al compararse su costo con la molécula de presentación comercial.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de 162 pacientes atendidos en Pereira, de entidades de régimen subsidiado y contributivo provenientes de los tres departamentos del eje cafetero y que asistieron a consulta entre enero de 2007 y diciembre de 2010, siendo valorados entre 2 y 4 veces al año en el servicio de consulta externa de la Clínica Comfamiliar Risaralda, lugar de remisión para la atención de estos pacientes, garantizándose así la periodicidad y la continuidad en la valoración. Todos estos pacientes recibieron en su prescripción, bien sea un inhibidor de proteasa o un inhibidor no nucleósido de la

transcriptasa inversa sumado a dos inhibidores de nucleósidos. Las características en estos pacientes para ingresar al presente estudio fueron: ser el primer esquema antirretroviral prescrito, ser todos los antirretrovirales de presentación genérica y no haber sido necesario el retiro de alguno de los fármacos por toxicidad relevante.

**Resultados.** En total fueron 108 hombres y 54 mujeres, 116 del régimen contributivo y 46 del subsidiado, 114 con prescripción a base de inhibidores no nucleósidos de la transcriptasa inversa y 48 con inhibidores de proteasa; de los pacientes con inhibidores no nucleósidos de la transcriptasa inversa, 9 presentaron falla virológica secundaria después de haber tenido adecuada respuesta inicial; su origen se estableció en la falla del cumplimiento prescrito por falta de programas de seguimiento e irregularidad en el suministro de los fármacos de hasta 4 semanas en forma recurrente (confirmación de resistencia por genotipificación). En 4 pacientes más en quienes no se cumplieron las metas de control virológico, se estableció por genotipo que esto fue secundario a la presencia de resistencia a los análogos de la timidina, y en todos ellos el denominador común fue el incumplimiento del tratamiento por irregularidad en la entrega de los medicamentos. En los pacientes con prescripción a base de inhibidores de proteasa se documentó –durante el seguimiento– falla en el control virológico en 5 de ellos, después de una respuesta inicial adecuada con fallas evidentes en el cumplimiento generadas por el retraso en el suministro de los fármacos (confirmación por genotipo). Dieciséis de estos 18 pacientes que fallaron, pertenecen al régimen subsidiado. El 30 % de los pacientes de la encuesta realizada al final de la consulta, señaló como queja principal la dilación en la entrega total de los antirretrovirales o sólo su suministro parcial.

**Conclusiones.** Antes de considerar la prescripción de marcas genéricas de los antirretrovirales como la causa del fracaso virológico e inmunológico observada en el seguimiento de algunos pacientes, se deben analizar otras variables o factores de riesgo claramente asociadas y con un peso mucho mayor, como lo son el incumplimiento, secundario, entre otros, a la falta de adecuados programas de seguimiento ambulatorio en compañía de un grupo interdisciplinario. La diferencia en precios entre algunos fármacos es notoriamente elevada y la formulación de marcas comerciales no se vería reflejada en el adecuado control del paciente si no se optimiza el cumplimiento y el acompañamiento. Esta situación se debe tener en cuenta, y si se logra una adecuada respuesta en el manejo del paciente con la prescripción de fármacos genéricos, los gastos adicionales que ocasiona la molécula comercial deberían ser implementados en lo verdaderamente importante por encima de otros aspectos: el seguimiento y el adecuado control por un programa estructurado, serio, completo e integral.

## 93. Tendencias epidemiológicas del comportamiento de la infección por el virus de inmunodeficiencia humana y el síndrome de inmunodeficiencia adquirida en el municipio de Pereira, 1998-2011

Paola Saldarriaga-Arenas, Alfonso J. Rodríguez-Morales.

*Programa de Salud Sexual y Reproductiva, Secretaría de Salud y Seguridad Social de Pereira, Pereira. Maestría en Salud Sexual y Reproductiva, Universidad El Bosque, Bogotá. Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga. Grupo Infección e Inmunidad, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Oficina de Investigación Científica de la Cooperativa de Entidades de Salud de Risaralda (COODESURIS). Pereira, Colombia. ajrodriguezmm@gmail.com*

**Introducción.** La infección VIH/sida continúa siendo un grave problema de salud pública mundial. Colombia es uno de los países considerablemente afectados en Latinoamérica, con municipios de alta incidencia, entre los cuales se encuentra Pereira.

**Materiales y métodos.** Se hizo una evaluación de los principales indicadores epidemiológicos (estimaciones de incidencia, mortalidad y letalidad) de la infección VIH/sida, para el período 1998-2011, en el municipio de Pereira, Risaralda.

**Resultados.** Durante el periodo se registraron 1.471 casos (prome-

dio,  $105,1 \pm 27,6$  por año; rango: 51-159); tendencia al incremento ( $r^2=0,3028$ ;  $p=0,0415$ ), especialmente entre 2006 y 2011 ( $r^2=0,845$ ;  $p=0,0095$ ). La incidencia osciló entre 11,8 (2001) y 34,6 (2011) casos por 100.000 habitantes ( $IC_{95\%}$  29,0-40,0), sin tendencia al incremento entre 1998 y 2005 ( $r^2=0,0351$ ;  $p=0,6567$ ), y aumentando significativamente del 2006 al 2011 ( $r^2=0,8318$ ;  $p=0,0113$ ). Se registraron 631 muertes (promedio,  $45,1 \pm 8,9$  por año; rango, 32-64), sin variación significativa entre 1998 y 2005 ( $r^2=0,042$ ;  $p=0,6262$ ); de 2006 a 2011 se redujeron significativamente ( $r^2=0,7016$ ;  $p=0,0374$ ). La mortalidad osciló entre 7,0 (2010) y 14,3 (2006) muertes por 100.000 habitantes ( $IC_{95\%}$  11,0-18,0), disminuyendo significativamente de 2006 a 2011 ( $r^2=0,7251$ ;  $p=0,0314$ ). La letalidad en el período osciló entre 21,9% (2010) y 88,2% (2001) ( $IC_{95\%}$  78,41-98,06).

**Conclusiones.** A pesar que la incidencia del VIH/sida aún va en aumento, la letalidad y la mortalidad van disminuyendo progresivamente. Esto obedece a múltiples factores que incluyen mejor cobertura diagnóstica y terapéutica, mayor acceso al sistema de salud, mayor disponibilidad de información y manejo multidisciplinario apropiado y mejor capacitado. Sin embargo, en promoción y prevención aún quedan grandes retos por asumir, que incluyen más participación comunitaria en los procesos de acceso a la información, de vigilancia epidemiológica y de evaluación en la calidad de la prestación y satisfacción en el uso de servicios relacionados al programa de VIH/sida.

#### 94. Evaluación del efecto de la lovastatina en individuos infectados con el VIH que no han recibido terapia antirretroviral: ensayo clínico aleatorio doble ciego de fase II (Estudio LIVE, NCT00721305)

Carlos Julio Montoya, María Teresa Rugeles, Fabián Alberto Jaimés, Edwin Andrés Higuera David, Santiago Estrada Mesa, Francisco Javier Gutiérrez, Newar Andrés Giraldo, Pedro Amariles Muñoz, Claudia Patricia Velásquez, Margarita Jiménez Díaz. *Universidad de Antioquia. Medellín Colombia. cjmonto@gmail.com*

**Introducción y objetivo.** Los datos preliminares sugieren que el uso de estatinas puede modificar la respuesta a la infección por el VIH. Nuestro objetivo fue evaluar el efecto antirretroviral e inmunomodulador del uso diario de lovastatina en pacientes infectados por VIH sin indicación de terapia antirretroviral.

**Materiales y métodos.** Se diseñó un ensayo clínico aleatorio, doble ciego, controlado con placebo, de fase II. Los desenlaces primarios fueron la carga viral y el recuento de células T CD4+ a los 6 y 12 meses de seguimiento. Los desenlaces secundarios, el recuento de células T CD8 y la expresión de marcadores de activación (CD38 y HLA-DR) en células T, enfermedades definitorias de sida y mortalidad. La intervención se hizo con lovastatina (40 mg por día) o placebo durante 12 meses. Se calculó una muestra de 55 participantes por grupo con un poder del 90 % para detectar una disminución de  $0,3 \log_{10}$  copias de ARN de VIH-1 y un incremento de, al menos, 20 % en el recuento de células T CD4+. El análisis de los resultados se hizo por medio de un modelo de desenlaces repetidos con ecuaciones GEE (*Generalized Estimating Equations*).

**Resultados.** Se reclutaron y asignaron 55 pacientes a lovastatina y 57 a placebo. A lo largo de los 12 meses no se observó efecto de la administración de lovastatina sobre la carga viral plasmática (cambio promedio estimado: 0,157 copias/ml;  $IC_{95\%}$  -0,099-0,414), ni sobre el recuento de linfocitos T CD4+ (cambio promedio estimado: -26,1 células/ $\mu$ l;  $IC_{95\%}$  -89,8-37,6). No se detectaron diferencias en los desenlaces secundarios ni se reportaron casos de enfermedades definitorias de sida, hospitalizaciones ni muerte.

**Conclusiones.** La administración diaria de 40 mg de lovastatina durante un año en pacientes infectados por VIH sin indicación de terapia

antirretroviral, no tiene efecto sobre la replicación del VIH, el recuento de células T CD4+ o el estado de activación de las células T.

Financiación: Colciencias 1115-40-820508.

#### 95. Motivos de discontinuidad del tratamiento antirretroviral en una cohorte de pacientes con VIH/sida de Bogotá

Otto Alberto Sussmann, Jorge Oswaldo Suárez, César Leonardo Cruz.

*Asistencia Científica de Alta Complejidad. Bogotá, Colombia. osussmann@gmail.com*

**Introducción y objetivo.** La efectividad del tratamiento antirretroviral depende del cumplimiento exacto y puntual de la toma de medicamentos. Una inadecuada observancia del tratamiento antirretroviral puede llevar a la progresión de la infección por VIH al estadio sida y a la aparición de farmacoresistencia. El cumplimiento del paciente a la orden médica se evalúa por autorreporte y se espera que sea mayor del 90 %. Existen diversos factores asociados a la suspensión de un tratamiento, algunos son propios al paciente y otros ajenos. El objetivo de este estudio fue describir los motivos de discontinuidad del tratamiento antirretroviral en una cohorte de pacientes con diagnóstico de VIH.

**Materiales y métodos.** Se trata de un estudio retrospectivo de cohorte. Se revisó el registro de una base de datos clínicos del año 1999 al 2010.

**Resultados.** Para el año 2010, la cohorte estaba compuesta por 1.425 pacientes; durante el periodo de seguimiento 327 (22,95 %) pacientes reportaron discontinuidad del tratamiento antirretroviral: 261 (79,82 %) eran hombres y 66 (20,18 %) mujeres. La media de edad fue de 43,73 años (rango, 10 a 77;  $DE=10,76$ ). Se registraron 538 suspensiones temporales del tratamiento antirretroviral, el promedio de reporte fue 42,64 casos de suspensión por año (rango, 34 a 51;  $DE=5,94$ ). Los motivos más reportados fueron: personales, 244 (45,35 %); problemas de suministro, 112 (20,82 %); efectos secundarios, 54 (10,01 %); 38 (7,06 %) no reportaron la causa; problemas administrativos y de afiliación, 32 (5,95 %); inasistencia, 25 (4,65 %); sin indicación posterior al embarazo, 9 (1,67 %), y otros, 24 (4,46 %). Al momento de la suspensión, 7,51 % se encontraba en falla virológica.

**Conclusiones.** La OMS manifiesta la importancia de conocer las variables relacionadas con la resistencia a los medicamentos, como la prescripción, la el cumplimiento, la asistencia y la continuidad del suministro. Este estudio describe los motivos relacionadas de discontinuidad del tratamiento antirretroviral en una cohorte de pacientes, lo cual tiene utilidad para el seguimiento y la prevención de farmacoresistencia.

#### 96. Resistencias a medicamentos antirretrovirales en pacientes positivos para VIH con falla virológica, Cali, 2008-2010

Jaime Galindo-Quintero, Héctor Fabio Mueses-Marín, Pablo Galindo-Orrego, Juan Fernando Agudelo-Agudelo, Jorge Luis Martínez-Cajas

*Corporación de Lucha Contra el Sida. Cali, Colombia. centroinvestiga.clsida@hotmail.com*

**Introducción y objetivo.** En Colombia existe poca evidencia publicada sobre resistencia a medicamentos antirretrovirales. La guía nacional sobre VIH recomienda determinar el genotipo de resistencias solamente para los pacientes con fallas virológicas avanzadas pero no ante la primera falla o antes del primer esquema de tratamiento. El presente estudio comparó los resultados de los genotipos determinados en el momento de la primera falla frente a dos o más fallas virológicas, en una muestra de pacientes atendidos en una clínica especializada en VIH de Cali.

**Materiales y métodos.** Se trata de un estudio transversal de 132 pacientes adultos positivos para VIH, con exposición previa a medicamentos antirretrovirales, falla virológica y con estudio genotípico de resistencias,

entre los años 2008 y 2010. Las mutaciones de resistencia incluidas fueron definidas según la lista de IAS-USA, 2010. Para el análisis se clasificaron en dos grupos: n1: primera falla virológica, con genotipo "temprano" en los primeros seis meses después de la falla (n1=68), y n2: dos o más fallas virológicas, con genotipo "tardío" después de seis meses de haberse documentado la falla (n2=64). Se consignaron las características socio-demográficas, los hábitos y las características relacionadas con el VIH.

**Resultados.** La edad promedio general fue de 39±9 años, el 75 % eran hombres. El uso previo de las tres familias de medicamentos antirretrovirales (análogos de nucleósidos, análogos no nucleósidos e inhibidores de proteasa) de antirretrovirales fueron más frecuente en n2 (n1=22 % Vs. n2=84 %) así como el tiempo de tratamiento mayor de 3 años y la relación CD4/CD8 menor de 0,5. La proporción de afectación de las tres familias principales de antirretrovirales fue de 1,5 % en n1 y de 23,4 % en n2. La combinación de análogos de nucleósidos y análogos no nucleósidos se afectó más en n1 que en n2 (66 % Vs. 36 %). En n1 se afectaron más frecuentemente uno o más medicamentos de una o dos familias (98,6 %), mientras que en n2 se afectaron tres o más medicamentos en una, dos o tres familias (85,9%).

**Conclusiones.** La complejidad de las resistencias en los estudios genotípicos "tardíos" es mayor que en los realizados tempranamente. Para Colombia, debería fomentarse su utilización desde cuando se presente la primera falla virológica. Financiación: Corporación de Lucha contra el Sida

#### EPIDEMIOLOGÍA HOSPITALARIA 1

##### 97. Factores prequirúrgicos asociados con el riesgo de infección del sitio operatorio en una institución de tercer nivel de Bucaramanga

Jhancy Rocío Aguilar, Carlos Alberto Malagón, Fredi Alexander Díaz-Quijano, Germán Gabriel Díaz.  
Universidad Industrial de Santander, Clínica Bucaramanga, Organización Latinoamericana para el Fomento de la Investigación en Salud. Bucaramanga, Colombia. [jhancyrocio@gmail.com](mailto:jhancyrocio@gmail.com)

**Introducción y objetivo.** La infección del sitio operatorio se ha convertido en un problema de salud pública y es una de las principales causas de morbilidad y mortalidad en pacientes de cirugía. Sin embargo, cerca del 35 % al 50 % de estas infecciones se pueden prevenir.

El objetivo del estudio fue identificar los factores relacionados con el riesgo de presentar infección del sitio operatorio en una institución de tercer nivel de Bucaramanga.

**Materiales y métodos.** Se realizó un análisis exploratorio de 110 casos de infección del sitio operatorio (según los criterios del CDC) y de 541 controles, obtenidos a partir de los pacientes operados entre 2008 y 2011 en la institución participante. Se incluyeron variables prequirúrgicas como: edad, sexo, momento de ingreso a la institución, especialidad, tiempo entre el ingreso y la cirugía, y servicio. Mediante análisis bivariado y multivariado, empleando regresión logística, se evaluaron las variables asociadas a la infección del sitio operatorio usando el programa Stata 11.0®.

**Resultados.** Las variables asociadas al riesgo de presentar infección del sitio operatorio fueron: edad mayor de 50 años (OR=1,82, IC<sub>95%</sub> 1,15-2,91), cirugía practicada el viernes o el sábado (OR=1,60, IC<sub>95%</sub> 1,03-2,48), hora de ingreso entre las 8 p.m. y las 12.00 p.m. (OR=2,47, IC<sub>95%</sub> 1,3-4,7) y la especialidad quirúrgica, destacándose gineco-obstetricia (OR=2,28, IC<sub>95%</sub> 1,18-4,39). Durante la hospitalización, la mortalidad en pacientes con infección del sitio operatorio fue de 5,45 % (6/110) y no hubo muertes en los controles (p<0,001).

**Conclusiones.** Además de factores como la edad y la especialidad, el momento en el que ingresa el paciente estuvo asociado al riesgo de infección del sitio operatorio. Estos hallazgos pueden contribuir a identificar los grupos de riesgo y a implementar eficientemente medidas preventivas.

##### 98. Infección del sitio operatorio en cirugía de colon, medición según la *National Nosocomial Infections Surveillance* e impacto del cirujano experto

Diana Bermúdez, Jorge Alberto Cortés, Juan Carlos Reyes, Patricia Reyes, Andrea Téllez.

Universidad Nacional de Colombia. Clínica Universitaria Colombia. Bogotá, Colombia. [dbermudez@colsanitas.com](mailto:dbermudez@colsanitas.com)

**Objetivo.** Determinar el rendimiento de la vigilancia de la infección del sitio operatorio de acuerdo con la escala de la *National Nosocomial Infections Surveillance* (NNIS) y evaluar el impacto del cirujano experto en cirugía de colon.

**Materiales y métodos.** En un programa de vigilancia, se siguieron prospectivamente los pacientes con cirugía de colon hasta 30 días después del procedimiento y se establecieron categorías de riesgo de infección del sitio operatorio, según la clasificación de NNIS y los nuevos factores predictores del *National Healthcare Safety Network* (NHSN). El desenlace fue la infección del sitio operatorio documentada o informada en el seguimiento de los pacientes.

**Resultados.** Se siguieron 220 pacientes entre marzo de 2011 y febrero de 2012. Se identificó infección del sitio operatorio en 10 % de los pacientes. Según la clasificación de NNIS, la tasa de infección en los grupos de riesgo 0, 1 y 2 fue de 8,9 %, 9,7 % y 18,2 %, y la predicción mejoró al tener en cuenta solamente la infección profunda o la peritonitis u absceso. Al usar la nueva escala de riesgo de la NHSN, el número de pacientes en cada categoría fue bajo, aunque se observó una tendencia al incremento de la tasa de infección con el aumento del riesgo. La cirugía practicada por un cirujano experto se relacionó con un menor riesgo de infección profunda o peritonitis u absceso (RR=0,35, IC<sub>95%</sub> 0,13-0,98). La profilaxis con ampicilina-sulbactam se asoció con un mayor riesgo de infección superficial del sitio operatorio (p<0,001).

**Conclusiones.** La escala de la NNIS predice el riesgo de infección, el cual se ve incrementado en pacientes operados por cirujanos inexpertos. La profilaxis con ampicilina-sulbactam podría ser inadecuada para prevenir la infección superficial del sitio operatorio.

##### 99. Uso terapéutico de bacteriófagos nativos colombianos en modelos biológicos para el control de infecciones por *Pseudomonas aeruginosa* con farmacoresistencia múltiple

Angela Victoria Holguín, Catalina Prada Peñaranda, Andrés Fernando González, Martha Josefina Vives.

Universidad de los Andes. Bogotá, Colombia. [cat-prad@uniandes.edu.co](mailto:cat-prad@uniandes.edu.co)

**Introducción y objetivo.** *Pseudomonas aeruginosa* es una proteobacteria Gram negativa, patógeno oportunista, que se aísla con frecuencia en hospitales y causa serias infecciones hospitalarias. La mayor dificultad para el tratamiento de las infecciones causadas por esta bacteria es su resistencia a múltiples medicamentos. Una de las alternativas propuestas para el control de microorganismos resistentes a antibióticos es la fagoterapia, un tratamiento con bacteriófagos o fagos, virus, que infectan las bacterias y disminuyen su población. En trabajos previos se aislaron tres bacteriófagos nativos colombianos (F1, F2, F3) contra *P. aeruginosa*. Para el fago F1 se plantearon modelos computacionales que permitieran predecir la dosis óptima capaz de disminuir la concentración bacteriana en cultivos de células planctónicas de tres cepas de *P. aeruginosa* (P1, P3, P4) resistentes a múltiples medicamentos. Estos modelos arrojaron que una dosis del fago F1 de 6,5 x 10<sup>7</sup> UFC/ml durante 1.100 minutos de tratamiento disminuiría la concentración de células así: *P. aeruginosa* P1 de 1,2 x 10<sup>5</sup> UFC/ml a 8,4 x 10<sup>2</sup> UFC/ml; *P. aeruginosa* P3 de 5 x 10<sup>8</sup> UFC/ml a 2 x 10<sup>3</sup> UFC/ml; *P. aeruginosa* P4 de 9 x 10<sup>6</sup> a 3 x 10<sup>3</sup> UFC/ml. El presente estudio tuvo como objetivo determinar la habilidad del fago F1 para controlar in vitro las cepas P1, P3 y P4 de *P. aeruginosa* mediante curvas de infección,

e *in vivo* el control de la cepa *P. aeruginosa* P4 mediante el modelo del ratón quemado, utilizando la dosis óptima del fago F1 predicha por los modelos computacionales.

**Materiales y métodos.** La metodología *in vivo* consistió en suministrar la dosis óptima del fago F1 en cuatro tiempos diferentes a ratones previamente quemados e infectados con *P. aeruginosa* P4 por vía subcutánea.

**Resultados.** El fago F1 mostró ser efectivo *in vitro* para el control de *P. aeruginosa* resistente a múltiples medicamentos (P1, P3 y P4), e *in vivo* para el control de *P. aeruginosa* P4, incluso 48 horas después de la infección.

**Conclusiones.** Se demostró que los bacteriófagos pueden efectivamente ser una alternativa de tratamiento para *P. aeruginosa* resistente a múltiples medicamentos.

#### 100. Evaluación de los programas hospitalarios de prevención y control de infecciones en instituciones de mediana y alta complejidad, Medellín, 2011

Natalia Andrea Maldonado, Martha Alicia Luna, Verónica Lopera Velásquez, Jaime Alberto Robledo, Carlos Gonzalo Robledo. Laboratorio Médico de Referencia - Grupo GERMEN. Secretaría de Salud de Medellín. Medellín, Colombia. [investigaciones@labmedico.com](mailto:investigaciones@labmedico.com)

**Introducción.** Las infecciones asociadas a la atención en salud figuran entre las principales causas de morbilidad en pacientes hospitalizados, con alto costo para los pacientes y los sistemas de salud.

**Objetivo.** Evaluar la composición y el funcionamiento de los programas institucionales de prevención y control de infecciones en 16 instituciones de Medellín.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo en 16 IPS públicas y privadas. La participación fue voluntaria con el aval de la alta dirección. Se utilizó un instrumento diseñado y adaptado de la "Guía de evaluación rápida de programas hospitalarios en prevención y control de las infecciones asociadas a la atención de salud" de la OPS. La tabulación y el análisis se hizo con el paquete estadístico SPSS®.

**Resultados.** En todas las instituciones existe un comité de prevención y control de infecciones por directriz institucional. Se emplean criterios estandarizados de diagnóstico de infecciones asociadas a la atención en salud pero en diferentes versiones. El 62,5 % hace análisis de prevalencia o incidencia de infecciones y 31,2 % de mortalidad atribuible. En el 100 % existen protocolos para la prevención y control, aunque sólo el 62,5 % posee un protocolo de estudio de brotes. El 68,8 % cuenta con estímulos para la educación continua. Todas tienen comité de farmacia y terapéutica y en el 68,8 % existe un plan de uso racional de antibióticos. El 100 % tiene laboratorio de microbiología con procedimientos de control de calidad, pero pocos poseen protocolo de remisión y conservación de aislamientos.

**Conclusiones.** Esta es la línea de base para el trabajo conjunto entre las instituciones y la Secretaría de Salud de Medellín, con espacio para la estandarización, capacitación y socialización de experiencias exitosas en la prevención y el control de las infecciones asociadas a la atención en salud y la contención de la resistencia.

Financiación: Se contó con el apoyo técnico y financiero de la Secretaría de Salud de Medellín.

#### 101. Identificación de posibles brotes por medio SaTScan Whonet en un sistema de vigilancia de la resistencia bacteriana

Andrés Fernando Meneses, Aura Lucía Leal, Jorge Alberto Cortés, Carlos Eduardo Pérez, Giancarlo Buitrago Gutiérrez, Juan Sebastian Castillo, Carlos Arturo Álvarez. Grupo para el Control de la Resistencia Bacteriana de Bogotá (GREBO), Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia. [afmeneses@gmail.com](mailto:afmeneses@gmail.com)

**Introducción y objetivo.** La aparición de la resistencia bacteriana es un problema de salud pública, y la detección, confirmación y control de brotes es de importancia desde la perspectiva de la vigilancia.

El objetivo de este trabajo fue evaluar la implementación de SaTScan-Whonet 5.6 (OMS) para la detección de brotes en las unidades de cuidado intensivo en el sistema de vigilancia de resistencia bacteriana de GREBO (37 instituciones) a partir de laboratorio entre 2010-2011.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo retrospectivo de búsqueda de posibles brotes en un sistema de vigilancia de resistencia bacteriana en las unidades de cuidado intensivo de 37 hospitales de alta complejidad en Colombia, mediante un modelo de permutaciones de probabilidades espacio-tiempo por simulaciones de Montecarlo mediante SaTScan (Martin Kulldorf) incluido en Whonet 5,6 (OMS) entre 2010 y 2011.

**Resultados.** La aplicación de la herramienta en las 37 instituciones durante el periodo de estudio permitió identificar de manera estadísticamente significativa las siguientes observaciones: institución A: 31 observaciones con aislamiento de *Burkholderia cepacia* entre el 24 de mayo de 2010 y el 24 de agosto de 2010 ( $p=0,0001$ ); institución B: 15 observaciones con aislamiento de *Enterococcus faecium* entre el 5 de abril y el 5 de mayo de 2011 ( $p=0,0001$ ); institución C: 58 observaciones con aislamiento de *Klebsiella pneumoniae* entre el 18 de mayo y el 20 de agosto de 2010 ( $p=0,0011$ ). Dos de estos resultados coinciden con la identificación por parte de las instituciones de un brote asociado a los microorganismos identificados.

**Conclusiones.** Se demuestra la utilidad de la implementación de la herramienta SaTScan de Whonet 5.6 para la identificación de conglomerados y posibles brotes en un sistema de vigilancia. Su uso rutinario permitiría identificar posibles brotes y favorecer las intervenciones de forma más rápida.

#### 102. Impacto de la implementación de un paquete de medidas (care bundle) para prevenir infecciones asociadas a la atención en salud en una institución de tercer nivel de complejidad

Monica Sossa Briceño, Carlos Arturo Álvarez, Diego Garzón, Jeidi Muñoz. Clínica Reina Sofía, Clínica Colsanitas. Bogotá, Colombia. [mocasossa1@gmail.com](mailto:mocasossa1@gmail.com)

**Introducción.** El concepto de paquete de medidas (*care bundle*) implica aplicar un grupo de las mejores prácticas de prevención que, cuando se realizan en conjunto, en forma confiable y permanente, han demostrado tener un impacto en la reducción de las tasas de infecciones intrahospitalarias.

**Objetivo.** Mostrar el impacto de la implementación de un paquete de medidas en una unidad de cuidados intensivos de una institución de tercer nivel de complejidad.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio prospectivo de cohorte en la unidad de cuidados intensivos de una institución privada de tercer nivel de complejidad. Se incluyeron pacientes con exposición a respiración mecánica asistida, catéter central o sonda vesical. Se aplicó de manera estándar en los tres turnos un paquete de medidas que incluyó la implementación de una lista de chequeo de seguimiento a dispositivos, programa de lavado de manos y aislamientos. Se trabajó con el esquema de líderes para el seguimiento al paquete en cada turno con la coordinación directa del jefe de la unidad de cuidados intensivos y el servicio de infectología.

**Resultados.** La tasa de incidencia de bacteriemias asociadas al catéter central fue de 0,4 Vs. 2,0, 2,4 y 7,0 por 1.000 días de catéter para el sistema de vigilancia de los CDC en Estados Unidos (NHSN), SDS y del consorcio INNIC. Para la neumonía asociada al respirador, la tasa fue de 0,0 Vs. 3,3, 4 y 14, respectivamente. En el caso de las infecciones del tracto urinario, nuestros datos están el percentil 75 del sistema de vigilancia de la SDS y los CDC (0,8 Vs. 3,5 y 4,5 por 1.000 días de caté-

ter urinario, respectivamente) y menos del percentil 25 en el caso del INNIC (4,6 Vs. 5,9 y 4,5 por 1.000 días de catéter urinario).

**Conclusiones.** Las tasas de incidencia de las infecciones asociadas a dispositivos comparadas con los estándares internacionales y nacionales se encuentran por debajo del percentil 50 para las infecciones asociadas al catéter central y la respiración mecánica asistida. Se demuestra una reducción superior al 25 % con respecto a lo sucedido en el 2010. Esto implica un ahorro en los costos de la atención, si se tiene en cuenta que el costo directo de cada infección asociada a dispositivo, puede oscilar entre Col\$ 3 y Col\$ 7 millones. Lo anterior se debe a la implementación del paquete que incluye programas como el lavado de manos y el cumplimiento de los aislamientos.

## VIROLOGÍA 1

### 103. Prevalencia en Pereira de la infección por el virus del papiloma humano en lesiones preinvasivas e invasivas de cuello uterino

Adalucy Álvarez Aldana, Juan Carlos Sepúlveda-Arias, Gloria Inés Sánchez.

*Grupo Infección e Inmunidad. Facultad de Ciencias de la Salud. Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia. Grupo Infección y Cáncer, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. jcsepulv@utp.edu.co*

**Introducción y objetivo.** El cáncer de cuello uterino es el segundo cáncer más común entre las mujeres y una de las principales causas de muerte tanto a nivel mundial como en Colombia. La infección persistente con genotipos virales de alto riesgo es la causa necesaria para el desarrollo de cáncer de cuello uterino. Dado que la información disponible sobre los genotipos del virus del papiloma humano (HPV) circulantes en Colombia corresponde a los datos obtenidos en pocas ciudades, nos propusimos determinar la prevalencia de la infección por HPV y los genotipos circulantes en Pereira.

**Materiales y métodos.** Se identificaron 446 casos de lesiones preinvasivas e invasivas de cuello uterino, a partir de los archivos de tres laboratorios de patología de Pereira. Se analizaron 212 casos que cumplían con los criterios de inclusión (bloques de parafina disponibles, ADN posible de amplificar y diagnóstico histológico confirmado). Los métodos utilizados fueron hibridación inversa y PCR específica para-VPH16/18.

**Resultados.** De las 212 mujeres, 80 presentaban lesiones invasivas y 132 lesiones preinvasivas; 146 (68,9 %) tenían presencia del HPV y, de éstas, 135 (92,5 %) estaban infectadas con HPV-16/18. En las mujeres con lesiones invasivas los genotipos detectados fueron HPV-16 (86,7 %), HPV-18 (6,7 %), HPV-35 (3,3 %) y HPV-58/31 (3,3 %) mientras que en las mujeres con lesiones preinvasivas los genotipos detectados fueron HPV-16 (90,1 %), HPV-35 (3,5 %), HPV-18 (1,2 %) y HPV-70/56/42/11 (4,7 %). No se encontraron infecciones simultáneas.

**Conclusiones.** Al igual que en otras regiones de Colombia y del mundo, el genotipo más prevalente tanto en mujeres con lesiones preinvasivas como invasivas fue el HPV-16, seguido por HPV-18, 31, 35, 42,56, 58 y 70. Este es el primer estudio sobre detección y tipificación del HPV en el eje cafertero. Los resultados permitirán a las entidades de salud tomar decisiones con respecto a vacunación, tamización y seguimiento de pacientes. Financiación: COLCIENCIAS y Universidad Tecnológica de Pereira.

### 104. Identificación de casos de infección oculta por el virus de la hepatitis B

Wilson Alfredo Ríos-Ocampo, Fabián Cortés-Mancera, Mónica Toro Martínez, Gonzalo Correa, Juan Carlos Restrepo, Sergio Iván Hoyos, Juan Camilo Olarte, Marta Ospina, María Cristina Navas.

*Grupo de Gastrohepatología, Universidad de Antioquia. Grupo Sinergia, Instituto Tecnológico Metropolitano. Hospital Pablo Tobón Uribe. Cruz Roja Colombiana-Seccional Antioquia. Laboratorio Departamental de Salud Pública de Antioquia. Medellín. Colombia.fredrios26@gmail.com*

**Introducción y objetivo.** La infección oculta por el virus de la hepatitis B (HBV) se define por la detección del genoma viral a partir de muestras de tejido hepático o de suero de individuos que son negativos para el antígeno de superficie (HBsAg). Esta entidad tiene implicaciones clínicas importantes debido al riesgo de transmisión de la infección. El objetivo de este estudio fue identificar y caracterizar casos de infección oculta por el virus de la hepatitis B en muestras de pacientes con diagnóstico de cirrosis y carcinoma hepatocelular y en muestras de donantes de sangre.

**Materiales y métodos.** Se evaluaron 10 muestras de tejido hepático provenientes de pacientes con cirrosis o cirrosis y carcinoma hepatocelular y con marcador HBsAg negativo. Además, se analizaron 300 muestras de suero de donantes de sangre con marcador negativo para HBsAg y anticuerpos anti-core positivos para HBV. A partir del ADN extraído de las muestras, se amplificó una región de los genes S, Core y X por PCR anidada y semianidada. Los casos con detección del genoma viral se confirmaron por secuenciación; se identificaron los genotipos y subgenotipos por análisis filogenéticos y la presencia de mutaciones en el gen S utilizando secuencias consenso reportadas en GenBank.

**Resultados.** La detección del genoma de HBV fue confirmada en dos muestras de tejido hepático y en seis muestras de donantes de sangre; esto fue posible únicamente mediante la amplificación del gen S. El análisis filogenético permitió la identificación de los genotipos F (subgenotipo F3), D y A en las muestras. Se identificó la mutación G467A (respecto a la secuencia prototipo NC00397.1) la cual genera un codón de parada en el residuo 156 del HBsAg en una de las muestras de tejido.

**Conclusiones.** En Colombia son pocos los estudios realizados sobre infección oculta por el virus de la hepatitis B en donantes de sangre; sin embargo, se han revelado frecuencias entre 0 y 4,8 %. No se han publicado análisis con muestras de tejido hepático, por lo que este estudio correspondería a un primer acercamiento. Una mejor caracterización de los casos de infección oculta por el virus de la hepatitis B requiere la cuantificación de la carga viral de las muestras y determinación de anticuerpos anti-HBs.

### 106. Seroprevalencia de la infección por virus de la hepatitis E en pacientes con diagnóstico clínico de hepatitis viral aguda

Julio César Rendón, María Cristina Hoyos, María Mercedes Velásquez, Fabian Mauricio Cortés, Marta Ospina, Gonzalo Correa, María Elsy Sepúlveda, Nora Yepes, María Patricia Arbeláez, María Cristina Navas.

*Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. biorruna@gmail.com*

**Introducción y objetivo.** El virus de la hepatitis E (HEV) es el agente etiológico de la hepatitis viral aguda no A, no B, de transmisión entérica. Se estima que un tercio de la población ha presentado hepatitis E. Teniendo en cuenta que la situación epidemiológica en Colombia se desconoce, se realizó un estudio de seroprevalencia de la infección por HEV.

**Materiales y métodos.** En el período comprendido entre junio de 2008 y junio de 2009 se recolectaron 61 muestras de suero de pacientes mayores de 15 años, con diagnóstico de hepatitis viral aguda no A, no B; además, se incluyeron 30 muestras de pacientes con el mismo perfil, pero con marcador positivo para IgM anti-HAV. Todos los casos se reportaron al Sivigila en el municipio de Medellín. La presencia de anticuerpos anti-HEV de tipo IgM e IgG se evaluó utilizando estuches comerciales (Dia.pro).

**Resultados.** La población del estudio (91 casos) correspondió a 56 % hombres y 44 % mujeres, con un promedio de edad de 29,8 años y un rango intercuartílico de 21 a 36 años. El 8,1 % (5/61) de los sueros no A, no B, analizados fueron positivos para anti-HEV de tipo IgM, mientras que el 14,7 % (9/61) presentaron anticuerpos anti-HEV de

tipo IgG. En solo una de las muestras se demostró la presencia simultánea de anticuerpos de tipo IgM e IgG. Con respecto a los casos con marcador de IgM para HAV, ninguna muestra presentó anticuerpos anti-HEV de tipo IgM. Se detectaron anticuerpos anti-HEV de tipo IgG en el 10 % (3/30) de estas muestras.

**Conclusiones.** Los datos obtenidos en este estudio son similares a los descritos previamente en otros países de América Latina. Estos resultados aportan una información importante de la circulación del HEV en nuestro país en pacientes con hepatitis aguda no A, no B. La población con marcador IgM anti-HAV se incluyó, asumiendo que comparten el principal factor de riesgo, la ingestión de aguas contaminadas; sin embargo, en ninguna de las muestras de este grupo se logró demostrar la presencia de IgM anti-HEV. La caracterización molecular del HEV está en curso en las muestras obtenidas en un estudio realizado en paralelo en cinco comunas de Medellín.

#### 107. Evaluación de la eficacia de una vacuna inactivada a partir de una cepa nativa del virus herpes bovino 1 en un modelo de infección en conejos

Julian Ruiz-Saenz, Jairo Jaime, Gloria Ramírez, Víctor Vera  
Grupo de Microbiología y Epidemiología.  
Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia. Universidad Nacional de Colombia, Sede Bogotá. Bogotá, Colombia  
julianruizsaenz@gmail.com

**Introducción y objetivo.** El virus herpes bovino 1 (BHV-1) es un virus de genoma ADN perteneciente a la familia Herpesviridae, el cual es un patógeno de distribución mundial, causante de graves pérdidas económicas. En Colombia se han realizado múltiples aislamientos del BHV-1, caracterizándose la mayoría de los aislamientos como BHV-1.1 y, aunque se tienen diferentes alternativas de vacunas, el BHV-1 sigue siendo uno de los mayores limitantes de la producción ganadera del país. Por lo tanto, el objetivo del presente trabajo fue desarrollar y evaluar una vacuna inactivada con etilenimina binaria a partir de un aislamiento nativo del BHV-1, denominado Córdoba 2, en un modelo de conejo de vacunación e infección.

**Materiales y métodos.** Usando conejos de Nueva Zelanda, se evaluó la vacuna en dos fases, una de capacidad inmunógena siguiendo un esquema de vacunación y refuerzo a los 21 días, y una fase de protección ante el reto con una cepa de referencia de alta virulencia.

**Resultados.** Los resultados permitieron evidenciar una óptima seroconversión con títulos de anticuerpos de tipo IgG y anticuerpos neutralizantes protectores a los 28 días después de la vacunación, y una óptima protección ante el reto con una cepa de referencia disminuyendo los signos clínicos de infección, protegiendo contra la aparición de fiebre y disminuyendo la excreción de virus posterior al reto.

**Conclusiones.** Nuestros resultados presentan el enorme potencial inmunógeno que posee una vacuna inactivada generada a partir de una cepa nativa del BHV-1.1, la cual aporta una gran masa antigénica a la vacuna induciendo una óptima inmunidad y protección, siendo un fuerte candidato a ser evaluado y usado en las diferentes poblaciones ganaderas de Latinoamérica.

#### 108. Evaluación de las células inflamatorias presentes en ganglios del trigémino de personas infectadas por virus herpes de tipo 1

Gina Alejandra Castiblanco, Lina María Marín, Silvia Barrientos Sánchez, Sonia del Pilar Bohórquez, Jaime Eduardo Castellanos.  
Grupo de Patogenia Infecciosa, Facultad de Odontología, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia.  
spbohorqueza@unal.edu.co

**Introducción.** El virus herpes simple de tipo 1 (HSV-1) es un patógeno humano que causa infecciones frecuentes en la superficie de la mucosa

sa y en la región perioral. Luego de la primoinfección, la progenie viral se desplaza por las terminaciones nerviosas sensitivas hacia el ganglio del trigémino, estableciendo infecciones latentes.

**Objetivo.** Realizar la descripción histológica y molecular de los ganglios del trigémino de humanos con respecto a la presencia de ADN viral, transcritos asociados a latencia y antígenos virales, y correlacionar estos hallazgos con el fenotipo de células inflamatorias presentes en estos ganglios del trigémino de una muestra de cadáveres de Bogotá.

**Materiales y métodos.** Previo aval del Comité de Ética, se recolectaron ganglios del trigémino de cadáveres del Instituto de Medicina Legal de Bogotá. De cada donador, se procesó un ganglio del trigémino para histología e inmunohistoquímica para detectar antígenos virales, y en cortes contiguos se buscaron linfocitos T CD4+ y CD8+. El segundo ganglio del trigémino fue dividido para la extracción de ADN y ARN, y procesado por PCR y RT-PCR para la amplificación del ADN y transcritos asociados a latencia.

**Resultados.** Se recolectaron 112 ganglios del trigémino de 56 cadáveres, pero sólo en 43 y 49 de ellos se logró purificar ARN y ADN de buena calidad, respectivamente. El 48 % de las 49 muestras analizadas por PCR, fueron positivas para ADN viral y en 38 % de las 43 muestras procesadas por RT-PCR se amplificaron transcritos asociados a latencia. En el 65 % de las muestras que se procesaron por inmunohistoquímica, se encontraron células positivas para el virus herpes. Usando inmunohistoquímica, no se logró detectar linfocitos CD4+, mientras que en la mayoría de los ganglios del trigémino se encontraron linfocitos CD8+. El 36 % de las 39 muestras analizadas por RT-PCR para ARNm de CD4+ fueron positivas, mientras que 61 % lo fueron para el ARNm de CD8+, casi siempre en ganglios del trigémino que eran positivos para transcritos asociados a latencia.

**Conclusiones.** Este estudio establece las pautas para estimar la prevalencia de infección por HSV-1 en Bogotá, y para correlacionar el estadio de la infección (activa o latente) con el tipo de infiltrado inflamatorio (linfocitos CD4+ y CD8+) presente en los ganglios humanos del trigémino.

### MICOLOGÍA 1

#### 109. Implementación de pruebas de tipo PCR anidada para el diagnóstico oportuno de criptococosis y paracoccidioidomicosis

Marcela Gaviria Camino, Vanessa Rivera Arango, César Muñoz Cadavid, Luz Elena Cano, Tonny Naranjo Priado.  
Grupo de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Escuela de Microbiología de la Universidad de Antioquia, Escuela de Ciencias de la Salud de la Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín, Colombia.  
tnaranjo@cib.org.co

**Introducción y objetivo.** Es evidente y preocupante el incremento que las infecciones fúngicas invasivas han alcanzado en los últimos años. Entre las micosis causantes de estas infecciones se encuentra la criptococosis, la cual afecta generalmente pacientes con VIH; por otro lado, se encuentra la paracoccidioidomicosis, una micosis sistémica ocasionada por el hongo dimorfo *Paracoccidioides brasiliensis*. En cuanto al diagnóstico de estas micosis, tradicionalmente se utilizan métodos convencionales que, en algunos casos, pueden demorar el inicio de una terapia apropiada. Por tal motivo, y apoyándonos en las pruebas de PCR para la identificación de hongos reportadas previamente y realizando algunas modificaciones a las mismas, se planteó el objetivo de implementar dos PCR anidadas que permitan el diagnóstico rápido de estas micosis.

**Materiales y métodos.** A 32 muestras clínicas de pacientes con cultivo positivo para alguna de las dos micosis, se les extrajo ADN to-

tal utilizando un kit comercial. Para el diagnóstico de criptococosis se utilizaron cebadores específicos para las regiones ITS1 e ITS2 del rDNA de *Cryptococcus* spp. En cuanto a la paracoccidiodomicosis, se utilizaron cebadores que amplifican un fragmento del gen de la proteína gp43 específica de *Paracoccidiodomus* sp. Para determinar la especificidad se utilizaron: a) 20 muestras de individuos sanos, b) 30 muestras de pacientes con sospecha de infección respiratoria con cultivo negativo y c) 79 muestras de pacientes con otras infecciones comprobadas por cultivo.

**Resultados.** El 100 % de las muestras con cultivo positivo para *P. brasiliensis* (15) o para *C. neoformans* (17) fueron positivas mediante PCR anidada; sus productos tenían una identidad de 99 % después de la secuenciación. De las 30 muestras del grupo B, 3 fueron positivas para *Cryptococcus* spp. mediante PCR.

**Conclusiones.** Los resultados preliminares obtenidos a la fecha sugieren que ambas PCR anidadas pueden ser métodos promisorios para el diagnóstico de estas infecciones fúngicas.

Proyecto Colciencias: 221351928916

#### 110. Ensamblaje, anotación y análisis comparativo del genoma de *Paracoccidiodomus brasiliensis*

José Muñoz Gómez, Juan E. Gallo, Emily A. Whiston, Elizabeth Misas, John W. Taylor, Juan G. McEwen, Oliver K. Clay.

Unidad de Biología Celular y Molecular, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Doctorado en Ciencias Biomédicas, Universidad del Rosario, Bogotá, Colombia. Department of Plant and Microbial Biology, University of California, Berkeley, Estados Unidos. Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad del Rosario, Bogotá, Colombia. josejfm@gmail.com

**Introducción.** La identificación y la caracterización a nivel genómico y génico de los factores de virulencia, es una línea central de investigación en *Paracoccidiodomus* spp. y otros hongos dimorfos patógenos. La secuenciación, ensamblaje y anotación genómica, y su análisis comparativo con especies no patógenas, como *Emmonsia parva* y *E. crescens*, es una estrategia básica para hallar diferencias funcionales que pueden explicar la capacidad patógena de *P. brasiliensis* y de otros hongos cercanos.

**Objetivo.** Secuenciar, ensamblar, anotar y comparar los genomas de tres aislamientos de *P. brasiliensis*.

**Materiales y métodos.** La secuenciación se realizó con Illumina/Solexa (NGS) a partir de una librería de insertos de ~500 pb. El ensamblaje *de novo* se realizó con SOAPdenovo, considerando la calidad de los reads, y la distribución del porcentaje de GC y la homología de secuencias (BLAST/BLAT) antes del ensamblaje y después de él. La anotación genómica incluyó predicción *ab initio* (Augustus/Fgenesh) e inferencia por semejanza de secuencias (BLAST). El análisis incluyó la categorización funcional, ausencia o presencia de genes y análisis filogenéticos con algunos genes ortólogos.

**Resultados.** La secuenciación generó ~40 millones de *paired-end reads* de 100 pb para cada aislamiento de *P. brasiliensis* (Pb60855, Pb339 y PbJam). Los ensamblajes fueron de ~30 Mb. El análisis antes del ensamblaje y después de él proporcionó la distribución de porcentaje de GC y se encontró una cobertura génica de casi 100 %. La estrategia de anotación genómica permitió caracterizar ~8.000 y ~10.000 genes en los genomas de *P. brasiliensis* y *Emmonsia* spp., respectivamente. Se evidenció la relación filogenética de estos hongos y de otros ya secuenciados.

**Conclusiones.** El ensamblaje *de novo* y la anotación obtenida concuerdan con los genomas de referencia Pb03 y Pb18 secuenciados y anotados

por el *Broad Institute* y sirven para estudios de genómica comparativa (estudios evolutivos y de SNP) y para identificar diferencias funcionales relevantes. Financiado por Colciencias proyecto No 221348925460.

#### 111. Evaluación de una prueba inmunocromatográfica para la detección del antígeno de *Cryptococcus* spp. en el diagnóstico temprano de la criptococosis en pacientes infectados con VIH

Patricia Escandón Hernández, Jairo Lizarazo, Clara I. Agudelo, Tom Chiller, Elizabeth Castañeda.

Grupo de Microbiología, Instituto Nacional de Salud (INS), Bogotá, Colombia. Hospital Universitario Erasmo Meoz (HUEM), Cúcuta, Colombia, Mycotic Diseases Branch, Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta, Estados Unidos. pescandon@ins.gov.co

**Introducción y objetivo.** Un estudio realizado en 2001-2006 por el Hospital Universitario Erasmo Meoz de Cúcuta y el Instituto Nacional de Salud, demostró la utilidad de la detección del antígeno capsular de *Cryptococcus* spp. mediante la aglutinación de látex (CrAgLátex) en el diagnóstico temprano de la criptococosis en pacientes con VIH. Recientemente, el laboratorio IMMY en Estados Unidos desarrolló una prueba de flujo lateral para la detección de este antígeno (CrAgLFA).

El objetivo de este estudio fue evaluar el desempeño de esta nueva prueba en los sueros de los pacientes del estudio mencionado.

**Materiales y métodos.** Se estudiaron 421 sueros con la prueba CrAgLFA y los resultados se compararon con los obtenidos con CrAgLátex. Todos los pacientes suministraron su consentimiento informado. Las muestras que dieron reactivas por CrAgLFA fueron tituladas y evaluadas nuevamente con la prueba CrAgLátex.

**Resultados.** Dieciséis sueros (3,8 %) reactivos por CrAgLátex fueron reactivos por CrAgLFA con títulos hasta 1:5.120. Sin embargo, 13 sueros previamente no reactivos por CrAgLátex, fueron reactivos por CrAgLFA (3,1 %), con títulos hasta 1:640. En los pacientes reactivos para CrAg, la mediana de los niveles de CD4+ fue de 67 células/ $\mu$ l (8-608 células/ $\mu$ l), y la de la carga viral fue de 118.965 copias/ml (50-500.000 copias/ml). Los pacientes no reactivos tenían una mediana de CD4+ de 177 células/ $\mu$ l (4-2.516 células/ $\mu$ l) y de carga viral de 62.318 copias/ml (25-50.000 copias/ml). Se encontró una diferencia estadísticamente significativa entre las medianas de CD4+ y carga viral de todos los pacientes reactivos CrAg y los no reactivos ( $p < 0,0001$ ).

**Conclusiones.** CrAgLFA demostró tener mayor sensibilidad comparada con CrAgLátex, convirtiéndose en una opción para el diagnóstico temprano de la criptococosis. Los pacientes reactivos para CrAg tenían menores niveles de CD4+ y mayor carga viral, criterio de gran importancia para el uso de esta prueba, lo que permite diagnosticar tempranamente la criptococosis en pacientes positivos para VIH.

#### 112. Evaluación de la heteroresistencia en aislamientos clínicos de *Cryptococcus neoformans* var. *grubii* recuperados de pacientes con sida

Catalina de Bedout, Luisa Fernanda Amaya, Andrea Morales, Elizabeth Castañeda, Ángel González, Ana María García.

Unidad de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín, Colombia. Bacteriología y Laboratorio clínico, Colegio Mayor de Antioquia, Medellín, Colombia. Instituto Nacional de Salud, Bogotá, Colombia. Escuela de Microbiología Universidad de Antioquia, Unidad de Biología Celular y Molecular, Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín, Colombia. agarcia@cib.org.co

**Introducción y objetivo.** *Cryptococcus neoformans* var. *grubii* es el agente causal de la criptococosis, infección oportunista que afecta principalmente a pacientes infectados con el VIH, en quienes la exposición continua al fluconazol, junto con las múltiples recaídas y la

alta carga fúngica que presentan, son condiciones que proveen el ambiente adecuado para la aparición de altos niveles de resistencia a los azoles en estos aislamientos. La heterorresistencia uno de los mecanismos de resistencia descrito para *C. neoformans*; se define como la aparición de subpoblaciones clonales resistentes frente a la presión selectiva de un antifúngico, lo cual puede conducir a una resistencia clínica y a la interpretación errónea de los resultados de la sensibilidad *in vitro*. En este trabajo se evaluó la presencia de heterorresistencia en aislamientos clínicos de *C. neoformans*.

**Materiales y métodos.** Se realizó una tamización de 24 aislamientos clínicos de *C. neoformans* var. *grubii* (patrón molecular VNI) provenientes de pacientes con fluconazol. Los aislamientos se cultivaron en agar con glucosa de Sabouraud y fluconazol a concentraciones de 2, 4, 8, 16 y 32 µg/ml, en busca de crecimiento de colonias individuales. También se evaluó la concentración inhibitoria mínima (CIM) frente al fluconazol por el método de difusión en disco M44-A de la NCCLS.

**Resultados.** Los aislamientos presentaron CIM entre 0,25 y 128 µg/ml y el 100 % de ellos presentó crecimiento (mínimo, 4 colonias) en concentraciones mayores de 16 µg/ml de fluconazol. El 70 % de los aislamientos presentó crecimiento a concentraciones de 32 µg/ml.

**Conclusiones.** Estos resultados señalan los primeros indicios de la presencia de heterorresistencia al fluconazol en los aislamientos clínicos colombianos de *C. neoformans* var. *grubii*. La heterorresistencia puede estar asociada con la generación de fallas terapéuticas al fluconazol, lo cual demuestra la necesidad de una correcta terapia antifúngica durante la profilaxis con fluconazol y durante la fase de inducción con anfotericina B, para disminuir al máximo la carga fúngica.

### 113. Estandarización de un ensayo de PCR anidada para la búsqueda de *Histoplasma capsulatum* en abonos y enmiendas orgánicas

Luisa Fernanda Gómez, Isaura Patricia Torres, María del Pilar Jimenez, Juan Guillermo McEwen, Carlos Alberto Peláez, María Lucía Taylor, Myrtha Arango Arteaga.

Universidad de Antioquia, Corporación para las Investigaciones Biológicas (CIB). Medellín, Colombia. Universidad Nacional Autónoma de México. [nandagolo@hotmail.com](mailto:nandagolo@hotmail.com)

**Introducción y objetivo.** La histoplasmosis es la micosis endémica más frecuente en América. Su agente, *Histoplasma capsulatum*, habita en suelos ricos en guano de murciélagos y aves; la enfermedad se adquiere al perturbar este ambiente. En el trópico, para la restitución de la materia orgánica en los agroecosistemas se utilizan abonos orgánicos, especialmente con gallinaza y otros excrementos. En Colombia, el Instituto Colombiano Agropecuario regula la vigilancia fisicoquímica y microbiológica de los abonos, pero no han establecido medidas para detectar la presencia de *Histoplasma capsulatum*. Uno de los objetivos de este trabajo fue desarrollar una PCR-anidada, para detectar *Histoplasma capsulatum* en abonos y enmiendas orgánicas.

**Materiales y métodos.** Para la extracción de ADN, (i) se usó *H. capsulatum* en fase de levadura y el método fenol-cloroformo-alcohol isoamílico; (ii) a partir de abonos en composta aprobados por el Instituto Colombiano Agropecuario, se realizó la extracción de ADN con FastDNA Spin Kit For Soil® (MP Biomedicals); (iii) cuatro abonos fueron infectados con blastoconidias para ver la sensibilidad de la técnica al aislar ADN de *H. capsulatum*. Para la PCR se realizaron gradientes de temperatura y magnesio; los iniciadores propuestos por Bialek, *et al.*, y otras condiciones de Taylor, *et al.*

**Resultados.** En la primera reacción de la PCR anidada con los iniciadores HcI y HcII se usaron: DNTP 200 µM, MgCl<sub>2</sub> 2 mM, cebadores 100 pM, Taq DNA Pol 1 U, DNA 2 µl y temperatura de anillo de 50 °C. En la segunda reacción con HcIII y HcIV, se siguieron las condiciones propuestas por Taylor, *et al.*, con MgCl<sub>2</sub> a 1,25 mM mejorando la espe-

cificidad. La PCR estandarizada fue ensayada en muestras de abonos infectados artificialmente y en la evaluación de 64 muestras de abonos; se detectó en una de ellas el ADN de *H. capsulatum*.

**Conclusiones.** El contar con una prueba, como la PCR anidada de alta sensibilidad, permitirá mejorar la evaluación microbiológica de los abonos orgánicos y de sus materias primas, lo que garantizará la prevención de brotes por manufactura, comercialización y uso de abonos contaminados con *H. capsulatum*.

### 114. Candidiasis seudomembranosa en pacientes con VIH/sida en Cali: identificación de especies y sensibilidad antifúngica

Luz Ángela Castro, María Inés Alvaréz, Ernesto Martínez Buitrago.

Universidad del Valle. Cali, Colombia [luzacastro@yahoo.com](mailto:luzacastro@yahoo.com)

**Introducción y objetivo.** *Candida albicans* ha sido la levadura más frecuentemente aislada en la cavidad oral de individuos con VIH/sida; el uso de fluconazol ha incrementado las especies de *Candida* no *albicans* resistentes o con sensibilidad disminuida. El propósito de esta investigación fue establecer en sujetos con VIH/sida con candidiasis seudomembranosa las especies de *Candida*, su relación con el recuento de CD4+ y la sensibilidad al fluconazol y al itraconazol.

**Materiales y métodos.** Se tomaron muestras de las placas blancas, y se sembraron en CHROMagar *Candida*; la identificación de las levaduras se hizo con API 20C Aux y las pruebas de sensibilidad se determinaron por E-test.

**Resultados.** Se obtuvieron 93 aislamientos de levaduras, 52 únicos y 41 mixtos; *C. albicans* fue la especie más aislada, seguida de *C. glabrata*. La mayor frecuencia de aislamientos y variedad de especies de *Candida* se presentó en pacientes con recuento de CD4+ menor o igual a 100 células/mm<sup>3</sup> sin diferencias significativas (p=0,29). En el estudio de sensibilidad se encontró que 8 (8,6 %) aislamientos eran resistentes al fluconazol y 11 (11,8 %) al itraconazol; 6 (8,8 %) aislamientos de *C. albicans* presentaron resistencia simultánea. *Candida dubliniensis* y *C. tropicalis* fueron sensibles al fluconazol. No se encontró asociación entre los aislamientos de *C. albicans* o *C. non albicans* con el uso de fluconazol (p=0,21).

**Conclusiones.** Los resultados del presente trabajo indican que para la población analizada, el fluconazol continúa siendo la mejor opción para el tratamiento de la candidiasis orofaríngea en pacientes con VIH/sida; sin embargo, las pruebas de sensibilidad son necesarias en pacientes con fracaso terapéutico.

### 115. Determinantes de la prescripción de la terapia antifúngica en pacientes de unidades de cuidados intensivos en hospitales de tercer nivel de Bogotá

Anita Montañez Ayala, Jorge Alberto Cortés, María Angélica Pabón, Cristian Eduardo Navarro.

Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia [anitamontanezayala@gmail.com](mailto:anitamontanezayala@gmail.com)

**Objetivo.** El objetivo de este estudio fue determinar los factores asociados con la prescripción de la terapia antifúngica en pacientes de unidades de cuidados intensivos de hospitales de Bogotá.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio observacional, analítico, de casos y controles, anidado en una cohorte de base hospitalaria. Se hizo una revisión prospectiva por 3 meses de las historias clínicas de los pacientes mayores de 18 años de las unidades de cuidados intensivos de cinco instituciones hospitalarias de Bogotá. Se siguieron variables epidemiológicas, clínicas y microbiológicas. El grupo de los casos estuvo conformado por pacientes con inicio de tratamiento antifúngico en las unidades de cuidados intensivos y los controles (3

controles por cada caso) fueron pacientes sin tratamiento antifúngico, apareados por fecha de ingreso y tiempo de estancia en la unidad de cuidados intensivos. Se hizo un análisis de regresión logística multivariante con el uso de los antifúngicos como la variable dependiente.

**Resultados.** Se siguieron 492 pacientes con estancia media de 8 días, 53,3 % (n=263) de sexo masculino. El 26,6 % (n=130) al ingreso a la unidad de cuidados intensivos tuvo diagnóstico infeccioso; 19,3 % (n=97) padecía diabetes; 12 % (n=59) padecía cáncer; 8,7% (n=43) presentaba inmunosupresión. La media del índice Apache al ingreso fue de 12,3 (DE=6,7). Se documentó candidemia en 1,3 % (n=6) y colonización por *Candida* spp. en 2,2 % (n=11). Veintiséis pacientes recibieron antifúngico (5,2%), con una incidencia de 61,1 días de uso por 1.000 días de estancia. Los factores identificados en el modelo multivariante para el uso de antifúngicos fueron: colonización de, al menos, un sitio (OR=54,7; IC<sub>95%</sub> 2,4-1.273); haber solicitado previamente cultivo de hongos (OR=19,6; IC<sub>95%</sub> 2,5-151,2); uso de inotrópicos (OR=39,4; IC<sub>95%</sub> 4,6-334,5); nutrición parenteral (OR=50,4) y fiebre mayor 48 horas (OR=78,8; IC<sub>95%</sub> 3,8-1.644).

**Conclusiones.** El determinante más frecuente de uso de antifúngicos fue la presencia de una respuesta inflamatoria sistémica en paciente con pobre evolución clínica. Los factores de riesgo de infección fúngica no siempre determinan el uso del antifúngico.

#### 116. Análisis de costo-efectividad de estrategias de tratamiento antifúngico en pacientes con neutropenia febril persistente y tratamiento antibiótico de amplio espectro

Oscar Andrés Gamboa, Juan Camilo Fuentes, Sonia Isabel Cuervo, Julio Cesar Gómez, Juan Sebastián Castillo.  
Instituto Nacional de Cancerología. Bogotá, Colombia.  
ogamboa@cancer.gov.co

**Objetivo.** Evaluar la costo-efectividad de las estrategias de tratamiento antifúngico (empírico frente a anticipado) en pacientes con neutropenia febril persistente con tratamiento antibiótico de amplio espectro.

**Materiales y métodos.** Se construyó un modelo de decisión para evaluar la costo-efectividad de las estrategias de tratamiento antimicótico en pacientes con neutropenia febril sin respuesta al tratamiento antibiótico de amplio espectro. Las estrategias incluidas fueron: 1) tratamiento antifúngico empírico y deoxicolato de anfotericina B; 2) tratamiento antifúngico empírico y anfotericina B en liposomas; 3) tratamiento antifúngico empírico y caspofungina; 4) tratamiento antifúngico anticipado y voriconazol (deoxicolato de anfotericina B en pacientes que iniciaban tratamiento con TAC y galactomanano negativa o falla al voriconazol); 5) tratamiento antifúngico anticipado con voriconazol (anfotericina B en liposomas en pacientes que iniciaban tratamiento con TAC y galactomanano negativas o falla al voriconazol); 6) tratamiento antifúngico anticipado con voriconazol (caspofungina en pacientes que iniciaban tratamiento con TAC y galactomanano negativas o falla al voriconazol). Las muertes evitadas se usaron como medida de efectividad. Se calcularon las razones de costo-efectividad y costo-efectividad en incrementos. Se hizo un análisis de sensibilidad determinístico de una vía sobre los costos, la eficacia de las estrategias de evaluación y los supuestos del modelo.

**Resultados.** La estrategia de tratamiento antifúngico empírico y el deoxicolato de anfotericina B fue la menos costosa y efectiva; el tratamiento antifúngico empírico y la caspofungina fue la más efectiva. El costo por muerte evitada para la caspofungina comparada con el deoxicolato de anfotericina B fue de Col\$ 17'011.073,83, costo tres veces menor que el PIB de Colombia (Col\$ 39'660.621), lo que indica que esta estrategia sería costo-efectiva para el país.

**Conclusiones.** La estrategia de tratamiento antifúngico empírico con caspofungina sería costo-efectiva para Colombia si el umbral es tres veces el PIB del país. Si el umbral es una vez el PIB, la estrategia de tratamiento antifúngico empírico con deoxicolato de anfotericina B

sería la más costo-efectiva. Las estrategias con anfotericina B en liposomas y los tratamientos anticipados no serían costo-efectivos al ser más costosos y menos efectivos que la estrategia de tratamiento antifúngico empírico con caspofungina.

## MICROBIOLOGÍA 1

### 117. Caracterización molecular de *Escherichia coli* en alimentos de la dieta habitual de niños menores de 5 años en Cartagena de Indias

Octavio Salomón Arzuza, Zorangel Amézquita Montes, Oscar Gómez-Duarte.  
Universidad de Cartagena. Cartagena, Colombia. zor\_angel@hotmail.com, oaruzan@unicartagena.edu.co

**Introducción y objetivo.** La enfermedad diarreica aguda es la segunda causa de morbimortalidad infantil a nivel mundial y una de las principales causas en Colombia, especialmente en los municipios con mayores porcentajes de necesidades básicas insatisfechas. La enfermedad diarreica aguda es causada por una pequeña porción de virus, bacterias y protozoos, y *Escherichia coli* es el segundo agente causal y su principal medio de transmisión la vía fecal-oral, sirviendo los alimentos como vehículo de diseminación y propagación. Por ello, en este proyecto se analizaron muestras de queso, carne, vegetales, jugos no pasteurizados y leche, bajo procedimientos estándares para el aislamiento, identificación y caracterización de *E. coli*.

**Materiales y métodos.** Se buscó aislar *E. coli* de 228 alimentos y 152 bebidas entre enero y diciembre de 2011. Las muestras se obtuvieron de cuatro puntos de la ciudad; los alimentos sólidos fueron diluidos en caldo de peptona. La identificación de la bacteria se hizo con base en sus propiedades metabólicas expresadas en caldo de lactosa, caldo Fluorocult LMX modificado, agar McConkey y pruebas bioquímicas, en temperaturas de 37 °C durante 24 horas. La determinación del serotipo de *E. coli* se hizo por PCR múltiple, mediante el uso de dos juegos de cebadores que detectan marcadores específicos de virulencia.

**Resultados.** Se aislaron cepas de *E. coli* en 193 de 380 muestras de alimentos (50,8 %) de los cuatro establecimientos: 76 muestras de carnes (38,3 %), 20 de jugos (10,4 %), 5 de leches (2,6 %), 69 de quesos (35,8 %) y 25 de vegetales (13 %). Por PCR múltiple se identificó la presencia de genes de virulencia.

**Conclusiones.** La vía de transmisión más eficaz de microorganismos son los alimentos como el queso y la carne, lo cual sugiere que la población estudiada adquiere productos no aptos para el consumo, lo que puede incidir en altos casos de enfermedad diarreica aguda con etiología *E. coli* enteropatógena circulante en la región.

El proyecto fue financiado por la Universidad de Cartagena y la Universidad de Vanderbilt.

### 118. Estudio transversal de seroprevalencia y factores asociados de riesgo para *Rickettsia typhi* y *Rickettsia felis* en siete municipios del departamento de Caldas

Viviana Montoya Guerrero, Alejandra Martínez Rubiano, Marcela Mercado Reyes, Alberto de la Ossa, Carolina Vélez, Gloria Estrada, Marcelo Labruna, Gustavo Valbuena, Marylin Hidalgo Díaz.  
Grupo Enfermedades Infecciosas, Departamento de Microbiología, Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá, Colombia. Laboratorio de Salud Pública, Dirección Territorial de Salud de Caldas. Grupo de Investigación en Enfermedades Infecciosas, Universidad Católica de Manizales. Manizales, Colombia. Departamento de Medicina Veterinaria Preventiva e Saúde Animal-Universidad de Sao Paulo, Sao Paulo, Brasil. Department of Pathology and Center for Biodefense and Emerging Infectious Diseases- University of Texas Medical Branch. Texas, Estados Unidos. Departamento de Microbiología-Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá Colombia. pmontoya@javeriana.edu.co

**Introducción y objetivo.** Las bacterias del género *Rickettsia* son responsables de enfermedades zoonóticas, como las fiebres manchadas, el tifo epidémico y el endémico. El objetivo de este estudio fue describir el estado actual y establecer posibles factores de riesgo de *Rickettsia typhi* y *R. felis* como causantes de tifo endémico en siete municipios de Caldas mediante la seroprevalencia y el reporte de casos de un estudio de corte transversal.

**Materiales y métodos.** Para la determinación de los sueros positivos, se recolectaron 682 muestras en siete municipios del norte de Caldas durante 2010 y 2011; las muestras se procesaron por inmunofluorescencia indirecta (IFI) usando láminas con antígeno de *R. typhi* y *R. felis* para la detección de anticuerpos IgG. Además, se analizaron por IFI 26 muestras pareadas de pacientes con sospecha clínica de tifo "murino". Los casos se confirmaron por incremento de los títulos de IgG de, al menos, 4 veces entre la muestra aguda y la del periodo de convalecencia. Los datos se recolectaron en un formato único y se procesaron en el programa SPSS®, versión 18, mediante estadísticas descriptivas y análisis bivariados. Se calcularon medidas de asociación con  $IC_{95\%}$  para evaluar los posibles factores de riesgo relacionados con la enfermedad

**Resultados.** Se obtuvo una seroprevalencia de 50 % para *R. felis* y de 54 % para *R. typhi*. Se confirmó la presencia de la enfermedad en dos casos para *R. felis* y en dos casos para *R. typhi*. Se determinó como factor asociado para *R. felis* el habitar en casas de bahareque con piso de cemento y para *R. typhi*, la edad mayor de 60 años ( $p < 0,05$ ).

**Conclusiones.** Los porcentajes de seroprevalencia reflejan la presencia de los microorganismos en la zona. No se estableció relación entre los porcentajes de seroprevalencia, los casos reportados y los confirmados, lo que sugiere un diagnóstico inadecuado. Estos resultados constituyen el primer reporte de enfermedad por *R. felis* en Colombia. Financiación: Pontificia Universidad Javeriana, ID PRY 003532

#### 119. Expresión génica de citocinas proinflamatorias en enterocitos de cerdos por la adición de lipopolisacáridos de *Escherichia coli*

Albeiro López Herrera, Jorge Forero Duarte, Jaime Parra Suescún.  
Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Departamento de Producción Animal, Grupo BIOGEM. Medellín, Colombia. [alherrera@unal.edu.co](mailto:alherrera@unal.edu.co)

**Introducción y objetivo.** El destete induce la mortalidad de lactobacilos y estreptococos en el estómago y los intestinos de cerdos, provocando el aumento de la población de *Escherichia coli*, la cual libera productos proinflamatorios como el lipopolisacárido. Los lipopolisacáridos favorecen la producción de citocinas proinflamatorias y éstas, a su vez, provocan cambios importantes en la estructura y funcionalidad del intestino. El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto de la inflamación intestinal causada por lipopolisacáridos de *E. coli* sobre la expresión génica de citocinas proinflamatorias (IL-8, IL-18 y TNF- $\alpha$ ) en los enterocitos de cerdos durante el periodo posterior al destete.

**Materiales y métodos.** El trabajo se realizó con 52 cerdos destetados a los 21 días de edad en el Centro San Pablo, perteneciente a la Universidad Nacional de Colombia. Los animales fueron alimentados durante 10 días con una dieta basal adicionada con cuatro niveles de lipopolisacáridos (0, 0,3, 0,5 y 1,0  $\mu\text{g/ml}$ ). Los cerdos se sacrificaron escalonadamente los días 1, 5, 7 y 10 después del destete y se hizo extracción completa del intestino delgado. Se evaluó la expresión génica por qPCR. El diseño estadístico empleado fue de bloques al azar en un arreglo factorial de 4 por 4.

**Resultados.** Se presentó incremento significativo ( $p < 0,01$ ) en la expresión de mRNA de TNF- $\alpha$ , IL-8, e IL-18, llegando a su máximo nivel en el día diez después del destete ( $p < 0,01$ ). El yeyuno presentó los mayores valores de expresión de los mRNA de las citocinas ( $p < 0,01$ ). El destete implica múltiples factores que generan estrés en los animales,

favoreciendo la expresión de citocinas (principalmente, TNF- $\alpha$ ) que contribuyen a trastornos funcionales del intestino.

**Conclusiones.** La inflamación intestinal ocasionada, principalmente, por lipopolisacáridos, incrementa el transporte paracelular indiscriminado de moléculas, principalmente de microorganismos y sus toxinas. El desarrollo de la técnica de inflamación *in vivo* en cerdos se podría utilizar ampliamente como modelo para estudiar la etiología de la disfunción intestinal humana.

#### 120. Efecto en cerdos de la inflamación intestinal *ex vivo* sobre la absorción de lisina

Jaime Parra Suescún, Cristian Gutiérrez Vergara, Albeiro López Herrera.

Universidad Nacional de Colombia, Sede Medellín, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Departamento de Producción Animal, Grupo BIOGEM. Medellín, Colombia. [jeparasu@unal.edu.co](mailto:jeparasu@unal.edu.co)

**Introducción y objetivo.** El destete en cerdos induce la mortalidad de lactobacilos y estreptococos en el intestino, y el aumento de la población de *Escherichia coli*, la cual libera productos proinflamatorios, como los lipopolisacáridos. Los lipopolisacáridos activan una serie coordinada de señales que involucran a la familia de las MAPK, que interrumpen los procesos de transporte de nutrientes. El objetivo de este estudio fue determinar la inhibición de la absorción de lisina (Lys) en cerdos en varios periodos posteriores al destete mediante la inflamación intestinal inducida *ex vivo* por los lipopolisacáridos de *E. coli*.

**Materiales y métodos.** El trabajo se realizó en 16 cerdos destetados a los 21 días de edad en el Centro San Pablo, perteneciente a la Universidad Nacional de Colombia. Los animales fueron alimentados durante 10 días con una dieta basal que tuvo como componentes leche y algunos de sus derivados. Los cerdos se sacrificaron escalonadamente los días 1, 5, 7 y 10 después del destete y se hizo extracción del yeyuno. Las sustancias en estudio fueron: lioisina, 0,91 mg/ml (control); lipopolisacáridos de *E. coli* (0,3  $\mu\text{g}$ ), y dos inhibidores de la ruta MAPK (a) SB-203580 (10, 20 y 50 mM) (b) U-0126 (10, 20 y 50 mM). El diseño estadístico empleado fue de bloques al azar en un arreglo factorial de 7 por 4. La determinación de acumulación tisular de lisina se analizó por electroforesis capilar.

**Resultados.** Los lipopolisacáridos disminuyeron la absorción de lisina ( $p < 0,01$ ). La adición de 20 mM de cualquiera de los inhibidores de MAPK aumentó la absorción de lisina ( $p < 0,01$ ), sin igualar los niveles obtenidos con el control. En el día cinco después del destete, el porcentaje de absorción de lisina presentó una disminución significativa ( $p < 0,01$ ), con respecto al día uno después del destete.

**Conclusiones.** La utilización de inhibidores de MAPK podría mejorar los mecanismos de transporte y absorción de la lisina durante el desarrollo de diferentes enteropatías de origen infeccioso. El desarrollo de la técnica de inflamación *ex vivo* en cerdos podría tener importantes implicaciones tanto para la nutrición y medicina animal como para la humana.

#### 121. Los lipopolisacáridos de *Escherichia coli* causan alteraciones histológicas multiorgánicas en lechones después del destete.

Cristian Gutiérrez Vergara, Johana Ciro Galeano, Albeiro López Herrera.

Universidad Nacional de Colombia. Grupo BIOGEM. Medellín, Colombia. [ccgutier@unal.edu.co](mailto:ccgutier@unal.edu.co)

**Introducción y objetivo.** El destete precoz en cerdos es un proceso crítico en el que se tornan vulnerables a enfermedades infecciosas. El desequilibrio intestinal de microorganismos en este periodo y el incremento de *Escherichia coli*, induce lisis bacteriana y liberación de lipopolisacáridos. Los lipopolisacáridos son agentes causantes de sep-

sis y reconocidos por cualquier huésped mamífero como una entidad patógena, que provoca alteraciones anatomopatológicas sistémicas. El objetivo de este estudio fue caracterizar y comparar las alteraciones histológicas en varios órganos de cerdos después del destete, sometidos a diferentes dosis de lipopolisacáridos.

**Materiales y métodos.** El estudio se realizó con 52 lechones destetados a los 21 días de edad. Los animales fueron alimentados con una dieta basal adicionada con cuatro niveles de lipopolisacáridos (0,0, 0,3, 0,5 y 1.0 µg/mg de alimento) durante 10 días. Los cerdos se sacrificaron escalonadamente los días 1, 5, 7 y 10 después del destete. Para determinar las alteraciones histológicas asociadas, se tomaron muestras de intestino, riñones, hígado, páncreas, corazón y pulmones. La evaluación de las lesiones de los tejidos se efectuó según los hallazgos histológicos en leve (compromiso del 30 % de la muestra o mayor), moderado (entre 30 % y 60 %) y serio (mayor o igual al 60 %). El diseño estadístico empleado fue bloques al azar en un arreglo factorial 4 por 4.

**Resultados.** Se evidenció mayor gravedad de las lesiones en los animales sometidos a lipopolisacáridos que en los que consumieron únicamente una dieta basal ( $p < 0,01$ ). Las lesiones más comunes fueron: hiperqueratosis en las mucosas de intestino y estómago, y congestiones y hemorragias en los demás órganos. Además, estas lesiones estuvieron acompañadas por infiltración de neutrófilos.

**Conclusiones.** Las lesiones observadas corresponden a un cuadro séptico que puede progresar a falla orgánica múltiple, la cual está asociada a una alta mortalidad en humanos. El entendimiento de la función de los lipopolisacáridos es fundamental para el desarrollo de esquemas de prevención y tratamiento durante problemas infecciosos tanto animales y humanos.

#### 122. Diagnóstico de *Clostridium difficile* por toxina y cultivo en pacientes con diarrea hospitalizados en la IPS Universitaria, Clínica León XIII, Medellín, 2011

Viviana Urbano Ortiz, Floralba Escobar Díaz, Diana Y. Molina C., Patricia M. Sierra V., Clara Lina Salazar.

Grupo de Investigación en Bacterias Anaerobias y Aerobias de importancia clínica (GIBAA), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. IPS Universitaria, Clínica León XIII. Medellín Colombia. clarlin27@gmail.com

**Introducción y objetivo.** Algunas cepas de *Clostridium difficile*, bacteria anaerobia miembro de la microbiota intestinal, son productoras de toxinas causantes de diarrea hospitalaria. El diagnóstico es limitado en pacientes con clínica sospechosa y prueba negativa para las toxinas. El objetivo del estudio fue conocer la frecuencia de *C. difficile* en pacientes con diarrea, hospitalizados en la IPS Universitaria, Clínica León XIII, mediante el ensayo inmunoenzimático y el cultivo.

**Materiales y métodos.** Se procesaron muestras de 48 heces de pacientes hospitalizados en la IPS Universitaria, Clínica León XIII, con sospecha clínica de diarrea por *C. difficile* en un periodo de dos meses. A las muestras de materia fecal se les practicaron ensayos inmunoenzimáticos para la detección de las toxinas A y B y se sembraron diluciones de las muestras en medio selectivo para *C. difficile* en agar con cefoxitina, cicloserina y fructosa, y se cultivaron en condiciones de anaerobios en el Laboratorio de Bacteriología Anaerobia.

**Resultados.** El 16,7 % (8/48) de las muestras procesadas presentaron toxina positiva, cultivo positivo o ambos; de este grupo, sólo 37,5 % (3/8) concordaron con toxina y cultivo positivo. Al combinar la toxina más el cultivo se logró incrementar los resultados positivos de detección a 27 % (13/48). La media de estancia hospitalaria fue de 25,5 días (DE=22,9). El 62,5 % (5/8) de los pacientes con diarrea por *C. difficile* había sido tratado con clindamicina y 75 % (6/8) con cefalosporinas. Los pacientes con cultivo positivos presentaron entre 20.000 y 40.000 UFC/ml; en un solo un caso se obtuvo un recuento alto, 340.000 UFC/ml.

**Conclusiones.** Similar a lo reportado en la literatura científica para otros países, la estancia hospitalaria, el uso de clindamicina y de cefalosporinas fueron las características importantes de los pacientes con diarrea asociada a *C. difficile*. La combinación de toxina más cultivo puede mejorar la detección de *C. difficile* siempre que se acompañe de relación clínica, para contrarrestar la principal limitación del cultivo al no detectar cepas toxigenas de las no toxigenas.

#### 123. Estandarización de una PCR múltiple para el diagnóstico de *Mycoplasma pneumoniae*, *Chlamydomphila pneumoniae* y *Legionella pneumophila* en pacientes con neumonía adquirida en la comunidad

Mariana Herrera Díaz, Lázaro Vélez Giraldo, Carlos Muskus, Zulma Vanessa Rueda, Yudy Alexandra Aguilar.

Grupo Investigador de Problemas en Enfermedades Infecciosas. Medellín, Colombia. marianah8@hotmail.com

**Introducción.** Alrededor del 24 % de los adultos hospitalizados por neumonía adquirida en la comunidad tiene evidencia serológica de infección reciente por *Mycoplasma pneumoniae*, *Chlamydomphila pneumoniae* o *Legionella pneumophila*.

**Objetivo.** Estandarizar una PCRm para la detección de una o más de estas bacterias en las secreciones respiratorias de pacientes con neumonía adquirida en la comunidad.

**Materiales y métodos.** Se evaluaron diferentes condiciones de amplificación y concentraciones de los reactivos usados para optimizar una PCRm que amplifica un fragmento de los genes *mip1* de *L. pneumophila*, *P1* de *M. pneumoniae*, y *PstI* de *C. pneumoniae*. Una vez secuenciados estos productos de PCR, se evaluó la especificidad analítica corriendo la PCRm con el ADN de 16 patógenos respiratorios, 8 especies bacterianas y 8 fúngicas. La sensibilidad analítica se determinó con diluciones seriadas de plásmidos que contenían los fragmentos por amplificar. Los productos de PCR se visualizaron por electroforesis en gel de agarosa teñidos con EZ-Vision®.

**Resultados.** Después de evaluar distintos parámetros, la reacción final de la PCRm contenía 6 µl de ADN, 2,5 mM de MgCl<sub>2</sub>, 0,3 µM de cada cebador, 0,1 µg/µl de BSA y 0,05 U/µl de Taq polimerasa en un volumen final de 25 µl; en el gel se logró evidenciar la presencia de tres bandas de 487, 360 y 283 pb que al ser secuenciadas, correspondían a los genes de interés. La PCR evaluada no presentó reacción cruzada con los otros patógenos evaluados. Esta PCRm puede detectar simultáneamente hasta 150 copias de cada uno de los genes de interés.

**Conclusiones.** La PCR desarrollada es altamente específica para la detección de *M. pneumoniae*, *C. pneumoniae* y *L. pneumophila*, pero todavía no es posible interpretar la utilidad clínica de su sensibilidad. El proceso de validación se realizará en muestras de aspirados e hisopados nasofaríngeos de personas con neumonía adquirida en la comunidad y sin ella, evaluadas por serología pareada para cada una de las bacterias estudiadas, por antígeno urinario para *L. pneumophila* del serogrupo 1 y con el estuche comercial SpeedOligo®.

Financiación: Fundación Rodrigo Arroyave y Fundación ISIS.

#### 124. Actualidad nacional de la tos ferina, un análisis retrospectivo desde el diagnóstico por laboratorio y la vigilancia epidemiológica, 2010-2012

Efraín Andrés Montilla, Fabiola Rojas Baquero, Helena Patricia Salas, José Orlando Castillo, María Elena Realpe.

Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia. emontilla@ins.gov.co

**Introducción.** El cultivo es la prueba de referencia para el diagnóstico de la tos ferina pero por múltiples factores no es sensible, mientras

que la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) ha demostrado ser una técnica de apoyo en este diagnóstico. Se analizaron los resultados del diagnóstico de tos ferina obtenidos del cultivo, la inmunofluorescencia directa (IFD) y la PCR, y los datos clínicos epidemiológicos recolectados en la ficha de notificación de 2010 a 2012.

**Materiales y métodos.** Se trata de un estudio descriptivo, retrospectivo, de las muestras nasofaríngeas remitidas al Grupo de Microbiología del Instituto Nacional de Salud de los pacientes con sospecha de tos ferina, y de los casos confirmados por laboratorio de la base de datos del Grupo de Inmunoprevenibles de 2010 hasta febrero de 2012.

**Resultados.** De las 2.800 muestras recibidas de los Laboratorios de Salud Pública, 546 (19,5 %) fueron positivas. En enero y febrero de 2012 se registró el 32,6 %, en comparación con el de los años anteriores: 2011: 21,7 % (Instituto Nacional de Salud), 20 % (Sivigila), y 2010: 12,8 % (Instituto Nacional de Salud) 11,2 % (Sivigila). La PCR detectó 47,3 % más casos que la IFD y 97,2 % más que el cultivo; solamente el 6,5 % de las PCR fueron negativas cuando la IFD era positiva. La proporción de casos en menores de 6 meses ha ido en aumento: 69,6 % en el 2010, 78,3 % en el 2011 y 82,7 % en el 2012. En el 2010, el 96,1 % de los casos presentó tos y en el 2011, el 89,5%; de estos mismos casos, el 70,4% en el 2010 y el 91,5 en el 2011 presentaron tos paroxística.

**Conclusiones.** La PCR detectó más casos si se compara con la IFD y el cultivo; sin embargo, la IFD detectó pocos casos positivos cuando la PCR era negativa. En el 2011 se observó un aumento considerable en la confirmación de casos por el laboratorio, favorecido por la implementación de la técnica de PCR. Durante el 2010 se detectaron más casos en etapa catarral (29,6 %) que en el 2011 (8,5 %). Existen portadores dentro de la población pero los vulnerables siguen siendo los menores de un año, especialmente los menores de 6 meses.

## MEDICINA TROPICAL

### 125. Evaluación de algunas zoonosis en productores ganaderos de la subregión norte del departamento de Antioquia, Colombia

Licet Paola Molina, Sandra Ríos Tobón, Richard Zapata Salas, Diana Polanco Echeverry, Mario Zapata Tamayo, Leonardo Ríos Osorio, Ximena Cardona Lopera, Luis Fernando Giraldo, Jaime Alberto Lopera, Lina Andrea Gutiérrez.

Grupo de investigación en Microbiología Veterinaria, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Grupo de Investigación Salud y Sostenibilidad. Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia; Grupo Biología de Sistemas. Medellín, Colombia. [lipa382@gmail.com](mailto:lipa382@gmail.com)

**Introducción y objetivo.** Algunas zoonosis presentan un espectro clínico que varía desde asintomático a síntomas sistémicos inespecíficos, que pueden causar el deterioro progresivo de la salud de los pacientes al ser confundidas con otras entidades clínicas prevalentes en nuestro medio, y ser tratadas de manera inadecuada. El objetivo de este estudio fue establecer la frecuencia de algunas zoonosis en productores ganaderos del norte de Antioquia.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo con un muestreo por conveniencia de 328 productores ganaderos del Norte de Antioquia. Se practicaron pruebas de inmunofluorescencia indirecta para detectar anticuerpos IgG específicos para *Babesia bovis*, *Babesia bigemina*, *Anaplasma phagocytophilum*, *Ehrlichia chaffeensis*, *Borrelia burgdorferi*, *Coxiella burnetii* y *Francisella tularensis*; prueba de aglutinación en placa para *Brucella abortus* y *B. suis*; inmunocromatografía para detectar IgG e IgM para *Leptospira interrogans*, y ELISA para IgG específicos para *Toxoplasma gondii*.

**Resultados.** Doscintas setenta y una (82,6 %) muestras resultaron positivas para alguna de las pruebas evaluadas. La frecuencia de muestras

seropositivas para *T. gondii* fue de 47,6 % (156); 33,5 % (110) para *B. burgdorferi*; 13 % (42) para *E. chaffeensis*; 6,1% (20) presentaron anticuerpos IgG de fase I y II para *C. burnetii*; 5,8% (19) para *A. phagocytophilum*; 5,2 % (17) para *F. tularensis*; 1 % (3) anti-IgG y 0,6% (2) IgM para *L. interrogans*, y no se obtuvieron seropositivos para *B. abortus*, *B. suis*, *B. bovis* ni *B. bigemina*.

**Conclusiones.** Estos resultados permiten un primer acercamiento al conocimiento del impacto de estas enfermedades en el departamento de Antioquia y justifican la realización de estudios epidemiológicos en las zonas ganaderas del país que valoren la situación local, regional y global de las enfermedades zoonóticas, así como la ejecución de actividades de promoción de la salud humana y del bienestar animal y estrategias de prevención de la enfermedad, con una base educativa fuerte para los productores ganaderos y la comunidad general.

### 126. Patrones de comportamiento de la malaria en el departamento de Risaralda, Colombia, 2007-2009

Alfonso J. Rodríguez-Morales, Carlos Eduardo Jiménez-Cañizales, Alberth Cristian Herrera, Alberto Medina, José William Martínez.

Grupo Infección e Inmunidad, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira. Oficina de Investigación Científica de la Cooperativa de Entidades de Salud de Risaralda (COODESURIS), Pereira. Programa de Medicina; Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira. Secretaría de Salud de Risaralda, Pereira. Departamento de Medicina Comunitaria, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia. [ajrodriguezmm@gmail.com](mailto:ajrodriguezmm@gmail.com)

**Introducción.** La malaria es la enfermedad parasitaria de mayor morbilidad mundial. En Latinoamérica también es un importante problema, especialmente en los países que comparten la cuenca amazónica, incluido Colombia. Risaralda es uno de los departamentos con baja carga donde su vigilancia y la evaluación son periódicamente necesarias con el fin de contribuir al mayor control de la misma.

**Materiales y métodos.** Se trata de un estudio epidemiológico de evaluación de la incidencia, etiología, distribución geográfica y mortalidad de la infección por especies del género *Plasmodium*, diagnosticadas en el periodo 2007-2009 en Risaralda, recolectados por la Secretaría Departamental de Salud.

**Resultados.** Durante el período se registraron 2.640 casos (promedio, 880±290 por año). La incidencia osciló entre 60,01 en el 2008) y 122,87 en el 2011) casos por 100.000 habitantes (índice parasitario anual (IPA), 0,6-1,23 casos por 1.000 habitantes). Del total de casos, 93,4 % correspondió a *Plasmodium vivax*, 3,7% a *Plasmodium falciparum* y 2,9 % a *P. vivax-P. falciparum*; el 68,9 % de los casos era de Pueblo Rico, 14,0 % de Mistrató y 3,1 % de Pereira; además, 13 % fueron importados de otros departamentos (86,3 % de *P. vivax*). Las mayores incidencias por especie se observaron en Pueblo Rico para *P. vivax* con 58,46 casos por 1.000 habitantes en el 2009, y 2,97 casos por 1.000 habitantes para *P. falciparum* en el 2007. La mortalidad anual fue constante, 0,1 muertes por 100.000 habitantes.

**Conclusiones.** La carga de la malaria en Risaralda, predominantemente en Pueblo Rico, se explica en parte por las condiciones sociales de ese municipio, que presentaba un IDH de 0,619 –el tercero más bajo del departamento, para el 2002– así como ambientales (cambio climático y variabilidad climática), las cuales se han visto reflejadas en esta y otras enfermedades transmitidas por vectores en Colombia, Latinoamérica y el mundo. Por ello, deben hacerse mayores esfuerzos en investigación operativa que permitan profundizar actividades orientadas al mayor control y reducción de la enfermedad en el departamento.

**127. Detección molecular de *Rickettsia* spp. en pulgas recolectadas en siete municipios del norte de Caldas**

Viviana Montoya, Alejandro Ramírez-Hernández, Alejandra Martínez, Marcela Mercado, Jorge Enrique Pérez, Alberto de la Ossa, Carolina Vélez, Gloria Estrada, Marilyn Hidalgo  
 Grupo Enfermedades Infecciosas, Departamento de Microbiología-Pontificia Universidad Javeriana. Grupo Parasitología Veterinaria, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia. Laboratorio Microbiología, Departamento de Ciencias para la Salud, Universidad de Caldas. Laboratorio de Salud Pública, Dirección Territorial de Salud de Caldas. Grupo de Investigación en Enfermedades Infecciosas, Universidad Católica de Manizales. Manizales, Colombia. Departamento de Microbiología, Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá, Colombia. pmontoya@javeriana.edu.co

**Introducción y objetivo.** Las bacterias del género *Rickettsia* son agentes causales de enfermedades zoonóticas, entre las que se incluyen las fiebres manchadas, el tifo "murino" y el tifo epidémico. Varias especies de pulgas pueden actuar como reservorios y vectores de dos especies de *Rickettsia*, *R. typhi* y *R. felis*. Se ha reportado un número importante de casos de tifo asociado a pulgas en el departamento de Caldas. Recientemente, hemos confirmado seroprevalencia del 54 y 50 % para *R. typhi* y *R. felis*, respectivamente, y dos casos clínicos de infección por *R. felis*, en la región norte del departamento. El objetivo de este trabajo fue detectar bacterias del género *Rickettsia* por métodos moleculares en pulgas recolectadas de animales de esta región.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo una recolección manual de pulgas en perros, gatos, ratas y ratones de siete municipios del norte de Caldas entre 2010 y 2011. Todos los especímenes fueron clasificados taxonómicamente y conservados en etanol. Las pulgas fueron agrupadas bajo los criterios de procedencia, huésped y especie de pulga, y luego sometidas a extracción de ADN y amplificación por PCR del gen *gltA*. Las muestras positivas a éste se analizaron posteriormente para los genes *ompB* y *17kD*.

**Resultados.** Se recolectaron 1.341 pulgas. *Ctenocephalides felis* fue la especie más abundante en seis municipios (76,7 %). Otras especies encontradas fueron *C. canis*, *Pulex irritans* y *Xenopsylla cheopis*. Del total de especímenes se constituyeron 182 grupos y, de éstos, 124 fueron positivos para *gltA* (68 %), 104 para *ompB* (57 %), 91 para *17kD* y 79 para los tres genes (43 %). La especie *C. canis* presentó el mayor porcentaje de positivos (73 %).

**Conclusiones.** Estos resultados confirman la alta circulación de bacterias del género *Rickettsia* en pulgas recolectadas principalmente en perros y gatos de siete municipios del norte de Caldas, donde hay casos clínicos confirmados de rickettsiosis.

**128. *Rickettsia bellii* y una nueva especie del género *Rickettsia*, candidata *Rickettsia colombianensis*, detectadas en garrapatas de la familia Ixodidae (Acari: Ixodida) en Córdoba, Colombia**

Jorge Luis Miranda, Salim Mattar Velilla, José Oteo Revuelta, Arantza Portillo Barrio.  
 Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico Universidad de Córdoba. Montería, Colombia. Área de Enfermedades Infecciosas, Hospital San Pedro – Logroño La Rioja, España. jorgemire@hotmail.com

**Objetivo.** Detectar por técnicas moleculares especies de *Rickettsia* en garrapatas de la familia Ixodidae recolectadas de ambientes y animales en tres municipios del departamento de Córdoba.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo, prospectivo, realizado entre diciembre de 2008 y 2009 en los municipios de Montería, Ciénaga de Oro y Los Córdoba. Las garrapatas fueron recolectadas del ambiente (técnica de arrastre), animales domésticos y silvestres (captura directa); se identificaron taxonómicamente y se les realizó extracción de ADN con el kit Qiagen®. Para la detección inicial de *Rickettsia* spp., se realizó PCR en tiempo real (PCR-TR) para el gen de la citratotetasa (*gltA*). La PCR convencional se utilizó para la detec-

ción de los genes *gltA*, *ompA* y *ompB*. La posterior secuenciación de los fragmentos y las relaciones filogenéticas se infirieron con Mega 5.0®.

**Resultados.** Las 13.142 garrapatas recolectadas se agruparon en 785 grupos; la PCR-TR detectó ADN de *Rickettsia* spp. en 33/785 (4,2 %) de los grupos. Posteriormente, se amplificaron por PCR los genes *gltA*, *ompA* y *ompB*. Los grupos de garrapatas LC-50 y LC-51 amplificaron sólo para el gen *gltA*. La secuenciación de este fragmento correspondió a *R. bellii* (secuencia en el GenBank, número JQ519684). Los grupos LC-29, LC-31, LC-41, LC-72, 16 grupos MI y el grupo MCH-25-3 amplificaron para los genes *gltA*, *ompA* y *ompB*. En el BLAST, los genes *gltA* y *ompA* mostraron un porcentaje de identidad genética de 99,4 % y 96 % con las respectivas secuencias homólogas de *R. tamurae*. La secuencia de nucleótidos del gen *ompB*, mostró una identidad de 97,5 % con la secuencia homóloga de *R. monacensis* (secuencia en GenBank, *gltA*, número JF905456; *ompA*, JF905458, y *ompB*, JF905457).

**Conclusiones.** Se trata de la primera detección de *R. bellii* en Colombia. Con base en los criterios de clasificación de Fournier, *et al.*, las secuencias parciales de los genes *gltA*, *ompA* y *ompB* obtenidos, corresponden a una nueva especie del género *Rickettsia*, y el nombre propuesto es *Rickettsia colombianensis*.

**129. Caracterización de los factores de riesgo sociodemográficos, biológicos y ambientales que pueden contribuir al establecimiento de la transmisión de malaria en Barranquilla, 2010-2011**

Claudia Romero Vivas, Rocío Caballero, Larkin Cabeza, Laura Cuello, Katherine Ferreira, Rosa Socarrás.  
 Departamento de Medicina, Fundación Universidad del Norte. Barranquilla, Colombia. cromero@uninorte.edu.co

**Introducción.** La malaria es una enfermedad infecciosa causada por parásitos del género *Plasmodium* y transmitida por mosquitos del género *Anopheles*. Es endémica en más de 100 países y causa la muerte de alrededor de tres millones de personas al año. En Colombia, representa un problema de salud pública y en Barranquilla, que no es una zona endémica para malaria, la Secretaría de Salud Pública ha registrado casos importados de malaria y la presencia del mosquito en la ciudad y su alrededores.

**Objetivo.** Caracterizar los factores de riesgo sociodemográficos, biológicos y ambientales que podrían contribuir al establecimiento de malaria autóctona en Barranquilla.

**Materiales y métodos.** Se trabajó una muestra de 76 casos reportados en los años 2010 y 2011, organizadas en bases de datos de Excel®. Se analizaron variables sociodemográficas, como edad, sexo y procedencia, así como ambientales, obtenidas de informes climáticos del IDEAM. Los mapas de distribución de reservorios de agua, fueron obtenidos de *Google Earth*. A partir de las estadísticas rutinarias reportadas por el Instituto Nacional de Salud y la Secretaría Distrital de salud, se observaron las tendencias del número de casos de malaria importada y la especie reportada de *Plasmodium*. Igualmente se realizó la búsqueda de reportes de la presencia de las especies de *Anopheles* en el departamento del Atlántico. Para el procesamiento de los datos se utilizó SPSS®, versión 20.

**Resultados.** Enero, febrero y marzo fueron los meses de mayor reporte de casos importados a Barranquilla. Se encontró que no había relación entre el número de casos y la pluviosidad. El grupo etario más afectado fueron los hombres (80,2 %), entre los 20 y los 29 años de edad (43,4 %), provenientes principalmente de Antioquia (10,5 %) seguido por Bolívar (7,9 %). Sin embargo en el 59,2 % de los casos no se pudo establecer procedencia. La especie de *Plasmodium* más frecuente fue *P. vivax* (68,4 %), seguido por *P. falciparum* (13,2 %); en el 2007 se registró el primer caso importado de *P. malariae*. Se encontraron registros de "endémico" en la zona oriental del país. Se encontró la presencia de 7 especies de vectores, entre ellas, *An. Albimanus*, el vector reportado en la región. Se identificaron, aproximadamente, 55 cuerpos de agua alrededor de la Barranquilla, en un radio de 32 km<sup>2</sup>, distancia reportada como rango de vuelo del mosquito del género *Anopheles*.

**Conclusiones.** No se ha demostrado la transmisión de malaria autóctona en Barranquilla ni en el departamento del Atlántico; sin embargo, la

región presenta las condiciones para la aparición de la transmisión de la enfermedad. Actualmente se está realizando la búsqueda activa del vector en los cuerpos de aguas descriptos.

### 130. Impacto potencial de la variabilidad climática sobre la incidencia de dengue hemorrágico en Honduras, 2010

Lysien I. Zambrano, Carol Sevilla, Selvin Z. Reyes-García, Manuel Sierra, Rosa Kafati, Alfonso J. Rodríguez-Morales.

*Hospital Escuela, Facultad de Ciencias Médicas, Universidad Nacional Autónoma de Honduras (UNAH), Tegucigalpa, Honduras. Grupo Infección e Inmunidad, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira. Oficina de Investigación Científica de la Cooperativa de Entidades de Salud de Risaralda (COODESURIS), Pereira, Colombia. ajrodriguezmm@gmail.com*

**Introducción.** La variabilidad y el cambio climático afecta la salud y la enfermedad en el ser humano, directa o indirectamente, por medio de diferentes mecanismos. El dengue es una de las enfermedades fuertemente influenciada por la variabilidad del clima; sin embargo, su estudio en América Central ha sido poco abordado.

**Materiales y métodos.** En este estudio se evaluaron las potenciales asociaciones entre la variación macroclimática –medida por el *Oceanic Niño Index*, de la NOAA de Estados Unidos, e imágenes satelitales del *Tropical Rainfall Measuring Mission* de la NASA– y microclimática (lluvia, humedad relativa y temperatura de tres estaciones meteorológicas nacionales) y los casos de dengue hemorrágico diagnosticados serológicamente y virológicamente en el principal hospital de Honduras durante el año 2010.

**Resultados.** En dicho año se reportaron 3.353 casos de dengue hemorrágico en el Hospital Escuela de Tegucigalpa. Los períodos climáticos marcaron una diferencia de 158 % en la incidencia promedio de los casos, de los meses de El Niño (-99% de los casos por debajo de la incidencia promedio) a los meses de La Niña (+59% de los casos por encima de ella) ( $p < 0,01$ ). En la regresión lineal se encontró una incidencia significativamente mayor de dengue con valores más bajos del ONI ( $p = 0,0097$ ), con mayor probabilidad de lluvia ( $p = 0,0149$ ), con mayor lluvia acumulada ( $p = 0,0443$ ) y mayor humedad relativa ( $p = 0,0292$ ). En el modelo de regresión lineal múltiple con dichas variables, los valores de ONI demostraron ser el factor más importante y significativo asociado con la incidencia mensual de dengue hemorrágico ( $r^2 = 0,649$ ;  $\beta$  estandarizado =  $-0,836$ ,  $p = 0,01$ ).

**Conclusiones.** Como se ha demostrado en este análisis, la variabilidad climática es un importante elemento que influye en la epidemiología del dengue en Honduras. Sin embargo, es necesario ampliar estos estudios en este y en otros países de la región de América Central, debido a que estos modelos pueden ser aplicados para la vigilancia y para la predicción del dengue.

## VIROLOGÍA 2

### 131. La infección por virus del dengue modifica la expresión de proteínas en las células de mamífero: modificaciones dependientes de la cepa viral y de la célula hospedera.

Angela Martínez, Marlén Martínez-Gutiérrez.  
*Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET. Escuela de Microbiología. Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. mmartinezg@pecet-colombia.org*

**Introducción y objetivo.** El virus del dengue es el agente causal del dengue y del dengue Grave. Para mejorar la comprensión de la interacción virus-huésped es importante determinar las proteínas celulares cuya expresión se altera como producto de la infección. Por

esta razón el objetivo de este trabajo fue comparar la expresión de las proteínas de las células de mamífero infectadas con cepas virales de dengue y dengue grave.

**Materiales y métodos.** Se infectaron cultivos de células VERO y U937 con una cepa de dengue o de dengue grave. Las proteínas de cada cultivo se separaron por electroforesis bidimensional para comparar el proteoma expresado bajo cada condición. Las proteínas que tuvieron una expresión diferencial se identificaron mediante espectrometría de masas. **Resultados.** En las células VERO infectadas con virus de dengue o de dengue grave se encontraron 9 y 7 proteínas con expresión diferencial, respectivamente, y al comparar entre los dos virus se encontraron 23 proteínas. Entre ellas se encontraron proteínas involucradas en actividad antioxidante, plegamiento de proteínas, citoesqueleto y metabolismo de carbohidratos, como la proteína disulfuro isomerasa, calreticulina, Hsp-70, actina, anexina, cinasa de piruvato y proteínas de la unión a ácidos grasos, entre otras. En las células U937 infectadas con virus de dengue o de dengue grave se encontraron 11 y 9 proteínas con expresión diferencial, respectivamente, y al comparar entre los dos virus se encontraron 18 proteínas. Entre ellas se encontraron proteínas involucradas en plegamiento de proteínas, transducción de señales, corte y empalme de ARN, como tubulina, fosfolipasa C y ribonucleoproteína, entre otras.

**Conclusiones.** La infección de células de mamífero con una cepa de virus de dengue o de dengue grave modifica diferencialmente la expresión de algunas proteínas celulares, las cuales pueden facilitar o evitar el desarrollo de la infección.

### 132. Selectividad diferencial de extractos derivados de plantas de la Región Caribe colombiana: efecto inhibitorio del virus dengue dependiente de la cepa viral y del modelo celular

Carolina Hernández, Fredy Díaz, Marlén Martínez-Gutiérrez.  
*Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET. Escuela de Microbiología. Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. Laboratorio de Investigaciones Fitoquímicas y Farmacológicas (LIFFUC). Universidad de Cartagena. Cartagena, Colombia. mmartinezg@pecet-colombia.org*

**Introducción y objetivo.** Previamente hemos demostrado que algunos extractos derivados de plantas de la Región Caribe colombiana son antivirales promisorios ya que inhiben la replicación del virus del dengue (DENV) en cultivo celular. Además, los reportes de otros grupos de investigación han demostrado que el efecto antiviral puede depender en gran parte de la línea celular evaluada. El objetivo fue determinar la actividad antiviral de algunos extractos derivados de plantas de la Región Caribe colombiana en dos líneas celulares (VERO y U937) infectadas con dos cepas de DENV-2.

**Materiales y métodos.** Empleando el ensayo de MTT, se determinó la concentración citotóxica 50 ( $CC_{50}$ ) en los cultivos celulares tratados con los extractos (7,8  $\mu\text{g/ml}$  hasta 1.000  $\mu\text{g/ml}$ ). Luego se determinó la concentración efectiva 50 ( $CE_{50}$ ), por inhibición de la producción del virus por ensayo de placa utilizando las cepas de referencia Nueva Guinea y 16681 pertenecientes a DENV-2 para las infecciones. Finalmente, se calcularon los índices de selectividad (IS) de cada extracto en cada línea celular y para cada cepa viral ( $IS = CC_{50}/CE_{50}$ ).

**Resultados.** Los extractos menos tóxicos fueron los de *Tabernaemontana cymosa* ( $CC_{50} = 2.970,7 \mu\text{g/ml}$ ) y los de *Trichilia hirta* ( $CC_{50} = 1.040,8 \mu\text{g/ml}$ ) en células VERO y U937, respectivamente. Los extractos más efectivos en células VERO fueron los de *Momordica charantia* para cepas de referencia Nueva Guinea ( $CE_{50} = 125,0 \mu\text{g/ml}$ ) y 16681 ( $CE_{50} = 250,0 \mu\text{g/ml}$ ) y en células U937 fueron los de *T. hirta* para cepa de referencia Nueva Guinea ( $CE_{50} = 159,5 \mu\text{g/ml}$ ) y *M. charantia* para 16681 ( $CE_{50} = 250,0 \mu\text{g/ml}$ ). Los extractos más efectivos en la inhibición de cepas de referencia Nueva Guinea fueron los de *Cassia grandis* en células VERO ( $IS = 34,4$ ) y en células U937 ( $IS = 41,7$ ) y los más efectivos en la inhibición de la cepa 16681 fueron los de *T. cymosa* en células VERO ( $IS = 127,0$ ) y en

células U937 (IS=9.8). Finalmente, los mayores índices de selectividad en células VERO se obtuvieron con los de *T. cymosa* y para células U937 se obtuvieron con los de *Psidium guajava* y *T. cymosa*.

**Conclusiones.** Estos datos indican que la efectividad de los extractos es selectiva y dependen de la cepa viral y de la línea celular evaluada.

### 133. El ácido valproico altera la expresión de TNF- $\alpha$ e IL-6 en células mononucleares de sangre periférica humana infectadas con virus del dengue.

Félix Giovanni Delgado, Jaime Eduardo Castellanos.  
Grupo de Virología, Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia.  
delgadofelix@unbosque.edu.co

**Introducción.** En Colombia, la enfermedad causada por la infección con virus del dengue (DENV) es considerada un problema de salud pública y, a la fecha, no existe una vacuna o tratamiento farmacológico que controle eficientemente esta enfermedad. Por tal razón, resulta muy importante evaluar la actividad farmacológica de moléculas que puedan potencialmente ofrecer algún tipo de ventaja terapéutica para su control. Tal es el caso del ácido valproico cuya actividad inhibitoria sobre las enzimas desacetilasas de histona podría ejercer un efecto importante en la expresión de citocinas proinflamatorias durante la infección con DENV.

**Objetivo.** Evaluar el efecto del ácido valproico sobre la expresión de TNF- $\alpha$  e IL-6 en células mononucleares de sangre periférica infectadas con DENV.

**Materiales y métodos.** Células mononucleares de sangre periférica fueron pretratadas por 3 horas con ácido valproico (1, 2, 4 mM), infectadas con DENV (MOI=0,1) e incubadas, ya fuera por 3 horas para la obtención de ARN y posterior análisis de la transcripción de beta-actina, TNF- $\alpha$  e IL-6 por qRT-PCR, o por 24 horas para la cuantificación de TNF- $\alpha$  e IL-6 en sobrenadantes de cultivo por citometría de flujo (*Cytometric Bead Array*) y la obtención de extractos de proteínas nucleares para evaluar la actividad de las desacetilasas de histona (HDAC AssayKit).

**Resultados.** El tratamiento con ácido valproico logró disminuir de manera significativa la transcripción de TNF- $\alpha$  e IL-6 en las células infectadas, reduciéndola hasta un máximo de 8 veces. De igual forma, se observó una disminución significativa de la actividad desacetilasas de histona y de la concentración de TNF- $\alpha$  e IL-6 en los sobrenadantes de los cultivos de las células infectadas y tratadas con el fármaco.

**Conclusiones.** Estos resultados sugieren que la utilización de ácido valproico durante la infección con DENV podría tener un efecto regulador importante de la expresión y producción de TNF- $\alpha$  y de IL-6, convirtiéndose en una posible estrategia terapéutica que valdría la pena seguir explorando.

### 134. Una molécula de tipo bromotirosina derivada de la esponja marina *Verongula rigida* inhibe la infección por virus del dengue, serotipo 2, en monocitos humanos.

Diana Carolina Quintero-Gil, Luisa Fernanda Arbeláez, Elkin Galeano, Olivier Thomas, Alejandro Martínez, Marlén Martínez-Gutiérrez.  
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET. Escuela de Microbiología. Grupo de Productos Naturales Marinos. Universidad de Antioquia. Laboratoire de Chimie des Molécules Bioactives et des Arômes. Université de Nice-Sop. Medellín, Colombia. mmartinezg@pecet-colombia.org

**Introducción y objetivo.** Las esponjas marinas han demostrado ser una fuente de nuevas moléculas con gran potencial farmacológico. Entre los efectos reportados se encuentra su capacidad antimicrobiana. Aunque se ha reportado el efecto antiviral de algunas de ellas, no hay estudios que demuestren su efecto sobre la replicación del virus del dengue (DENV). Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue

evaluar el efecto antiviral de once moléculas de tipo bromotirosinas, derivadas de esponjas marinas obtenidas en el golfo de Urabá sobre la replicación del DENV.

**Materiales y métodos.** Las moléculas fueron aisladas de las esponjas *Verongula rigida* y *Aiolochoira crassa* por cromatografía líquida de alta presión y caracterizadas mediante resonancia magnética nuclear y espectrometría de masas. Se evaluó su toxicidad en monocitos U937 (100  $\mu$ M a 3,1  $\mu$ M) por un ensayo de MTT y con una concentración no tóxica (15  $\mu$ M) se evaluó el efecto antiviral mediante tres esquemas experimentales: antes del tratamiento, durante el tratamiento y después del tratamiento. A las 48 horas después de la infección se cuantificó el número de copias genómicas virales por RT-qPCR para las cuales se compararon con la prueba t de Student (n=4).

**Resultados.** Tres de las once de moléculas evaluadas tienen efecto antiviral (aeroplisinina 1 de *V. rigida*, y purealidina y aeroplisinina 1 de *A. crassa*); la molécula más promisoría fue la aeroplisinina 1 de *V. rigida*. Cuando dicha molécula fue puesta antes de la infección (antes del tratamiento) no se encontraron diferencias estadísticamente significativas con respecto al control sin tratamiento (p>0,05), pero cuando fue puesta de manera conjunta con el virus (durante el tratamiento) se encontró una inhibición del 50 % (p<0,05) y cuando la molécula fue puesta después de la infección viral (después del tratamiento) la inhibición fue del 91 % (p<0,05).

**Conclusiones.** La aeroplisinina1 tiene un efecto virucida contra DENV y, además, afecta los pasos posteriores a la entrada del virus a la célula huésped U937, por lo que podría considerarse como un potencial antiviral.

### 135. La proteína sst2 no regula la producción de citocinas proinflamatorias en monocitos humanos infectados con virus dengue.

Adriana Marisol Pérez, Félix Giovanni Delgado, Jaime Eduardo Castellanos.  
Grupo de Virología, Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia.  
castellanosjaime@unbosque.edu.co

**Introducción.** El virus del dengue (DENV) produce una infección aguda que, además de inducir un aumento de la producción de citocinas proinflamatorias, se presenta con niveles aumentados de ST2 soluble (sST2) en el suero de los pacientes; sin embargo, la importancia biológica de este fenómeno no ha sido entendida. sST2 es un miembro de la familia de receptores de la IL-1, al que se le ha descrito un papel inmunorregulador en modelos en ratón de sepsis, artritis e isquemia, enfermedades que involucran una reacción inflamatoria no controlada.

**Objetivo.** Evaluar el efecto de sST2 sobre la producción de TNF- $\alpha$  e IL-6 en un modelo de infección *in vitro* con DENV-2.

**Materiales y métodos.** Células mononucleares de sangre periférica y monocitos humanos fueron tratados o no con 10  $\mu$ g/ml de sST2 por 3 horas y posteriormente infectados con DENV-2 (MOI=0,1) o estimulados con lipopolisacáridos (50 ng/ml) por 6, 12 o 24 horas. Posteriormente, se analizó la presencia intracelular de antígeno viral, TNF- $\alpha$  e IL-6 por citometría de flujo. En los sobrenadantes se cuantificó la presencia de TNF- $\alpha$  e IL-6 por citometría de flujo y de sST2 por ELISA.

**Resultados.** Las células mononucleares de sangre periférica fueron permisivas a la infección con DENV-2 y en los sobrenadantes se detectó la presencia de TNF- $\alpha$  e IL-6, pero no de sST2. Las células CD14+ fueron la subpoblación celular preferentemente infectada y responsable de la producción de TNF- $\alpha$  e IL-6. Por otro lado, sST2 disminuyó la producción de TNF- $\alpha$  e IL-6 en monocitos estimulados con lipopolisacáridos; sin embargo, este efecto no se observó cuando los monocitos habían sido pretratados con sST2 y luego infectados con DENV-2.

**Conclusiones.** Este trabajo muestra evidencia que sugiere que sST2 no ejerce un efecto regulador sobre la producción de TNF- $\alpha$  e IL-6 cuando los monocitos son infectados *in vitro* con DENV-2. Estos resultados sustentan la idea de que los niveles elevados de sST2 observa-

dos en el suero de pacientes con dengue, podrían no estar relacionados con la regulación de la respuesta inmunitaria durante la infección.

### 136. Establecimiento de un modelo de barrera hematoencefálica para evaluar el ingreso del virus del dengue al tejido nervioso

María Angélica Calderón, Jaime Eduardo Castellanos, Myriam Lucía Velandia.

Grupo de Virología, Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia. [velandiamyriam@unbosque.edu.co](mailto:velandiamyriam@unbosque.edu.co)

**Introducción.** El virus del dengue (DENV) induce en algunos casos alteraciones en el sistema nervioso. Para estudiar estos casos, desarrollamos un modelo de infección con una cepa de virus neuroadaptada con el cual estamos determinando algunos de los mecanismos que puede emplear el DENV para ingresar al tejido nervioso

**Objetivo.** Desarrollar un modelo de barrera hematoencefálica de ratones neonatos con el fin de evaluar la infección y los daños inducidos por el virus en estas células.

**Materiales y métodos.** Se extrajo el cerebro de ratones neonatos el cual fue disociado enzimáticamente, luego el *pellet* fue separado en un gradiente de Percoll con el fin de obtener capilares, los cuales se sembraron y se mantuvieron en cultivo. A las células obtenidas se les agregó tripsina y se sembraron sobre laminillas (*transwell*) e se infectaron con el virus neuroadaptado del dengue (D4MB-6) a un MOI de 1 por 24 o 48 horas y se evaluaron los daños en la integridad de la barrera por inmunofluorescencia y midiendo la resistencia transendotelial.

**Resultados.** Se estandarizó el modelo de barrera hematoencefálica de ratones de 7 días de nacidos, el cual mostró características morfológicas, estructurales y funcionales similares a las reportadas en animales adultos. Estas células tuvieron 50 % de vulnerabilidad a la infección con el D4MB-6 a las 48 horas, comparado con su control (DENV no adaptado); además, se observó que la infección alteraba la integridad de la barrera, disminuyendo la resistencia transendotelial e induciendo cambios en la expresión de algunas proteínas asociadas a las uniones estrechas del endotelio.

**Conclusiones.** En este trabajo se generó un modelo de barrera hematoencefálica partiendo de un cultivo primario de células endoteliales, en las que se evaluó la infección con el virus D4MB-6 y los efectos que éste tiene sobre las proteínas de unión estrechas; se observó que la infección altera la integridad de la barrera, lo que posiblemente favorece el ingreso de células infectadas, virus libres al tejido nervioso o ambos.

## RESISTENCIA BACTERIANA 2

### 137. Caracterización de aislamientos de *Escherichia coli* de origen aviar, productores de betalactamasas de espectro extendido en Colombia

Pilar Donado, Sandra Yamile Saavedra, Maribel León, Ingrid Viviana Clavijo, María Victoria Ovalle, Aura Lucía Leal, Jorge Alberto Cortés.

Corpoica, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia. [sysaavedrar@gmail.com](mailto:sysaavedrar@gmail.com)

**Introducción.** La resistencia antimicrobiana acarrea graves problemas de salud pública y afecta el manejo de enfermedades infecciosas de humanos y animal. El sistema colombiano para la vigilancia integrada de la resistencia antimicrobiana (COIPARS) en la cadena avícola, evaluó la presencia de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) en *Escherichia coli* de pollos.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio transversal; las muestras se tomaron entre 2008 y 2009, de hisopos de arrastre y ma-

teria fecal de aves de granja, contenido cecal de plantas de beneficio en Cundinamarca y Santander, y carne de pollo en puntos de venta de Bogotá. Se recolectaron 317 aislamientos de *E. coli*; de éstos, 22,4 % (n=71) presentaron fenotipo BLEE. Usando PCR se confirmó la presencia de BLEE y se detectaron los genes *blaTEM*, *blaSHV* y *blaCTX-M*; en los aislamientos positivos para CTX-M se determinó el grupo filogenético al que pertenecía la enzima y el grupo filogenético (A, B1, B2 o D) de los aislamientos; se secuenciaron los amplímeros de BLEE. La tipificación se realizó por electroforesis en gel de campo pulsado, utilizando Xba-I.

**Resultados.** La caracterización molecular de BLEE indica que las betalactamasas más frecuentes son las de tipo SHV presentes en 67 (94,4 %) aislamientos, seguidas de TEM presentes en 13 aislamientos y CTX-M del grupo 2 encontradas en dos aislamientos. El 15,5 % de los aislamientos presentaron la combinación SHV y TEM. El análisis de secuenciación de las enzimas SHV permitió determinar que las variantes presentes en estos aislamientos fueron SHV-12 (63,6 %) y SHV-5 (36,4 %). El 73,3 % (n=52) de los aislamientos pertenecían a los grupos filogenéticos A y B1 lo que indica que son de origen comensal. De los aislamientos analizados, 19 no pudieron ser tipificados por presentar degradación de ADN, los 52 aislamientos restantes se clasificaron en 45 huellas genómicas que incluyeron cuatro grupos genómicos (con 2 a 4 aislamientos) y 41 perfiles únicos.

**Conclusiones.** Los resultados sugieren abundante presencia de genes *SHV* en aves de la cadena alimentaria.

### 138. Incidencia y factores de riesgo para la colonización urinaria por microorganismos multirresistentes en pacientes en la unidad de cuidados intensivos

María José López, Jorge Alberto Cortés, María José Vargas. Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia. [mjlopezun@hotmail.com](mailto:mjlopezun@hotmail.com)

**Introducción y objetivo.** La colonización urinaria es un fenómeno frecuente en pacientes críticamente enfermos. Se propuso determinar la incidencia e identificar los factores de riesgo para la colonización por microorganismos multirresistentes en pacientes de la unidad de cuidados intensivos.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de casos y controles anidado en una cohorte prospectiva, con el fin de identificar los factores de riesgo para la colonización por microorganismos multirresistentes en una unidad de cuidados intensivos. Se definió como microorganismo multirresistente a aquel resistente a varias familias de antibióticos. En este grupo se incluyeron los aislamientos fúngicos.

**Resultados.** Se estudiaron 116 pacientes que ingresaron sin colonización urinaria en una unidad polivalente de cuidados intensivos. La edad promedio fue de 64 años, 63 % eran hombres, con un índice Apache promedio al ingreso de 13, un índice SOFA promedio de 6,5, y 20 % en estado de choque al ingreso. El 46 % de los pacientes tuvieron colonización y 23 %, colonización por un microorganismo multirresistente, con una incidencia de 26,5 por 1.000 días de estancia.

Los microorganismos multirresistentes identificados fueron: 26 % *Candida albicans*, 22 % *Candida no albicans*, 37 % enterobacterias y 19 % no fermentadores (*Pseudomonas* spp. y *Acinetobacter* spp.). El único factor de riesgo identificado en el modelo multivariable fue el ingreso en estado de choque a la unidad de cuidados intensivos (OR=3,8; IC<sub>95%</sub> 1,4-10,3). Sólo se identificó un caso de infección urinaria entre los pacientes con identificación previa de microorganismos en orina.

**Conclusiones.** A pesar de la alta frecuencia de colonización por microorganismos multirresistentes, parece tener menor implicación clínica para el paciente –aunque sí lo tiene para el ambiente hospitalario–. El único factor predictor de multirresistencia fue el ingreso en estado de choque.

**139. Resistencia a los antibióticos de *Pseudomonas aeruginosa* en hospitales colombianos**

Lina María Villa, Jorge Alberto Cortés, Aura Lucía Leal, Andrés Fernando Meneses.

Universidad Nacional de Colombia, GREBO, Bogotá, Colombia.  
nallachez@hotmail.com

**Introducción y objetivo.** *Pseudomonas aeruginosa* se asocia a infecciones hospitalarias con altas tasas de morbilidad y mortalidad. El objetivo fue hacer un análisis descriptivo de las tasas de resistencia a los antibióticos disponibles en los aislamientos de *P. aeruginosa* en hospitales colombianos.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo con la información de resistencia de 33 instituciones colombianas entre enero de 2005 y diciembre de 2009. Se usaron las normas del *Clinical and Laboratory Standard Institute* de 2009 para determinar la resistencia. Se utilizaron las tasas de resistencia del primer aislamiento de cualquier tipo de muestra de pacientes de la unidad de cuidados intensivos y en las salas de hospitalización.

**Resultados.** Se identificaron 9.905 aislamientos de *P. aeruginosa* (4,86 % de todos los aislamientos) en las 33 instituciones. En las muestras de las unidades de cuidados intensivos, *P. aeruginosa* fue más frecuentemente recuperada del tracto respiratorio (31,6 %, 768 aislamientos). En las unidades de cuidados intensivos, *P. aeruginosa* mostró una resistencia global a aztreonam, cefepime, ceftazidima, imipenem, meropenem y piperacilina-tazobactam de 31,8 %, 23,9 %, 24,8 %, 22,5 %, 20,3 %, y 22,3 %, respectivamente. Se encontró resistencia a uno, dos y tres o más familias de antibióticos en 17 %, 12,5 % y 32,1 %, respectivamente, y aumentó con el tiempo excepto para tres o más familias. En las salas de hospitalización, la resistencia a amicacina, aztreonam, cefepima, ceftazidima, gentamicina, meropenem, imipenem, levofloxacina y piperacilina-tazobactam fue de 12,8 %, 27,1 %, 18 %, 20,7 %, 24,2 %, 15,5 %, 14,6 %, 24,6 % y 17 %, respectivamente.

**Conclusiones.** La resistencia a los antibióticos en los aislamientos de *P. aeruginosa* es alta y ha ido en aumento en los últimos años, con un gran número de cepas multirresistentes. Se requiere un mayor control de la infección intrahospitalaria y de la administración de antibióticos para disminuir la resistencia.

Financiado por la División de Investigación de la Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá.

**140. Vigilancia epidemiológica de la microbiología y perfiles de resistencia bacteriana en 13 IPS nivel III de Santiago de Cali, Red de Vigilancia de Eventos Nosocomiales del Valle**

Ernesto Martínez Buitrago, María Virginia Villegas, Crislian Hernández Gómez, Robinson Pacheco López

RENOVA, Cali, Colombia. renova\_cali@hotmail.com

**Introducción y objetivo.** Los programas de vigilancia epidemiológica son estrategias clave contra el fenómeno de la resistencia bacteriana, permitiendo identificar los perfiles de sensibilidad a los antibióticos y detectar la propagación de genes de resistencia en el medio hospitalario. El objetivo de este estudio fue determinar, con base en la epidemiología local, el estado actual de la resistencia bacteriana en la región.

**Materiales y métodos.** Para los años 2010 y 2011, 13 IPS de nivel III de Santiago de Cali participaron en RENOVA; se estandarizaron los sistemas de información en microbiología clínica; se construyeron conglomerados de información mediante el *software* Whonet y se realizó el análisis epidemiológico de la microbiología local, distribuido por tipos de localización hospitalaria y de la comunidad y respectivos perfiles de resistencia.

**Resultados.** Durante el periodo vigilado, se obtuvieron los 33.000 primeros aislamientos en salas y unidades de cuidados intensivos, y *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae*, *Staphylococcus aureus*, *Pseudomonas aeruginosa* y *Candida* spp. fueron los cinco gémenes aislados en orden de frecuencia; los principales tipos de muestra de donde fueron aislados, correspondieron a muestras de orinas de micción espontánea y por catéter, sangre, secreciones de herida y secreciones orotraqueales. *Pseudomonas aeruginosa* y *Acinetobacter baumannii* presentaron perfiles de multirresistencia con 25 % de resistencia promedio para carbapenémicos; para las Enterobacteriaceae, la resistencia a cefalosporinas de tercera generación superó el 20 % de los aislamientos, mientras que de los *S. aureus* resistente a la meticilina que oscilaron entre el 25 y el 30 %, el 45 % reportó una CIM de 1 µg/ml; los otros gémenes presentaron perfiles de multirresistencia según el nicho epidemiológico del que se aislaron.

**Conclusiones.** Los resultados de la red confirmaron la prevalencia de resistencia bacteriana reportada en otras regiones del país; estos hallazgos ha favorecido el desarrollo de estrategias para el uso adecuado de los antimicrobianos fortaleciendo, además, los programas de prevención y control de las infecciones asociadas a la atención en salud.

**141. Resistencia antimicrobiana de los aislamientos colombianos de *Neisseria gonorrhoeae*, 1987-2011**

Olga Marina Sanabria, María Elena Realpe, Carolina Duarte Valderrama.

Instituto Nacional de Salud, Bogotá, Colombia. osanabria@ins.gov.co

**Introducción.** La resistencia antimicrobiana de *Neisseria gonorrhoeae* se ha incrementado en los últimos años, debido a la dispersión de aislamientos multirresistentes a penicilina, tetraciclina, macrólidos y fluorquinolonas, reduciendo las opciones de tratamiento. Se analizaron los resultados de la resistencia antimicrobiana de los aislamientos colombianos de *N. gonorrhoeae* enviados al Grupo de Microbiología del Instituto Nacional de Salud por medio de la vigilancia por laboratorio en el periodo de 1987 a 2011.

**Materiales y métodos.** Se analizaron 448 aislamientos de *N. gonorrhoeae* con datos epidemiológicos y patrones de sensibilidad antimicrobiana de penicilina, tetraciclina, ceftriaxona, espectinomicina, ciprofloxacina y azitromicina, según los criterios de CLSI, los cuales se determinaron por el método de difusión en disco y dilución en agar. Se seleccionaron 98 aislamientos de manera aleatoria con sensibilidad disminuida a la penicilina para determinar la susceptibilidad a cefixime por el método de E-test.

**Resultados.** En los 448 aislamientos estudiados se presentó una resistencia de 93,5 % a la tetraciclina y de 99,3 % a la penicilina. Además, 43,1 % eran positivos para betalactamasa y 56,9 % negativos para betalactamasa; de estos, 79 % presentó resistencia intermedia a la penicilina. En los años 2007, 2010 y 2011 se presentó alta resistencia a la ciprofloxacina con 25 %, 24 % y 34,2 %, respectivamente. En el 2011, 3 (7,3 %) aislamientos presentaron concentraciones inhibitorias mínimas (CIM) mayor o igual a 2 µg/ml para la azitromicina. Todos los aislamientos fueron sensibles a la ceftriaxona, y de los 98 aislamientos seleccionados, el 100% presentaron CIM menor o igual 0,25 µg/ml a cefixime.

**Conclusiones.** La recuperación de aislamientos negativos para betalactamasa con resistencia intermedia a la penicilina, además de la aparición de la resistencia a la ciprofloxacina y a la azitromicina, indican la importancia de mantener y fortalecer la vigilancia de la resistencia de *N. gonorrhoeae* a diferentes antimicrobianos con el fin de replantear los esquemas de tratamiento en el país.

#### 142. Comparación de los patrones electroforéticos y de los perfiles de resistencia antimicrobiana entre aislamientos de *Salmonella* spp. recuperados de carne de pollo en puntos de venta y muestras clínicas humanas en Colombia

Johan Fabian Bernal, Paula Díaz, Viviana Clavijo, Angeline Montañó, Maribel León, Catherine Rodríguez, María Victoria Ovalle, Mc Allister Tafur, María Elena Realpe, Martha Josefina Vives, Pilar Donado.

Instituto Nacional de Salud, Instituto Colombiano Agropecuario, CORPOICA, Universidad de los Andes. Bogotá, Colombia. j.bernal144@uniandes.edu.co

**Introducción y objetivo.** La resistencia antimicrobiana es un problema emergente de la salud pública mundial, principalmente por su implicación en el tratamiento efectivo de enfermedades y por la velocidad con que se disemina. La recomendación de la OMS es establecer programas de vigilancia integrada de la resistencia antimicrobiana, con especial interés en bacterias zoonóticas como *Salmonella* spp. Este estudio buscó establecer si existe relación fenotípica y genotípica entre los aislamientos provenientes de carne de pollo y los casos clínicos.

**Materiales y métodos.** Se compararon 118 aislamientos de *Salmonella* spp. recuperados de carne de pollo de los serotipos Paratyphi B (23; SPB), Enteritidis (61), Heidelberg (20) y Typhimurium (14), con los aislamientos de la base de datos de vigilancia de enfermedad diarreica aguda del Instituto Nacional de Salud durante el periodo 2010-2011. Se evaluó la sensibilidad a 21 antimicrobianos y se determinó por PFGE la capacidad de los aislamientos de generar clones.

**Resultados.** Se encontró que 56 (90 %) aislamientos de *Salmonella* Enteritidis compartieron dos clones que correspondieron a los más frecuentes en los casos clínicos, y que 36 (64 %) de ellos tenían resistencia a 1 o más antimicrobianos, que 2 (14 %) aislamientos de *Salmonella* Typhimurium compartieron dos clones con los casos clínicos y tenían resistencia a 1 o más antimicrobianos, que 5 (25%) aislamientos de *Salmonella* Heidelberg compartían un clon con los casos clínicos y eran sensibles a los antimicrobianos; no se encontró relación genotípica en SPB. La multiresistencia encontrada en *Salmonella* Heidelberg y SPB fue de 70 % y 100 % de los aislamientos, respectivamente.

**Conclusiones.** La presencia de clones genotípicos multiresistentes en la carne de pollo, indica su potencial como fuente de infección y como posible foco de diseminación de la resistencia antimicrobiana hacia el consumidor.

## MICOBACTERIAS 2

#### 143. Tuberculosis en una prisión de Risaralda: epidemiología e implicaciones para el programa de control

Diana Castañeda-Hernández, John Edwin Martínez-Ramírez, Alfonso J. Rodríguez-Morales.

Programa de Tuberculosis y Lepra, Secretaría de Salud y Seguridad Social de Pereira, Pereira. Fundación Universitaria del Área Andina, Seccional Pereira, Pereira. Instituto Nacional Penitenciario y Carcelario, Pereira. Grupo Infección e Inmunidad, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Oficina de Investigación Científica de la Cooperativa de Entidades de Salud de Risaralda (COODESURIS). Pereira, Colombia. ajrodriguezmm@gmail.com

**Introducción y objetivo.** La tuberculosis es una de las enfermedades infecciosas más importantes mundialmente y, más aún, su ocurrencia en grupos de riesgo, con infección VIH/sida, población indígena, sujetos en pobreza extrema o en condición de hacinamiento, como

aquellos en instituciones y penitenciarias. Por esta razón, se evaluó el comportamiento de la tuberculosis en la población de internos de un establecimiento penitenciario y carcelario de mediana seguridad de Risaralda entre el 2010 y el 2012.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio epidemiológico de morbimortalidad y evolución clínico-terapéutica en la población de internos, 2010-2012, bajo el programa de tuberculosis haciendo el diagnóstico clínico-epidemiológico y bacteriológico. Se analizaron las tasas de incidencia acumulada y de mortalidad comparándolas con las de la población general en el mismo municipio.

**Resultados.** Entre 2010 y 2012 se evaluaron 7 internos con tuberculosis (baciloscopia positiva), de un total de 1.508 registrados por el INPEC en el establecimiento (incidencia acumulada=4,64 casos por 1.000 habitantes, 2,99 en el 2010 y 2,13 en el 2011). La edad promedio fue de 40,5 años (100% del sexo masculino), y todos con tuberculosis pulmonar. A todos se les ofreció asesoría y se les practicó la prueba para VIH, y 1 de ellos fue positivo para VIH. Tres de ellos se encuentran en tratamiento, 2 fueron transferidos, 1 con tratamiento terminado y 1 fracaso.

**Conclusiones.** Al comparar la incidencia del 2011 en internos con la de la población general (0,67 por 1.000 habitantes), fue 3,19 veces mayor en esa población de riesgo. En el 2010, en Pereira fue de 0,66 por 1.000 habitantes, por lo cual en los internos fue 4,54 veces mayor. Estos datos tienen importantes repercusiones en salud pública así como en el manejo y la progresión de la enfermedad en el sujeto, persistencia de la infección, resistencia a los medicamentos y potencialidad de la transmisión del agente infeccioso a quienes le rodean, por lo cual se plantean estrategias que permitan brindar un mejor manejo integral, social, epidemiológico, clínico, diagnóstico y preventivo.

#### 144. Detección de *Mycobacterium bovis* en la cadena de producción bovina de Colombia

Jimena Jojoa, Maira Wintaco, Francisco Osorio, Gloria Puerto, Martha Inirida Guerrero.

Instituto Nacional de Salud, Subdirección de Investigación, Grupo de Micobacterias. Bogotá Colombia. gpuerto@ins.gov.co

**Introducción.** *Mycobacterium tuberculosis* es el agente etiológico de la tuberculosis humana que también puede ser producida por *Mycobacterium bovis*. El conocimiento de la presencia y distribución de *M. bovis*, es esencial para identificar los reservorios animales, como contribución a las políticas de salud pública.

**Objetivo.** Identificar *M. bovis* y otras especies del género *Mycobacterium* en muestras de diferentes puntos de la cadena de producción bovina.

**Materiales y métodos.** Se recolectaron 492 muestras de 8 departamentos de Colombia, según indicaciones del Grupo de Tuberculosis del Instituto Colombiano Agropecuario. Las muestras de ganglios linfáticos, hisopados nasales, sangre, leche y quesos frescos, fueron sometidas a búsqueda de *M. bovis* y otras micobacterias por pruebas microbiológicas y moleculares PCR-IS6110 y *spoligotyping*.

**Resultados.** Cundinamarca aportó 40 % de las muestras; Boyacá, 21,74 %; Magdalena, 19,10 %, y Antioquia, 17,07 %. Con la tinción de Zielh Neelsen se obtuvo 7,11 % resultados positivos con una concordancia de 85,71 % con los cultivos. Por cultivo se encontró 23,98 % resultados positivos y la identificación fenotípica evidenció *M. bovis*, complejo *M. tuberculosis*, *M. tuberculosis* y *Mycobacterium* spp. La PCR IS6110 fue positiva en 51,02 %, fue dos veces más sensible que el cultivo y siete veces más que la tinción de Zielh Neelsen. Entre las 234 muestras que fueron positivas por *spoligotyping*, se encontró que 34,13 % presentaron patrón perteneciente a *M. bovis* y 65,87 % a *M. tuberculosis*. Se identificaron 36 genotipos.

**Conclusiones.** Se pudo evidenciar que *M. bovis* se encuentra infectando y enfermando animales bovinos y bufalinos de cuatro diferentes departamentos colombianos, lo cual constituye una seria amenaza de zoonosis no sólo para los manipuladores de la cadena sino para el consumidor final.

**146. Costos y costo-efectividad de un tratamiento acortado estrictamente supervisado centrado en el grupo familiar en Colombia**

Diana Marcela Marín, Emmanuel Nieto, Dione Benjumea, Helena del Corral, Lucelly López López, Luz Dolly Lopera, Fernando Montes, Gloria Molina, María Patricia Arbeláez.  
Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. diamarin13@yahoo.com

**Introducción y objetivo.** La estrategia del tratamiento acortado estrictamente supervisado ha sido un referente en todo el mundo para el control de la tuberculosis. Sin embargo, muchos países aún no han alcanzado los niveles adecuados de éxito de tratamiento, pese a su implementación. En el contexto de una investigación previa de una cohorte de convivientes bacilíferos de Medellín, se deseaba determinar si una estrategia centrada en los convivientes podría ser más costo-efectiva que la estrategia tradicional.

**Materiales y métodos.** Se tomó como estrategia centrada en los convivientes a los casos índice de la cohorte de convivientes captados entre 2005 y 2006, y como grupos de comparación, los pacientes diagnosticados en el 2006 y en el 2009 (antes y después de la estrategia). Se definió como tratamiento antituberculoso exitoso a los egresos como "terminado" o "curado". La estimación de costos tuvo una perspectiva social que incluyó los costos para el programa local de control de la tuberculosis para los pacientes y sus familiares y otras instituciones. Las cifras de los costos se recolectaron por medio de cuestionarios estructurados y se estimaron en dólares estadounidenses del 2010. Se estimaron las razones de costo-efectividad, el costo en incrementos, la diferencia de las proporciones de éxito y el riesgo relativo (RR) de un tratamiento fracasado ajustado con una regresión binomial.

**Resultados.** Se halló que la estrategia centrada en los convivientes era más costo-efectiva para lograr tratamientos exitosos que la estrategia acortada estrictamente supervisado tradicional (RR=0,42; IC<sub>95%</sub> 0,32-0,55). La relación costo-efectividad de la estrategia centrada en los convivientes fue de US\$ 1,126 por caso tratado con éxito comparada con US\$ -1,316 por caso tratado con éxito bajo el tratamiento acortado estrictamente supervisado tradicional. La proporción de casos exitosamente tratados fue mejor con la estrategia centrada en los convivientes que con sólo el tratamiento acortado estrictamente supervisado en todo tipo de pacientes, incluyendo aquellos con tuberculosis resistente a los medicamentos de primera línea (MDR-TB), diabetes y VIH (p<0,001).

**Conclusiones.** Pese a que se utilizó un grupo de comparación de un año diferente, se encontró que la estrategia centrada en los convivientes siempre fue la alternativa más costo-efectiva. La mayor carga de costos fue para los pacientes y los familiares. La estrategia centrada en los convivientes es promisoría para mejorar el control de la tuberculosis en los sitios endémicos.

**147. Tuberculosis extrapulmonar, diagnóstico por PCR IS6110**

Alba Ricardo Páez, Maira Wintaco, Gloria Puerto, Martha Inirida Guerrero.  
Instituto Nacional de Salud, Subdirección de Investigación, Grupo de Micobacterias. Bogotá, Colombia. gpuerto@ins.gov.co

**Introducción.** En el 2010, la OMS estimó 0,8 millones de casos de tuberculosis extrapulmonar en el mundo; esta enfermedad se presenta con menor frecuencia que la tuberculosis pulmonar; sin embargo, su incidencia viene en aumento, principalmente, en grupos de riesgo, como las personas con inmunosupresión. La IS6110 es una secuencia de inserción presente exclusivamente en los miembros del complejo *Mycobacterium tuberculosis* que puede ser una herramienta útil en la detección de las micobacterias del complejo.

**Objetivo.** Detectar la presencia de micobacterias del complejo *M. tuberculosis*, por medio de la PCR IS6110, en muestras clínicas de pacientes que tienen sospecha clínica de tuberculosis extrapulmonar.

**Materiales y métodos.** Doce hospitales de diferentes departamentos del país, remitieron 37 muestras de aspirados ganglionares, biopsias de pulmón, biopsias de hueso, lavados broncoalveolares, líquido cefalorraquídeo, líquido pleural y orina, entre agosto de 2010 y noviembre de 2011; las muestras se analizaron con PCR y los productos de amplificación se visualizaron por electroforesis para determinar la presencia o ausencia de ADN perteneciente a algún miembro del complejo *M. tuberculosis*.

**Resultados.** Veintiún (56,75 %) muestras pertenecían a hombres entre 27 y 85 años, y 16 (43,24 %) muestras pertenecían a mujeres entre 30 y 81 años; en las historias clínicas de cuatro pacientes se reportaron que eran positivos para VIH; el porcentaje de resultados positivos para IS6110 fue de 72,97 % (27) muestras amplificadas y 10 (27,02 %) muestras negativas.

**Conclusiones.** Se pudo evidenciar la presencia de ADN perteneciente al complejo *M. tuberculosis*, mediante una metodología rápida y económica que puede ser aplicada de rutina en los laboratorios de diagnóstico para confirmar tuberculosis.

**PARASITOLOGÍA 1****148. Prevalencia de anticuerpos naturales IgM para *Toxoplasma gondii* en una población de mujeres embarazadas en el municipio de Armenia, departamento del Quindío, Colombia**

María Inés Plazas, Jackeline Salamanca Marín, Jorge Enrique Gómez.  
Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. mplazameister@gmail.com

**Introducción y objetivo.** La presencia de IgM anti-*Toxoplasma* en el embarazo es un marcador importante para definir la necesidad de pruebas confirmatorias. En ocasiones, el médico se encuentra frente a la presencia de IgM naturales que dificultan el diagnóstico; no se conoce cuál es la prevalencia de este fenómeno. El objetivo de este trabajo fue determinar la prevalencia de anticuerpos IgM naturales en mujeres gestantes del municipio de Armenia.

**Materiales y métodos.** Se revisaron los resultados para anticuerpos IgG e IgM para *Toxoplasma gondii* en 1.503 exámenes de mujeres gestantes, entre el 2008 y el 2010 en el Centro de Investigaciones Biomédicas de la Universidad del Quindío, para detectar la muestra que presentaban un resultado negativo de IgG con uno positivo de IgM. Se encontraron 71 mujeres gestantes con estos resultados; sólo fue posible contactar a 44 de ellas para practicar una segunda muestra confirmatoria. Se consideró que se trataba de IgM natural si en la segunda muestra la IgM seguía siendo positiva y la IgG era negativa.

**Resultados.** De los 44 sueros analizados en la segunda muestra, 13 (29,5 %) fueron negativos para IgG y positivos para IgM (IgM natural); 27 (61,4 %) fueron negativos para IgG y negativos para IgM, y 4 presentaron seroconversión (9,1 %). Todos los sueros fueron analizados para la presencia de factor reumatoideo y todos fueron negativos, lo que descarta esto como causa de falsos positivos.

**Conclusiones.** La comparación entre la primera muestra y la segunda señala que 29,5 % de las muestras positivas para IgM en una prueba inicial anti-*Toxoplasma* son IgM naturales. Estas pacientes requieren seguimiento como seronegativas.

**149. Evaluación de las técnicas PCR en tiempo real, *Speed-Oligo*® y *Western blot* para el diagnóstico confirmatorio de toxoplasmosis congénita en niños recién nacidos remitidos al Centro de Investigaciones Biomédicas, 2009-2011, Armenia, Quindío, Colombia**

Raul Eduardo Rivera, Jorge Enrique Gómez, Nestor Ivan Cardona, Fabiana María Lora.

Centro de investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. [rriveraquirola@hotmail.com](mailto:rriveraquirola@hotmail.com)

**Objetivo.** Evaluar las técnicas de PCR en tiempo real, el estuche comercial *Speed-Oligo*® (Vircell, España) y el estuche comercial de *Western Blot* IgG/IgM/IgA® (LD-Bio, Francia) para el diagnóstico confirmatorio de toxoplasmosis congénita.

**Materiales y métodos.** Se seleccionaron los niños recién nacidos remitidos al Centro de Investigaciones Biomédicas de un estudio multicéntrico nacional y algunos que no estaban incluidos en dicho programa de tamización neonatal, que presentaron anticuerpos específicos IgG, IgM o IgA anti-*Toxoplasma* o síntomas compatibles con la enfermedad y cuyas madres tenían pruebas positivas para anticuerpos IgG e IgM durante la etapa de gestación. Se incluyeron únicamente los niños de las madres que autorizaron su participación en el estudio a través del consentimiento informado. A cada niño se le practicaron pruebas de *Speed-Oligo*®, PCR en tiempo real y *Western blot*, las cuales fueron evaluadas según su sensibilidad y especificidad para el diagnóstico, después de un año de seguimiento de cada niño, tiempo en el cual se definió su estado infeccioso (negativo o positivo).

**Resultados.** Se encontró una sensibilidad para el diagnóstico de toxoplasmosis congénita en el primer mes de vida de 37 % (IC<sub>95%</sub>:32-42) para el PCR en tiempo real, de 66 % (IC<sub>95%</sub>: 63-69) para el *Speed-Oligo*® y para el *Western blot* IgG® de 50 % (IC<sub>95%</sub>: 44-55), para IgM de 45 % (IC<sub>95%</sub>: 39-51) y para IgA de 70 % (IC<sub>95%</sub>: 64-75).

**Conclusiones.** Se confirma la necesidad de realizar el diagnóstico de la enfermedad usando la combinación de diferentes técnicas que incrementen la sensibilidad del diagnóstico. Para el presente estudio, se encontró que el método más útil para el diagnóstico temprano de la infección congénita, era la detección por *Western blot* IgG e IgM con lo que se obtiene una sensibilidad del 80 % (IC<sub>95%</sub>: 75-84).

**150. Polimorfismos en genes de citocinas de pacientes con toxoplasmosis ocular**

Carlos Andrés Naranjo, Juan Carlos Sepúlveda-Árias, Jorge Enrique Gómez.

Grupo Infección e Inmunidad, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia. Grupo GEPAMOL, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. [jcsepulv@utp.edu.co](mailto:jcsepulv@utp.edu.co)

**Introducción y objetivo.** La retinocoroiditis toxoplásmica es la principal causa de incapacidad visual en los países occidentales. Los polimorfismos genéticos de los genes de las citocinas pueden interferir con la expresión de dichas moléculas y jugar un papel primordial en la regulación genética de la respuesta inflamatoria y la resistencia o vulnerabilidad a enfermedades infecciosas. Es importante determinar si dichos polimorfismos alteran la producción de citocinas en los pacientes con toxoplasmosis ocular y su asociación con el desarrollo de lesiones oculares y la presentación clínica de la enfermedad. El objetivo del trabajo fue estimar el riesgo asociado a los polimorfismos en los genes de citocinas de los pacientes con toxoplasmosis ocular.

**Materiales y métodos.** Se evaluaron preliminarmente 15 pacientes con toxoplasmosis ocular confirmada por evaluación oftalmológica y presencia de anticuerpos específicos del isotipo IgG y 15 controles sanos, negativos para IgG, sin lesiones oculares. Se obtuvo ADN a partir

de sangre periférica y se procedió a extraer el ADN genómico para determinar la presencia de los polimorfismos en los genes de las citocinas IL-1β, IFN-γ, TNF-α, IL-10, IL-12 e IL-17 mediante la técnica de minisequenciación, o ddNTP primera extensión, en la cual se amplificaron 15 regiones que contienen los polimorfismos de nucleótido único evaluados. Los productos de dicha reacción se evaluaron mediante electroforesis capilar en el secuenciador ABI Prism 3100-Avant®.

**Resultados.** Se realizó la estandarización de un PCR múltiple para la evaluación de los polimorfismos de los genes de estas citocinas, y se definieron las condiciones experimentales que permitieran detectar varios polimorfismos en una misma reacción de amplificación.

**Conclusiones.** Los polimorfismos estudiados están presentes en nuestra población. Hay una tendencia para el polimorfismo IL-10-819C/T que indica una posible asociación de este polimorfismo con la toxoplasmosis ocular. Financiación: Universidad Tecnológica de Pereira

**151. Identificación de la secuencia b1 de *Toxoplasma gondii* en sangre periférica de individuos con diferentes formas clínicas de toxoplasmosis**

Lily Johanna Toro, Jorge Enrique Gómez, Alejandra De la Torre. Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. [lilyjohanna90@gmail.com](mailto:lilyjohanna90@gmail.com)

**Introducción y objetivo.** *Toxoplasma gondii* es el causante de la toxoplasmosis, una enfermedad infecciosa capaz de causar infecciones leves y asintomáticas; entre las últimas se encuentra la toxoplasmosis ocular, la cual es una de las causas más frecuentes de retinocoroiditis. El objetivo de este trabajo fue identificar con el blanco de amplificación b1 de *T. gondii*, la parasitemia en las diferentes formas clínicas de la toxoplasmosis y su correlación con las características clínicas.

**Materiales y métodos.** Se evaluaron 120 muestras (de sangre, líquido amniótico y líquido cefalorraquídeo) obtenidas de individuos que acudieron al Centro de Investigaciones Biomédicas de la Universidad del Quindío para que les hiciera la prueba diagnóstica de *T. gondii*. Las muestras se obtuvieron por el tiempo de llegada de los pacientes, desde el año 2008 hasta el 2012; esto se hizo hasta completar el número establecido y se mantuvieron almacenadas a una temperatura de -20°C.

**Resultados.** De las 120 muestras obtenidas, hubo amplificación del gen b1 en 57 (47,5 %). Es decir que de los 51 individuos con toxoplasmosis ocular, 38 (75 %) fueron positivos en el ADN obtenido de sangre periférica para el gen b1; se encontró 39 individuos con toxoplasmosis ocular activa, 28 (72 %) fueron positiva en la PCR para b1, y en 11 (28 %) la PCR fue negativa. De las 12 muestras de individuos con toxoplasmosis ocular inactiva, 10 (83 %) fueron positivos en la PCR para el gen b1, y en 2 (17 %) la PCR fue negativa. De los individuos asintomáticos, en 17 (28 %) se encontró positiva la PCR para el gen b1 y en 44 (72 %) la PCR fue negativa. En los 8 individuos con serología negativa para *T. gondii*, la PCR de b1 fue negativa.

**Conclusiones.** El método permitió amplificar la mayoría de las muestras analizadas, lo cual sugiere que el parásito puede circular en la sangre de la mayoría de los individuos con toxoplasmosis ocular, activa o inactiva, y esto indica que la mayoría de estos individuos son accesibles a tipificación por amplificación de alelos específicos del parásito en sangre en la enfermedad ocular.

**152. Comparación clínica e inmunológica entre pacientes colombianos y franceses con toxoplasmosis ocular activa**

Alejandra De la Torre, Arnaud Sauer, Alexander Pfaff, Odile Villard, Jorge Gómez Marín, Ermanno Candolfi.

GEPAMOL, Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia. Institut de Parasitologie et de Pathologie Tropicale, Université de Strasbourg, France. [alejadelatorre@yahoo.com](mailto:alejadelatorre@yahoo.com)

**Introducción y objetivo.** *Toxoplasma gondii* tiene una distribución geográfica particular alrededor del mundo, según el genotipo. Las cepas de Europa y de Suramérica son diferentes. El objetivo de este trabajo fue relacionar el tipo de cepa con el tipo de respuesta inmunitaria ocular, evaluar y comparar las características clínicas e inmunológicas de los pacientes franceses y colombianos con toxoplasmosis ocular activa.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio prospectivo de las características clínicas de los pacientes con toxoplasmosis ocular activa, evaluados en el Departamento de Oftalmología del Hospital Universitario de Estrasburgo y el Centro de Salud de la Universidad de Quindío. Se practicaron exámenes biológicos, análisis y comparación de los resultados de *Western blot*, PCR y perfil de citocinas del humor acuoso de los pacientes franceses y colombianos.

**Resultados.** Se encontraron diferencias estadísticamente significativas en el tamaño de las lesiones activas ( $p=0,04$ ), compromiso macular unilateral ( $p=0,001$ ), discapacidad visual unilateral ( $p=0,04$ ), inflamación vítrea ( $p=0,00001$ ), sinequias ( $p=0,04$ ) y vasculitis ( $p=0,04$ ), con mayor compromiso en los pacientes colombianos. No hubo diferencias significativas en las sensibilidades diagnósticas de PCR ( $p=0,42$ ), y *Western blot* ( $p=0,34$ ). Sin embargo, se encontraron diferencias significativas en el número de bandas y en el patrón de proteínas reconocido por *immunoblotting* ( $p=0,003$ ). El análisis de citocinas en el humor acuoso mostró discrepancia de la respuesta inflamatoria entre los pacientes franceses y los colombianos, notablemente en IL-17.

**Conclusiones.** La presentación clínica de la toxoplasmosis ocular en los pacientes colombianos y franceses difiere significativamente, con mayor compromiso en los pacientes colombianos. Se encontró un patrón de reconocimiento de proteínas diferente por *Western blot* que no había sido reportado previamente, probablemente debido a diferencias en la respuesta inmunitaria a antígenos específicos. La IL-17 del humor acuoso mostró concentraciones aumentadas en los pacientes franceses al compararlos con los colombianos.

### 153. Inyección intravítrea de ARNs de toxoplasmosis ocular en el modelo en ratón

Alejandra De la Torre, Arnaud Sauer, Alexander Pfaff, Odile Villard, Jorge Enrique Gómez.

GEPAOL, Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia, Institut de Parasitologie et de Pathologie Tropicale, Université de Strasbourg, France. alejadelatorre@yahoo.com

**Objetivo.** Teniendo en cuenta los resultados previos obtenidos con anticuerpos anti-IL-17 en el modelo en ratón de la infección intraocular por *Toxoplasma gondii* (menor inflamación y menor carga parasitaria, comparada con los ratones control infectados con *T. gondii*, pero sin anticuerpos anti-IL-17), nuestro objetivo fue evaluar si al usar ARNs para bloquear el factor de transcripción necesario para la producción de IL-17, podría ser posible obtener los mismos resultados.

El propósito era: i) evaluar las mejores condiciones para transfectar células de la retina, después de la inyección intravítrea *in vivo* de ARNs marcado con fluorescencia en ratones C57BL6, utilizando diferentes tecnologías de *Polyplus®* en ratones infectados intraocularmente, y ii) identificar la naturaleza y localización de las células transfectadas *in vivo* en la retina.

**Materiales y métodos.** Se inyectaron *in vivo* en el vítreo de ratones C57BL6, diferentes tecnologías de ARNs marcado con fluorescencia *Polyplus®*, en ratones previamente infectados intraocularmente con la cepa PRU de *T. gondii*: naked siRNA, cationic siRNA S30, cationic siRNA Z30, sticky siRNA y jetPEI *in vivo*, siRNA y IC4 (cationic lipid).

**Resultados.** Se confirmó la presencia de células transfectadas con ARNs inespecífico en el vítreo y la retina en ratones C57BL6 infectados intraocularmente con *T. gondii*.

**Conclusiones.** JetPEI, lípidos cationicos, cationic siRNA Z30 y siRNA y IC4 fueron las mejores condiciones para transfectar células con ARNs inespecífico en el vítreo y la retina de ratones C57BL6 infectados intraocularmente con *T. gondii*. Es necesario identificar la naturaleza de las células transfectadas.

### 154. Evaluación *in vitro* e *in vivo* de los medicamentos antiinflamatorios y cicatrizantes con potencial actividad leishmanicida

Carol Vanessa Mesa, Rodrigo Ochoa Deossa, Carlos Muskus López, Diana Lorena Muñoz, Ivan Dario Vélez, Sara María Robledo, Adriana María Restrepo, Matteo Duque Rodríguez, Juan Alejandro Daza, Anderson López Arias.

Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales - PECET, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. carolva@gmail.com

**Introducción y objetivo.** En la actualidad, existen cuatro medicamentos para la leishmaniasis que son eficaces pero presentan inconvenientes. Las herramientas computacionales permiten la búsqueda rápida y efectiva de nuevos medicamentos, acelerando su descubrimiento.

El objetivo de este trabajo fue identificar medicamentos con posible actividad leishmanicida, mediante aproximaciones bioinformáticas y su validación *in vitro* e *in vivo*.

**Materiales y métodos.** Se identificaron medicamentos con actividad antiinflamatoria y cicatrizante en formato SMILE, provenientes de la base de datos DrugBank. Los medicamentos se evaluaron *in vitro* para determinar su citotoxicidad sobre la línea celular U-937 y su actividad leishmanicida en amastigotes axénicos de *Leishmania panamensis* por MTT, y sobre amastigotes intracelulares por citometría de flujo. Los estudios *in vivo* se realizaron en hámsteres infectados experimentalmente con *Leishmania amazonensis* y tratados tópicamente con los compuestos que presentaron mejor efectividad *in vitro*.

**Resultados.** A diez medicamentos de uso actual como antiinflamatorios y cicatrizantes, se les evaluó *in vitro* su actividad anti-*Leishmania*; 8 de los medicamentos evaluados sobre la línea celular U937 fueron citotóxicos con valores para la  $CL_{50}$  menores de 100  $\mu\text{g/ml}$ , excepto dos que fueron medianamente citotóxicos con valores para la  $CL_{50}$  mayores de 100  $\mu\text{g/ml}$ ; 3 de los medicamentos fueron muy activos en amastigotes axénicos, con valores para la  $CE_{50}$  menores de 10  $\mu\text{g/ml}$  y 2 para los amastigotes intracelulares. Se evaluó *in vivo* la actividad de cuatro compuestos que mostraron efectividad *in vitro*; 2 de los compuestos mostraron mejoría clínica para 4 de 5 hámsteres del grupo y en los otros 2 grupos se observó curación en 3 de 5 y 3 de 6 hámsteres, respectivamente.

**Conclusiones.** Los resultados obtenidos en la evaluación *in vitro* e *in vivo* sugieren que estos cuatro medicamentos poseen potencial como posibles tratamientos para la leishmaniasis, y que ameritan continuar siendo evaluados, ya sea optimizando el esquema terapéutico o las formas farmacéuticas.

### 155. La cinasa de colina de *Leishmania infantum* como potencial blanco terapéutico para el tratamiento de la leishmaniasis

Sergio Pulido, Jon Friesen, Juan Alzate, David Cedefío, Marjorie Jones, Sandra Duque, Luz Ríos, Sara Robledo.

Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales - PECET, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. sapulidom@pecet-colombia.org

**Introducción y objetivo.** La inhibición de la síntesis de fosfatidilcolina se perfila como un promisorio blanco terapéutico para el desarrollo de compuestos con actividad leishmanicida. La cinasa de colina-etanolamina, primera encima de la vía, podría ser un blanco terapéutico

identificable de la misma. Se presenta la descripción molecular y bioquímica de la cinasa de colina-etanolamina de *Leishmania infantum* y el efecto leishmanicida de inhibidores sintéticos de esta enzima, proponiéndola como un promisorio blanco terapéutico para el tratamiento de la leishmaniasis. El objetivo de este trabajo fue caracterizar a nivel molecular y bioquímico la cinasa de colina de *L. infantum* y proponerla como un nuevo blanco terapéutico para el tratamiento de la leishmaniasis.

**Materiales y métodos.** Se clonó y se purificó la cinasa de colina-etanolamina de *L. infantum* y se realizó la determinación de los parámetros cinéticos de actividad y de inhibición de la enzima. Paralelamente, se evaluó la actividad leishmanicida sobre amastigotes intracelulares de aquellos compuestos sintéticos inhibidores de la enzima.

**Resultados.** La enzima tiene una acentuada actividad de cinasa de colina. La secuencia de aminoácidos difiere de las enzimas homólogas en otros organismos, incluyendo la humana. La actividad enzimática es inhibida por compuestos análogos del sustrato colina que muestran efectos leishmanicidas sobre amastigotes intracelulares *in vitro*.

**Conclusiones.** Este trabajo presenta la primera evidencia experimental de la existencia de una cinasa de colina y de la ruta clásica de biosíntesis de fosfatidilcolina en *Leishmania* spp.

Finalmente, se describe una nueva familia de compuestos con actividad leishmanicida que actúan, probablemente, mediante la inhibición de la cinasa de colina en el parásito.

## MICROBIOLOGÍA 2

### 156. Diseño y estandarización de dos PCR múltiple para la amplificación de integrones de clase 1 en aislamientos de *Staphylococcus* spp.

Liliana Constanza Muñoz, Bibiana Chavarro Portillo, Lizeth Ávila García, Jeannette Navarrete Ospina, Martha Gómez, Gladys Pinilla Bermudez.

Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. Bogotá, Colombia. lilimunozm@gmail.com

**Introducción.** En la actualidad, es bien conocida la función de los integrones como mecanismo de multiresistencia en las bacterias Gram negativas. Sin embargo, en los últimos años se ha estudiado su participación en la resistencia en las bacterias Gram positivas, como es el caso del género *Staphylococcus* spp.

**Objetivo.** Diseñar y estandarizar dos PCR múltiple para la amplificación de integrones de clase 1 en aislamientos clínicos de *Staphylococcus* spp.

**Materiales y métodos.** A partir de la estructura básica del integrón en cepas de bacterias Gram negativas, especialmente Enterobacterias, se llevó a cabo un análisis bioinformático de las secuencias reportadas de los genes de la integrasa (*intI1*), la resistencia al amonio cuaternario (*qacED*) y la resistencia a las sulfonamidas (*sulI*). Con el fin de realizar PCR múltiple, se diseñaron iniciadores para la detección de estos genes a partir de las secuencias consenso obtenidas del análisis.

**Resultados.** Se estandarizaron dos PCR múltiple para la amplificación de los genes *intI1*, *qacED* y *sulI*. Se analizaron 30 aislamientos clínicos de *Staphylococcus* spp., en los que se encontró que el 80 % de los aislamientos analizados presentaba este mecanismo de resistencia.

**Conclusiones.** Se realizó el diseño y la estandarización de dos PCR múltiple para la identificación de integrones en cepas de *Staphylococcus* spp., lo que constituye una herramienta para evaluar la presencia de este mecanismo de resistencia, además de permitir la caracterización molecular de diferentes aislamientos en los estudios epidemiológicos.

### 157. La promiscuidad bacteriana: una realidad en la transferencia de genes de resistencia en cepas de *Staphylococcus* spp.

Gladys Pinilla Bermudez, Liliana Muñoz Molina, Jennifer Carolina Gutiérrez, Bibiana Chavarro Portillo, Martha Gómez, Jeannette Navarrete Ospina.

Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. Bogotá, Colombia. gpinillab@gmail.com

**Introducción.** Los integrones descritos en bacterias Gram negativas y por transferencia horizontal de genes en bacterias Gram positivas, son elementos móviles que tienen la capacidad de integrar y dispersar casetes genéticos de resistencia en el ADN cromosómico bacteriano.

**Objetivos.** Determinar en *Staphylococcus* spp. la presencia del integrón de clase I y casetes genéticos que confieren resistencia a los aminoglicósidos en el ADN cromosómico y de plásmidos.

**Materiales y métodos.** Se clasificaron genotípicamente 53 cepas de *Staphylococcus* spp., y los pulsotipos se observaron por PFGE. Por PCR múltiple se determinó el integrón de clase 1, los genes casete Caac y aadA2 de resistencia a los aminoglicósidos y se estableció el perfil de plásmidos.

**Resultados.** La resistencia de cepas portadoras de plásmidos en *Staphylococcus epidermidis* fue a clindamicina, gentamicina, eritromicina, oxacilina y tetraciclina, y en *Staphylococcus aureus* no se encontró resistencia a la tetraciclina; el 86,4 % tenía el integrón de clase I y el casete genético Caac. La bioinformática corroboró la homología entre tres genes de resistencia a la tetraciclina, resolvasa-integrasa del transposón Tn522 y BlaR1. Las cepas presentaron 19 pulsotipos lo que demostrando la posibilidad de policlones.

**Conclusiones.** La presencia del integrón de clase 1 en *Staphylococcus* spp. en el ADN del cromosoma y en los plásmidos, sugiere "promiscuidad bacteriana", que facilita la supervivencia bacteriana y la multiresistencia. La homología establecida por bioinformática, evidenció la transferencia horizontal de genes entre *S. epidermidis* y *S. aureus*.

### 158. Perfil de susceptibilidad de *Bacteroides fragilis* a carbapenem

Clara Lina Salazar, Diana Molina C., Patricia M. Sierra V., Juan Carlos Cataño.

Grupo de Investigación en Bacterias Anaerobias y Aerobias de Importancia Clínica (GIBAA), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. IPS Universitaria, Clínica Leon XIII. Fundación Antioqueña de Infectología. Medellín, Colombia. clarlin27@gmail.com

**Introducción y objetivo.** Mientras la literatura en otros países reporta un aumento notorio de la resistencia de *Bacteroides fragilis* a los carbapenem, ésta es una opción terapéutica común en nuestras instituciones hospitalarias para el manejo de las infecciones causadas por aerobios Gram negativos. Las infecciones sospechosas de etiología anaerobia son tratadas sin confirmación microbiológica ni antibiograma. El propósito de este estudio fue establecer el perfil de sensibilidad de *B. fragilis* a los carbapenem.

**Materiales y métodos.** Se determinó por la técnica E-test® la concentración inhibitoria mínima (CIM) de meropenem, imipenem, ertapenem y doripenem a 24 cepas de *B. fragilis* aisladas de pacientes hospitalizados en la IPS Universitaria, Clínica León XIII, en el 2011. La categorización de la sensibilidad se basó en los puntos de corte establecidos en el documento M100S22-2012 del *Clinical and Laboratory Standard Institute*. Además, se practicó la prueba de betalactamasas en disco.

**Resultados.** El 95,8 % de las cepas de *B. fragilis* fueron positivas en la prueba de betalactamasas. El 91,6 % de las cepas (rango de CIM<sub>50</sub>: 0,064 a 8 µg/ml) fueron sensibles a meropenem; todas fueron sensibles a imipenem (rango de CIM<sub>50</sub>: 0,047 a 1,5 µg/ml); el 91,6 % (rango

de  $CIM_{50}$ : 0,047 a 4  $\mu\text{g/ml}$ ) sensibles a ertapenem, y el 87,5% (rango de  $CIM_{50}$ : 0,032 a 1  $\mu\text{g/ml}$ ) fueron sensibles a doripenem. Una cepa (4,1 %) era de categoría intermedia para meropenem y doripenem, ambos antibióticos con  $CIM_{50}$  = 6  $\mu\text{g/ml}$ , y otra cepa diferente (4,1 %) lo fue con  $CIM_{50}$  = 6  $\mu\text{g/ml}$ . El 4,1% fue resistente a meropenem, ertapenem y doripenem,  $CIM_{50}$  mayor de 32, 16 y 16, respectivamente

**Conclusiones.** Meropenem, ertapenem y doripenem tuvieron un porcentaje de resistencia de 4,1 %, mientras que todas las cepas fueron sensibles a imipenem. Existe dificultad con el establecimiento de la categoría intermedia con el método E-test®; se recomienda el método estándar de dilución en agar, aunque el ertapenem tiene limitaciones técnicas para su montaje. La cepa resistente de *B.fragilis* se aisló de una úlcera de decúbito y era productora de betalactamasas.

#### 159. Distribución de los serotipos de *Streptococcus pneumoniae* recuperados de muestras nasofaríngeas antes de la implementación de la vacuna conjugada heptavalente en Bogotá y después de ella

Eliana Parra, Jaime Moreno, Paula Díaz, Olga Sanabria, María Elena Realpe, Elkin Hernández, Fernando De La Hoz.  
Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia elipabarrera@yahoo.es

**Introducción y objetivo.** La vacuna antineumocócica conjugada heptavalente (7-valente) fue implementada dentro del esquema de inmunización rutinaria de Bogotá desde el 2009. El objetivo de este estudio fue determinar el estado de portador nasofaríngeo y la distribución de los serotipos de *Streptococcus pneumoniae* antes de la introducción de la vacuna 7-Valente en Bogotá y después de ella.

**Materiales y métodos.** Se estudiaron muestras nasofaríngeas de 246 y de 231 niños entre los 12 y 18 meses de edad, obtenidas en los años 2007 y 2011 antes de la introducción de la 7-valente y después de ella. La identificación de *S. pneumoniae* se realizó por PCR múltiple, y el serotipo se determinó por PCR múltiple y reacción de Quellung.

**Resultados.** La frecuencia de portadores de *S. pneumoniae* fue de 55,7 % (137/246) y de 43,7 % (101/231) para antes de la introducción de la vacuna y después de ella, respectivamente. La frecuencia de los serotipos observada fue diferente en los dos periodos estudiados. Los serotipos más frecuente antes de la introducción fueron: 19F (17,2 %), 6A (15,2 %), 6B (8,3 %), NST (8,3 %), 14 (6,2 %), 23F (4,8 %) y 9N (3,4 %), y después de la introducción, 11A (7,3 %), 15B (7,3 %), 6A (6,4 %), 19F (5,5 %), 23A (5,5 %), 15C (5,5 %) y 35F (4,6 %). La frecuencia de los serotipos contenidos en la vacuna 7-valente (4, 6B, 9V, 14, 18C, 19F y 23F) disminuyó de 41,26 % a 16 % en los dos periodos, respectivamente.

**Conclusiones.** La frecuencia de portadores nasofaríngeos y la distribución de serotipos presentaron importantes diferencias después de la introducción de la vacuna. La distribución encontrada de los serotipos evidencia un efecto de remplazo de serotipos en la nasofaringe, lo cual resalta la importancia de estudiar y comprender la epidemiología de *S. pneumoniae* en relación con las vacunas antineumocócicas disponibles.

#### 160. Relación de los cambios microbiológicos en saliva y en la película de la subgingiva durante el embarazo

Diana Marcela Castillo, Johanna Angélica Quiceno, Lina Viviana Millán, Yormaris Castillo Romero, Sandra Liliana Rada, Lucía Carolina Salas, Mónica Andrea González, Gloria Inés Lafaurie.  
Instituto UIBO, Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia. castillodiana@unbosque.edu.co

**Introducción y objetivo.** Durante el embarazo se presentan cambios en la microflora oral en la subgingiva. Se ha reportado la relación entre la concentración de hormonas en la saliva y los cambios en la microflora oral durante el embarazo. La saliva es la fuente más importante

de colonización de bacterias en la placa subgingival. El propósito de este estudio fue evaluar los cambios en la microflora oral y establecer la relación entre los cambios microbiológicos en la saliva y en la placa subgingival durante el embarazo.

**Materiales y métodos.** Se evaluaron 81 mujeres embarazadas entre los 18 y los 40 años que se encontraban en el primero, segundo o tercer trimestre del embarazo, además de un grupo posparto. Las muestras de saliva y la placa subgingival se obtuvieron y posteriormente se cultivaron en agar *Brucella* con suplemento de hemina y vitamina K, y se incubaron durante 7 días en un ambiente anaeróbico a 36 °C con una concentración de oxígeno por debajo del 1%. Se cuantificaron las unidades formadoras de colonias de las especies bacterianas y se compararon entre los diferentes trimestres y el grupo posparto por medio de las pruebas Kruskal-Wallis y U de Mann-Whitney ( $p < 0,05$ ).

**Resultados.** Se observaron cambios microbiológicos en la saliva y en la placa subgingival entre las diferentes especies; *Prevotella intermedia/nigrescens*, *Prevotella melaninogenica* y *Parvimonas micra* fueron las especies que mostraron cambios durante el embarazo ( $p < 0,05$ ). En la saliva, estos microorganismos presentaron aumento del crecimiento en el segundo trimestre, que se mantuvo aun después del parto ( $p < 0,05$ ). En la placa subgingival, *P. intermedia/nigrescens* y *P. melaninogenica* presentaron aumento del crecimiento desde el primer trimestre y una disminución durante el posparto. *Parvimonas micra* sólo mostró cambios durante el segundo trimestre del embarazo.

**Conclusiones.** Los cambios en la microflora oral en la saliva durante el embarazo, se inicia en el segundo trimestre y se mantienen hasta después del parto. En la flora subgingival los cambios ocurren inmediatamente inicia el embarazo, pero se normalizan inmediatamente de que ocurre el parto. Financiación: Convocatoria Interna Universidad El Bosque, División de Investigaciones, Cód. PCI 2010-140, y Colciencias N° 1308-493-26234.

#### 161. Bacterias entéricas en la cavidad oral y fuentes de contaminación exógenas

Gloria Inés Lafaurie, Lina Viviana Millán, María Alejandra Sabogal, Diana Marcela Castillo, Jean Fernando Duran.  
Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia. institutouibo@gmail.com

**Introducción y objetivo.** Los principales factores para la contaminación oral por enterobacterias son la mala higiene, la contaminación orofecal, la autoinoculación con cepillos dentales y el uso de antibióticos. El propósito de este estudio fue evaluar los factores de riesgo para la colonización de enterobacterias en saliva y las fuentes de contaminación exógena, y evaluar la relación de clones entre los aislamientos de saliva y los de manos y cepillos dentales.

**Materiales y métodos.** Se analizaron microbiológicamente muestras de saliva, lavado de manos y cepillos dentales de 150 pacientes con el fin de identificar la presencia de bacilos entéricos. Se evaluaron los factores de riesgo asociados a la contaminación de enterobacterias, a saber: factores sociodemográficos, enfermedades sistémicas, medicamentos, tabaquismo, alcohol, hábitos de higiene oral, recambio del cepillo dental y lavado de manos. Se excluyó el consumo de antibióticos. Se realizó electroforesis en gel de campo pulsado (PFGE) para evaluar la relación de clones entre las especies aisladas de saliva y las de cepillos dentales y manos. Se hicieron análisis bivariados y análisis de regresión logística ( $p < 0,05$ ).

**Resultados.** El 60,9 % de los sujetos presentó bacteria entéricas en saliva, de las cuales, *Enterobacter cloacae* y *Klebsiella pneumoniae* fueron las más frecuentes. Se observó asociación significativa entre la presencia de bacteria entéricas en saliva y la contaminación en los cepillos dentales (OR=3,4; IC<sub>95%</sub> 1,6-7,0) y con el sexo masculino (OR=2,3; IC<sub>95%</sub> 1,09-4,8). Se encontró que el sacar el cepillo de dientes del baño era

un factor protector (OR=0,42; IC<sub>95%</sub> 0,2-0,8). Se observó relación clonal entre los aislamientos de *K. pneumoniae* de saliva y de cepillos dentales, y entre los aislamientos de *K. pneumoniae* y *E. cloacae* aislados de saliva en dos tiempos diferentes.

**Conclusiones.** Los cepillos dentales son la principal fuente de contaminación exógena de bacterias entéricas en la boca y pueden mantenerse estables en saliva. El mantener los cepillos dentales fuera de los baños es un factor protector. Financiación: Convocatoria Interna, Universidad El Bosque, Cód. PCI 2009-19.

### 162. Estudio fitoquímico preliminar de las flores y hojas de *Acmella ciliata* (HBK) Cass y evaluación de la actividad biológica de los extractos y del aceite esencial

Carlos Andres Rincón, Jhon Carlos Castaño, Eunice Rios Vasquez.  
Universidad del Quindío, Grupo de Inmunología Molecular.  
Armenia, Colombia. carlosandres0415@gmail.com

**Introducción.** *Acmella ciliata* (HBK) Cass, según datos etnofarmacológicos, presenta propiedades analgésicas, flogísticas, antimicrobianas, larvicidas, anestésicas y hepatoprotectivas.

**Objetivo.** Realizar la caracterización fitoquímica preliminar de las flores y hojas de *A. ciliata* (HBK) Cass y evaluar la actividad biológica de los extractos y del aceite esencial.

**Materiales y métodos.** Se recolectaron flores y hojas de *A. ciliata* (HBK) Cass en el municipio de Armenia. A partir de las flores y de las hojas se obtuvieron extractos etanólicos y etéreos por métodos convencionales y extracción asistida por ultrasonido. Se practicaron las pruebas más representativas para cada metabolito y la evaluación de su actividad biológica antimicrobiana frente a *Escherichia coli* (aislamiento clínico), *Proteus mirabilis* (aislamiento clínico), *Klebsiella ozaenae* (aislamiento clínico), *Staphylococcus aureus* (aislamiento clínico), *Streptococcus epidermidis* (aislamiento clínico) y *Candida albicans* (ATCC 9808). La citotoxicidad en células BHK y dosis letal media en *Artemia salina*.

**Resultados.** La extracción asistida por ultrasonido presentó una mayor eficacia en la obtención de metabolitos secundarios. Los extractos presentaron una acentuada actividad antimicrobiana contra bacterias Gram positivas, sólo el AE y la fracción lipídica de las flores presentaron un efecto inhibitorio en *C. albicans*. Los AE presentaron una alta toxicidad en células BHK. Los extractos etanólicos fueron los menos tóxicos.

**Conclusiones.** Los metabolitos más característicos fueron las alcanoidas alifáticas y los sesquiterpenos. Su actividad biológica fue mayor en microorganismos Gram positivos, con excepciones en el caso de los extractos que presentaron compuestos tales como las isobutilamidas (inhibe el crecimiento de las Gram negativas y *C. albicans*). La toxicidad en *A. salina* y la citotoxicidad en células BHK están estrechamente relacionadas; en ambos casos, los AE presentaron una letalidad mayor, muy por debajo de la encontrada en los diferentes extractos.

### 163. Evaluación de la actividad antimicrobiana, antitumoral y citotóxica de los compuestos químicos de los aceites esenciales obtenidos de *Cymbopogon citratus*, *Lippia alba* (Mill), *Lippia origanoides* y el aceite extraído de la cascara de la nuez de *Anacardium occidentale* cultivados en el departamento del Quindío y del Valle del Cauca

Paula Andréa Trujillo, Jhon Carlos Castaño.  
Universidad del Quindío, Armenia, Colombia. paulatrujillo.aranz@yahoo.es

**Introducción y objetivo.** Es necesario, desde el punto de vista científico, establecer una relación entre la medicina tradicional y la actividad química, biológica y terapéutica de las plantas. El objetivo de esta investigación fue evaluar la actividad antimicrobiana, antineoplásica

y citotóxica de los aceites esenciales de algunas plantas del departamento del Quindío y el Valle del Cauca.

**Materiales y métodos.** Se separó con diclorometano el líquido de la cáscara de la nuez de *Anacardium occidentale*; se evaluó la actividad antimicrobiana de este aceite y de los aceites de *Cymbopogon citratus*, *Lippia alba* (Mill) y *Lippia origanoides* frente a *Staphylococcus aureus*, *Staphylococcus epidermidis*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Escherichia coli* y *Candida albicans*; se realizaron ensayos de citotoxicidad de los aceites en estudio frente a células BHK-21, VERO76 (ATCC CRL-1587) y mieloma de ratón Sp2/O-Ag14 (ATCC: CRL-1581); por último, se determinó la dosis letal media con *Artemia salina*; estos datos se procesaron en el programa Statgraphics®, versión 5.

**Resultados.** El aceite de *A. occidentale* se encontró que estaba rico en compuestos fenólicos, y mostró buena inhibición frente a *S. aureus* y mieloma de ratón, al igual que el aceite de *C. citratus*; por último, se encontró que la DL<sub>50</sub> del aceite de *A. occidentale* era la más tóxica (0,033 mg/ml) y que la del aceite esencial de *L. alba* (Mill) era la menos tóxica (0,115 mg/ml).

**Conclusiones.** Los resultados obtenidos corroboraron el uso tradicional de estas especies y la posible elaboración de productos antineoplásicos y antimicrobianos.

## VIRUS DE LA INMUNODEFICIENCIA HUMANA 2

### 164. Acumulación de células T reguladoras funcionales en la mucosa rectal de individuos positivos para VIH-1, a pesar del tratamiento antirretroviral

César Mauricio Rueda, Paula Andrea Velilla, María Teresa Rugeles.  
Grupo Inmunovirología, Universidad de Antioquia, Medellín,  
Colombia. mtrugel@catios.udea.edu.co

**Introducción y objetivo.** El aumento de la frecuencia de células T reguladoras (Treg) en el tejido linfóide de los pacientes infectados con el VIH se ha asociado con la progresión de la infección. La supresión viral incompleta y la restauración parcial de los linfocitos T CD4+ se ha observado en el tejido linfóide asociado al tracto gastrointestinal, a pesar del uso continuo de la terapia HAART (*Highly Active Antiretroviral Therapy*). El objetivo de este trabajo fue determinar el efecto de la terapia HAART sobre las Treg en el tejido linfóide asociado al tracto gastrointestinal.

**Materiales y métodos.** Se recolectaron células rectales de tejido linfóide asociado al tracto gastrointestinal y células mononucleares de sangre periférica de controles sanos y de pacientes infectados por el VIH que estaban o no recibiendo terapia HAART. La frecuencia y fenotipo de las Treg se determinó con base en la expresión de CD3, CD4, Foxp3, CD127, CD25, CTLA-4 y PD-1. Se incubaron células mononucleares de sangre periférica y células rectales totales o fraccionadas sin la población de Treg, en presencia o en ausencia de péptidos del VIH y de citomegalovirus. Las células se recolectaron a las 18 horas y se determinó la presencia de las moléculas CD3, CD4 y CD107A e IFN- $\gamma$  por citometría de flujo.

**Resultados.** Se encontró una frecuencia aumentada de Treg en células mononucleares de sangre periférica y en tejido linfóide asociado al tracto gastrointestinal en pacientes positivos para VIH-1 en comparación con los controles. Este aumento fue más acentuado en el tejido linfóide asociado al tracto gastrointestinal de los pacientes sin terapia HAART y se relacionó con la carga viral y la activación de los linfocitos T CD8+. Las Treg de los pacientes no tratados tenían disminuida la expresión de CD25 y aumentada la expresión de PD-1 y CTLA-4. Las Treg de los individuos infectados (tratados y sin tratar) suprimieron la producción de IFN- $\gamma$  y la degranulación por parte de los linfocitos T CD4+ y CD8+ específicos de VIH y de citomegalovirus.

**Conclusiones.** Estos hallazgos sugieren que la infección crónica por VIH induce alteraciones cuantitativas y fenotípicas de las Treg, particularmente en el tejido linfóide asociado al tracto gastrointestinal; además, se observa que la terapia HAART, a pesar de controlar la replicación viral, no es capaz de restaurar el fenotipo normal de estas células. Financiación: Colciencias 111540820490-1.

**165. Trasmisión del virus de la inmunodeficiencia humana a partir de espermatozoides: implicaciones durante la fecundación**

Jurany Andrea Sánchez, Walter Darío Cardona, María Teresa Rugeles.  
*Grupos Inmunovirología y Reproducción, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. medellin.jurany@gmail.com*

**Introducción y objetivo.** Los leucocitos del semen son considerados la principal fuente de infección del virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) durante la transmisión sexual; sin embargo, se ha descrito la interacción entre el espermatozoide y el virus, sugiriendo un papel de estas células en la transmisión. El objetivo de este trabajo fue determinar la capacidad de los espermatozoides humanos, provenientes de individuos VIH positivos, de transmitir el virus a células susceptibles como los macrófagos.

**Materiales y métodos.** Se cultivados simultáneamente con macrófagos, espermatozoides puros, tratados o no con tripsina, de 14 pacientes positivos para VIH. La interacción celular se evaluó por microscopía de luz. Se extrajo el ADN de los espermatozoides y de los cultivos después de 7 días. Finalmente, se hizo una PCR anidada para detectar el gen *env*.

**Resultados.** Se comprobó la interacción de los espermatozoides con el macrófago a través de la cabeza, cuello y la cola. En el ADN aislado de los espermatozoides puros de los pacientes seropositivos no fue posible detectar ADN proviral. Sin embargo, en el ADN proveniente de los cultivos de macrófagos y espermatozoides, se logró detectar el gen *env* en 42,9 % de las muestras no tratadas con tripsina y en 87,5% de las tratadas.

**Conclusiones.** Se puede concluir que el virus logra entrar al espermatozoide y que este es capaz de transmitirlo a células vulnerables. Así, durante la fecundación, natural o asistida, el virus podría entrar al oocito y, eventualmente, establecer una infección productiva en el embrión que resulte en un individuo no viable o en un bebé infectado, transmitiendo así la infección a la madre.

Se propone que la tripsina potencia la trasmisión del virus, al facilitar la entrada de los viriones que, inicialmente, estaban en la membrana espermática, en el interior de los macrófagos.

El proyecto fue financiado por el Instituto de Investigaciones Médicas de la Facultad de Medicina de la Universidad de Antioquia.

**166. Virus de la inmunodeficiencia humana en habitantes de la calle de Medellín**

Dedsy Yajaira Berbesi, Alejandra Agudelo Martínez, Angela María Segura, Liliana Patricia Montoya.  
*Universidad CES. Medellín, Colombia. dberbesi@ces.edu.co*

**Objetivo.** Determinar la prevalencia del virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) y las características demográficas y sociales del habitante de la calle de Medellín, con la finalidad de ampliar el conocimiento y la comprensión de la problemática en este grupo vulnerable.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio transversal de habitantes de la calle identificados y atendidos por la Secretaría de Bienestar Social de Medellín. Se determinó la seroprevalencia de VIH; se diseñó un instrumento en Teleform® sobre los comportamientos de riesgo. El procesamiento se realizó en el software SPSS®, versión 8.0. El análisis univariado y bivariado según sexo, se acompañó con pruebas estadísticas.

**Resultados.** Se encuestaron 230 habitantes de la calle; 69,6 % eran hombres, con un promedio de edad de 38 ± 10,9 años; se encontró una prevalencia de VIH de 7,8 %; para los hombres esta prevalencia fue de 10 % y para las mujeres fue de 2,9 %. Por grupos de edad, se observó que el 12 % de las personas de 25 a 34 años tenía VIH, al igual que el 11 % de los mayores de 55 años y el 8 % de las personas de 18 a 24 años. El 41 % de los hombres y el 30 % de las mujeres tenían creencias correctas sobre la transmisión del VIH.

**Conclusiones.** Esta prevalencia ratifica que la infección por VIH en Colombia está concentrada en las poblaciones que se encuentran en condiciones de exclusión, estigma y discriminación, y se requieren acciones focalizadas hacia los grupos vulnerables.

**167. Micobacterias en pacientes positivos para el virus de la inmunodeficiencia humana en tres hospitales de Bogotá**

Farley Córdoba, Lina Erazo, Fabiola Chinchilla, Maira Wintaco, Gloria Puerto, Martha Inirida Guerrero.  
*Instituto Nacional de Salud, Subdirección de Investigación, Grupo Micobacterias. Bogotá, Colombia. gpuerto@ins.gov.co*

**Introducción.** La OMS estimó en 2010 entre 1 y 1,2 millones de pacientes positivos para el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) y, simultáneamente, para tuberculosis, de los cuales, murieron 0,39 millones. Las micobacterias no tuberculosas, especialmente las del complejo *Mycobacterium avium*, también afectan a estos pacientes.

**Objetivo.** Detectar micobacterias causantes de enfermedad en pacientes portadores del VIH en tres centros hospitalarios de Bogotá.

**Materiales y métodos.** Se recolectaron 30 muestras de sangre, esputo, materia fecal, líquido cefalorraquídeo, biopsia de ganglio y lavado bronquial, provenientes de 27 pacientes positivos para VIH en tres hospitales de Bogotá. Se determinaron las características demográficas de los pacientes, y las muestras se sometieron a investigación microbiológica y molecular para micobacterias empleando metodologías convencionales, PCR-IS6110 y *spoligotyping*. La secuenciación de la región ITS del ARNr 16S la realizó el Grupo de Fisiología Molecular del Instituto Nacional de Salud.

**Resultados.** El 89% de los pacientes eran hombres, 52% estaba en el rango de 26 a 41 años y todos los pacientes estaban hospitalizados en la fase de sida. Por cultivo, se detectaron 5 pacientes con *Mycobacterium tuberculosis*, 1 paciente con *Mycobacterium avium-intracellulare* y 2 pacientes con *Mycobacterium* spp. Las pruebas moleculares identificaron *M. tuberculosis* en 28 muestras (93,3 %), la presencia de *M. avium* se corroboró por secuenciación y a este mismo paciente se le confirmó *M. tuberculosis*.

**Conclusiones.** Se pudo evidenciar la presencia de *M. tuberculosis* y *M. intracellulare* en las muestras analizadas. Un paciente presentó infección mixta, y se confirmó que las pruebas moleculares incrementan la sensibilidad de detección de micobacterias comparado con las pruebas microbiológicas

**168. Perfil clínico-epidemiológico de las enfermedades oportunistas en pacientes con infección por el virus de la inmunodeficiencia humana-sida en el municipio de Pereira, 2010-2011**

Paola Saldarriaga-Arenas, Alfonso J. Rodríguez-Morales.  
*Programa de Salud Sexual y Reproductiva, Secretaría de Salud y Seguridad Social de Pereira, Pereira, Risaralda; Maestría en Salud Sexual y Reproductiva, Universidad El Bosque, Bogotá, DC.; Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Santander; Grupo Infección e Inmunidad, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira; Oficina de Investigación Científica de la Cooperativa de Entidades de Salud de Risaralda (COODESURIS), Pereira, Colombia. ajrodriguezmm@gmail.com*

**Introducción.** Las enfermedades oportunistas en el sida han disminuido con el advenimiento de las terapias antirretrovirales (HAART); sin embargo, en muchos países la cobertura aún no es del 100%, por lo cual las mismas pueden ser prevalentes en ciertas zonas. En Pereira, el sida fue la octava causa de muerte en el 2008, obedeciendo, en gran parte, a la presencia de enfermedades oportunistas.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio clínico-epidemiológico del comportamiento de las principales enfermedades oportunistas en pacientes con infección VIH/sida del municipio de Pereira, Risaralda, evaluados en el 2010 y el 2011.

**Resultados.** Se evaluaron 305 casos, 66,9 % hombres y 33,1 % mujeres, con promedio de edad de 35,5±13,8 años, 96,7 % procedentes de zonas urbanas y 80,3 % afiliado a seguridad social. Del total, 24,9 % presentaron 1 enfermedad oportunista o más, 37 % fueron hospitalizados (64,5 % de aquellos con enfermedades oportunistas, OR=4,7; IC<sub>95%</sub> 2,7-8,1). Los pacientes de 35 años o mayores presentaron 30,5 % de enfermedades oportunistas (OR=1,7; IC<sub>95%</sub> 1,0-2,9). Los que no estaban afiliados a seguridad social tuvieron 36,7 % de enfermedades oportunistas (OR=2,1; IC<sub>95%</sub> 1,1-3,8). La mayor frecuencia de enfermedades oportunistas fueron: infecciones por otras micobacterias (5,9 %), neumonía recurrente (4,6 %), tuberculosis pulmonar (4,3 %), candidiasis esofágica (3,6 %), síndrome de emaciación (2,6 %), meningitis (2,6 %), tuberculosis meníngea (2,3 %), neumonía por *Pneumocystis* spp. y candidiasis de las vías aéreas (2,0 %), entre otras. La letalidad en estos pacientes fue de 7,2 % (18,7 % en aquellos con enfermedades oportunistas, OR=6,3; IC<sub>95%</sub> 2,5-15,8).

**Conclusiones.** Los resultados observados difieren sobre la importancia de algunas de las enfermedades oportunistas, sin que ninguna de ellas superara el 6 %; sin embargo, se presentaron en conjunto en muchos casos. La edad y la afiliación a la seguridad social parecieron constituir factores de riesgo para las enfermedades oportunistas y éstas, a su vez, para la hospitalización y la letalidad. Aun cuando la prevalencia de las enfermedades oportunistas fue relativamente baja, existe una clara necesidad de mejorar su diagnóstico y tratamiento así como la terapia HAART con el fin de disminuir a cero su ocurrencia y mejorar la calidad de vida del paciente con infección por VIH.

#### 169. Correlación citoquímica/microbiológica en líquido cefalorraquídeo de pacientes con virus de la inmunodeficiencia humana-sida y síntomas neurológicos

Ricardo Matínez García, Darwin Ramírez, Ángela María Giraldo.  
Clínica COMFAMILIAR. Pereira, Colombia. ricardoamartinezg@hotmail.com

**Introducción.** La presencia de signos y síntomas neurológicos en pacientes inmunocomprometidos por VIH/sida obligan a practicar estudios de líquido cefalorraquídeo, cuyo reporte muchas veces se asocia a cambios inespecíficos, poco concluyentes para dar claridad diagnóstica. A esto se suma la dilación en el reporte de los cultivos y su limitada sensibilidad que pueden ocasionar tardanza en la toma de conductas terapéuticas que se hacen urgentes por la gravedad en la depleción inmunológica de estos pacientes.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de 36 pacientes con diagnóstico de VIH/sida en quienes se practicó una punción lumbar por los signos y síntomas neurológicos, siempre y cuando se hubiera descartado previamente alguna lesión expansiva en las imágenes del sistema nervioso central. Los pacientes ingresaron al servicio de hospitalización de la Clínica Comfamiliar Risaralda entre enero de 2004 y junio de 2011. Entre los estudios del LCR se solicitó: recuento celular y diferencial, citología tumoral, glucosa, proteínas, aminasa de adenosina (ADA), coloración de Gram y de tinta china, prueba de VDRL, tinción de Ziehl-Neelsen (bacilos ácido-alcohol resistentes), criptolátex y cultivo para gérmenes comunes, hongos y micobacterias.

**Resultados.** En 6 muestras se reportaron cultivos positivos para *Mycobacterium tuberculosis*, con recuentos celulares entre 4 y 15 (95 % de linfocitos); el valor de la glucorraquia presentó niveles entre 9 y 21 y glucemias en el rango de normalidad; el test de ADA se reportó de 36 U/l en un paciente y con cifras inferiores al punto de corte (9 U/l) en los restantes; sólo en una muestra se informó un resultado positivo de bacilos ácido-alcohol resistentes; en todos los casos se presentó ligera hiperproteorraquia; el valor de CD4 tuvo cifras entre 9 y 126, en los pacientes con menor número de células y nivel de glucosa en LCR. En 4 cultivos positivos para *Cryptococcus neoformans*, con número de células entre 6 y 21 (95 % linfocitos), la glucorraquia presentó valores entre 12 y 21; la tinción con tinta china fue positiva en una muestra y otra fue positiva en antigenorraquia; el valor de proteínas estuvo entre 1,5 y 2 veces el valor de referencia, normalidad en las cifras de glucemia y valor de CD4 entre 48 y 96. Dos muestras fueron positivas para VDRL, con normalidad en glucorraquia y proteinorraquia; el número de células de 7 y 24 (100 % linfocitos) y el valor de CD4 fue 27 y 224, respectivamente. Un cultivo fue positivo para *Listeria monocytogenes*, el número de células fue de 10 linfocitos; la glucorraquia y la proteinorraquia fueron normales; la tinción de Gram fue reportada como negativa; el valor de CD4 fue de 124. Un cultivo fue positivo para *Histoplasma capsulatum*; el número de células fue de 4 linfocitos; la glucorraquia y la proteinorraquia fueron normales; el valor de CD4 fue de 30. Un paciente fue informado con citología tumoral positiva, 36 linfocitos, glucorraquia normal, ligera hiperproteorraquia, y CD4 de 180. En 6 pacientes con pleocitosis linfocitaria, hipogluorraquia entre 12 y 18 y moderado incremento de proteínas y el resto de estudios en líquido cefalorraquídeo y cultivos negativos, se optó por iniciar terapia antituberculosa empírica, con mejoría de los síntomas en 5 de ellos; se sumó la elevación y la normalidad en el valor de la glucorraquia, sin cambios en el número de células en la nueva punción lumbar practicada dos semanas después de iniciar dicho esquema terapéutico; estos parámetros justificaron continuar con la terapia antituberculosa hasta el final; un paciente falleció.

**Conclusiones.** Los hallazgos citoquímicos y serológicos del líquido cefalorraquídeo en pacientes con VIH/sida, pueden llegar a ser inespecíficos y no concluyentes de una entidad nosológica determinada; a lo anterior se suma que los cultivos no aportan una sensibilidad superior a 75-80 %, y, además, la dilación en su reporte, como en el caso de las micobacterias, por la ausencia de técnicas moleculares en la mayoría de los centros, elementos que retrasan el diagnóstico y, por ende, el tratamiento oportuno en infecciones de gran letalidad. Si el curso de los cambios neurológicos es subagudo o crónico, la persistencia de estos síntomas y los cambios cognitivos en un paciente con discreta alteración en el líquido cefalorraquídeo, como número normal de células o ligeramente elevado, o hipogluorraquia aislada sin otros cambios relevantes en el líquido cefalorraquídeo, sumado a inmunocompromiso avanzado por VIH, no nos permiten descartar neuroinfección, y ante el deterioro progresivo neurológico en un paciente con grave descenso de los CD4, se opta en nuestra institución a iniciar empíricamente el tratamiento antituberculoso sumado a anfotericina B. Si la antigenemia de criptococo es negativa, retiramos esta última y se le da continuidad sólo a la terapia antituberculosa, vigilando la condición clínica y realizando punciones lumbares de control, para cambiar la conducta si el estado del paciente y los cambios en el líquido cefalorraquídeo no se modifican o empeoran. Por consiguiente, es prudente individualizar el manejo de cada uno de estos pacientes, siendo siempre necesario la correlación de la condición clínica (neurológica y cognitiva), los datos que aporta el líquido cefalorraquídeo y el estado inmunológico.

## MICOLOGÍA

**170. El silenciamiento del gen *PbGP43* revela la posible función de gp43 como factor de virulencia de *Paracoccidioides brasiliensis*.**

Isaura Patricia Torres, Orville Hernández Ruiz, Diana Patricia Tamayo, José Fernando Muñoz, Natanael Pinheiro Leitão Jr, Ana María García, Ángela Restrepo Moreno, Rosana Puccia, Juan Guillermo McEwen.

*Unidad de Biología Celular y Molecular, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Instituto de Biología, Universidad de Antioquia. Facultad de Ciencias de la Salud, Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia. Departamento de Microbiología, Inmunología e Parasitología da Universidade Federal da São Paulo. Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. isaurap10@gmail.com*

**Introducción.** La glucoproteína de 43 kDa (gp43) es el principal exoantígeno inmunodominante de *Paracoccidioides brasiliensis*. Se le han atribuido ciertas funciones: (i) participa como mecanismo de evasión al inicio de la infección; (ii) estimula la formación de granulomas; (iii) contiene epítomos de células T que conducen a una respuesta protectora, y (iv) sirve como ligando a proteínas de matriz extracelular (laminina y fibronectina). Sin embargo, su papel como factor de virulencia no se ha confirmado.

**Materiales y métodos.** En este estudio, empleamos la tecnología de ARN antisentido y el sistema de transformación mediado por *Agrobacterium tumefaciens* para silenciar el gen *PbGP43* en la cepa Pb339 de *P. brasiliensis* (PbWT), productora de este antígeno.

**Resultados.** Se obtuvieron aislamientos con una disminución en la expresión de 75 a 85 % (PbGP43-aRNA1) y se utilizó como control la cepa transformada con el vector vacío (PbEV). No se observaron cambios morfológicos ni alteración en la vitalidad ni en la curva de crecimiento en el PbGP43-aRNA1, y mediante ensayos de afinidad de ligando, se observó una alteración en la unión a laminina y fibronectina de la cepa PbGP43-aRNA1 cuando se compararon con PbWT y PbEV. Además, se observó una reducción significativa en la supervivencia de PbGP43-aRNA1 durante la interacción con macrófagos, lo cual demuestra el papel protector de gp43 contra las especies reactivas de oxígeno y nitrógeno involucradas en la actividad microbicida del macrófago. En los ensayos *in vivo*, la carga fúngica recuperada de los pulmones de ratones BALB/c infectados con PbGP43-aRNA1 fue significativamente menor a la obtenida cuando los ratones se infectaron con PbEV, la cual a su vez fue menor cuando los ratones se infectaron con PbWT.

**Conclusiones.** Nuestros resultados sugieren que gp43 es necesario para la capacidad patógena del hongo, lo cual será definitivamente probado con el uso de la cepa *knockout* de *PbGP43*. Este constituye el primer estudio de gp43 mediante el uso de una cepa de *P. brasiliensis* modificada genéticamente.

**171. Silenciamiento de *PbHsp90* en *Paracoccidioides brasiliensis*: efecto en la viabilidad celular**

Diana Patricia Tamayo, José Fernando Muñoz, Isaura Patricia Torres, Agostinho J Almeida, Ángela Restrepo Moreno, Juan Guillermo McEwen, Orville Hernández Ruiz.

*Unidad de Biología Celular y Molecular, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Facultad de Ciencias de la Salud, Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia. Medellín, Colombia. dianapto3@hotmail.com*

**Introducción y objetivo.** El dimorfismo térmico y la habilidad de *Paracoccidioides brasiliensis* de crecer en forma de levadura en el huésped

representan una condición esencial para el desarrollo y la progresión de la paracoccidioidomicosis en otros tejidos. Existen varias proteínas involucradas en la adaptación de las células a condiciones hostiles, como las proteínas de choque térmico (*Heat Shock Protein*, HSP). Una de las proteínas de esta familia es la Hsp90, la cual permite responder a cambios de temperatura, pH bajo o exposición de las células a especies reactivas de oxígeno. Con el fin de evaluar el papel de Hsp90 en respuesta a diferentes condiciones de estrés, se desarrollaron aislamientos de *P. brasiliensis* con baja expresión de este gen.

**Materiales y métodos.** Utilizando la tecnología antisentido y la transformación mediada por *Agrobacterium tumefaciens*, se generaron aislamientos de *P. brasiliensis* con silenciamiento del gen *Hsp90*.

**Resultados.** Las células de *P. brasiliensis* se expusieron a ambientes ácidos y especies reactivas de oxígeno, simulando las condiciones a las cuales el hongo se enfrenta durante su metabolismo e interacción con el huésped. En las células silvestres (PbWT) expuestas a ambientes ácidos, se observó un incremento en la expresión de PbHsp90; bajo las mismas condiciones, se observaron bajos niveles de expresión de este gen en PbHsp90-aRNA, lo cual se correlacionó con una disminución en la viabilidad. La exposición de PbHsp90-aRNA a especies reactivas de oxígeno afectó la viabilidad de estas células. Por otro lado, durante la interacción de PbWT y PbHsp90-aRNA con macrófagos alveolares se observó un incremento en la expresión de PbHsp90, siendo más marcada en PbWT.

**Conclusiones.** El silenciamiento de PbHsp90 afectó la viabilidad de las levaduras de *P. brasiliensis*, lo que resultó en una mayor sensibilidad al pH ácido y especies reactivas de oxígeno, ayuda al papel de Hsp90 durante la adaptación a ambientes hostiles y favorecimiento de la supervivencia del hongo durante su interacción con el huésped.

**172. Papel de la oxidasa, alternativa en la homeostasis celular y como factor de virulencia en *Paracoccidioides brasiliensis***

Orville Hernández Ruiz, Diana Patricia Tamayo, Ángela Restrepo Moreno, Agostinho J. Almeida, Juan Guillermo McEwen. *Unidad de Biología Celular y Molecular, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Instituto de Biología, Universidad de Antioquia. Facultad de Ciencias de la Salud. Medellín, Colombia. orville.hernandez@colmayor.edu.co*

**Introducción y objetivo.** *Paracoccidioides brasiliensis* es el agente etiológico de la paracoccidioidomicosis, una importante micosis endémica en América Latina. Como todos los hongos dimorfos, *P. brasiliensis* se tiene que adaptar a diferentes ambientes durante su ciclo de vida, tanto en la naturaleza como en el huésped cuando actúa como patógeno, respondiendo a diferentes tipos de estrés, como la temperatura y el estrés oxidativo inducido por el huésped. En este trabajo se evalúa el papel de la oxidasa alternativa (PbAOX) en la homeostasis celular, la transición morfológica, la respuesta contra especies reactivas de oxígeno y la supervivencia de *P. brasiliensis* en un modelo de la infección en ratón.

**Materiales y métodos.** Usando la tecnología antisentido y la transformación mediada por *Agrobacterium tumefaciens*, se obtuvo un aislamiento de *P. brasiliensis* con reducción en la expresión de 70 % para este gen (PbAOX-aRNA).

**Resultados.** Estos resultados indican que PbAOX es crucial para el mantenimiento de la viabilidad y vitalidad durante el crecimiento en un medio de cultivo; además, PbAOX-aRNA es sensible al incremento de especies exógenas reactivas de oxígeno (OH<sup>-</sup> y H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>) y a las endógenas producidas por macrófagos activados. Por otro lado, se observó disminución en la eficiencia en la transición morfológica (evento esencial para el establecimiento de la infección) en PbAOX-aRNA, lo cual se correlaciona con el aumento en la supervivencia de los ratones infectados con la cepa mutante en comparación con la cepa silvestre (PbWT).

**Conclusiones.** Estos hallazgos sustentan la hipótesis de que PbAOX es esencial para el mantenimiento de la homeostasis celular, tanto durante el crecimiento *in vitro* como durante la interacción con las células del huésped, posiblemente mediante la degradación de especies reactivas de oxígeno, lo cual mantiene un equilibrio oxidativo dentro de la célula.

### 173. R-cognina en *Candida albicans* y evaluación de su papel en la adhesión a diferentes líneas celulares

Mónica Liliana Rincón, Leidy Alejandra Osorio, Jorge Enrique Gómez.

Universidad del Quindío, Centro de investigaciones biomédicas, Grupo en parasitología y micología molecular GEPAMOL. Armenia, Colombia. monicarinconbio@gmail.com

**Introducción y objetivo.** *Candida albicans* es el hongo oportunista patógeno más común, frecuentemente asociado a compromiso inmunológico. La prevalencia de infecciones causadas por *C. albicans* va en aumento y frecuentemente comprometen diferentes órganos. Se desconocen los mecanismos que le confieren a *C. albicans* la capacidad de infectar el tejido ocular u otros tejidos. La identificación y caracterización de una R-cognina, como factor que medie o facilite la infección en diferentes órganos, puede ampliar y mejorar las posibilidades para la prevención y el tratamiento de infecciones causadas por esta levadura. El objetivo del estudio es evaluar el papel del gen de R-cognina en la adhesión de células de *C. albicans* a diferentes líneas celulares.

**Materiales y métodos.** Se hizo un análisis bioinformático para identificar la región que codifica para la proteína R-cognina y para su descripción; se amplificó la región por PCR. Se hizo un ensayo de adhesión de *C. albicans* a la línea celular HFF y se hizo igualmente en células THP1 y VERO. Posteriormente, se cuantificó la expresión del gen por RT-PCR con respecto al gen de expresión constante act1, evaluando así la adhesión de la levadura a diferentes líneas celulares de manera conjunta. Por último, se secuenciaron y analizaron los productos obtenidos.

**Resultados.** En la base de datos de *Candida*, se encontró una proteína homóloga a R-cognina. Esta proteína pertenece a la familia de las proteínas isomerasas de disulfuro; se encuentra ubicada en la membrana y, posiblemente, sea secretada. Se amplificó la región esperada con un peso de 900 pb. Los ensayos preliminares de adhesión a la línea celular HFF mostraron 13 % de adhesión.

**Conclusiones.** Hasta ahora no se habían reportando amplificaciones de esta proteína en *C. albicans*, siendo este el primer reporte y, según los análisis bioinformáticos, la proteína codificada por esta secuencia probablemente es secretada. Este trabajo se realiza gracias al programa Jóvenes Investigadores e Innovadores de Colciencias.

### 174. Evaluación funcional del silenciamiento del gen *PbP27* de *Paracoccidioides brasiliensis*

Isaura Patricia Torres, Orville Hernández Ruiz, Diana Patricia Tamayo, José Fernando Muñoz, Natanael Pinheiro Leitão Jr, Ana María García, Ángela Restrepo Moreno, Rosana Puccia, Juan Guillermo McEwen.

Unidad de Biología Celular y Molecular, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Facultad de Ciencias de la Salud. Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia. Departamento de Microbiología, Inmunología e Parasitología da Universidade Federal da São Paulo. Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. isaurap10@gmail.com

**Introducción y objetivo.** La P27 es una proteína antigénica producida por *Paracoccidioides brasiliensis*, el agente causal de la paracoccidioidomicosis, una micosis sistémica de alta incidencia en la población rural masculina y restringida a Centroamérica y Suramérica.

La función de p27 no se ha determinado, por lo cual es de gran interés identificar las implicaciones biológicas de este posible factor de virulencia, su asociación en la patogénesis y su papel potencial en la virulencia de *P. brasiliensis* *in vivo*.

**Materiales y métodos.** Mediante la tecnología ARN antisentido, en este estudio se obtuvieron tres aislamientos de *P. brasiliensis* con silenciamiento del gen *PbP27* (*PbP27*-aRNA) con una disminución de 70 a 75 % en la expresión, comparado con *PbWt* y *PbEV* y comprobado a nivel de transcripción con PCR en tiempo real y demostrado a nivel de transducción mediante *Western blot* con anticuerpos monoclonales; se analizó su efecto en el crecimiento saprofito y en el estado de parásito durante su interacción con macrófagos activados y en un modelo de infección en ratón.

**Resultados.** Se observaron alteraciones morfológicas en las blastocnoidias de *PbP27*-aRNA, y un alargamiento en éstas comparadas con el *PbWt*, lo cual podría estar relacionado con su ubicación preferentemente en la pared celular. Además, se observó disminución en la supervivencia de *PbP27*-aRNA durante la interacción con macrófagos activados; sin embargo, no se observó diferencia significativa en la recuperación del hongo a partir de los pulmones infectados con *PbP27*-aRNA en comparación con los ratones infectados con *PbWt* ( $\log_{10}$  3,4 Vs. 3,6, respectivamente).

**Conclusiones.** La P27 mostró estar implicada en la virulencia de macrófagos activados *in vitro*. Sin embargo, su virulencia estuvo comprometida durante la infección en el modelo animal. Este hallazgo puede explicar el papel de la p27, específicamente en el ambiente del animal o como una parte necesaria de los mecanismos y respuesta del huésped, los que están presentes o sólo se manifiestan en el animal. Se requieren futuros estudios para confirmar esta hipótesis.

### 175. Evaluación de la actividad *in vitro* y patrones de sensibilidad antifúngica de aislamientos clínicos sistémicos de *Fusarium* spp.

Melva Yomary Linares, Pilar Rivas Pinedo, Sonia Isabel Cuervo, Ricardo Sánchez, Carolina Guitiérrez, María Ximena Rodríguez. Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana; Laboratorio Unidad de Investigaciones Agropecuarias (UNIDIA), Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana; Micología Médica y Diagnóstica, Departamento de Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Departamento de Medicina Interna, Universidad Nacional de Colombia, Grupo de Infectología e Investigación Clínica, Instituto Nacional de Cancerología. jprivasp@unal.edu.co

**Objetivo.** Este estudio permite la evaluación mediante pruebas de sensibilidad antifúngica del comportamiento farmacológico y de la manifestación de resistencia *in vitro* de aislamientos de *Fusarium* spp. causantes de infecciones fúngicas invasivas en pacientes de riesgo.

**Materiales y métodos.** Se determinó la actividad *in vitro* de fluconazol, anfotericina B, terbinafina, voriconazol y caspofungina en 10 aislamientos obtenidos a partir de sangre. Se utilizó la técnica de microdilución en caldo para hongos filamentosos CLSI M38A2 y el método comercial E-test.

**Resultados.** Siete de los aislamientos se identificaron como *F. oxysporum* y tres como *F. solani*. De manera global, todos los fármacos presentaron una actividad farmacológica disminuida. El antifúngico más activo fue la terbinafina (MG, 0,43 µg/ml), con rangos entre 0,10 y 1,86 µg/ml, y el menos activo fue el fluconazol (MG, 59,71 µg/ml), con rangos de entre 51,0 y 69,8 µg/ml. Los fármacos de elección para el manejo terapéutico, como la anfotericina B (MG 4 µg/ml) y la caspofungina (MG 0,087 µg/ml), presentaron una CIM<sub>90</sub> de hasta 10 µg/ml y 32 µg/ml, respectivamente.

**Conclusiones.** Los resultados revelan el comportamiento de los diferentes fármacos ensayados, los patrones de sensibilidad de los aislamientos locales, su relación con la disminución en su actividad farmacológica y la posible aparición del fenómeno de resistencia antifúngica asociada al agente etiológico específico.

**176. Evaluación de la actividad antifúngica *in vitro* de aislamientos de *Fusarium* sp. como patógeno en múltiples huéspedes**

Melba Yomary Linares, Pilar Rivas Pinedo, Sonia Isabel Cuervo, Ricardo Sánchez, Carolina Guitierrez, María Ximena Rodríguez. *Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana; Laboratorio Unidad de Investigaciones Agropecuarias (UNIDIA), Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana; Micología Médica y Diagnóstica, Departamento de Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Departamento de Medicina Interna, Universidad Nacional de Colombia, Grupo de Infectología e Investigación Clínica, Instituto Nacional de Cancerología. Bogotá, Colombia. jprivasp@una.edu.co*

**Objetivo.** Este estudio enfatiza la consideración de *Fusarium* spp. como patógeno oportunista emergente, causante de infección en múltiples huéspedes, y la necesidad de ampliar el conocimiento y la posible asociación de los patrones de sensibilidad antifúngica *in vitro* y el comportamiento farmacológico antifúngico frente a los aislamientos de diferentes orígenes.

**Materiales y métodos.** Se determinó la actividad *in vitro* de fluconazol, anfotericina B, terbinafina, voriconazol y caspofungina en aislamientos de origen vegetal (n=10), animal (n=10), humano, superficial (n=10) y humano, sistémico (n=10). Se utilizó la técnica de microdilución en caldo para hongos filamentosos CLSI M38A2 y el método comercial E-test.

**Resultados.** Se estudiaron 40 aislamientos de *Fusarium* spp. (26 *F. oxysporum*, 4 *F. solani*, 3 *F. sporotrichioides*, 3 *F. verticillioides* y 4 *Fusarium* sp.). De manera global, todos los fármacos presentaron un actividad farmacológica disminuida, frente a los aislamientos de diferentes orígenes. En general, los antifúngicos más activos fueron terbinafina (MG, 0,89 µg/ml) y voriconazol (MG, 59,71 µg/ml). Para aquellos aislamientos de origen humano, superficial, y humano, sistémico, la mejor actividad farmacológica la presentaron la terbinafina y el voriconazol con CIM<sub>50</sub> de 0,87 µg/ml y 4,9 µg/ml, frente a 0,43 µg/ml y 3,24 µg/ml, respectivamente. En relación con lo específico de especie, *F. oxysporum* presentó rangos variable de actividad farmacológica con tendencia a CIM<sub>50</sub> mayor de 4 µg/ml.

**Conclusiones.** Los resultados son el punto de partida para el conocimiento del comportamiento farmacológico de los diferentes fármacos antifúngicos, según la especie de *Fusarium* obtenida de diferentes orígenes y su relación con la manifestación de una actividad farmacológica disminuida.

**177. Factores moduladores de la capacidad patógena de aislamientos de *Fusarium* sp. de diferentes orígenes**

Melba Yomary Linares, Sonia Isabel Cuevo, María Ximena Rodríguez, Pilar Rivas Pinedo. *Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana. Laboratorio Unidad de Investigaciones Agropecuarias (UNIDIA), Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana. Micología Médica y Diagnóstica, Departamento de Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Departamento de Medicina Interna, Universidad Nacional de Colombia. Grupo de Infectología e Investigación Clínica, Instituto Nacional de Cancerología. Bogotá, Colombia. linares-m@javeriana.edu.co*

**Introducción y objetivo.** El patógeno oportunista emergente *Fusarium* spp. puede ser transmitido entre diferentes especies de huésped; es necesario evaluar las diferentes características de la capacidad patógena que le permiten causar una enfermedad infecciosa.

**Materiales y métodos.** Se estudió el comportamiento de 40 aislamientos de diferentes orígenes (10 de origen vegetal, 10 de origen animal, 10 de origen humano, superficial, y 10 de humano, sistémico), frente a factores moduladores de crecimiento como temperatura (28, 37 y 40 °C), pH (4,7 y 9), sustrato e hidrólisis de urea. Se hizo un análisis de área bajo la curva (ABC), en el programa estadístico SPSS®, 11.5

**Resultados.** Los aislamientos de *Fusarium* spp. (26 *F. oxysporum*, 4 *F. solani*, 3 *F. sporotrichioides*, 3 *F. verticillioides* y 4 *Fusarium* sp.), tuvieron un buen desarrollo a 28 °C, con diferencias estadísticas a 40 °C y los aislamientos de origen humano. Todos los aislamientos se desarrollaron en los rangos de pH y mostraron diferencias estadísticamente significativas (p<0,05) con agrupamientos por diferentes orígenes de aislamiento. Los aislamientos de origen humano superficial y sistémico mostraron mayor crecimiento a pH 9, 80 % y 60 %, respectivamente. No se encontraron diferencias estadísticamente significativas en la evaluación del crecimiento en diferentes sustratos y se observó un buen desarrollo de todos los aislamientos independientemente del origen. El 100 % de los aislamientos tuvieron actividad de ureasa.

**Conclusiones.** La capacidad de *Fusarium* spp. de causar enfermedad no ha sido totalmente investigada y los efectos de los diferentes factores de capacidad patógena no han sido completamente entendidos. Los resultados demuestran la capacidad de estos aislamientos de adaptarse a la temperatura y disponibilidad de nutrientes, modulando un amplio rango de pH y de acción enzimática en los diferentes huéspedes, lo que favorece la supervivencia del patógeno y su capacidad para adaptarse a un amplio rango de condiciones extremas.

**178. Caracterización molecular de *Fusarium* spp. en aislamientos de diferentes orígenes: aproximación al modelo en múltiples huéspedes**

Ángela María Alvarado, Melva Yomary Linares, Diana Rocío Veja, Claudia Marcel Parra, María Ximena Rodríguez, Pilar Rivas Pinedo.

*Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana. Laboratorio Unidad de Investigaciones Agropecuarias (UNIDIA), Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana. Micología Médica y Diagnóstica, Departamento de Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Departamento de Medicina Interna, Universidad Nacional de Colombia. Grupo de Infectología, Instituto Nacional de Cancerología. Bogotá, Colombia. linares-m@javeriana.edu.co*

**Introducción y objetivo.** Actualmente, el género *Fusarium* no solamente es conocido por su capacidad fitopatógena, sino que se encuentra asociado al desarrollo de enfermedades tanto en animales como en pacientes inmunocompetentes e inmunocomprometidos.

El presente trabajo pretendió hacer una caracterización molecular de aislamientos de *Fusarium* spp. provenientes de diferentes orígenes, con el fin de relacionar los patrones moleculares obtenidos y estudiar la interacción del hongo con el huésped en el ciclo patógeno.

**Materiales y métodos.** Se emplearon las técnicas de REP-PCR (*Repetitive Extragenic Palindromic*), ERIC-PCR (*Enterobacterial Repetitive Intergenic Consensus*) y RAPD-PCR (*Random Amplified Polymorphic DNA*) para la caracterización molecular de 40 aislamientos de *Fusarium* spp. de diferentes orígenes (10 de origen vegetal, 10 de origen animal, 10 de origen humano, superficial, y 10 de origen humano, sistémico). A partir de los resultados obtenidos, se generaron dendrogramas para analizar la similitud de los aislamientos según su especie y su origen de aislamiento.

**Resultados.** El análisis de la caracterización molecular se hizo teniendo en cuenta los resultados de la identificación morfológica de todos los aislamientos. Al comparar los resultados obtenidos, los datos no

fueron concluyentes, no se observó formación de conglomerados definidos por origen de aislamiento ni por especie identificada. En los 40 aislamientos evaluados se observaron 34 patrones de bandedo para ERIC-PCR y 24 para REP-PCR, lo cual muestra la eficiencia de la técnica para diferenciar entre cepas estrechamente relacionadas.

**Conclusiones.** Se pudo comprobar la gran variabilidad genética de las especies de *Fusarium*, y se encontraron agrupaciones independientes del origen de aislamiento, lo que se podría asociar a su capacidad de responder a cambios ambientales y en el huésped.

#### 179. Especies de *Fusarium* asociadas con onicomicosis en Colombia

Marcela Isabel Guevara, Leticia Sopo Prada, Adriana Motta Beltrán, Javier Felipe Tabima, María Caridad Cepero, Ana María García, Adriana Jimena Bernal, Silvia Restrepo Restrepo, Adriana Marcela Celis.

Laboratorio de Micología y Fitopatología (LAMFU), Universidad de los Andes, Laboratorio Especializado en Micología Médica (LEMM), Universidad El Bosque, Hospital Simón Bolívar, Bogotá, Colombia, Unidad de Biología Celular y Molecular, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Medellín, Colombia. [mi.guevara34@uniandes.edu.co](mailto:mi.guevara34@uniandes.edu.co)

**Introducción y objetivo.** *Fusarium* spp. es un patógeno humano oportunista, causante de un amplio espectro de infecciones, como onicomicosis y queratomicosis, en individuos sanos; las infecciones invasivas o diseminadas suelen presentarse en pacientes inmunosuprimidos. La prevalencia de *Fusarium* spp., en infecciones superficiales, como onicomicosis, podría llegar a 6 %, mientras que la mortalidad en infecciones diseminadas suele ser de 70 a 100 %. Sin embargo, la dificultad que representa la identificación de especies mediante técnicas convencionales, no permite tener claridad de la epidemiología de este género. Por lo tanto, el objetivo de este estudio fue caracterizar los aislamientos de *Fusarium* spp., asociados a individuos con onicomicosis para determinar la presencia de complejos en estas especies.

**Materiales y métodos.** Se utilizaron aislamientos positivos para onicomicosis causada por *Fusarium* spp., los cuales se caracterizaron fenotípica y molecularmente. La identificación fenotípica se hizo teniendo en cuenta las claves descritas por Leslie y Summerell. Para la identificación genotípica se utilizaron las regiones ITS y el factor de elongación alfa. Para evaluar las relaciones filogenéticas, se utilizó máxima parsimonia, máxima verosimilitud y evaluaciones de inferencia bayesiana.

**Resultados.** Los resultados demostraron que las especies más frecuentemente aisladas fueron *F. solani* (84,9 %) y *F. oxysporum* (15,9 %), teniendo en cuenta la caracterización fenotípica; estos resultados se correlacionan con estudios ya reportados. Los análisis filogenéticos mostraron que el complejo *F. solani* estaba integrado por dos clades apoyados por altos valores de *bootstrap*. En el complejo *F. oxysporum* no se encontraron diferentes clades.

**Conclusiones.** Es necesario incluir datos procedentes de otros marcadores moleculares para garantizar la identificación específica de los complejos de *Fusarium* spp.

#### 180. Evaluación de la tarjeta FTA® (Flinders Technology Associates) como alternativa de recolección, transporte y extracción de ADN para el diagnóstico molecular de *Pneumocystis jirovecii*

Jennifer Rodiño Montoya, Yudy Aguilar Pérez, Lázaro Vélez Giraldo.

Grupo Investigador de Problemas en Enfermedades Infecciosas - GRIPE, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. [clamona@une.net.co](mailto:clamona@une.net.co)

**Introducción y objetivo.** Las tarjetas FTA® facilitan el almacenamiento y transporte de muestras y la extracción de ADN. El objetivo fue comparar dos métodos de extracción de ADN: la tarjeta FTA y la cromatografía de adsorción a sílice en muestras de lavado broncoalveolar

para detectar *Pneumocystis jirovecii*, e identificar factores que puedan influir en sus resultados.

**Materiales y métodos.** Se extrajo el ADN con FTA a 135 lavados broncoalveolares de pacientes inmunocomprometidos con neumonía, de los cuales, 15 eran positivos para *Pneumocystis jirovecii* por estudio microscópico; 61 de ellos también se procesaron con cromatografía de adsorción a sílice (7 positivos). Se hizo una PCR anidada para amplificar un fragmento del gen *mtLSUrRNA* al ADN extraído por ambos métodos y se evaluó la concordancia (índice kappa de Cohen) entre ellos, y de cada uno con la microscopía. Se comparó la proporción de positivos según las características del lavado broncoalveolar y, para evaluar la influencia del tiempo de almacenamiento de las tarjetas FTA, se hizo una PCR al mes 10 a cinco muestras positivas y a cinco negativas.

**Resultados.** La PCR fue positiva en 36 de 135 lavados broncoalveolares procesados con FTA (27 %) y en 36 de 61 con cromatografía de adsorción a sílice (59 %). De los 61 lavados broncoalveolares procesados con ambos métodos, 20 fueron positivos sólo por cromatografía de adsorción a sílice, 16 por las dos técnicas y ninguno lo fue sólo por FTA. Todos los lavados broncoalveolares positivos por microscopía fueron positivos por ambos métodos. La concordancia entre FTA y cromatografía de adsorción a sílice fue de 0,4 (IC<sub>95%</sub> 0,2-0,6), entre microscopía y FTA de 0,5 (IC<sub>95%</sub> 0,3-0,7), y entre microscopía y cromatografía de adsorción a sílice de 0,2 (IC<sub>95%</sub> 0,1-0,3). Las muestras positivas de lavado broncoalveolar que contenían sangre o moco o que estaban turbias, fueron menos por FTA que por cromatografía de adsorción a sílice (14,3 Vs. 68,4 %; 28,2 Vs. 64,1%; y 27,3 Vs. 54,3 %, respectivamente). Al mes 10 de almacenamiento, todas las tarjetas (positivas y negativas) seguían dando iguales resultados.

**Conclusiones.** Las tarjetas FTA detectan todos los casos positivos por microscopía, pero su sensibilidad con relación a la cromatografía de adsorción a sílice parece disminuir en las muestras negativas.

#### 181. Relación entre exposición a las sulfas y genotipificación del gen dihidropteroato sintasa (*dhps*) de *Pneumocystis jirovecii* en lavados broncoalveolares y lavados orofaríngeos de pacientes inmunosuprimidos con sospecha de neumocistosis

Cristian Vera Marín, Yudy Aguilar, María Angélica Maya, Zulma Rueda, Lázaro Vélez Giraldo.

Grupo Investigador de Problemas en Enfermedades Infecciosas - GRIPE, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. [clamona@une.net.co](mailto:clamona@une.net.co)

**Introducción y objetivos.** El papel de la exposición previa a sulfas y la respuesta a ellas en personas con mutaciones en el gen *dhps* de *Pneumocystis jirovecii* es controvertido. El objetivo fue evaluar la presencia de mutaciones en el gen *dhps* de *P. jirovecii* en pacientes inmunocomprometidos con neumonía y su relación con exposición a sulfas.

**Materiales y métodos.** Se trata de un estudio prospectivo de cohorte. Se incluyeron 37 pacientes inmunosuprimidos hospitalizados por neumonía, que recibieron cinco días o menos de tratamiento con sulfas. Se les hizo lavado broncoalveolar y lavado orofaríngeo y se extrajo su ADN para amplificar un fragmento del gen *dhps* usando una PCR anidada. Las muestras positivas se genotipificaron por RFLP para identificar variaciones en los nucleótidos 620 y 628. Se comparó el consumo previo de trimetoprim-sulfametoxazol y dapsona con el resultado positivo de la PCR y la presencia de mutaciones.

**Resultados.** Se incluyeron 31 pacientes con sida (11 diagnosticados en este episodio), 3 con trasplante y 3 con otra inmunosupresión. Se pudo detectar *P. jirovecii* por PCR en 23 lavados broncoalveolares y 6 lavado orofaríngeo. En 8 casos, la PCR fue positiva y la microscopía fue negativa. El genotipo 1 de *dhps* (silvestre) se identificó en 22/23 casos, y 3 de ellos habían recibido profilaxis con trimetoprim-sulfametoxazol de 2 semanas o más, en algún momento después de conocer su inmunosupresión. Cuando la PCR fue positiva en el lavado broncoalveolar y lavado orofaríngeo de un mismo paciente, el genotipo de *dhps*

presente en ambas muestras fue el mismo. Un único paciente tenía el genotipo 5 (en lavado broncoalveolar); éste había residido en Estados Unidos, no tenía antecedentes de consumo de sulfas, respondió al tratamiento con trimetoprim-sulfametoxazol y seguía vivo al año de seguimiento. El 57 % de los casos con PCR positiva (13/23) y el 25 % con PCR negativa (3/12) habían recibido, al menos, una dosis de trimetoprim-sulfametoxazol antes del lavado broncoalveolar.

**Conclusiones.** El genotipo silvestre para *dhps* es el más frecuente en nuestro medio. Al parecer, el consumo previo de sulfas no afecta la detección de *P. jirovecci* en el lavado broncoalveolar ni en el lavado orofaríngeopor PCR, ni se relaciona con la aparición de genotipos mutantes. La diversidad de los genotipos puede estar, entonces, relacionada con variaciones geográficas. Proyecto financiado por Colciencias y la Universidad de Antioquia.

### 182. Estudio clínico micológico de criptococosis meníngea, serie de 70 casos

Ivan Ramiro Tenorio, Alexandro Bonifaz, Haidee Alvarez.  
Hospital General de México. México. [ivan\\_tenorio@hotmail.com](mailto:ivan_tenorio@hotmail.com)

**Introducción y objetivo.** *Cryptococcus* spp. es una levadura oportunista, desde la aparición de la epidemia ocasionada por el virus de inmunodeficiencia humana (VIH). El objetivo de este trabajo era hacer la descripción de los métodos diagnósticos de 70 casos de criptococosis meníngea y establecer la mortalidad.

**Materiales y métodos.** Se hizo un estudio observacional, descriptivo, y retrospectivo y prospectivo, de enero de 2003 a enero de 2009, en el Laboratorio de Micología del Hospital General de México. Se incluyeron todos los pacientes con diagnóstico de criptococosis meníngea. Los datos se obtuvieron mediante la revisión de las historias clínicas. Las pruebas de diagnóstico que se realizaron fueron: examen directo con tinta china, tinción de resaltado capsular, cultivos en agar Sabouraud, dextrosa agar, cultivos en agar alpiste negro y determinación de antígeno criptocócico por aglutinación directa de partículas de látex (DACAD monoclonal y policlonal). Una vez recolectada la información, se ingresó en una base de datos utilizando el software Microsoft Office Excel® 2007.

**Resultados.** Se incluyeron 70 casos diagnosticados de enero de 2003 a enero de 2009. La edad promedio fue de 35 años. La mortalidad fue del 50 %. Se obtuvo una asociación con el sexo masculino de 91,4 %. En el 90 % de los que tenían VIH, el principal agente etiológico aislado fue *C. neoformans* var. *neoformans* (95,7 %), *C. neoformans* (2,9 %) y *C. gattii* (1,4 %). **La sensibilidad del crecimiento en medio de alpiste negro (97,1 %), el examen directo con tinta china (67,1 %).** Se obtuvo una sensibilidad de 95,7 % para la tinción de resaltado capsular, de 88,6 % para el crecimiento en medio de cultivo agar Sabouraud y, por último, para las pruebas de DACAD monoclonal y policlonal, de 94,3 % y 85,7 %, respectivamente.

**Conclusiones.** *Cryptococcus neoformans* var. *neoformans* fue el principal agente etiológico. El método de referencia para el diagnóstico fue el crecimiento en cultivos de alpiste negro. Una sola prueba diagnóstica no basta, todas son complementarias.

### 183. Características microbiológicas, epidemiológicas y clínicas de pacientes con aislamientos de *Candida* spp. en unidades de cuidados intensivos

Sigifredo Ospina Ospina, Santiago León Atehortua, Gloria Elena Durango, Johana Vanegas, Johana Jimenez.  
Hospital Universitario de San Vicente Fundación, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. [soox@elhospital.org.co](mailto:soox@elhospital.org.co)

**Introducción y objetivo.** Las infecciones por hongos han experimentado un incremento notable en el ambiente hospitalario y son más frecuentes en las unidades de cuidados intensivos. La mayoría de las micosis invasoras son ocasionadas por el género *Candida*, la cual origina

hasta 78 % de las infecciones por hongos asociadas a la atención en salud; este tipo de infecciones se acompaña de altas tasas de letalidad. El propósito del estudio fue determinar los factores de riesgos asociados a las infecciones por *Candida* spp. en los pacientes hospitalizados en las unidades de cuidados intensivos y describir las características clínicas y microbiológicas, y su perfil de sensibilidad.

**Materiales y métodos.** Se recolectaron los aislamientos de *Candida* spp. provenientes de pacientes hospitalizados en las unidades de cuidados intensivos del Hospital San Vicente Fundación en 2010 y se utilizó un método de microdilución para determinar el perfil de sensibilidad. Además, se recolectó la información clínica y epidemiológica de los pacientes, los cuales fueron clasificados en dos grupos: colonizados e infectados.

**Resultados.** *Candida albicans* fue la especie aislada con mayor frecuencia seguida de *C. tropicalis* y *C. parapsilosis*. El tipo de infección más frecuente fue la candidemia y todos los aislamientos a los que se les practicaron pruebas de sensibilidad, fueron sensibles a los antifúngicos evaluados. Los factores de riesgo encontrados con mayor frecuencia en los pacientes infectados, en comparación con el grupo de colonizados, fueron: cirugía abdominal previa, nutrición parenteral, presencia de catéter venoso central y el uso de aminoglucósidos antes del aislamiento.

**Conclusiones.** *Candida albicans* es la especie que ocasiona con mayor frecuencia infecciones invasoras en pacientes hospitalizados en unidades de cuidados intensivos; sin embargo, las especies no *albicans*, como *C. tropicalis* y *C. parapsilosis*, pueden considerarse como emergentes en nuestro medio. Aunque la mayoría de estos aislamientos presentan una alta sensibilidad a los antifúngicos, se deben establecer medidas que permitan controlar estas infecciones y disminuir el impacto económico que producen.

### 184. Características epidemiológicas y clínicas de la esporotricosis cutánea: experiencia en un hospital de tercer nivel en Cali, Colombia

Luz Ángela Castro.  
Universidad del Valle, Facultad de Salud, Escuela de Bacteriología y Laboratorio Clínico. Cali, Colombia. [luzacastro@yahoo.com](mailto:luzacastro@yahoo.com)

**Introducción y objetivo.** La esporotricosis es una micosis subcutánea, producida por hongos dimorfos del complejo *Sporothrix schenckii*.

El objetivo fue conocer los aspectos epidemiológicos y clínicos de los pacientes con esporotricosis diagnosticados en una institución de salud de tercer nivel, entre enero de 2000 y junio de 2011.

**Materiales y métodos.** Se trata de un estudio retrospectivo, descriptivo, que se realizó en 23 pacientes con diagnóstico de esporotricosis cutánea, en el que se incluyeron variables demográficas y clínicas.

**Resultados.** Se encontró una mayor frecuencia en hombres (87 %) que en mujeres (13 %), con una relación de 6,7:1, así como en las edades comprendidas entre la segunda (21,8 %), la tercera (17,4 %) y la sexta (17,4 %) décadas de la vida. La micosis predominó en agricultores (34,8 %) y constructores (17,4 %). La forma linfagítica afectó a 60,9 % de los pacientes y, en la mayoría de los casos, las lesiones se localizaron en las extremidades superiores (69,5 %). El cultivo fue positivo en 95,7 % y la histopatología evidenció blastoconidias en 71,4 %. El 95,6 % de los pacientes recibieron tratamiento con yoduro de potasio.

**Conclusiones.** La forma linfagítica fue la más común y los estudios histopatológicos y el cultivo mostraron ser métodos de diagnóstico eficientes.

### 185. Caracterización de aislamientos de *Malassezia* spp. a partir de individuos con dermatitis seborreica

Yulien Amado, Anelvi Patiño-Uzcatgeui, María Caridad Cepero, Javier Tabima, Adriana Motta, Martha Cárdenas, Adriana Bernal, Silvia Restrepo, Adriana Celis.  
Universidad de los Andes, Laboratorio de Micología y Fitopatología de la Universidad del Bosque. Bogotá, Colombia. [yamado102@uniandes.edu.co](mailto:yamado102@uniandes.edu.co)

**Introducción.** La dermatitis seborreica es una enfermedad dermatológica crónica que se caracteriza por la producción de descamación, enrojecimiento e inflamación. Se produce principalmente en zonas ricas en glándulas sebáceas, como el cuero cabelludo, el rostro y el pecho. Su etiología es desconocida; sin embargo, se ha relacionado con la influencia de factores endógenos, exógenos y la actividad oportunista de levaduras del género *Malassezia* spp. Estas especies están distribuidas diferencialmente en determinadas zonas geográficas alrededor del mundo. En Colombia, estudios anteriores encontraron la alta frecuencia de aislamientos de *M. globosa* y *M. restricta* en individuos con dermatitis seborreica.

**Materiales y métodos.** A fin de demostrar si existe una influencia de la edad y el sexo en la prevalencia de dermatitis seborreica y determinar cuáles son las principales especies que pueden ser aisladas en nuestra región, se hizo la caracterización fenotípica de los aislamientos con base en la identificación de caracteres morfológicos y fisiológicos. Además, se hizo una caracterización genotípica por amplificación de las regiones 5,8S rDNA e ITS2 a partir de aislamientos de *Malassezia* spp. en individuos inmunocompetentes y pacientes con VIH/sida en presencia y en ausencia de dermatitis seborreica.

**Resultados.** Se encontró que las especies aisladas predominantemente son *M. restricta* (37,5 %) a partir de individuos con dermatitis seborreica y *M. furfur* (46,7 %) en individuos sanos. Además, se obtuvo el aislamiento de *M. yamatoensis* a partir de un individuo sano, por primera vez en Colombia. Respecto a los factores endógenos analizados, no se encontró una relación significativa entre la edad y el sexo con el desarrollo de dermatitis seborreica.

**Conclusiones.** Este estudio confirma que *M. restricta* es la especie predominante implicada en la dermatitis seborreica en nuestra región. No se determinó la influencia de factores endógenos en la evolución de la enfermedad.

## PARASITOLOGÍA 1

### 186. Movilización y participación para el control de la cisticercosis en Mercaderes, Cauca

Luis Reinel Vásquez, Julio César Giraldo, Piedad M Agudelo, Víctor Hugo Campo, Diego Vergara.  
Universidad del Cauca, Universidad INCCA de Colombia,  
Universidad CES. Popayán, Colombia. Ireinel@unicauca.edu.co

**Introducción.** *Taenia solium* es un problema de salud pública en los países del tercer mundo por su asociación con trastornos neurológicos. Tiene un impacto económico negativo en el sistema de salud por los años perdidos de vida saludable y en la actividad porcícola a causa del decomiso obligatorio. En Colombia, las seroprevalencias van del 1 al 55 % en pacientes de la población general con sintomatología neurológica, y hasta en 33 % en cerdos de algunas áreas rurales. En el departamento del Cauca los estudios indican seropositividad hasta de 55 % en 433 pacientes con sintomatología neurológica y en cerdos sacrificados en mataderos hasta de 17 % (n=315). Por consiguiente, se diseñó un estudio para determinar los factores asociados a la seropositividad de la cisticercosis porcina, el impacto de una intervención comunitaria e institucional en la seroprevalencia en cerdos y el conocimiento sobre teniasis-cisticercosis en habitantes de la zona rural de Mercaderes, Cauca.

**Materiales y métodos.** Se diseñó inicialmente un estudio de corte transversal para determinar la seroprevalencia de anticuerpos anticisticercosis utilizando la técnica ELISA (fracción de 53 kDa) en la población porcina (n=166), siendo la línea de base. A los propietarios de los animales se les aplicó una encuesta epidemiológica para establecer la posible asociación de las características de tipo biológico, de crianza

y de alimentación. La propuesta fue avalada por el Comité de Ética para la investigación científica de la Universidad del Cauca. Con los resultados de seroprevalencia y los factores de riesgo determinados, se ejecutó una intervención con la metodología IAP.

**Resultados.** La tendencia de la seropositividad de la cisticercosis porcina evidenció disminución de 16,3 % (27/166) a 8,6 % (11/128) (p=0,0519), resultado destacable al considerar la tradicional endemia de la infección en el área. Esta se relacionó con el suministro de agua sin tratamiento (p=0,034), el sistema de crianza de tipo confinado (p=0,035) y la procedencia de otros corrales diferentes a Arboleda y San Juanito. Se evaluó el nivel de conocimientos sobre cisticercosis en 76 personas mayores de edad que contestaron las encuestas antes de la intervención y después de ella. La estrategia utilizada mejoró los conocimientos sobre la transmisión humana y porcina, la condición curable de la enfermedad y las características de la carne de cerdo afectada (p<0,0001). Se observó que había mejorado la tecnificación de la porcicultura por la obtención de razas mejoradas y por los cambios en el sistema de crianza y de tipo de alimentación.

**Conclusiones.** Este es el primer estudio realizado en Mercaderes donde se logró implementar una intervención institucional y comunitaria proactiva a la disminución de las zoonosis y el mejoramiento de la calidad de vida de la población, así como se ha sido desarrollado en otros países donde se ha observado un mejoramiento de los conocimientos. Sin embargo, siguiendo las recomendaciones de la OMS y otras experiencias latinoamericanas, es necesario que se realice un seguimiento superior a los cinco años para que esta actividad sea sostenible por las comunidades y las instituciones en Mercaderes. Se concluye que la estrategia educativa aplicada incrementó los conocimientos sobre el complejo teniasis-cisticercosis y contribuyó a la disminución de la infección en los cerdos criados en la zona intervenida. Agradecimientos a Colciencias (contrato 307), la Vicerrectoría de Investigaciones y Administrativa de la Universidad del Cauca, la Universidad INCCA de Colombia y la Universidad CES.

### 187. Evaluación de biomodelos murinos producidos en el Instituto Nacional de Salud para el apoyo de los estudios de investigación en la enfermedad de Chagas en Colombia

Cielo Maritza León, Marleny Montilla Moreno, Ricardo Vane-gas, María Carlina Castillo, Edgar Parra, Astrid Carolina Flórez, Lyda Muñoz.  
Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia cmlr8527@gmail.com

**Introducción.** La infección experimental con *Trypanosoma cruzi* se ha realizado en diversas especies animales. La resistencia o vulnerabilidad a la infección en ratones depende de factores propios del parásito y del huésped.

**Objetivos.** Determinar la vulnerabilidad de una línea de ratón BALB/c y dos colonias ICR CD-1 y NIH a la infección con tres cepas de *T. cruzi* y su utilidad como modelos experimentales de la enfermedad de Chagas.

**Materiales y métodos.** Se inocularon 126 ratones (hembras y machos), con dos concentraciones ( $10^2$  y  $10^3$  parásitos/ml) de tres cepas de *T. cruzi* (MHOM/CO/01/DA, MHOM/CO/03/CG y MHOM/CO/04/MG), y se determinó el nivel de parasitemia y los niveles de anticuerpos mediante inmunofluorescencia indirecta a los 7, 14, 21, 28, 45 y 60 días después de la infección; al finalizar, se sacrificaron los ratones para histopatología. Se utilizó el software SPSS®, versión 17,0, con una confianza del 95 %.

**Resultados.** En los tres grupos de animales el grado máximo de parasitemia se alcanzó a los 21 días después de la infección; los ratones inoculados con 1.000 parásitos presentaron una parasitemia más alta. La concentración de parásitos y la cepa de *T. cruzi* que ocasionó el mayor número de muertes fueron la de  $10^3$  y MHOM/CO/01/DA, res-

pectivamente. NIH e ICR registraron más muertes, lo cual indica que BALB/c es más resistente al parásito. Los órganos más afectados fueron el corazón y los músculos. La prueba de IFI indicó respuesta inmunológica a los 21 días, tiempo en el cual se evidenció el nivel máximo de parasitemia. A los 21 días, el ANOVA indica que había diferencias estadísticamente significativas en el grado de parasitemia ( $p < 0,05$ ) y en el test de comparaciones múltiples de Scheffé se encontró que los BALB/c eran significativamente diferentes de los NIH, mientras que los ICR se podían considerar como subgrupo homogéneo de las dos anteriores. En ninguno de los subgrupos considerados hubo diferencias estadísticamente significativas por sexo.

**Conclusiones.** El biomodelo en ratón, adecuado para el mantenimiento de cepas es el BALB/c en una concentración de  $10^2$  y para el aislamiento, los ICR y NIH.

#### 188. Prevalencia de parasitismo intestinal en niños escolares del municipio de San Martín, Meta

Adrianeth Castañeda, Yenny Vargas, Claudia Cuervo.  
Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá, Colombia. claudia.cuervo@javeriana.edu.co

**Introducción.** El parasitismo intestinal es un problema de salud pública en Colombia, que afecta principalmente a niños en edad escolar retardando su crecimiento, desarrollo y aprendizaje. En las poblaciones urbanas, la presencia, persistencia y diseminación de estas infecciones se relaciona con características ecológicas del lugar, condiciones sanitarias, falta de hábitos higiénicos adecuados y desconocimiento de su prevención, lo que facilita la contaminación fecal del suelo, el agua y los alimentos disminuyendo la calidad de vida de las personas.

**Objetivo.** Evaluar la presencia de parásitos intestinales en poblaciones escolares y los factores que favorecen su transmisión.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal, tomando muestras de 44 niños con edades entre los 5 y los 10 años, estudiantes del nivel de básica primaria del municipio de San Martín, Meta. Los hábitos higiénicos de la población fueron evaluados mediante una encuesta. La presencia de parásitos se evaluó mediante examen coprológico tras concentración por el método de Ritchie. El riesgo relativo de parasitosis intestinal se determinó según los hábitos higiénicos utilizando tablas de 2 por 2 y el programa EpiInfo®, versión 3.5.1

**Resultados.** Se detectaron 37 casos (84 %) de parasitismo intestinal, de los cuales, el 22 % fueron de multiparasitismo. Las especies encontradas fueron: *Blastocystis hominis* (74,5 %), *Endolimax nana* (12,8 %), *Giardia lamblia* (8,5 %) y *Entamoeba coli* e *Isospora belli* (2,1 %). Los hábitos como no lavarse las manos antes de comer cuando regresan del colegio y el usar agua del acueducto sin hervir, podrían estar favoreciendo la transmisión de los parásitos intestinales; sin embargo, esta asociación no fue estadísticamente significativa

**Conclusiones.** Se encontró una alta prevalencia de parásitos intestinales en los niños escolares del municipio de San Martín, Meta, y la especie más prevalente fue *B. hominis*, un parásito comensal de capacidad patógena discutida.

#### 189. Identificación y caracterización de los genes codificantes para la subunidad B de la calcineurina de *Trypanosoma rangeli*

Marjorie Montenegro, Claudia Cuervo, María del Carmen Thomas, Edmundo Grisard, Manuel Carlos López, Concepción Puerta.  
Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá, Colombia. claudia.cuervo@javeriana.edu.co

**Introducción.** La movilización del calcio intracelular es un mecanismo esencial durante el proceso de invasión e infección celular de *Trypanosoma cruzi*. La participación de la subunidad B de la calcineurina, la

cual contiene dominios de unión a calcio, es importante. Los estudios en animales y cultivos celulares sugieren que *Trypanosoma rangeli*, a diferencia de *T. cruzi*, no invade de forma productiva las células. Por lo tanto, *T. rangeli* constituye un modelo de estudio para la búsqueda de funcionalidades de las proteínas ortólogas a las de *T. cruzi* que puedan estar involucradas en los procesos de interacción huésped-parásito.

**Materiales y métodos.** Con el objetivo de amplificar el gen codificante para CnB del aislamiento colombiano Tre de *T. rangeli*, se diseñó un par de cebadores basados en las secuencias de los transcritos del gen *CnB* de la cepa de Brasil SC58 de *T. rangeli*. El fragmento amplificado fue clonado y secuenciado. Las secuencias obtenidas se analizaron haciendo uso de herramientas bioinformáticas. La expresión génica fue evaluada mediante RT-PCR.

**Resultados.** Se amplificó el gen completo de 531 pb, generando una proteína de 176 aminoácidos. Dos secuencias, con un cambio en el nucleótido 314 (A x C) que se traduce en un cambio de Ser por Tyr en la proteína, fueron identificadas. La proteína CnB de *T. rangeli* presentó una identidad de 79% con su ortóloga en *T. cruzi*, 65 % con *T. brucei* y 63 % con *T. congolese* y *Leishmania* spp. Los dominios de unión al calcio se conservan entre las especies de tripanosomas. Además, la expresión del gen *CnB* en el estadio epimastigote fue confirmada.

**Conclusiones.** Se identificó la presencia y expresión del gen *CnB* de *T. rangeli*, el cual se encuentra altamente conservado en el género *Trypanosoma*, tanto a nivel de nucleótidos como de aminoácidos. El hecho de que los dominios catalíticos se conserven sugiere que la función de unión a calcio se mantiene. Este proyecto fue financiado por Colciencias, proyecto N° RC-595-2009.

#### 190. Primer registro de *Trypanosoma* spp. por biología molecular en *Triatoma nigromaculata* en Cauca, Colombia

Lina M Villamil, Gustavo Adolfo Vallejo, Noralba Montaña, Martha Isabel Ordoñez, Deisy Y. Ahumada, Luz Eidi Trujillo, Eryc Muñoz, Luis Reinel Vásquez.  
Universidad del Cauca. Popayán, Colombia. Universidad del Tolima. Ibagué, Colombia. lreinel@unicauca.edu.co

**Introducción.** Se conocen hallazgos de vectores de *Trypanosoma cruzi* en el departamento del Cauca, tales como *Triatoma nigromaculata* en El Tambo, *Panstrongylus geniculatus* en isla Gorgona y Piamonte (dato sin publicarse) y *P. rufotuberculatus* en Santander de Quilichao; sin embargo, no se ha descrito la presencia del parásito en estos vectores ni en humanos. Se describe por primera vez para el departamento del Cauca y Colombia el hallazgo por biología molecular de *T. cruzi* en *T. nigromaculata* procedentes de la vereda San Joaquín, corregimiento de Playa Rica, municipio de El Tambo.

**Materiales y métodos.** Se capturaron tres vectores que correspondían taxonómicamente a *T. nigromaculata*, mediante las claves dicotómicas de Lent y Wygodzinsky; estos vectores procedían de la vereda San Joaquín alto, corregimiento de Playa Rica del municipio de El Tambo, Cauca. El grupo de investigación LIPT de la Universidad del Tolima, realizó una reacción de PCR dúplex, con los iniciadores S35/S36/KP1L, que permiten la identificación de *T. cruzi* o *T. rangeli*. Intentamos identificar el genotipo de *T. cruzi* (*T. cruzi* I o *T. cruzi* II) utilizando los iniciadores TCC/TC1/TC, pero no obtuvimos amplificación, debido probablemente a que esta reacción de PCR es menos sensible y requiere mayor cantidad de ADN.

**Resultados.** Se evidenció la presencia de *T. cruzi* s.l. en dos de los vectores y una infección mixta de *T. cruzi* y *T. rangeli* KP1 (+) en uno de los vectores. No fue posible identificar el genotipo de *T. cruzi* debido a la poca cantidad de ADN.

**Conclusiones.** Se registra por primera vez para Colombia el hallazgo de *T. cruzi* y *T. rangeli* en *T. nigromaculata* procedente del departamento del Cauca; es necesario ampliar el estudio en esta zona del país.

**191. Prevalencia de resultados seropositivos para *Trypanosoma cruzi* en donantes de un banco de sangre de Montería**

Rossana Villegas Gracia, Odis Mellado, Kelly Negrete.  
 Universidad de Córdoba. Montería, Colombia. rossanvillegas7@hotmail.com

**Introducción y objetivo.** Las características epidemiológicas de la enfermedad de Chagas ha cambiado debido a los movimientos migratorios de las zonas rurales a las zonas urbanas y a la infección que había sido primordialmente rural, pasó a ser urbana y transmisible por transfusión sanguínea, además de no estar limitada a las zonas en las que las que es endémica. El objetivo de este estudio fue determinar la prevalencia de resultados seropositivos para *Trypanosoma cruzi* en donantes de un banco de sangre de Montería.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo. La población estuvo constituida por todos los registros de agentes infecciosos del Banco de Sangre de Córdoba durante el período comprendido entre el 2001 y el 2009 y la muestra por registros positivos para *T. cruzi*. Los casos identificados como positivos para anticuerpos contra *T. cruzi* se analizaron según la edad, el sexo y el lugar de procedencia. El análisis de las variables se realizó utilizando el programa Epi-info®, versión 2001.

**Resultados.** En los 9 años analizados se recibieron 52.685 unidades de sangre, de las cuales, 78 (0,14 %) fueron reactivas para *T. cruzi*. Del total de unidades reactivas encontradas, 71 (91 %) fueron obtenidas de donantes del sexo masculino y 7 (8,9 %) de donantes del sexo femenino; el 39,7 % de los casos reactivos eran donantes entre los 31 y los 40 años. Al analizar la procedencia de los donantes se encontró que el 52,5 % de los reactivos para *T. cruzi* procedían de Montería, el 38,4 % de otros municipios del departamento de Córdoba y el 9 % del departamento de Antioquia.

**Conclusiones.** La proporción de casos positivos para *T. cruzi* encontrada en este estudio aunque es más baja que la reportada a nivel nacional para donantes de sangre que es del 2,1 %, reviste importancia porque el departamento de Córdoba no es zona endémica para este agente infeccioso. Las características epidemiológicas de la enfermedad de Chagas han cambiado debido a factores como las migraciones de poblaciones de las zonas rurales a las zonas urbanas y de áreas endémicas a áreas no endémicas.

**192. Pesquisas entomológicas y parasitológicas de brotes agudos de Chagas en el área metropolitana de Bucaramanga, departamento de Santander, Colombia**

Marleny Montilla Moreno, Marcela Gutiérrez Mesa, Edgar Parra, Adriana Bueno, Mariela Torres Torres, Lyda Esteban Adarbe, Mónica Flórez, Sandra Patricia Pérez, Ligia Lugo Vargas, Victor Manuel Angulo.  
 Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia mmontilla@ins.gov.co

**Introducción y objetivo.** El área metropolitana de Bucaramanga –de baja endemia para la enfermedad de Chagas– se presentaron cuatro brotes entre el 2008 y el 2009, con 20 casos, 5 de los cuales resultaron fatales. Nuestro objetivo fue identificar los vectores y los reservorios de la transmisión oral de *Trypanosoma cruzi* y la importancia del paisaje en la incidencia de estos brotes.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo prospectivo de foco de transmisión que incluyó el reconocimiento geográfico y el censo de la población alrededor del caso índice, la búsqueda y el diagnóstico parasitológico de los vectores y los reservorios, la encuesta domiciliaria y la educación a la comunidad, y el aislamiento de cepas de *T. cruzi* y la infección en modelo en ratón.

**Resultados.** En el área metropolitana de Bucaramanga se halló *Panstrongylus geniculatus* y *Rhodnius pallescens*, intrusos silvestres en las viviendas, y *Didelphis marsupialis* sinantrópicos todos positivos para *T. cruzi*. En la vereda de Santa Rosa, Lebrija, se encontró *P. geniculatus* infectado con *T. cruzi* y *D. marsupialis* sin infección. Todas las localidades tenían viviendas de buena calidad no aptas para la domiciliación de triatomos. Cinco cepas de *T. cruzi* aisladas de humanos por hemocultivo, infectaron ratones ICR y alcanzaron una alta parasitemia en sangre periférica e invasión por amastigotas de órganos internos en 20 días, lo que sugiere una más alta virulencia y capacidad patogénica que las cepas de *T. cruzi* inoculadas a humanos por contaminación vectorial. La vereda de Santa Rosa, Lebrija, es un escenario rural agrícola con relictos de bosque secundario mientras en el área metropolitana de Bucaramanga los escenarios urbanos están rodeados por áreas reforestadas. En todos los focos, la vegetación ejerce efecto de borde que favorece el desarrollo de vectores y reservorios y pone a riesgo la población del área metropolitana de Bucaramanga y de Lebrija.

**Conclusiones.** Desde las zonas reforestadas circundantes en las áreas urbanas y rurales del área metropolitana de Bucaramanga y Lebrija, los elementos de los ciclos enzoóticos de transmisión de *T. cruzi* pueden dar origen a casos agudos de Chagas por contaminación alimentaria en viviendas sin factores de riesgo para la domiciliación de triatomos.

**193. Caracterización molecular y bioquímica de la cinasa de colina de *Leishmania braziliensis*, un potencial nuevo blanco terapéutico para el tratamiento de la leishmaniasis**

María Fernanda Flórez, Sergio Andrés Pulido, Marjorie Jones, Jon Friesen, Iván Darío Vélez, Sara María Robledo.  
 PECET, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. Illinois State University. Illinois, Estados Unidos. ferflo5118@gmail.com

**Introducción y objetivo.** La leishmaniasis abarca un grupo de enfermedades que afectan a millones de personas en las regiones tropicales y subtropicales de todo el mundo. *Leishmania braziliensis* es una de las especies asociadas a la leishmaniasis cutánea y mucosa en América. Los medicamentos para el tratamiento presentan altos niveles de toxicidad y costos, y desarrollo de resistencia en el parásito, por esto es necesario encontrar nuevas alternativas y blancos terapéuticos para el desarrollo de compuestos leishmanicidas. Los lípidos de membrana como la fosfatidilcolina del parásito prometen ser un excelente blanco terapéutico por su importancia en la función celular; sin embargo, la información disponible al respecto es escasa. La cinasa de colina es la primera enzima en la principal ruta de obtención de la fosfatidilcolina en eucariotas; no obstante, no existe evidencia experimental de la misma en *L. braziliensis*. Este trabajo pretendió caracterizar la cinasa de colina recombinante de *L. braziliensis* y determinar su papel en la fisiología del parásito con el fin de proponerla como un potencial blanco terapéutico.

**Materiales y métodos.** Se amplificó y se clonó el gen de la cinasa de colina de *L. braziliensis*, la cual fue expresada en un sistema procariota y purificada para la realización de análisis bioquímicos enzimáticos y para la determinación del efecto inhibitorio de compuestos sintéticos análogos de la colina.

**Resultados.** Se presenta la descripción molecular y bioquímica la cinasa de colina de *L. braziliensis* y se propone como un nuevo blanco terapéutico. Además, mostramos como la actividad de la enzima se modula por medio de compuestos sintéticos análogos de la colina, los cuales presentan actividad leishmanicida en ensayos *in vitro*.

**Conclusiones.** Esta evidencia sustenta la hipótesis de que la cinasa de colina de *L. braziliensis* sería un potencial blanco terapéutico para el tratamiento de la leishmaniasis cutánea o mucosa. Sin embargo, es necesario realizar experimentos adicionales para determinar la impor-

tancia biológica de la enzima en el parásito. Este proyecto es financiado por Colciencias.

**194. Identificación de complicaciones asociadas al tratamiento con deoxicolato de anfotericina B en los pacientes de las fuerzas militares de Colombia con diagnóstico de leishmaniasis cutánea y mucocutánea resistente de enero de 2008 a enero 2010**

Jairo Enrique Pérez, Constanza Garzón Rubiano, Paula Violeta Rodríguez, Jorge Armando Púlido, Carlos Pérez Díaz.  
Hospital Militar Central, Universidad Militar Nueva Granada.  
Bogotá, Colombia JAIROE21@hotmail.com

**Introducción.** La leishmaniasis es una zoonosis resultado de la infección por un parásito flagelado del género *Leishmania*, a través de un insecto flebótomo, cuya manifestación clínica es cutánea, mucocutánea o visceral. La leishmaniasis es reconocida por la Organización Mundial de la Salud como una de las enfermedades tropicales de mayor distribución, contándose a la fecha con 12 millones de personas infectadas alrededor del mundo; 2 millones infectadas cada año; 350 millones de personas en riesgo, distribuida en 88 países, la mayoría de ellos en desarrollo. En Colombia se han notificado en la última década 14.000 casos, con una alta tasa de subregistro y un estimado de 10 millones de personas en riesgo. La especie de *Leishmania* spp. está determinada por el vector transmisor; en Colombia, el vector identificado corresponde a los flebótomos del género *Lutzomia*, del cual se han descrito 133 especies desde el nivel del mar hasta altitudes de 1.800 msnm (*L. longipalpis*, *L. evansi*, *L. hartmani*, *L. spinicrassa*, *L. trapidoi*, *L. umbratillis* y *L. colombiana*, entre otras), cuya transmisión depende de un ciclo zoonótico (reservorio animal) o de un ciclo antroponótico (reservorio humano). Las condiciones geográficas y ecológicas son un factor determinante para el vector y sus huéspedes, según su interacción con el medio surgen dos ciclos de transmisión uno selvático y otro peridomiciliario. En Colombia, el tratamiento de primera línea para la leishmaniasis cutánea está basado en las sales de antimonio pentavalente, como el N-metilglucamina y el estiboglucanato de sodio. Estos medicamentos son profármacos que requieren ser reducidos a su forma trivalente por parte del parásito, para ejercer su mecanismo de acción. A pesar de ser fármacos que llevan más de 60 años de existencia, el mecanismo por el cual son activados es poco claro. Tampoco es muy claro el mecanismo de resistencia frente a los antimoniales; sin embargo, se han planteado la existencia de reductasa de antimonio, acuaglucoquinas, bombas similares a las de salida, niveles parasitarios elevados de tripantemina y glutatión, así como sequestradores intracelulares vacuolares. La guía del 2010 planteada por el Ministerio de la Protección Social propone la pentaminida como tratamiento de segunda línea, la cual es una diamina que actúa, al parecer, inhibiendo la síntesis de ADN y del cinetoplasto del protozoo; algunos mecanismos planteados incluyen la inhibición de las poliaminas y efectos sobre la membrana de la mitocondria. En el abordaje de tercera línea de tratamiento ante la resistencia a los dos previos, se plantea en Colombia el uso del deoxicolato de anfotericina B, el cual es un antibiótico del grupo de los polienos macrólidos producido por *Streptomyces nodosus*. Su mecanismo de acción radica en su estructura anfótera, la cual al poder comportarse como lípido y como agua, tiene la capacidad de unirse a los complejos lípidos de diferentes de hongos y parásitos, formando estructuras tipo canal que permiten la permeabilidad a los protones monovalentes, los cuales, a su vez, se unen a moléculas tipo hidroxilo, carboxilo y amonio, que permiten formas que estabilizan estructuras de tipo canal en su conformación "abierta", e inducen a la muerte celular mediante la salida de agua y electrolitos. Para los pacientes en quienes no se logra una respuesta exitosa con Glucantime® y pentamidina, se utiliza anfotericina B. Para el deoxicolato de anfotericina B, se ha descrito una efectividad del 85

al 95 % en leishmaniasis cutánea; sin embargo, sus efectos secundarios han hecho surgir en la comunidad científica la necesidad de proponer alternativas de vías que disminuyan sus conocidos efectos adversos, de los cuales los más frecuentes son: fiebre, anorexia, náuseas, vómito, astenia, adinamia, flebitis, hipopotasemia y reacciones anafilácticas. La guía colombiana para el tratamiento de la leishmaniasis describe 65 % de prevalencia de alteraciones hidroelectrolíticas. Por lo anterior, se trata de una medicación que debe suministrarse en el contexto hospitalario bajo controles clínicos y de laboratorio. Algunos autores informan la posibilidad de suministrar anfotericina por vía periférica, pero, por los efectos secundarios o la dificultad local de aplicación por condición del acceso venoso, dentro de la institución se administra por vía central según las guías de manejo. Se pueden presentar complicaciones infecciosas y mecánicas asociadas al implante y uso de un acceso central para la aplicación del medicamento, lo cual es importante cuantificar y se hizo en el presente estudio. Entre las complicaciones asociadas al medicamento, se puede referir nefrotoxicidad, alteraciones hidroelectrolíticas y otros efectos como dolor torácico, hipertensión, fiebre, y exantema, descritos en la literatura científica. De los anteriores, el más temible es la nefrotoxicidad.

**Materiales y métodos.** La pregunta de investigación surgió de la observación del comportamiento de los pacientes del Hospital Militar Central hospitalizados con el diagnóstico de leishmaniasis cutánea y mucocutánea que habían recibido previamente tratamientos con antimoniales y pentamidina y, a pesar de ello, presentaban nuevas lesiones o recaídas, diagnosticadas mediante biopsias conclusivas o biopsias indicativas más PCR confirmatoria; por lo anterior, requirieron la implementación de una tercera alternativa para la cual se ha planteado la anfotericina B, ya que tiene una tasa de efectividad entre 85 y 90 % según los informes de la literatura científica. Se pueden presentar complicaciones asociadas a la vía de administración del medicamento desde su colocación (neumotórax, hemotórax), como durante su permanencia (infección asociada al catéter), así como efectos secundarios descritos en la literatura, como nefrotoxicidad y alteraciones hidroelectrolíticas entre otras. De esta manera, surgió la pregunta de investigación: cuál es el perfil de bioseguridad de la anfotericina B para el tratamiento de la leishmaniasis cutánea y mucocutánea. Dada la pregunta, se planteó un estudio descriptivo, retrospectivo, de serie de casos de pacientes hospitalizados en el Hospital Militar Central, con diagnóstico de leishmaniasis cutánea y mucocutánea que, por las características de la enfermedad y su evolución en el tiempo, requirieron el uso de deoxicolato de anfotericina B como tratamiento, de los cuales se tomaron las historias clínicas comprendidas entre el 1° de enero de 2008 y el 1° de enero de 2010 y se aplicó una encuesta, cuyo resultado se usó para la conformación de una base de datos de la cual se esperan conclusiones como la frecuencia de complicaciones en la población descrita, el tiempo promedio de hospitalización de estos pacientes y si existe o no relación con las complicaciones asociadas a la medicación. Para suprimir el riesgo de amenazas a la validez de los resultados se verificó la veracidad de los resultados mediante revisión del 10 % de las historias clínicas por muestreo aleatorio simple y se comprobó con la base de datos obtenida.

**Resultados.** El estudio fue aprobado por el Comité de Investigación Científica del Hospital Militar Central que sesionó el día 18 de octubre de 2011, previa aprobación metodológica y ética. Avanza en el momento acorde con el cronograma planteado, ya se ha revisado, aproximadamente, el 20 % de las historias clínicas y para mayo se espera tener lista la revisión del 80 a 90 % de los pacientes. Con base en la revisión de 36 historias clínicas, se ha encontrado lo siguiente: edad promedio de los pacientes, 28,7 años (rango, 26 a 36); sexo masculino, 100 %; dosis acumulada promedio de anfotericina, 965 mg (rango, 700 a 1.050); promedio de la creatinina basal, 0,96 mg/dl; aumento de la creatinina, mayor de 0,3 mg/dl en el 55 % de los pacientes; promedio de creatinina elevada en los pacientes con aumento significativo, 1,40

mg dl (rango, 1,27 a 1,6); promedio del BUN al ingreso, 11,7; hipopotasemia luego del inicio del tratamiento, 33,3%; leve; 22,3%, moderada, 11%; hipomagnesemia; 55% de los pacientes con promedio de 1,38 mg/dl; bacteriemia asociada a catéter, 10%; dolor torácico, 10%; hemotórax, neumotórax y muerte, ningún paciente; promedio de días de hospitalización, 29 (rango, 20 a 64); promedio de aumento con respecto a la basal, 0,44 mg/dl.

**Conclusiones.** El deoxicolato de anfotericina B se constituye en la tercera línea de tratamiento para la leishmaniasis en nuestro país, y es de vital importancia conocer su perfil de seguridad en Colombia dada la alta frecuencia con que se requiere su uso. Se encontró elevación significativa de creatinina en 55 % de los pacientes. Se verificaron las alteraciones hidroelectrolíticas, entre las cuales llama la atención la hipomagnesemia en nuestro grupo de pacientes, dato interesante puesto que se esperaba que fuera más frecuente la hipopotasemia. No encontraron, hasta ahora, complicaciones mecánicas asociadas al uso del catéter venoso central aunque sí ha habido complicaciones infecciosas. El estudio se encuentra en curso, se espera obtener el 80 % de los registros completos para dentro de 60 días.

#### 195. Determinación de mutaciones puntuales en el gen *pf dhps* de *Plasmodium falciparum* asociadas a la resistencia a sulfadoxina, a partir de los casos de malaria del departamento de Bolívar

Luis Acuña Cantillo, Fernando De la Cruz López, Lourdes Varela Prieto, Alfredo Lagares Guzmán, Dary Luz Mendoza.

Grupo de Inmunología y Biología Molecular, Universidad del Atlántico, Grupo de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Magdalena. Barranquilla, Colombia. dary\_mendoza@yahoo.com

**Introducción y objetivo.** En *Plasmodium falciparum* la resistencia a la sulfadoxina está asociada con la acumulación de mutaciones en el gen de la sintetasa de dihidropteroato del parásito (*pf dhps*). La vigilancia molecular de las mutaciones permite generar criterios de evaluación ante los esquemas de tratamiento actual en una región determinada. El objetivo principal de esta investigación fue determinar las mutaciones puntuales en el gen *pf dhps* de *P. falciparum* asociadas a la resistencia a la sulfadoxina, a partir de los casos de malaria del departamento de Bolívar.

**Materiales y métodos.** El ADN del parásito se extrajo mediante resina Chelex-100, desde extendidos sanguíneos fijados sobre láminas diagnósticas de 55 individuos infectados con *P. falciparum*. Se amplificó por PCR un fragmento de 438 pb del gen *pf dhps* y se identificó la mutación A437G por RFLP usando la endonucleasa Ava II. La mutación se confirmó por secuenciación del fragmento de 438 pb de *pf dhps*. También se identificaron las mutaciones S436A/F y K540E.

**Resultados.** Diecisiete muestras amplificaron el fragmento de 438 pb. Se identificaron alelos mutantes, silvestres y mixtos en el codón 437. La frecuencia del alelo mutante (G-437) fue de 65 % (11/17), del alelo mixto (A/G-437) fue de 29 % (5/17) y del alelo silvestre (A-437) fue de 6 % (1/17). Los alelos mutantes G-437/F-436 y el alelo silvestre K-540 se identificaron en todas las muestras secuenciadas.

**Conclusiones.** Se reporta una frecuencia elevada del alelo mutante G-437 en la población de estudio. Un porcentaje significativo de las muestras analizadas por RFLP presentaron alelos mixtos A/G-437. En las muestras secuenciadas procedentes de los municipios de Achí y Rioviejo se identificó el haplotipo FGK de *pf dhps*. Esta investigación constituye el primer reporte de mutaciones asociadas a resistencia antipalúdica en el departamento de Bolívar.

#### 196. Detección de infección natural por *Plasmodium* spp. en *Anopheles triannulatus* s.l. de Colombia

Doris A. Rosero, Natalí Álvarez, Luz M. Jaramillo, Nelson J. Naranjo, Giovan F. Gómez, Margarita M. Correa.

Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. roserodoris@hotmail.com

**Introducción.** *Anopheles triannulatus* s.l. se ha reportado infectado con *Plasmodium falciparum* y *Plasmodium vivax* en Brasil y Venezuela. En Colombia, se desconoce su papel en la transmisión de la malaria; por lo tanto, en el presente trabajo se investigó la infección natural con *Plasmodium* spp. en especímenes *An. triannulatus* s.l. como una aproximación a su incriminación como vector del parásito.

**Materiales y métodos.** Los especímenes se recolectaron en seis localidades de tres departamentos de Colombia: El Bagre y San Pedro de Urabá (Antioquia), El Bagre (Córdoba), Leticia, Puerto Nariño y Tarapacá (Amazonas). Los especímenes se identificaron por morfología como *An. triannulatus* s.l. y se confirmó la especie por PCR-RFLP-ITS2. Se determinó la infección por *Plasmodium* spp. en todos los especímenes utilizando ELISA y PCR anidada, y aquellos positivos fueron evaluados por PCR-Cytb.

**Resultados.** De los 510 especímenes evaluados, se encontraron dos *An. triannulatus* s.l. infectados; uno de El Bagre con *P. vivax* variante VK247, para una tasa de infección de 1,163 (1/85; IC<sub>95%</sub> 0,029-6,309) y uno de El Bagre con *P. falciparum*, tasa de infección de 1,205 (1/83; IC<sub>95%</sub> 0,030-6,531).

**Conclusiones.** Los resultados de infección natural en *An. triannulatus* s.l. constituyen los primeros reportes para esta especie en el país y demuestran la necesidad de evaluar su papel en la transmisión en las regiones endémicas del país.

#### 197. Efecto del compostaje sobre la viabilidad de protozoos y helmintos de importancia médica presentes en los biosólidos generados en la planta de tratamiento de aguas residuales de San Fernando, Itagüí

Katherine Bedoya Urrego, Sonia del Pilar Agudelo, Carlos Alberto Peláez, José Miguel Acevedo.

Universidad de Antioquia. Medellín Colombia. katherinebedoya@yahoo.com

**Introducción y objetivo.** Los biosólidos son un residuo generado en el tratamiento de las aguas residuales. Se ha promovido su uso como abono orgánico, no obstante, existen riesgos potenciales para la salud debido a la presencia de microorganismos patógenos. El compostaje es un método efectivo para estabilizar el biosólido. Nos propusimos realizar la caracterización microbiológica, parasitológica y fisicoquímica en dos protocolos de compostaje a partir del biosólido generado en la planta de tratamiento de aguas residuales de San Fernando, Itagüí.

**Materiales y métodos.** Se realizó el compostaje por 30 días con formulaciones 50:50 y 75:25, y un control de 100% biosólido. A las muestras se les realizó un análisis fisicoquímico y microbiológico según la NTC 5167. Para la detección de huevos de helmintos se siguió el protocolo de la norma oficial mexicana 004, modificada. Los protozoos se detectaron utilizando el kit Merifluor y los colorantes vitales 4',6-diamidino-2-fenil-indol y yoduro de propidio. Se realizó un análisis descriptivo univariado, análisis de varianza, coeficiente de correlación y t de Student.

**Resultados.** En el biosólido se encontraron 6 huevos viables de *Ascaris lumbricoides* en 2 g de ST, con 43 % de viabilidad y 13 quistes viables de *Giardia intestinalis* con un porcentaje de viabilidad de 40,6 %. La pila con la formulación 50:50 alcanzó una temperatura cercana a los 50 °C entre la semana uno y dos. Al final del proceso no se encontraron protozoos ni helmintos viables, *Salmonella* spp. ausente y enterobacterias en una concentración de 200 UFC/g. En la formulación 75:25, se encontró 1 huevo *A. lumbricoides* en 2g de ST viable y 1 quiste de *G. intestinalis* en 2 g de ST viable. En el control se encontraron 6 quistes de *G. intestinalis* en 2 g de ST viables.

**Conclusiones.** El biosólido generado en la planta de San Fernando debe ser sometido a procesos de eliminación de patógenos antes de ser usado como abono. Se recomienda el compostaje usando aserrín como material de soporte en una concentración 50:50. Financiado por Colciencias y Empresas Públicas de Medellín

**198. Epidemiología molecular del complejo *Entamoeba* (*E. histolytica*, *E. dispar* y *E. moshkovskii*) en Bucaramanga, Santander, y su área metropolitana**

Juanita Trejos Suárez, Ana Elvira Farfán, Jorge Alexander Silva, Reicy Reyes Sandoval, Paola Martínez Cubides.  
Universidad de Santander (UDES). Bucaramanga, Colombia.  
juanita.trejos@udes.edu.co

**Introducción.** La amibiasis es considerada la segunda causa de muerte por parasitismo superada únicamente por la malaria; *Entamoeba histolytica*, el agente etiológico de la amibiasis, tiene una distribución universal y genera enfermedad cosmopolita; se calcula que el 10 % de la población mundial está infectada por el complejo *E. histolytica/E. dispar*, mientras que *E. moshkovskii*, ameba de vida libre, indistinguible morfológicamente de *E. histolytica* (protozoo patógeno) y *E. dispar* (no patógeno) por su alta similitud en genética, biología celular y afinidad por huéspedes, se ha encontrado en personas inmunosuprimidas con problemas gastrointestinales, diarrea y dolor abdominal, lo que indica su potencial patógeno, haciendo que la prevalencia real de estos parásitos sea desconocida. En Colombia, poco se conoce de la distribución geográfica de estas amebas, debido a que con microscopía óptica no se discriminan estas especies, lo cual aumenta la tendencia del "sobrediagnóstico" y conduce al uso innecesario y yatrógeno de fármacos amebicidas, con el aumento del riesgo de la creación de resistencia a dichos fármacos por parte de las diferentes *Entamoebas* presentes en el complejo.

**Objetivo.** Identificar molecularmente el complejo *Entamoeba* (*E. histolytica*, *E. dispar*, *E. moshkovskii*) en muestras de heces de habitantes de Bucaramanga y su área metropolitana.

**Materiales y métodos.** Se analizaron 1.000 muestras de heces humanas recolectadas de laboratorios clínicos de Bucaramanga y su área metropolitana. Todas las muestras fueron examinadas por examen directo en microscopía óptica y se almacenaron a -20 °C hasta su procesamiento mediante ELISA directa para la detección de antígenos del complejo *E. histolytica/E. dispar*. La totalidad de las muestras positivas en ELISA y el 10 % de las negativas se procesaron mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para la detección del complejo *Entamoeba* y a las positivas se les hizo PCR anidada múltiple para la diferenciación de las tres especies y, posteriormente, se secuenciaron los ADN purificados para determinar los genotipos de las especies. Se hizo un análisis de estadística descriptiva de los datos.

**Resultados.** En el 51,8 % de las muestras analizadas por microscopía óptica se encontraron parásitos, de los cuales, el 13,7 % eran patógenos y, de estos, el 8,1 % eran compatibles morfológicamente con el complejo *E. histolytica/E. dispar*. Al realizar análisis inmunológicos para aumentar la sensibilidad de los hallazgos, se encontró presencia de antígenos del complejo *E. histolytica/E. dispar* en 18,9 %, de los cuales, el 10,1 % se detectó también por microscopía. La mayor prevalencia de este complejo se presentó en el sexo femenino (60,8 %).

**Conclusiones.** La perspectiva que se crea con la realización de este proyecto es la generación de nuevo conocimiento científico sobre la distribución de las especies en Bucaramanga y la creación por primera vez para la ciudad y para Colombia del mapa epidemiológico del complejo *Entamoeba*. La transferencia de tecnología mediante la aplicación de técnicas moleculares e inmunológicas que mejoran la identificación de las especies en mención y la capacitación y entrenamiento de estudiantes y docentes investigadores fortalecerá el grupo de investigación CliniUDES.

**199. Fragmentación de ADN en *Giardia intestinalis* por metronidazol y privación de colesterol**

Paola Andrea Pérez, William Andrés Álvarez, Myriam Lucía Velandía, Paula C. Hernández A, Jacqueline Chaparro Olaya.  
Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia. hernandezpaula@unbosque.edu.co

**Introducción.** *Giardia intestinalis* es un protozoo flagelado patógeno que produce enfermedad diarreica en todo el mundo. Este parásito presenta muchas características comunes de las células eucariotas, pero carece de algunos organelos encontrados en la mayoría de ellos, como la mitocondria. Se han identificado diversas formas de muerte celular programada, como la apoptosis, en organismos protozoarios como *Trypanosoma* spp., *Leishmania* spp., *Entamoeba* spp. y *Plasmodium* spp. El papel fisiológico de la apoptosis en protozoarios aún está por resolverse y en *Giardia* spp. no es claro si suceden eventos de este tipo. Dado que la mitocondria es un organelo clave durante los eventos apoptóticos, el estudio de células que carecen de mitocondrias verdaderas, como *Giardia* spp., durante un proceso de muerte celular es muy interesante y puede ser de importancia terapéutica.

**Objetivo.** Determinar si la aplicación de metronidazol o si la privación de colesterol induce daños irreversibles en el ADN de los parásitos, que puedan inducir la muerte celular del parásito.

**Materiales y métodos.** Se tomaron trofozoítos de la cepa WBC6 cultivados en medio TYI-S-33, los cuales fueron sometidos a dos condiciones de estrés: i) inoculándolos con diferentes concentraciones de metronidazol, y ii) privándolos de colesterol en el medio, durante 6, 12, y 24 horas. Posteriormente, se hicieron conteos bajo el microscopio para medir la viabilidad celular (azul tripano y lugol) y se midió la fragmentación del ADN por dos métodos: electroforesis en agarosa y TUNEL.

**Resultados.** Se observó que la supervivencia de las células expuestas al fármaco disminuyó durante los tiempos del tratamiento, mientras que la supervivencia de las células expuesta a la privación no lo hizo. Llama la atención que se haya observado la fragmentación del ADN en ambas condiciones experimentales.

**Conclusiones.** Nuestros resultados sugieren que *G. intestinalis* en condiciones de estrés sufre algunos eventos similares a la apoptosis, como la fragmentación del ADN, lo que sugiere que este parásito posee vías alternas que inducen de manera regulada la muerte celular.

**200. Prevalencia de *Sarcoptes scabiei* var. *hominis* y *Sarcoptes scabiei* var. *canis* en diferentes municipios del departamento de Santander**

Juanita Trejos Suárez, Eliana Inés Espinosa, Samuel Andrés García, Diana Patricia Luna, Carolina Villacreses Morales.  
Universidad de Santander (UDES). Bucaramanga, Colombia.  
juanita.trejos@udes.edu.co

**Introducción.** La escabiosis producida por el ectoparásito *Sarcoptes scabiei*, afecta a cerca de 300 millones de personas a nivel mundial y cerca de 4,8 % de perros se encuentran infestados anualmente por este ácaro, lo que hace que se considere un problema de salud pública en los países desarrollados y en vía de desarrollo.

**Objetivo.** Determinar la prevalencia de *Sarcoptes scabiei* var. *hominis* y *Sarcoptes scabiei* var. *canis* en diferentes municipios del departamento de Santander.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo y prospectivo basado en la búsqueda de los casos de humanos y caninos infestados con *S. scabiei* var. *hominis* y var. *canis* en los municipios de Socorro, San Gil, Barrancabermeja, San Vicente de Chucurí y Bucaramanga y su área metropolitana. Se muestrearon 100 individuos y 100 perros, la recolección de datos se hizo mediante encuestas. Las muestras se tomaron por medio del raspado de piel en sitios con lesiones características, se analizó por microscopía óptica de 40X por triplicado con triple observador.

**Resultados.** La prevalencia de escabiosis en humanos correspondió al 2% y en perros del 1 % en los municipios estudiados.

**Conclusiones.** La prevalencia de escabiosis reportada en humanos difiere de las estadísticas notificadas por el Ministerio de la Protección Social entre 2003 y 2008 lo cual sugiere un "sobrediagnóstico", al confundir la escabiosis con diferentes entidades dermatológicas causadas

o no por otros microorganismos. De igual forma, se determinó que en perros no se lleva a cabo ningún tipo de reporte estadístico de control, siendo un foco zoonótico de gran importancia para la población en hacinamiento e inmunosuprimida.

### 201. Estandarización de la técnica de PCR-RFLP para la identificación de subtipos de *Blastocystis* spp. a partir de aislamientos de humanos

Gloria Deicy Muñoz, Diana Carolina Bucuru.  
Universidad del Quindío (Centro de investigaciones Biomédicas)  
Grupo Gepamol, Armenia, Colombia. alejito65@yahoo.es

**Introducción.** *Blastocystis* spp. es un protozoo anaerobio facultativo, causante de una parasitosis intestinal, el cual presenta una alta prevalencia y del que muy poco se conoce sobre su papel como patógeno primario, su ubicación taxonómica y la relación existente entre los subtipos, con los síntomas presentados en humanos, debido a la amplia heterogeneidad genética que posee.

**Objetivo.** Estandarizar la técnica de PCR-RFLP para la identificación de subtipos de *Blastocystis* spp. a partir de aislamientos humanos.

**Materiales y métodos.** Se tomó una muestra de un paciente positivo para *Blastocystis* spp. en el examen coprológico, que fue cultivada en solución de lactato de Ringer con 10 % de suero equino y 0,05 % de L-asparagina, y se incubó a 37 °C y 5 % de CO<sub>2</sub>. Posteriormente, se usaron tres protocolos de extracción de ADN, uno convencional y dos comerciales. Luego se realizó una PCR empleando los cebadores RD3 (5'-GGGATCCTGATCCTCCG CAGGTTACCTAC-3) y RD5 (5'-GGAAGCTTATCTGGTTGATCCTGCCAGTA-3') con el fin de amplificar el gen 18s sARNr de *Blastocystis* spp con un peso aproximado de 1.800 pb. Finalmente, para la identificación de los subtipos se utilizó la técnica de RFLP con dos enzimas de restricción: RsaI y Sau3 AI, empleadas por Clark en 1997.

**Resultados.** Por PCR se obtuvo una amplificación de 1.800 pb del gen 18s sARNr; en la restricción, el corte de las enzimas generó dos bandas de 1.200 y 800 pb que concuerdan con el subtipo I de lo descrito por Clark. Se logró la identificación de un nuevo subtipo, el cual se pudo mantener en condiciones de cultivo.

**Conclusiones.** Se logró establecer las condiciones de PCR y RFLP para la identificación de subtipos de *Blastocystis* spp., así como el reporte y el establecimiento de un nuevo aislamiento de este parásito para el Centro de Investigaciones Biomédicas.

### 202. Resultados preliminares de la prevalencia de parásitos intestinales en niños de hogares damnificados por el fenómeno de La Niña en los años 2010 y 2011 en el municipio de Manatí

Claudia Romero-Vivas, Ivonne Caro Neira, Jeanelle Gutiérrez Padilla, Johanna Maestre Sandoval, Shereen Manneh Amashta, Galo Mantilla Gil, Daniela Maury Cure, Hughes Orozco Rodríguez, Angie Pernet Carvajal, María Laura Riaño Garzón.  
Departamento de Medicina, Fundación Universidad del Norte.  
Barranquilla, Colombia. clomero@uninorte.edu.co

**Introducción.** En el 2010 Colombia sufrió un problema grave de inundaciones como consecuencia del fenómeno climático de La Niña y en el departamento del Atlántico, cinco municipios se vieron gravemente afectados, entre ellos, Manatí.

**Objetivo.** Determinar las prevalencias de parasitosis intestinales (protozoos y helmintos), en niños de 6 meses a 14 años, residentes en los barrios del municipio de Manatí, que fueron seriamente afectados por la ola invernal.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de tipo descriptivo, transversal, en una población de 1.700 personas, con 15 % de preva-

lencia de parasitosis intestinales estimada para América Latina por la OPS y con un nivel de confianza del 95%. Se examinaron 316 muestras mediante diferentes métodos de diagnóstico coprológico: examen directo, técnica de Willis-Molloy, de Kato-Katz (para helmintos), técnica de Graham (*Enterobius* sp.), tinción de Ziehl Neelsen modificada para los parásitos oportunistas *Cryptosporidium* spp., *Isoospora* spp. y *Cyclospora* spp.

**Resultados.** Los protozoos más prevalentes fueron: *Entamoeba histolytica/dispar* (41 %; IC<sub>95%</sub> 36-46) seguido por *Giardia intestinalis* (35 %; IC<sub>95%</sub> 30-41) y *Blastocystis hominis* (23 %; IC<sub>95%</sub> 19-28); la prevalencia de parásitos oportunistas fue del 0,05 % (IC<sub>95%</sub> 0-1,3) y el más prevalente fue *Cryptosporidium* spp. (0,04 %). Los helmintos más prevalentes fueron: *Trichuris trichiura* (19 %; IC<sub>95%</sub> 15-24), seguido por *Enterobius vermicularis* (17 %; IC<sub>95%</sub> 13-22), *Ascaris lumbricoides* (7,3 %; IC<sub>95%</sub> 4-10) e *Hymenolepis nana* (9,5 %).

Algunos de los factores de riesgo identificados fueron: ausencia de alcantarillado de aguas negras (100 %), ausencia de letrinas o pozos sépticos (97,7%), presencia de animales compartiendo el hábitat con las personas (56 %) y ausencia de lavamanos (90 %). No se observaron larvas ni huevos de uncinarias, así como no observamos dermatitis por estos helmintos, como se esperaba.

**Conclusiones.** La comparación de las prevalencias de estos parásitos en niños que viven en áreas de inundación y en áreas de no inundación están siendo analizadas para determinar la influencia del fenómeno de La Niña en las poblaciones afectadas.

### 203. Identificación, clonación y expresión de una fosfolipasa A2 putativa de *Toxoplasma gondii*

Diego Mauricio Moncada, Aylan Farid Arenas, Diego Alejandro Molina, Jorge Enrique Gómez.  
Universidad del Quindío, Armenia, Colombia. dmmoncadag@uqvirtual.edu.co

**Introducción.** Las fosfolipasas A2 son enzimas ampliamente distribuidas en la naturaleza, ellas catalizan la hidrólisis del enlace éster sn-2 de los glicerofosfolípidos liberando ácidos grasos, principalmente el ácido araquidónico y lisofosfolípidos. En *Toxoplasma gondii* se ha reportado la actividad fosfolipasa A2 pero no se había identificado ningún gen que codificara estas enzimas.

**Materiales y métodos.** Se condicionó el algoritmo de búsqueda (*Protein-Motif-Pattern*) en la base datos ToxoDB, con la siguiente secuencia (CC.HD), con base en el logo de la secuencia del dominio PA2\_HIS. Se hizo una RT-PCR en ARN total de taquizoítos (cepa RH) y el producto se clonó y se transformó a *Escherichia coli* DH5α con el vector pEXP5-CT/TOPO. Se expresó la proteína recombinante en un sistema libre de células. La actividad se analizó con el estuche *sPLA2 Assay Kit Cayman Chemical*. Se obtuvo un modelo estructural en el servidor MUSTER (*MUlti-Sources ThreadER*) y se identificaron regiones funcionales en los servidores PROSITE y SOSUI. Se realizó un protocolo *docking* rígido en el programa Arguslab con los ligandos sodio 2-(1-benzil-2-etil-3-oxamoiindol-4-il) oxiacetato, y su variante metilo interactuando con el sitio catalítico de histidina.

**Resultados.** Se identificó el dominio fosfolipasa A2 PA2\_HIS Prosite (PS00118) en el gen TGGT1\_112700.RT-PCR y se obtuvo una amplificación de 540 pb. Luego de expresarlo, se obtuvieron 4 µg/ml de una proteína con un peso predicho en ToxoDB de 20 kDa. Esta proteína demostró tener actividad hidrolítica de ácidos grasos. El modelo estructural presenta regiones hidrofóbicas sin impedimentos de éster entre las posiciones 44-66 y 108-121 y un dominio PA2\_HIS entre los aminoácidos 171-178. La mejor posición de los ligandos registró una energía de -6.5225 y -6.3776 kcal/mol respectivamente.

**Conclusiones.** Se obtuvo una proteína recombinante producto del gen TGGT1\_112700 con actividad fosfolipasa A2.

**204. Producción local de IL-17 en un modelo murino de toxoplasmosis ocular**

Alejandra de la Torre, Arnaud Sauer, Alexander Pfaff, Odile Villard, Jorge Enrique Gómez, Ermanno Candolfi.

GEPAMOL, Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia, De Parasitologie et de Pathologie Tropicale, Université de Strasbourg, France. alejadelatorre@yahoo.com

**Introducción y objetivo.** El análisis de citocinas en humor acuoso en un estudio previo, demostró el aumento de IL-17 que contribuye a la respuesta inflamatoria en los pacientes europeos, lo cual no observamos en los pacientes colombianos. El propósito del presente estudio fue evaluar la producción local de IL-17 en un modelo en ratón de toxoplasmosis ocular activa aguda, con diferentes cepas parasitarias y las posibles células productoras de esta citocina.

**Materiales y métodos.** Se usaron en criocortes de ojos anticuerpos inmunofluorescentes anti-IL17, anti- $\gamma\delta$ , NK, CD45 y GFAP, para evaluar la expresión de esta citocina en toxoplasmosis ocular activa y evaluar las posibles células productoras de IL-17 en la retina de ratones C57BL6 infectados intraocularmente con diferentes cepas de *Toxoplasma gondii*.

**Resultados.** En la retina de ratones C57BL6 infectados intraocularmente con diferentes cepas de *T. gondii*, la IL-17 se expresa en las etapas tempranas de la infección. Usando anticuerpos anti-IL17 pudimos observar que esta citocina estaba presente en un patrón de aumento progresivo desde el día 0 hasta el día 7. Observamos que después de los primeros días de la infección había una suave tinción fluorescente en la capa de las células ganglionares pero, luego, esta tinción se hacía más visible y se desplazaba de las capas externas a las internas, alcanzando un compromiso completo del tejido retiniano en el día 7. Al comparar la tinción de los astrocitos (GFAP) en ratones infectados con *T. gondii*, con la tinción de IL17 en ojos infectados con *T. gondii* observamos el mismo patrón.

**Conclusiones.** La IL-17 es producida localmente en el ojo en la fase aguda de la toxoplasmosis ocular. Los astrocitos y las células de la microglía pueden ser las células residentes que producen IL-17 en la retina.

**205. Mecanismo de inhibición del 3,4-DCI en la tripsina proteasa de Toxoplasma gondii TGME49\_062920**

Diego Alejandro Molina, Diego Mauricio Moncada, Aylan Farid Arenas, Jorge Enrique Gómez.  
Universidad del Quindío, Armenia, Colombia. dmmoncadag@qvirtual.edu.co

**Introducción y objetivo.** *Toxoplasma gondii* tiene la capacidad de invadir cualquier célula mamífera mediante un proceso mediado por el parásito, en el que varias proteínas secretadas por tres de sus organelos especializados (micronemas, roptrias y gránulos densos) actúan en el proceso de adhesión e invasión a la célula huésped. Algunas proteasas son secretadas por estos organelos y han sido implicados en el proceso de invasión por parte de *Toxoplasma* spp. a su célula huésped. Análisis previos han encontrado tres tripsinas proteasas putativas en *T. gondii* (TGME49\_062920, TGME49\_090840 y TGME49\_077850) que suponemos son importantes para la invasión del parásito a su huésped. Por lo tanto, nuestro objetivo fue realizar la caracterización estructural *in silico* del sitio activo de TGME49\_062920 en interacción con el inhibidor 3,4-DCI cuya actividad de inhibición ha sido verificada previamente.

**Materiales y métodos.** Se realizó un modelo estructural por homología en el servidor *Swiss Model* con la plantilla PDB 1lcyA. Posteriormente se identificaron las regiones funcionales con los servidores *I-Membrane* y

*Smart*. Se validó el modelo por medio de la herramienta PROCHECK. La geometría del inhibidor 3,4-DCI se optimizó con el campo de fuerza DFT utilizando el funcional de intercambio de B3LYP y el funcional de correlación donde los orbitales se expanden con un conjunto de bases 6-311G+, después fueron encajados en el dominio mediante un protocolo de *docking* de cuerpo flexible con el programa Arguslab.

**Resultados.** Los patrones estructurales de dominio en los aminoácidos S, H y D, característicos del centro activo para TGME49\_062920 con el ligando, mostraron interacción de puente de hidrogeno con el ácido aspártico del centro activo registrando una energía de -5.87167 kcal/mol.

**Conclusiones.** El mecanismo de inhibición del 3,4-DCI en TGME49\_062920 está ligado a la interrupción de la deslocalización electrónica del anillo imidazol de la histidina realizada por el ácido aspártico del centro activo.

**206. El análisis de conglomerados utilizando atributos de secuencia primaria es una herramienta útil para la caracterización de las proteínas con función de adhesina en Toxoplasma gondii.**

Johnatan Múnera.  
Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia. aylanfarid@yahoo.com

**Introducción.** *Toxoplasma gondii* puede invadir diferentes tipos de células humanas mediante un proceso de múltiples pasos que dependen de la secreción regulada de proteínas conocidas como adhesinas. Nos preguntamos si el método de análisis de conglomerados (*clusters*) utilizando información de secuencias, puede agrupar adhesinas en *T. gondii* y otros Apicomplexa.

**Materiales y métodos.** Con el fin de identificar las características clave de secuencia primaria en adhesinas de *T. gondii*, se analizaron las frecuencias relativas de los aminoácidos individuales así como los dipéptidos y cuatro características bioquímicas: hidrofobia, polaridad, polarización y volumen de van der Waals, mediante un análisis de conglomerados.

**Resultados.** Este método identificó el aminoácido cisteína como un residuo clave en adhesinas de *T. gondii*. El mejor atributo de clasificación fue la frecuencia relativa de los aminoácidos individuales y la de dipéptidos. La polaridad, la polarización y el volumen de van der Waals no fueron buenos atributos de clasificación. La frecuencia de aminoácidos individuales tiene capacidad de agrupar 67 adhesinas hipotéticas en Apicomplexa. Este algoritmo también fue útil para agrupar posibles receptores extracelulares humanos a *T. gondii*. Todas las pruebas de poder de los conglomerados superaron una sensibilidad del 70 % y especificidad del 80 %.

**Conclusiones.** La composición de aminoácidos puede ser útil para obtener información en familias de proteínas, cuando éstas carecen de información a nivel de homología o de estructura.

**207. Identificación de polimorfismos en los genes de dihidrofolatorreductasa y dihidropterato sintetasa de Toxoplasma gondii**

Liliana Jazmín Cortés, María Luz Gunturiz, Sofia Duque Beltrán.  
Instituto Nacional de Salud, Bogotá, Colombia. jcortes@ins.gov.co

**Introducción.** La toxoplasmosis es una enfermedad infecciosa causada por *Toxoplasma gondii*, parásito intracelular obligado. Puede cursar como una infección asintomática, una infección leve o ser mortal cuando afecta principalmente al feto o a los pacientes inmunosuprimidos. La identificación de polimorfismos en los genes blanco asociados con los medicamentos (antifolatos) empleados para su tratamiento, es relevante para el mejoramiento de los esquemas terapéuticos existentes.

**Objetivo.** Identificar los polimorfismos en los genes *dhfr* y *dhps* a

partir de la cepa de referencia RH y de dos aislamientos de *T. gondii* obtenidos de pacientes positivos para VIH con toxoplasmosis cerebral. **Materiales y métodos.** Se optimizaron las condiciones de amplificación por PCR para exones de los genes *dhfr* (2) y *dhps* (1, 2, 4 y 5). Se clonaron y se secuenciaron fragmentos de cada uno de los exones. Las secuencias obtenidas se alinearon y se compararon con secuencias de referencia, identificando cambios de nucleótidos.

**Resultados.** Se encontró un cambio de un nucleótido en los clones recombinantes secuenciados para el exón 2 y, al menos, tres cambios en el exón 4 del gen *dhps*. Para los demás exones no se encontraron cambios de secuencias, sin embargo, es necesario ampliar el número de muestras con el fin de establecer cuáles polimorfismos, relacionados con cambios en la sensibilidad a los antifolatos, se encuentran en los aislamientos parasitarios que circulan en nuestro país.

**Conclusiones.** La determinación de polimorfismos en los exones de los genes *dhfr* y *dhps* de *T. gondii*, mediante la PCR optimizada en el presente estudio, permitirá establecer, en muestras de pacientes con diferentes manifestaciones clínicas de la enfermedad, su papel potencial en los cambios en la sensibilidad a los antifolatos.

#### 208. Método de cultivo *in vitro* para la producción de *Toxoplasma gondii* en la línea celular Vero como metodología alternativa para la propagación parasitaria

Liliana Jazmín Cortés, Yeimy Lizeth Benavidez, Alexandra Zipa Cely, María Carlina Castillo.  
Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia. Universidad de Boyacá. Tunja, Colombia. [jcortes@ins.gov.co](mailto:jcortes@ins.gov.co)

**Introducción.** La toxoplasmosis es una zoonosis de importancia en salud pública producida por *Toxoplasma gondii*, parásito intracelular obligado capaz de replicarse en todas las células con núcleo, lo que permite su aislamiento y mantenimiento *in vitro* por medio del cultivo celular.

**Objetivo.** Optimizar un método de cultivo *in vitro* para la producción de *T. gondii* en la línea celular Vero, como metodología alternativa para la propagación parasitaria.

**Materiales y métodos.** Se utilizó la línea primaria Vero (Clon E6 ATCC: CRL-1584) cultivada en medio DMEM (*Dulbecco's Modified Eagle Medium*) con suplemento de suero fetal bovino al 5 %, a 37 °C en ausencia de CO<sub>2</sub>, y la cepa de referencia RH de *T. gondii* (ATCC 50174) mantenida mediante pases sucesivos en ratones ICR, machos de 25 días. Las células Vero se sembraron en frascos de cultivo de 25 cm<sup>2</sup> con una concentración de 500.000 (C1) y 1'000.000 (C2) de células por mm<sup>2</sup>; a las 24 horas se inocularon con 1'000.000 (I1) y 2'000.000 (I2) de taquizoítos por mm<sup>2</sup>, respectivamente, y se incubaron en las condiciones mencionadas. Se observó la invasión, multiplicación, viabilidad y rendimiento de los taquizoítos a las 0, 24, 48, 72, 96, 120 y 144 horas de incubación.

**Resultados.** La formación de rosetas y el incremento del número de taquizoítos extracelulares se relacionaron en forma inversa en función del tiempo, obteniéndose los máximos valores de taquizoítos extracelulares (C1 y C2) y de porcentaje de taquizoítos viables (90 %) a las 120 horas, y de porcentaje de rosetas a las 48 horas de incubación.

**Conclusiones.** Las condiciones experimentales más favorables correspondieron a la concentración C1, conservándose la relación 2:1 entre parásitos y células lo que permitió obtener 19 millones de taquizoítos viables a partir de 1 millón inoculado, para ser empleados con fines diagnósticos, minimizando el uso de biomodelos para la producción de los mismos. Este trabajo fue financiado por el Instituto Nacional de Salud.

#### 209. Respuesta linfoproliferativa frente a péptidos de la proteína P30 y ROP 18 en toxoplasmosis congénita y ocular

Laura Andréa Taborda, Elizabeth Torres, Alejandra De la Torre, Nestor Iván Cardona, Juan Carlos Sepúlveda, Jorge Enrique Gómez.  
Universidad del Quindío, Centro de Investigaciones Biomédicas. Armenia, Colombia. [latabordab@uqvirtual.edu.co](mailto:latabordab@uqvirtual.edu.co)

**Introducción y objetivo.** La proteína P30 de *Toxoplasma gondii* es el antígeno de mayor de superficie y a donde va dirigida parte de la respuesta inmunitaria. En ratones y en sueros humanos se encontró que los péptidos de P30 entre los aminoácidos 301 y 319, inducían respuesta humoral y protección. La proteína ROP18 media el fenotipo de virulencia en cepas clonales I. Los polimorfismos en este tipo de clon, inducen mayor mortalidad, crecimiento intracelular y modificaciones en la respuesta inmunitaria del ratón. Nuestro objetivo fue determinar la respuesta linfoproliferativa y las citocinas frente a los péptidos de la proteína P30 y ROP18 en toxoplasmosis ocular y congénita.

**Materiales y métodos.** Se analizaron pacientes con coriorretinitis crónica inactiva, episodios de inflamación activa por toxoplasmosis ocular, infección crónica sin patología ocular y toxoplasmosis congénita. Se incubaron 50 µl de sangre a 37 °C con 5 % de CO<sub>2</sub> por cinco días con concanavalina, antígeno de *T. gondii*, péptido 2017 o de ROP18 I, II y III, y PBS como control negativo. El sobrenadante de cultivo se recolectó y se midieron las citocinas TNF-α, IFN-α, IFN-γ e IL-10 mediante ELISA. El botón celular se marcó con un anticuerpo monoclonal para CD8-FITC/CD4-RD1/CD3-PC5 y se analizaron con el citómetro de flujo FACScan. Los resultados positivos específicos de las células T se estimaron restando los valores obtenidos a los controles negativos.

**Resultados.** Los pacientes con toxoplasmosis ocular presentaron una respuesta linfocitaria específica al antígeno total y a los péptidos derivados de las proteínas P30 y ROP18. En los pacientes control sin infección por *Toxoplasma* sp. no se obtuvo respuesta frente a los estímulos. La inducción de INF-γ fue baja para el péptido 2017 a diferencia de dos péptidos de ROP18 que indujeron IL10. No hubo secreción de TNF-α.

**Conclusiones.** La mayor parte de la respuesta inmunitaria se debió a CD4+. La respuesta inmune celular específica apareció frente a los péptidos de ROP18, una proteína involucrada en la virulencia de *Toxoplasma* sp.

#### 210. Evaluación de la eficacia de la combinación pirimetamina-sulfadoxina en dosis semanal para la toxoplasmosis ocular

Alejandra de la Torre, Jorge Enrique Gómez.  
Universidad del Rosario. Bogotá, Colombia. [alejadelatorre@yahoo.com](mailto:alejadelatorre@yahoo.com)

**Introducción.** El tratamiento de primera elección para la toxoplasmosis ocular es pirimetamina-sulfadiazina pero es de difícil obtención en Colombia. Una alternativa es usar la combinación pirimetamina-sulfadoxina disponible para el tratamiento del paludismo. No existen reportes que validen el uso de esta combinación en la toxoplasmosis ocular.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio prospectivo sin asignación aleatoria, abierto, comparando los desenlaces luego de 5 semanas de finalizado el tratamiento. Un grupo de 10 pacientes recibió únicamente pirimetamina-sulfadoxina en dosis de 3 tabletas semanales más esteroides sistémicos o tópicos. Un segundo grupo ("otros") estuvo conformado por 11 pacientes que recibieron azitromicina, 5 pacientes que recibieron trimetoprim-sulfametoxazol y 5 pacientes que recibieron clindamicina. Se evaluó el número de días para la resolución de la inflamación, el porcentaje de reducción de la lesión medido en diámetros de disco y el número de líneas de mejoría en las tablas de Snellen para la agudeza visual.

**Resultados.** No hubo diferencias significativas en edad, índice de recurrencias, estrato socioeconómico, total de lesiones, distribución de infección congénita, bilateralidad, número de cicatrices ni tratamiento previo, entre ambos grupos. No hubo diferencias significativas en el número de días para la resolución (pirimetamina-sulfadoxina, media=16; otros, media=13,5; p=0,7) o en la mejoría de líneas de agudeza visual (pirimetamina-sulfadoxina, media=2; otros, media=3; p=0,3). Hubo una diferencia significativa en el porcentaje de reducción del tamaño de la lesión en los pacientes con origen no congénito, que

fue mayor con pirimetamina-sulfadoxina (25 %) que con los otros esquemas (10 %) ( $p=0,05$ ). No se observaron reacciones adversas con la pirimetamina-sulfadoxina durante el periodo del estudio.

**Conclusiones.** El tratamiento con dosis semanales de pirimetamina-sulfadoxina es equivalente a los otros esquemas de antibióticos para la toxoplasmosis ocular y parece tener un mejor efecto en la reducción del tamaño de la lesión en las infecciones no congénitas.

### 211. Búsqueda de proteínas con posible rol de adhesión en *Toxoplasma gondii*

Jorge Enrique Gómez, John Alejandro Acosta, Johnatan Múnera, Aylan Farid Arenas.

Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. [gepamol2@uniQuindio.edu.co](mailto:gepamol2@uniQuindio.edu.co)

**Introducción y objetivo.** Las proteínas con función adhesiva son importantes en *Toxoplasma gondii* durante los procesos de adhesión e invasión a la célula huésped. La aplicación de métodos de predicción permite mejorar la identificación de este tipo de proteínas y su potencial como blanco terapéutico. El objetivo de este trabajo fue buscar proteínas con posible función de adhesión a través del programa *ApiPredictor UniQ-E* desarrollado en el grupo GEPAMOL y realizar su correspondiente validación *in vitro*.

**Materiales y métodos.** Se hizo una búsqueda de proteínas hipotéticas en la base de datos de TOXODB y sus respectivas herramientas. Se analizaron los candidatos por medio de los servidores SMART, Signal P, TMHMM, Sosui y Prosite. Se hizo RT-PCR de las respectivas proteínas hipotéticas candidatas. Los procedimientos experimentales se llevaron a cabo con la cepa de referencia RH.

**Resultados.** Se identificaron 331 candidatos a proteínas de adhesión utilizando el programa *ApiPredictor UniQ-E*, de los cuales, finalmente, se seleccionaron 10 candidatos utilizando parámetros como evidencia de ARNseq, presencia de péptido señal, dominios relacionados con función de adhesión, tamaño de los productos proteicos y presencia de hélice transmembrana. Se obtuvo el transcrito de seis proteínas de adhesión en la cepa de referencia RH de *T. gondii*.

**Conclusiones.** La identificación de los seis transcritos en la cepa de referencia RH son un primer indicador de que el *softwareApi-Predictor UniQ-E* es un programa con una buena resolución en cuanto a la predicción de posibles candidatas a proteínas de adhesión en este parásito.

### 212. Seroprevalencia de toxoplasmosis humana en el municipio de Mercaderes, Cauca, 2010

Luis Reinel Vásquez, Piedad M Agudelo, Julio Cesar Giraldo, Diego Vergara, Diana Samper, Diana Lucía Nieto, Omar A Ramos, Lina M. Bonilla, Victor Hugo Campo.

Universidad del Cauca, Universidad INCCA de Colombia, Universidad CES. Medellín Colombia. [Ireinel@unicauca.edu.co](mailto:Ireinel@unicauca.edu.co)

**Introducción.** La toxoplasmosis es un problema de salud pública en Colombia, es relevante en humanos por la clínica grave en pacientes inmunosuprimidos, recién nacidos e incluso en personas inmunocompetentes.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio seroepidemiológico para determinar la prevalencia de la toxoplasmosis humana en el área rural de Mercaderes, Cauca. El estudio fue de tipo descriptivo de corte transversal en 665 individuos pertenecientes al área rural; se aplicó una encuesta epidemiológica y se obtuvo una muestra de suero sanguíneo para el diagnóstico de seropositivos de IgG contra *Toxoplasma gondii*, utilizando un kit comercial para la técnica ELISA.

**Resultados.** Se encontró una prevalencia de 63,6 %; se observó que la

probabilidad de que un individuo fuera seropositivo a la toxoplasmosis se incrementaba cuando esta persona era de mayor edad ( $p=0,014$ ); cuando su educación estaba por debajo de la básica secundaria ( $p=0,010$ ); cuando su ocupación era la agricultura, el hogar o jornalero ( $p=0,027$ ), o sus ingresos eran menores de un salario mínimo ( $p=0,006$ ); el contacto o la cría de animales, como la vaca ( $p=0,004$ ) o las gallinas ( $p=0,008$ ), mostró un factor protector asociado a la enfermedad.

**Conclusiones.** Este es el primer estudio realizado en Mercaderes a nivel humano y demuestra una alta prevalencia. La toxoplasmosis es una parasitosis de vigilancia en salud pública pero cubre tan sólo a la población infantil; se debería realizar un estudio epidemiológico en esta población para conocer el riesgo e iniciar medidas de control en el municipio. Deberían desarrollarse estrategias para prevenir esta infección. Este trabajo se realizó en el marco de un proyecto de Ciencias (contrato 307), cofinanciado por la Universidad del Cauca, la Universidad INCCA y la Universidad CES; además, con recursos proporcionados por la Vicerrectoría de Investigaciones de la Universidad del Cauca con código id2287 y Asmetsalud EPS-S.

## MICROBIOLOGÍA 1

### 213. Efecto del lipopolisacárido de *Escherichia coli* sobre la expresión de proteínas de arquitectura en yeyuno de cerdos destetados

Johana Ciro Galeano, Jaime Parra Suescún, Albeiro López Herrera. Universidad Nacional de Colombia. Grupo BIOGEM. Medellín, Colombia. [jacirog@unal.edu.co](mailto:jacirog@unal.edu.co)

**Introducción y objetivo.** La pared intestinal actúa como una barrera selectiva, ya que impide el transporte de microorganismos y toxinas hacia la circulación sanguínea. Esta barrera está formada por las uniones estrechas, las cuales sellan los espacios entre enterocitos adyacentes mediante la síntesis de algunas proteínas como claudina-3 (C3), claudina-4 (C4), zónula *occludens* (ZO) y vilina (VL). El destete en cerdos provoca la muerte de lactobacilos en el estómago y en el intestino, y el aumento de la población de *Escherichia coli*, liberando productos proinflamatorios, como el lipopolisacárido, el cual provoca cambios importantes sobre la integridad intestinal. El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto de la inflamación inducida por lipopolisacáridos de *E. coli* sobre la expresión de las proteínas de arquitectura C3, C4, ZO y VL en yeyuno de cerdos después del destete.

**Materiales y métodos.** El trabajo se llevó a cabo con 52 cerdos destetados a los 21 días de edad, en el Centro San Pablo de la Universidad Nacional de Colombia. Para inducir diferentes grados de inflamación intestinal, los animales fueron alimentados durante 10 días con una dieta basal, a la cual se le adicionaron cuatro niveles de lipopolisacáridos (0, 0,3, 0,5 y 1,0  $\mu\text{g}/\text{mg}$  de alimento). Los cerdos se sacrificaron escalonadamente los días 1, 5, 7 y 10 después del destete, y se extrajo el yeyuno. La expresión de los genes se hizo por RT-PCR semicuantitativa. El diseño estadístico empleado fue de bloques al azar en arreglo factorial de 4 por 4.

**Resultados.** Para cada una de las variables en estudio se encontró una disminución en la expresión de ARNm; en el día diez después del destete se encontraron los menores valores, al igual que en los animales que consumieron el mayor nivel de lipopolisacáridos ( $p<0,01$ ).

**Conclusiones.** El lipopolisacárido inhibe la expresión de las proteínas de arquitectura en las uniones estrechas, debilitándolas, lo que facilita el traslado indiscriminado de patógenos. El desarrollo de técnicas de inflamación intestinal en cerdos podría tener implicaciones en el desarrollo de estrategias terapéuticas en la medicina humana.

#### 214. Expresión molecular de disacaridasas y aminopeptidasas en cerdos que presentan inflamación intestinal por lipopolisacáridos de *Escherichia coli*

Daniel Ospina Vélez, Johana Ciro Galeano, Albeiro López Herrera.  
Universidad Nacional de Colombia. Grupo BIOGEM. Medellín,  
Colombia. daospinav@unal.edu.co

**Introducción y objetivo.** El destete súbito en lechones provoca la desaparición de lactobacilos en el estómago y en el intestino, y favorece el aumento de la población de *Escherichia coli*, la cual libera desde sus paredes productos proinflamatorios, como el lipopolisacárido. El lipopolisacárido induce cambios importantes en la estructura y en la capacidad funcional del intestino, específicamente, en la expresión y actividad de enzimas. El objetivo de este estudio fue determinar la expresión de los genes de las enzimas lactasa, sacarasa, maltasa, aminopeptidasa-N y dipeptidilpeptidasa-IV en los enterocitos de cerdos que presentan inflamación con lipopolisacárido de *E. coli*.

**Materiales y métodos.** Este trabajo se llevó a cabo en el Centro de Producción San Pablo, de la Universidad Nacional de Colombia, con 52 lechones destetados a los 21 días. Los animales fueron alimentados con una dieta basal con adición de cuatro niveles de lipopolisacáridos (0, 0,3, 0,5 y 1,0 µg/mg de alimento). Los cerdos se sacrificaron escalonadamente los días 1, 5, 7 y 10 después del destete y se extrajo por completo el intestino delgado. La expresión de los genes de las enzimas intestinales se hizo por RT-PCR semicuantitativa. El diseño estadístico empleado fue de bloques al azar en un arreglo factorial de 4 por 4.

**Resultados.** Se presentó disminución significativa ( $p < 0,01$ ) en la expresión de ARNm de todas las enzimas, llegando a su mínimo nivel en el día diez después del destete ( $p < 0,01$ ). El yeyuno ( $p < 0,01$ ) presentó los menores valores de expresión de ARNm de las enzimas. Los animales que consumieron los mayores niveles de lipopolisacáridos presentaron la mayor incidencia de diarrea ( $p < 0,01$ ). El lipopolisacárido provoca la disminución de la expresión génica de enzimas y, por ende, en los procesos de digestión y absorción. Lo anterior conlleva la aparición del síndrome de diarrea posterior al destete.

**Conclusiones.** La técnica de inflamación *in vivo* en cerdos podría utilizarse como modelo para estudiar la etiología de la disfunción intestinal humana, y para mejorar la comprensión de los mecanismos causantes de problemas digestivos y sus posibles estrategias terapéuticas.

#### 215. Estudio seroepidemiológico para *Leptospira* spp. en estudiantes de Medicina Veterinaria, Bogotá, Colombia

Andrea Estefanía Rodríguez, Diana Patricia Pachón, Iván Alberto Méndez.  
Facultad de Medicina, Universidad Militar Nueva Granada.  
Bogotá, Colombia. arlopez2003@hotmail.com

**Introducción y objetivo.** La leptospirosis es una zoonosis asociada a la infección por *Leptospira interrogans*; los humanos se contagian principalmente por el contacto con orina de animales, como los roedores. En el presente estudio se buscó determinar la seroprevalencia de anticuerpos IgM para *Leptospira* spp. en una población de estudiantes de Medicina Veterinaria con riesgo ocupacional de adquirir la infección.

**Materiales y métodos.** Se trata de un estudio descriptivo observacional para la detección de anticuerpos IgM específicos contra *Leptospira* spp. por el método de ELISA en estudiantes de una facultad de Medicina Veterinaria en Bogotá. Se tomaron 445 muestras de sangre, se separó el suero y, para la identificación de anticuerpos contra *Leptospira*, se utilizó el kit ELISA IgM.

**Resultados.** Se evaluaron 445 estudiantes, 28 de ellos (6,3 %) presentaban anticuerpos IgM anti-*Leptospira*; 91 % fueron negativos y 3 % se ubicaron en la zona gris. Los indicadores demográficos fueron: edad de 16 a 45 años, con una media de 21,3 años; sexo, 224 (50,3 %) hombres y 221 (49,7 %) mujeres; 72,6 % eran procedentes de Bogotá; 441 estudiantes (99,1 %) refirieron contacto con secreciones de animales, 78 con roedores (17,5 %), 429 (96,4 %) con perros, 355 (79,8 %) con bovinos, 312 (70,1 %) con equinos, y menos de 15 % con otras especies como cerdos, aves, ovinos y caprinos; el 89,4 % de los sujetos tuvo el contacto durante su entrenamiento como médicos veterinarios. Según la sintomatología: 25,1 % refirió fiebre; 20,4 %, dolor articular; 30,8 %, dolor muscular; 59,6 %, dolor de cabeza; 3,8 %, ictericia; 5 %, dolor retroauricular; 11,3 %, sufusión, y 7 %, ardor al orinar.

**Conclusiones.** La seroprevalencia fue de 6,3 % y la infección se asoció a exposición a animales caninos o bovinos más que a roedores. Los resultados preliminares indicaron sujetos positivos a la microaglutinación para serovariedades como la *Icterohaemorrhagiae* asociada a roedores, la *Canicola* a caninos y la *Pomona* al ganado vacuno y porcino. Se hace necesario reforzar las estrategias de barrera al contacto con secreciones de animales de grande o pequeño tamaño; igualmente, es importante la limpieza y desinfección de los sitios donde se hace la inspección de estos animales y el adecuado manejo de las superficies contaminadas con orina.

#### 216. Colonización por *Streptococcus agalactiae* y *Staphylococcus aureus* en mujeres gestantes con trabajo prematuro de parto, Cartagena de Indias

Oscar Correa, Natalia Mogollón, Juan Amaya, Ana Bello, Níradiz Reyes.  
Universidad de Cartagena. Cartagena, Colombia. oscarleo27@gmail.com

**Introducción y objetivo.** La prematuridad es la causa principal de morbimortalidad perinatal, señalándose a las infecciones durante el embarazo como causa de parto prematuro. Se ha descrito que la colonización de mujeres gestantes por especies como *Streptococcus agalactiae* y *Staphylococcus aureus*, puede tener implicaciones sobre la salud materna y del neonato. El objetivo del estudio fue determinar la frecuencia de colonización por estas especies en mujeres gestantes con trabajo prematuro de parto, atendidas en la Clínica Maternidad Rafael Calvo de Cartagena de Indias.

**Materiales y métodos.** Previo consentimiento informado, se tomaron muestras nasales, vaginales y rectales a mujeres gestantes con trabajo prematuro de parto. Los aislamientos de *S. agalactiae* y *S. aureus* se obtuvieron mediante cultivo en los medios selectivos Strepto ID Chromagar® y agar manitol salado, respectivamente. La confirmación de las especies se hizo mediante PCR con cebadores específicos. Se practicaron pruebas de sensibilidad a antibióticos mediante el método Kirby-Bauer.

**Resultados.** A la fecha, se han estudiado 70 pacientes, 47,1 % ( $n=33$ ) resultaron colonizadas por *S. agalactiae*, 14 de ellas en vagina, 8 en recto y 11 simultáneamente en recto y vagina. Se encontró colonización por *S. aureus* en 28,6 % ( $n=20$ ) de las mujeres gestantes, 13 en fosas nasales, 5 en vagina y 2 simultáneamente en nariz y vagina. No se detectó asociación significativa entre la colonización vaginal por *S. agalactiae* con la de *S. aureus*. Los ensayos de PCR y de sensibilidad a antibióticos aún se encuentran en marcha.

**Conclusiones.** Los resultados preliminares mostraron que la frecuencia de colonización por *S. agalactiae* encontrada a la fecha en nuestro estudio, es superior a la reportada en otras poblaciones comparables, mientras que la de *S. aureus* es similar.

**217. *Musca domestica* como vector de bacterias potencialmente patógenas para el humano**

Manuel Santiago Estrada, María Teresa Ceballos, Claudia Vanezas, Sandra Yepes, Santiago Estrada, Gustavo Roncancio. *Laboratorio Clínico Congregación Mariana, Clínica Cardiovascular, Universidad San Martín. Medellín, Colombia. santiago52@gmail.com*

**Introducción y objetivo.** *Musca domestica* es un insecto frecuentemente asociado al hombre. La mosca predomina en las habitaciones humanas y sus alrededores. Existen tres formas en las cuales la mosca pueden transmitir patógenos: mediante su superficie corporal (patas, partes bucales), por regurgitación de comida como preludio al alimentarse, y por ingestión y defecación de patógenos. Las condiciones inadecuadas de las viviendas, el mal saneamiento básico y la situación socioeconómica deficiente, son factores que contribuyen a la aparición y propagación de las moscas. La acumulación de basura constituye una vía importante para la reproducción y el desarrollo de *M. domestica*. El objetivo fue identificar las bacterias que colonizan el exoesqueleto de la mosca.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio de tipo descriptivo transversal. Se atraparon moscas en diferentes lugares y se procesaron según un procedimiento establecido: se sumergieron en caldo de BHI, el cual se incubó y luego se sembró en diferentes tipos de agar, de donde se obtuvo crecimiento de bacterias, las cuales se identificaron siguiendo el proceso que se tiene en el Laboratorio Clínico Congregación Mariana.

**Resultados.** Se capturaron 20 moscas, en las cuales se pudo comprobar el crecimiento de bacterias; las más frecuentes fueron: *Bacillus* spp. (18,5 %), *Staphylococcus* coagulasa negativo (16,9 %), *Escherichia* spp. (11,8 %), *Pseudomonas* spp. (11,8 %), *Klebsiella pneumoniae* (8,4 %), *Corynebacterium* spp. (5,0 %) y *Providencia* spp., *Streptococcus* spp. y *Enterobacter cloacae*, con 3,3 % de aislamientos cada uno, entre otras.

**Conclusiones.** El aislamiento de bacterias en *M. domestica* permitió demostrar su papel como vector.

**218. Aislamiento y detección de bacteriófagos específicos para *Pseudomonas* spp., obtenidos de muestras de tierra**

John Carlos Castaño, Gabriel Gaviria, Andrés Alzate, Ana María Jurado, Carolina Niño, Daniela Estefanía Navia, Savina Andrés Vergel, Camila Zambrano, Juan Esteban Bedoya, Lina Marcela Portilla.

*Grupo de investigación GYMOL, Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. n.ani.07@hotmail.com*

**Introducción y objetivo.** Los bacteriófagos son virus que infectan exclusivamente bacterias, y representan una alternativa viable como tratamiento ante bacterias resistentes a los antibióticos. *Pseudomonas* spp. es un género de bacilos Gram negativos, aerobios estrictos, que causa infecciones hospitalarias, especialmente en pacientes inmunosuprimidos, como aquellos con fibrosis quística o sida. Esta bacteria representa un serio problema en el tratamiento de dichas enfermedades por su resistencia a los antibióticos. El objetivo fue aislar y detectar bacteriófagos específicos para *Pseudomonas* spp. a partir de muestras de tierra, para la posterior creación de un banco de fagos.

**Materiales y métodos.** Para el desarrollo de este trabajo se tomó como base la metodología propuesta por Sobsey, el método 1601 propuesto por la *Environmental Protection Agency* de Estados Unidos, el cual se modificó utilizando muestras de diferente naturaleza—en nuestro caso fueron muestras de tierra— y algunos pasos, aún no publicados propuestos, por Gaviria y Castaño. La bacteria anfitrión fue tomada de un aislamiento clínico.

**Resultados.** Se infectaron diferentes cultivos de la bacteria anfitriona en medio líquido. Posteriormente, se hicieron ensayos para observar unidades formadoras de placas (UFP) en agar semisólido con triptica-sa de soya, teniendo en cuenta el principio de dilución y la técnica de agar de doble capa. En los ensayos hechos a partir del agar semisólido, se logró demostrar presencia de bacteriófagos pues se observó en la dilución 3, 3 UFP y en la dilución 4, se observó 1 UFP. Con el aislamiento se aportó un nuevo bacteriófago al banco de fagos del Centro de Investigaciones Biomédicas. Para hacer este método más confiable, queda pendiente hacer más repeticiones.

**Conclusiones.** Se logró el aislamiento de bacteriófagos específicos para *Pseudomonas* spp. a partir de muestras de tierra.

**219. Caracterización microbiológica y clínica de la infección por bacterias anaerobias en pacientes evaluados en el Laboratorio de Bacteriología Anaerobia de la Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, entre enero de 2010 y junio de 2011**

Mariluz Giraldo García, Diana Y. Molina C., Patricia M. Sierra V., Margarita M. Correa O., Clara Lina Salazar G.

*Grupo de Investigación en Bacterias Anaerobias y Aerobias de importancia clínica (GIBAA), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. IPS Universitaria, Clínica Leon XIII. Medellín Colombia. clarlin27@gmail.com*

**Introducción y objetivo.** La mayoría de las infecciones por bacterias anaerobias son endógenas y polimicrobianas debido a que estas bacterias son el mayor componente de la microbiota humana. En nuestro medio poco se ha estudiado la frecuencia y el tipo de infecciones producidas por las bacterias anaerobias. El objetivo de este estudio fue caracterizar la infección por bacterias anaerobias en pacientes evaluados en el Laboratorio de Bacteriología Anaerobia, entre enero de 2010 y junio de 2011.

**Materiales y métodos.** Se analizaron 117 muestras procedentes de pacientes hospitalizados en la IPS Universitaria, Clínica León XIII. Las muestras fueron procesadas y cultivadas en el Laboratorio de Bacteriología Anaerobia. La identificación de las bacterias anaerobias se hizo según protocolos del *Anaerobic Bacteriology Manual-Wadsworth kit* y sistemas comerciales de identificación.

**Resultados.** El 28,2 % de las muestras dieron un cultivo anaerobio positivo; en este grupo, el antecedente de trauma se presentó en 69,7 % ( $p=0,011$ ). Las infecciones de piel y de tejidos blandos fue el diagnóstico más frecuente en los pacientes (48,5 %), seguido de osteomielitis 36,4 % ( $p=0,02$ ). El 87,9 % de los cultivos fueron polimicrobianos, con un número promedio de patógenos de  $2,06 \pm 1,19$ . La bacteria más frecuente fue *Bacteroides fragilis* (45 %), seguida de *Peptostreptococcus* spp. (13 %) y *Prevotella* spp. (10 %). Todos los cultivos con aislamientos de bacterias del grupo *B. fragilis* ( $n=18$ ) presentaron crecimiento simultáneo de bacterias aerobias ( $p=0,012$ ), de las cuales, el 85,7 % fueron bacilos Gram negativos con predominio de *Escherichia coli* (19 %).

**Conclusiones.** Los resultados evidencian una significativa participación de bacterias anaerobias en los procesos infecciosos, frecuentemente de tipo polimicrobiano, donde los aerobios y anaerobios están involucrados. Similar a lo reportado en la literatura científica para otros países, *B. fragilis* fue la bacteria anaerobia más frecuentemente aislada.

**220. Detección clínica y microbiológica de *Helicobacter pylori* en pacientes sometidos a endoscopia en Montería, Córdoba**

Mayra Raciny Alemán, Vanesa Esther Peñaranda, Soley Soraya Sejin.

*Universidad de Córdoba. Montería, Colombia. mraciny@hotmail.com*

**Introducción.** Se estima que 80 % de la población de los países en desarrollo está afectada por la infección con *Helicobacter pylori*, lo cual

se atribuye a deficiencias en las condiciones sanitarias que determinan frecuente exposición al patógeno. Por esta razón, se detectó clínica y microbiológicamente la presencia de *H. pylori* en pacientes referidos para endoscopia en Montería, Córdoba.

**Materiales y métodos.** Durante el 2011 se llevó a cabo un estudio de corte transversal con un muestreo por conveniencia; se tomaron tres biopsias de antro gástrico a cada paciente remitido para endoscopia, en una unidad de diagnóstico ambulatorio en Montería. Con una biopsia se hizo la prueba de ureasa, y las dos restantes se cultivaron en agar selectivo (Isovitalex® y Dent®) y no selectivo (Isovitalex®) para la recuperación e identificación del microorganismo. Los datos epidemiológicos se obtuvieron de la ficha epidemiológica. El análisis de la información se hizo por medio de estadística descriptiva.

**Resultados.** Se estudiaron 44 pacientes con 132 biopsias del antro gástrico; en el 27 % se detectó e identificó *H. pylori*; 29,5 % eran hombres y el rango de edades más frecuente estuvo entre los 54 y 62 años (23,5 %). Los diagnósticos clínicos más frecuentes en pacientes con cultivos positivos, fueron gastritis, reflujo y úlcera gástrica con hemorragia intestinal, en 9,1 %, 6,8 % y 4,5 %, respectivamente. Con la endoscopia, los diagnósticos más frecuentes fueron gastritis erosiva (15,9 %), esofagitis y cambios en la mucosa gástrica indicativos de infección por *H. pylori* (2,3 %); en 6,8 % de los casos la esofagogastroduodenoscopia fue normal. Al evaluar la concordancia entre los resultados microscópicos y los endoscópicos, se encontró que en 82,4 % de los casos hubo concordancia entre las lesiones macroscópicas indicativas de infección por *H. pylori* y los hallazgos microbiológicos.

**Conclusiones.** Las pruebas microbiológicas son imprescindibles para identificar la etiología de los procesos gástricos relacionados con *H. pylori*.

#### 221. Caracterización fenotípica y genotípica de *Salmonella* Typhimurium variante O:5, asociado a un brote de enfermedad transmitida por alimentos en el municipio de Paz de Río, Boyacá, 2010

Miguel Ángel Díaz, Edna Catering Rodríguez, Paula Lucía Díaz, Lucy Angeline Montaña, Mabel Idaliana Medina, Gloria Isabel González, María Elena Realpe Delgado.

Instituto Nacional de Salud, Laboratorio de Salud Pública Departamental de Boyacá. Bogotá, Colombia. migandi@gmail.com

**Introducción y objetivo.** *Salmonella* Typhimurium variante O:5 es un patógeno muy relacionado con animales, especialmente con palomas, que se ha asociado en muy pocos casos a infecciones esporádicas en humanos. Sin embargo, los sistemas de vigilancia epidemiológica han permitido su detección en brotes de enfermedades transmitidas por alimentos en humanos. En este estudio se caracterizaron con técnicas fenotípicas y genotípicas los aislamientos de *S. Typhimurium* var. O:5 asociados a un brote de este tipo de enfermedades en el municipio de Paz de Río, Boyacá.

**Materiales y métodos.** Doce aislamientos de *Salmonella* spp. fueron remitidos para confirmación bioquímica, identificación del serotipo y perfil de sensibilidad antimicrobiana. Se analizaron genotípicamente por electroforesis en campo pulsado (PFGE) con enzimas XbaI y BlnI. Se estudiaron muestras de agua de los grifos del restaurante para análisis físico-químicos y microbiológicos de microorganismos coliformes y enteropatógenos.

**Resultados.** Todos los aislamientos fueron confirmados como *Salmonella* spp., presentaron resistencia a la tetraciclina y a la estreptomina, y sensibilidad a los demás antibióticos ensayados. En 11/12 se identificó *S. Typhimurium* var. O:5 y mostraron el patrón de PFGE COIN10.JPX.X01.0168 con la enzima XbaI y dos aislamientos de este mismo grupo se confirmaron con la enzima BlnI, y se obtuvo el patrón de PFGE COIN10.JPX.A26.0002. El aislamiento restante se identificó

como *S. Typhimurium* con patrón de PFGE con la enzima XbaI COIN10.JPX.X01.0221. Las muestras de agua fueron de calidad aceptable y no presentaron microorganismos coliformes totales ni enteropatógenos.

**Conclusiones.** Se reporta por primera vez la caracterización de aislamientos de *S. Typhimurium* var. O:5 asociados epidemiológicamente a un brote de enfermedad transmitida por alimentos en Colombia. Además, estos aislamientos estuvieron relacionados fenotípicamente y genéticamente.

#### 222. Actividad antibacteriana de las especies *Witheringia solanacea* L'Her, *Lantana canescens* y *Calea prunifolia* frente *Escherichia coli* BL21, *Staphylococcus epidermidis* y *Escherichia coli* en aislamientos clínicos

Milton Gómez Barrera, Ludy Milena Molina, Germán Téllez. Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. miltongoba@hotmail.com

**Introducción y objetivo.** Debido al aumento de la resistencia bacteriana a los antibióticos convencionales, ha surgido la búsqueda de principios activos que pudieran llegar a ser de gran utilidad, teniendo en cuenta la diversidad de metabolitos obtenidos de productos naturales y su utilización en medicina convencional que cada día es más frecuente; además, la actividad biológica de gran parte de nuestra flora aún es desconocida. El objetivo fue evaluar la actividad antimicrobiana de los extractos totales de *Witheringia solanacea* L'Her, *Lantana canescens* y *Calea prunifolia* frente *Escherichia coli* BL21, *Staphylococcus epidermidis* y *E. coli* en aislamientos clínicos.

**Materiales y métodos.** Se utilizaron los extractos etanólicos de las hojas de *W. solanacea* L'Her, *L. canescens* y *C. prunifolia* frente a *E. coli* BL21, *S. epidermidis* y *E. coli* (en aislamientos clínicos) en microtitulación en placa de 96 pozos; las bacterias se pusieron a crecer en medio LB líquido por 12 horas, luego se tomó la densidad óptica a 600 nm, aproximadamente, 0,4 para hacer luego una dilución de 1 en 10; se adicionaron en cada pozo las concentraciones seriadas de los tres extractos, partiendo de 1.000 µg/µl (por triplicado), y se procedió a sembrar el medio y las bacterias, con los respectivos controles. Se incubó por 12 horas a 37 °C, se les agregaron 10 µl de azul de alamar como indicador de metabolismo bacteriano y se tomó la densidad óptica a 570 nm.

**Resultados.** El extracto total de las hojas de *W. solanacea* L'Her no tuvo actividad frente a ninguna de las tres bacterias utilizadas; las otras dos especies, *L. canescens* y *C. prunifolia*, tuvieron actividad frente a *E. coli* BL21 y *E. coli* en aislamientos clínicos; ninguno de los tres extractos tuvieron actividad frente a *S. epidermidis*.

**Conclusiones.** *Lantana canescens* y *C. prunifolia* tienen actividad frente a *E. coli*, lo cual es de gran interés debido a la cantidad de enfermedades que ésta puede producir; por lo tanto, la obtención de los metabolitos secundarios responsables de dicha actividad podrían ser promisorios candidatos farmacológicos.

#### 223. Evaluación sanitaria y microbiológica del proceso de preparación de alimentos en cafeterías universitarias de Montería

Mayra Raciny Alemán, Julieth Avila Orozco, Ana Karina Nisperuza, Melissa Montiel Aroca, Greisy Tapia Serpa, Clelia Calao Ramos. Universidad de Córdoba. Montería, Colombia. mraciny@hotmail.com

**Introducción.** En la actualidad, se evidencia un incremento en el número de lugares que producen y distribuyen comidas preparadas. Esta práctica ha contribuido al incremento de enfermedades transmitidas por alimentos. Por esta razón, se evaluó sanitaria y microbiológicamente el proceso de preparación de alimentos en cafeterías universitarias de Montería.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio de corte transversal en dos cafeterías universitarias de Montería; se analizaron 32 muestras (12 de manipuladores, 12 de alimentos, 4 de ambiente y 4 de utensilios o superficie). Se hizo el recuento de mesófilos aerobios facultativos, mohos y levaduras, la determinación de *Staphylococcus aureus*, *Clostridium* spp. reductores de sulfito y *Salmonella* spp., y la determinación y el número más probable de coliformes totales y fecales en las muestras correspondientes. Se hizo una evaluación observacional de las cafeterías en cuanto a utensilios, procesamiento, manipulación de alimentos y hábitos de higiene de los manipuladores.

**Resultados.** En los manipuladores se encontró que el 25 % era portador de *S. aureus* en las fosas nasales y el 75 % tenía en las manos presencia de coliformes totales, lo cual indica contaminación fecal. En el ambiente se encontró crecimiento de más de 10 UFC en 10 minutos, tanto para mesófilos aerobios facultativos como para mohos y levaduras. El 100 % de las superficies y utensilios fue positivo para la presencia de coliformes totales. En todos los alimentos estudiados, hubo crecimiento de mesófilos aerobios facultativos superior a 70 UFC/g o ml; los mohos y levaduras tuvieron el mismo comportamiento. En las ensaladas y jugos se encontraron coliformes totales y fecales con valores de NMP entre 150 y 2.400/g o ml. En las carnes, los valores de NMP oscilaron entre menos de 3 y 200/g o ml. La determinación de *S. aureus* y *Clostridium* spp. reductores de sulfito fue negativa en todas las muestras de alimentos.

**Conclusiones.** Los alimentos preparados y servidos en estas cafeterías no presentan un riesgo potencial para la salud de la comunidad. Sin embargo, la presencia de microorganismos indicadores evidencia falencias en el lavado y la desinfección de manos, utensilios y superficies, así como un ambiente inadecuado para el procesamiento y preparación de alimentos.

#### 224. Aislamiento y caracterización de mixobacterias presentes en suelos del Caribe colombiano

Jesús Oliveros, Leonor Cervantes, María Paulina Cabarcas.  
Universidad de Cartagena. Cartagena, Colombia. leocervan@hotmail.com

**Introducción y objetivo.** Las mixobacterias son organismos pertenecientes al orden Myxococcales, clase Deltaproteobacterias y filo Proteobacterias. Actualmente, son reconocidas a nivel mundial por su habilidad para generar metabolitos secundarios con bioactividad contra patógenos. Sin embargo, en nuestro país existe poco conocimiento sobre la presencia de mixobacterias con este potencial. Con este estudio se pretende generar un banco de cepas bacterianas de diferentes ecosistemas del país con información útil sobre la actividad biológica de los metabolitos secundarios de las mixobacterias encontradas.

**Materiales y métodos.** Para el aislamiento de las cepas se empleó la técnica ST21Cx-agar y NaST21Cx-agar en papel de celulosa. Las muestras de suelos fueron recolectadas en el jardín botánico de Cartagena y la bahía de Santa Marta (Parque Tayrona) y tratadas con cicloheximida (0,25 mg/ml). Una porción de suelo (50 mg) se incubó a 30 °C durante 30 a 90 días. Transcurrido el tiempo de incubación, los cuerpos fructíferos obtenidos se trasladaron a los medios selectivos CY-agar y VY-agar, se incubaron a 30 °C por 24 horas, luego purificados en caldo con caseína enzimática hidrolizada y, finalmente, se trasladaron a medio LB-agar para posteriores ensayos.

**Resultados.** Se aislaron y caracterizaron cuatro cepas de mixobacterias pertenecientes a tres géneros *Myxococcus xanthus*, *M. fulvus*, *Chondromyces apiculatus* (bacteriolíticas) y *Sorangium cellulosum* (degradadora de celulosa).

**Conclusiones.** Los resultados de este estudio demuestran que las cepas de mixobacterias pueden ser aisladas de diferentes hábitats de nuestra costa Caribe. Su aislamiento y caracterización es un primer

paso para el diseño de moléculas contra enfermedades infecciosas y degenerativas, debido a su capacidad de producir metabolitos secundarios con actividad antitumoral, antibacteriana, antifúngica e inhibidora de *quorum sensing* frente a ciertas bacterias multiresistentes.

#### 225. Actividad antimicrobiana de las fracciones de la especie *Sansevieria trifasciata* Prain

Ludy Milena Molina, Jhon Carlos Castaño, Milton Gómez Barrera.  
Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. luy\_mile@yahoo.com

**Introducción y objetivos.** La especie *Sansevieria trifasciata* es cosmopolita aunque de origen africano, de la familia Liliaceae, en la cual se encuentran el ajo y la sávil, son utilizadas por sus diferentes propiedades medicinales. El objetivo fue determinar la actividad antimicrobiana de las fracciones diclorometanólica, acetato de etilo, acetona y metanol de las hojas de *S. trifasciata* Prain frente a una bacteria Gram negativa, a una Gram positiva y a una levadura.

**Materiales y métodos.** La actividad antimicrobiana se determina mediante la microtitulación en placa con indicador de resazurin. Se ponen a crecer las bacterias en medio LB líquido por 12 horas, se toma la densidad óptica, aproximadamente, 0,4 a 620 nm; luego, en una placa de 96 pozos se agregan 100 µl de cada fracción y 120 µl, y luego se le adicionan los microorganismos (*Escherichia coli*, *Staphylococcus epidermidis*, *Candida albicans*), con los respectivos controles de antibiótico o antifúngico, y se deja incubar por 12 horas. Se agrega el indicador y se deja incubar por otras dos horas y se lee la densidad óptica a 600 y 570 nm. Los datos se analizaron en el programa *Statgraphics Centurion*®.

**Resultados.** En estudios anteriores se encontró actividad en la fracción de alcaloide y el extracto total en *C. albicans* y *E. coli*, por lo que se realizan nuevos ensayos en diferentes fracciones.

**Conclusiones.** *Sansevieria trifasciata* Prain es una especie en la cual se ha encontrado gran cantidad de metabolitos secundarios de interés farmacológico; esto hace parte de un trabajo de maestría en donde se aislará una lactona sesquiterpénica.

### INFECTOLOGÍA DE ADULTOS 1

#### 226. Frecuencia del uso de antibióticos en unidades de cuidados intensivos de hospitales de tercer nivel de Bogotá

Anita Montañez Ayala, Jorge Alberto Cortés, Cristian Eduardo Navarro, María Angélica Pabón.  
Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia. anitamontanezayala@gmail.com

**Objetivo.** Determinar la frecuencia del uso de antibióticos en unidades de cuidados intensivos en hospitales de tercer nivel de Bogotá.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio observacional, descriptivo. Durante un periodo de 3 meses se realizó la revisión prospectiva de las historias clínicas de los pacientes mayores de 18 años que se encontraran hospitalizados en unidades de cuidados intensivos de cinco instituciones hospitalarias de Bogotá. Se analizaron variables clínicas, epidemiológicas y microbiológicas.

**Resultados.** Se hizo el seguimiento por 3 meses de 492 pacientes, con una estancia media en la unidad de cuidados intensivos de 8,0 días. El total de días de antibióticos en la cohorte fue de 2.498, con una media de 5,4 días (DE=7,3)(63 % del tiempo de estancia en la unidad de cuidados intensivos). El uso de, al menos, un antibiótico fue del 60 % de los pacientes (n=295) con un promedio de días de uso de 6,5 (DE=5,7), el de dos antibióticos se reportó en 32,9 % (n= 162) y una media de 7,5 días (DE=5,3), el de tres antibióticos se informó en 19,5 % (n=96) con media

de días de 8,1 (DE=4,8). En el 1 % (n=5) de los pacientes se reportó el uso de hasta 7 antibióticos con una media de días de uso de 9 (DE=6,1). El antibiótico formulado con mayor frecuencia fue piperacilina-tazobactam con 18,4 % (n=115), seguido de ampicilina-sulbactam con 13,3 % (n=83), meropenem con 13,1 % (n=82), vancomicina con 12 % (n =75) y cefalosporina de primera generación con 5,9 % (n=37). Los diagnósticos más frecuentes en la unidad de cuidados intensivos para el inicio de antibióticos fue sepsis (36,6 %) (n=229), neumonía (18,1 %) (n=113) y uso profiláctico (17,1 %) (n=107).

**Conclusiones.** La frecuencia del uso de antibióticos en las unidades de cuidados intensivos de los hospitales de tercer nivel es alta, lo que incrementa el riesgo de aparición de cepas resistentes. Por lo tanto, es importante educar a nuestros profesionales sobre el uso racional de antibióticos y disminuir la aparición de microorganismos resistentes.

### 227. Epidemiología molecular del virus del papiloma humano en mujeres trabajadoras sexuales con citología negativa para cáncer

Carol Castañeda Rodríguez, Edith Hernández, Liliana Díaz, Sandra Gómez, Daniel Toledo, Carminia Varón Valvuen, Hernan Vargas.

Laboratorio de Salud Pública, Secretaría de Salud de Bogotá. Bogotá, Colombia. hernan.vargas@yahoo.com

**Introducción y objetivo.** La presencia del virus del papiloma humano (HPV) en mujeres con citología normal varía entre 1,9 y 15 %, mientras que en mujeres trabajadoras sexuales las cifras son mayores, prevaleciendo los tipos oncogénicos. Este estudio permitió identificar por técnicas moleculares el HPV de tipo 16 y 18 en mujeres trabajadoras sexuales con citología negativa para cáncer, y describir algunas condiciones de riesgo para la infección por este virus.

**Materiales y métodos.** En este estudio descriptivo de corte transversal se incluyeron raspados de cuello uterino de mujeres trabajadoras sexuales con diagnóstico citológico negativo para cáncer; la calidad se evaluó mediante la detección por PCR del gen de la  $\beta$ -globina humana. La detección genérica viral se hizo por PCR usando los cebadores GP5+/6+; posteriormente, se identificaron los tipos 16 y 18 con cebadores diseñados para la región consenso entre los genes E6 y E7. La visualización de los productos se logró mediante geles de agarosa al 2 %. El análisis de datos se hizo en SPSS®, versión 17.0.

**Resultados.** Solo en 3/29 (10,3 %) mujeres trabajadoras sexuales con citología negativa para cáncer se detectó la presencia de HPV, de los cuales, 66,6 % correspondía al tipo 16, y ninguno del tipo 18. La relación entre el resultado positivo para HPV con la mayoría de las variables no fue significativa.

**Conclusiones.** La cifra de mujeres trabajadoras sexuales con detección positiva para HPV teniendo una citología normal, concuerda con la prevalencia global en mujeres de la población general con esta misma condición. Se destacó el resultado positivo con algunos factores de riesgo reportados en literatura. La financiación estuvo a cargo del Laboratorio de Salud Pública de la Secretaría Distrital del Salud de Bogotá y por la Secretaría Municipal de Salud de Ibagué.

### 228. Tasa de incidencia de seroconversión a VIH, VHB, VHC, *Treponema pallidum* y *Trypanosoma cruzi* en donantes de sangre, valle de Aburrá, 2007-2010

Jair Patiño Bedoya, Mónica Cortés Márquez, Jaiberth Cardona Arias.

Universidad de Antioquia. Medellín Colombia. mjaca462@gmail.com

**Introducción.** Las infecciones por VIH, VHB, VHC, *Treponema pallidum* y *Trypanosoma cruzi* constituyen un problema para la salud pú-

blica y la medicina de transfusiones. En Colombia existen pocos estudios sobre la incidencia de la seroconversión de estos marcadores de infección en los donantes.

**Objetivo.** Determinar la tasa de incidencia de seroconversión a VIH, VHB, VHC, *T. pallidum* y *T. cruzi* en donantes repetitivos de sangre del valle de Aburrá durante el 2007 y el 2010.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo transversal. Se incluyeron 6.196 donantes repetitivos de un banco de sangre de Medellín donde confluyen donantes del valle de Aburrá. A todos se les realizaron pruebas presuntivas para VIH, VHB, VHC, *T. pallidum* y *T. cruzi*; los positivos se confirmaron en un laboratorio de referencia. Se calculó la prevalencia de infección global y por año y la incidencia de seroconversión por 100.000 donantes por año.

**Resultados.** El 70% de los donantes era de Medellín, seguidos de Bello e Itagüí. La prevalencia fue de 0,01 % para VHC y *T. cruzi*, de 0,05 % para VIH, de 0,09% para VHB y de 0,7% para *T. pallidum*. La prevalencia total de infecciones fue de 0,48 % en el 2007, 0,33 % en el 2008, 1,07 % en el 2009 y 0,80 % en el 2010. La incidencia de seroconversión para todas las pruebas fue de 121 por 100.000 donantes por año, 0 para VHC, 4 por 100.000 por año para VIH, VHB y *T. cruzi*, y 108 por 100.000 por año para *T. pallidum*. Específicamente, para Medellín, la incidencia fue de 0 por 100.000 por año para VHC, VHB y *T. pallidum*, y de 6,23 por 100.000 por año para VIH y *T. cruzi*.

**Conclusiones.** La incidencia de seroconversión fue menor a la reportada en otras ciudades de Colombia; su estudio constituye un componente central de la hemovigilancia y ayuda a comprender la epidemiología y la historia natural de estas infecciones.

### 229. Factores de riesgo asociados a la mortalidad de pacientes con tuberculosis pulmonar, pertenecientes al programa del Hospital Santa Clara, ESE, entre 2000 y 2007

Johanna Gastelbondo Morales, Carlos Awad.

Hospital Santa Clara ESE. Bogotá, Colombia. johanna.gastelbondo@gmail.com

**Introducción.** La tuberculosis, a pesar de ser curable, aún produce muertes prevenibles en pleno siglo XXI.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio observacional, analítico, de casos y controles. Los casos fueron los pacientes mayores de 15 años con diagnóstico de tuberculosis pulmonar, realizado por baciloscopia de esputo, que iniciaron tratamiento en el hospital y que fallecieron durante el tiempo de tratamiento estándar. Los controles fueron iguales a los casos, pero no fallecieron y fueron escogidos buscando realizar el emparejamiento por edad, sexo, enfermedad concomitante, tipo de paciente y año. De 127 pacientes, 69 fueron casos y 58 control (1,52 casos por cada control). Las variables evaluadas fueron: edad, sexo, origen y procedencia, tiempo de evolución de la enfermedad, población bacilar por baciloscopia, gravedad del compromiso pulmonar, número de órganos extrapulmonares comprometidos, tiempo transcurrido entre el diagnóstico y el inicio del tratamiento, dosis recibidas, enfermedades concomitantes, toxicidad medicamentosa, tipo de paciente y ubicación del paciente en el momento del diagnóstico. Se realizó estadística descriptiva y analítica, usando la prueba de Fisher y ANOVA; se calcularon los *odd ratios*, con sus respectivos intervalos de confianza del 95%.

**Resultados.** Los pacientes mayores de 60 años tuvieron un riesgo 1,22 veces mayor de fallecer; el antecedente de neumopatía aumentó el riesgo 1,8 veces; los ingresos posteriores al fracaso en el tratamiento aumentaron 2,35 veces el riesgo (IC<sub>95%</sub> 1,16 a 68,51). El tiempo de evolución se asoció con un riesgo de muerte 2,86 veces mayor cuando superaba los 14 días.

**Conclusiones.** Faltan estudios con mayor poder y mejor calidad de la información que permitan guiar políticas eficaces de salud pública para una enfermedad que continúa cobrando vidas, y más en nuestra población.

## MEDICINA TROPICAL 1

**230. Impacto económico y epidemiológico del dengue en el departamento de Córdoba, Colombia, 2003-2010**

Heidy Margarita Rodríguez, Nelson Alvis Guzmán, Salim Mattar Velilla.  
*Universidad de Córdoba. Montería, Colombia. heidymrb@yahoo.es*

**Introducción.** El dengue ocasiona un fuerte impacto sanitario, social y económico en los países de regiones tropicales y subtropicales en todo el continente, principalmente en las regiones urbanas y semiurbanas, razón por la cual, en la actualidad, es considerada como una enfermedad infecciosa reemergente y un problema mundial de salud pública.

**Objetivos.** Establecer el impacto económico y epidemiológico del dengue en el departamento de Córdoba.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo, retrospectivo, con base en la información proveniente de la Secretaría de Salud y de las historias clínicas de los pacientes con diagnóstico de dengue o dengue grave entre 2003 y 2010. Se evaluó la frecuencia y la distribución de la enfermedad. Se estimó el costo medio de atención de un paciente hospitalizado por dengue y dengue grave mediante la técnica de microcosteo, desde la perspectiva del tercer pagador. Los costos se expresaron en dólares de 2010.

**Resultados.** La frecuencia media de casos hospitalizados de dengue fue de 36,5 casos por 100.000 habitantes y de dengue grave fue de 4,7 casos por 100.000 habitantes. La tasa de mortalidad fue de 0,3 por 100.000 habitantes y la letalidad fue de 0,9 por 100 casos. La estancia hospitalaria para dengue fue de 2,5 días (DE=2,1) y para dengue grave fue de 3,5 días (DE=2,7). La media de costos directos de la atención hospitalaria fue de US\$ 678 y US\$ 1.073 para dengue y dengue grave. El costo total de la atención de los casos en el periodo analizado fue de US\$ 7173.241.

**Conclusiones.** El dengue es endémico en el departamento de Córdoba y un serio problema de salud pública dado su impacto económico y social. Los costos directos de atención son similares a los estimados en otros estudios.

Esta investigación fue financiada por el Centro de Investigaciones de la Universidad de Córdoba.

**232. Relación entre parasitosis intestinales y la talla y el peso de niños de 11 estados venezolanos evaluados en el Segundo Estudio Nacional de Crecimiento y Desarrollo Humano, SENACREDH, 2007-2011**

Carlos Albano, Glida Hidalgo, Carlos Navarro, Juan Carlos Rey, Alfonso J. Rodríguez-Morales, Alejandro Rísquez.  
*Fundación Centro de Estudios sobre Crecimiento y Desarrollo de la Población Venezolana (FUNDACREDESA), Ministerio del Poder Popular para las Comunas y Protección Social, Caracas, Venezuela; Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga. Grupo Infección e Inmunidad, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira; Oficina de Investigación Científica de la Cooperativa de Entidades de Salud de Risaralda (COODESURIS), Pereira, Colombia; Cátedra de Salud Pública, Escuela Luis Razetti, Facultad de Medicina, Universidad Central de Venezuela, Caracas, Venezuela.*

**Introducción y objetivo.** La asociación entre parasitosis intestinales y crecimiento en talla ha sido poco documentada en Latinoamérica. En general, estas infecciones se asocian con pobres condiciones sanitarias y alta morbimortalidad, pero sus efectos sobre el crecimiento físico se han demostrado en pocos estudios, ninguno nacional. Por ello, se evaluó la

relación entre las parasitosis intestinales y la talla y el peso de niños de 11 estados venezolanos evaluados en el Segundo Estudio Nacional de Crecimiento y Desarrollo Humano, SENACREDH, 2007-2011.

**Materiales y métodos.** El SENACREDH es un estudio diseñado para desarrollar patrones de referencia en crecimiento, de corte trasversal, de muestra probabilística, que para el presente reporte incluye 2.543 niños menores de 10 años de edad de once estados de Venezuela. El peso y la talla se clasificaron según la OMS. Se evaluó riesgo de que se presentara talla y peso bajo según la ocurrencia de parasitosis intestinales, determinando los *odd ratios* (OR) con sus intervalos de confianza del 95% (IC<sub>95%</sub>).

**Resultados.** Los niños parasitados con protozoarios presentaron mayor riesgo de encontrarse con talla baja (OR=1,72; IC<sub>95%</sub> 1,20-2,48) y bajo peso (OR=1,5; IC<sub>95%</sub> 1,22-1,85) que los no parasitados. En relación con los helmintos presentaron también mayor riesgo de talla baja (OR=3,22; IC<sub>95%</sub> 1,40-7,37) y bajo peso (OR=3,02; IC<sub>95%</sub> 1,75-5,21) que los no parasitados. La parasitosis mixta representó aun mayor riesgo de talla baja (OR=3,32; IC<sub>95%</sub> 1,90-5,80).

**Conclusiones.** Como puede apreciarse, las parasitosis intestinales se asocian considerablemente con el peso y la talla bajas de la población infantil, pudiendo aumentar más de tres veces el riesgo de déficit para la referencia internacional, en comparación con aquellos libres de infección. Estos resultados pueden orientar políticas públicas y estrategias de mejoramiento de condiciones sanitarias que predisponen a las parasitosis intestinales y sus posibles asociaciones.

**233. Seroprevalencia de hantavirus utilizando antígenos de Araraquara y Maciel en humanos y roedores del departamento de Córdoba, Colombia**

Camilo Guzmán, Salim Mattar, Luiz Tadeu Moraes, Jorge Salazar, Silvana Levis, Noemi Pini.  
*Universidad de Córdoba, Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico (IIBT). Montería, Colombia. cguzman40@hotmail.com*

**Introducción.** Los hantavirus son virus pertenecientes a la familia Bunyviridae, considerados patógenos emergentes identificados como agentes etiológicos de dos enfermedades zoonóticas de gran interés en la actualidad: la fiebre hemorrágica con síndrome renal en Europa y Asia, con una mortalidad del 0,5 al 15 % y el síndrome cardiopulmonar por hantavirus en las Américas, especialmente en Estados Unidos, Argentina, Canadá, Brasil, Chile, Paraguay, Uruguay, Panamá y Bolivia, con una mortalidad aproximada del 40 %. En Colombia el Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico obtuvo la primera evidencia serológica de infección por hantavirus en roedores y humanos; la Universidad de Antioquia también evidenció la circulación de hantavirus en roedores de la zona del Urabá antioqueño.

**Objetivo.** Establecer la seroprevalencia contra hantavirus usando los antígenos de los virus suramericanos Maciel (MACV) y Araraquara (ARAV) en humanos y roedores de algunas áreas de Córdoba.

**Materiales y métodos.** Se capturaron roedores utilizando trampas de tipo Sherman (Sherman Trap Company, Tallahassee, FL) en áreas domésticas, peridomésticas y silvestres en tres municipios del departamento de Córdoba, de noviembre a diciembre de 2008, y en enero de 2009 en 23 noches de trapeo. Se usó como cebo una mezcla a base de manteca de cerdo, avena en hojuelas, esencia de vainilla, coco, queso y maíz. Los roedores se anestesiaban por completo, y se tomaba muestra de sangre del seno retroorbitario empleando un tubo capilar con heparina, alternativamente también se tomaron muestras mediante punción intracardiaca. Los animales –previamente anestesiados– se sacrificaron por dislocación cervical, se disectaron y se les extrajeron sus órganos que se conservaron en nitrógeno líquido para su traslado al laboratorio. Simultáneamente, se obtuvieron 60 muestras de sangre de habitantes de estas mismas áreas de captura de los roedores. También se incluyeron 262 sueros de trabajadores rurales y campesinos, recolectados en 2002, 2004 y 2005 los cuales estaban conservados a -70°C en el Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico y que, en ese momento, se les diagnosticó como fiebre tropical desconocida y seronegativos para leptospira, rickettsia, dengue y

malaria. Además, para comprobar la utilidad de los antígenos MACV y ARAV se compararon con sueros controles (n=11) que resultaron positivos al antígeno del virus sin nombre (SNV), publicados previamente por el Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico.

**Resultados.** Se encontraron anticuerpos IgG en 10 (3,5 %) sueros humanos, todos de la fase retrospectiva utilizando el antígeno MACV y 21 contra el antígeno ARAV (7,34 %), con títulos comprendidos entre 1/400 a 1/25.600, de los cuales, dos muestras de humanos fueron de las recolectadas en las áreas de captura de los roedores; el rango de edad de las personas seropositivas para IgG fluctuó entre 16 y 70 años. De los especímenes IgG seropositivos, 2 (0,7 %) resultaron con títulos 1/400 de anticuerpos IgM anti-hantavirus Araraquara. Los sueros de los roedores fueron negativos para ambos antígenos.

**Conclusiones.** La detección de personas seropositivas a hantavirus revela que estos agentes infecciosos están circulando en el departamento de Córdoba. La identificación de personas seropositivas con antígenos suramericanos del virus ARAV indica que tienen muy buena capacidad de detección para los genotipos virales potencialmente nativos, teniendo en cuenta que las muestras fueron positivas a la dilución 1:25.600 y el índice de concordancia (cruce serológico) en comparación con los antígenos de MACV fue del 70 %. La investigación comprobó la circulación de hantavirus entre el 2004 y el 2009 en sueros humanos del departamento de Córdoba.

#### 234. Seroprevalencia de hepatitis E en trabajadores de animales porcinos del valle de Aburrá, 2011-2012

Carlos Alberto Betancur, María Victoria Mejía, Sebastian Portillo.  
Universidad CES. Medellín, Colombia. cbetancurmed@gmail.com

**Introducción.** La hepatitis E se ha descrito en Latinoamérica pero no en Colombia a pesar de tener las mismas características de los otros países, quizá por no haberse estudiado. Es responsable hasta del 50 % de los casos de hepatitis viral aguda en los países endémicos. Hay dos formas de hepatitis E, la de los mamíferos que puede afectar al hombre, y la aviar que no compromete a los mamíferos. La primera se ha asociado al contacto con animales porcinos. Con la presente investigación se informa la seroprevalencia de hepatitis E en un grupo de riesgo que son las personas que trabajan en el cuidado de cerdos.

**Materiales y métodos.** Durante el periodo de julio de 2011 a enero de 2012, se tomaron muestras de sangre a 98 trabajadores mayores de 18 años, manipuladores de cerdos por más de un año de municipios vecinos al valle de Aburrá, previa explicación y aceptación del consentimiento informado. Se les elaboró una historia clínica con las características sociodemográficas. Se les determinaron anticuerpos por la técnica ELISA, utilizando el reactivo de la casa DIA-PRO (Diagnostic Bioprobes), inmunoensayo de tercera generación que determina anticuerpos IgG para el virus de la hepatitis E en suero humano. Se tomó como valor positivo todo aquel igual o mayor a 1,1 S/Co.

**Resultados.** De las 98 muestras, 11 (11,22 %) resultaron positivas. El promedio de edad de los pacientes muestreados fue de 34,8 años, y en los positivos de 41,7 años. El promedio de contacto con cerdos en toda la muestra fue de 7,87 años, y en los positivos de 10,36 años. La muestra estaba compuesta por 89 hombres y 9 mujeres: sólo una mujer fue positiva.

**Conclusiones.** En Colombia también existe el virus de la hepatitis E y su seroprevalencia es de 11,22 %, comparable con la de otros países latinoamericanos que fluctúa entre 2,3 % y 14,2 % de la población general.

#### 235. Detección de *Anaplasma* spp. y *Ehrlichia* spp. por PCR convencional en garrapatas de animales caninos, equinos y bovinos de siete municipios del departamento de Córdoba

Salim Mattar, Jorge Miranda, Aura Fernández, Kaira Amaya.  
Universidad de Córdoba. Montería, Colombia. aurifer\_21@hotmail.com

**Introducción y objetivo.** Este estudio hace referencia a la detección de *Anaplasma* spp. y *Ehrlichia* spp. en garrapatas de diferentes animales del campo, las cuales son patógenos importantes transmitidos por garrapatas, importantes en medicina y veterinaria; tienen un impacto en la salud humana y animal y, por consiguiente, pérdida en la economía, ya que causa infecciones graves y, en ocasiones, la muerte. El objetivo del estudio fue detectar la presencia de *Anaplasma* spp. y *Ehrlichia* spp. en garrapatas de animales bovinos, caninos y equinos por PCR convencional en algunos municipios de Córdoba.

**Materiales y métodos.** Se analizaron 319 muestras de garrapatas de los diferentes animales muestreados, bovinos, equinos y caninos de municipios de Córdoba. Se recogieron y procesaron por la técnica de PCR convencional; se utilizaron garrapatas de los animales, kit de extracción de ADN, reactivos y equipos de PCR.

**Resultados.** Un (1,37 %) ADN resultó positivo para *Ehrlichia* spp., de 74 de garrapatas de perros analizadas por PCR, y para *Anaplasma* spp. no hubo; de ADN de garrapatas tomadas de equinos, 1 (3,84 %) de 26 resultó positiva para *Anaplasma* spp. y para *Ehrlichia* spp. no hubo; 16 (7,3 %) de 219 muestras de bovinos fueron positivas para *Anaplasma* spp. y 4 (1,82 %) positivos para *Ehrlichia* spp.

**Conclusiones.** Este estudio presenta la primera evidencia de la presencia de *Anaplasma* spp. y *Ehrlichia* spp. en Montería, Planetarrica, Los Córdoba, Ciénaga de Oro, Sahagún, Carrizal y Pelayito a partir del ADN de garrapatas de animales equinos, caninos y bovinos empleando la técnica la PCR convencional, lo que plantea riesgos potenciales para la salud humana y animal, y donde la presencia de los vectores, el clima y transporte de los animales de un lugar a otro son importantes en la transmisión de estos agentes.

#### 236. Seroprevalencia de anticuerpos anti-*Leptospira* en trabajadores de plantas de sacrificio animal en Boyacá, Colombia

Adriana María Pedraza, Erika Esperanza Salamanca, Roman Yesid Ramirez, Juan Manuel Ospina, Martín Orlando Pulido.  
Universidad de Boyacá. Tunja, Colombia. juan.ospina@upt.edu.co, adrcardenas@uniboyaca.edu.co

**Objetivo.** Evaluar la seroprevalencia de *Leptospira* spp. en trabajadores de cinco plantas de sacrificio del departamento de Boyacá (Sogamoso, Chiquinquirá, Paipa, Aquitania y Tuta).

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo, observacional, de corte transversal para el cual se tomaron muestras de suero a 80 operarios de los mataderos en cinco municipios del departamento de Boyacá. El análisis de laboratorio se realizó por técnica de microaglutinación, en búsqueda de anticuerpos contra diversas serovariedades de *Leptospira* spp. Se consideró positiva una reacción en la que el 50 % o más de leptosporas aglutinaron o fueran lisadas, tomando como referencia el control positivo. Además, se aplicó una encuesta a cada trabajador con el fin de explorar la presencia de factores de riesgo que pudieran estar asociados con la positividad de la prueba.

**Resultados.** La seropositividad global por MAT fue de 35,0% (n=28). La seropositividad distribuida por serovar fue: 41,67 % (n=15) para el serovar Hardjo, 38,89 % (n=14) para Bratislava, 8,33 % (n=3) para Icterohaemorrhagiae, 5,56 % (n=2) para Canicola, 2,78 % (n=1) para Pomona y el 2,78% (n=1) restante se identificó como serovar Grippotyphosa.

**Conclusiones.** Se encontró alta prevalencia de los títulos anti-*Leptospira* en las muestras de los trabajadores examinados, por lo cual se sugiere enfatizar las medidas de protección laboral y en las medidas preventivas y de promoción de la salud.

## EPIDEMIOLOGÍA HOSPITALARIA 2

**237. Factores de riesgo asociados a la mortalidad por infecciones asociadas a la atención y el cuidado en salud en un hospital universitario de tercer nivel de Colombia**

Christian José Pallares, Ernesto Martínez Buitrago.  
Hospital Universitario del Valle. Cali, Colombia. icako@hotmail.com

**Introducción.** El Hospital Universitario del Valle es una institución pública de alto grado de complejidad que reporta más de 2.000 infecciones intrahospitalarias al año.

**Objetivo.** Determinar los factores asociados a la mortalidad de los pacientes con diagnóstico de infecciones asociadas a la atención y el cuidado en salud de nuestra institución.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio prospectivo de cohortes entre enero y diciembre de 2011 y se encontraron 1.015 pacientes con diagnóstico de infección según los criterios del sistema de vigilancia hospitalaria, sugeridos por el *Clinical Diseases Control*. Se excluyeron a quienes no tuvieran cultivo microbiológico asociado a infección y reingresos hospitalarios menores de un año. Se evaluaron variables sociodemográficas, clínicas, perfiles de resistencia microbiológica y uso de antibióticos. La variable desenlace fue la muerte. Se realizó un análisis de supervivencia por cada variable, y se estableciendo la significancia estadística con la prueba de *log rank*. Se hizo análisis multivariado mediante regresión de Cox. Los valores de p menores de 0,05 se consideraron significativos.

**Resultados.** El promedio de edad fue de 43 años. El 53 % de los pacientes tenía diagnóstico clínico y 47 %, quirúrgico. El 54 % de las infecciones fueron en la herida quirúrgica. El 62 % de las infecciones se asociaron a bacteria Gram negativas. La mortalidad durante el seguimiento fue de 24,4 %. En el análisis multivariado se encontró asociación con la mortalidad para las variables de estancia en cuidados intensivos (HR=1,51; IC<sub>95%</sub> 1,13-2,01), uso inapropiado de antibióticos (HR=3,05; IC<sub>95%</sub> 2,34-3,98) y uso de antibióticos genéricos o copias (HR=1,91; IC<sub>95%</sub> 1,43-2,55).

**Conclusiones.** El uso de moléculas antibióticas no innovadoras y de esquemas de tratamiento inadecuados en pacientes con infecciones asociadas a la atención en salud son factores prevenibles en el manejo.

**238. Neumonía asociada a respiración mecánica asistida en pacientes adultos internados en unidades de cuidados intensivos de un hospital público y otro privado, estudio descriptivo retrospectivo, enero de 2006 a junio de 2010, Brasilia, DF, Brasil**

Margarita María Ochoa.  
Universidad de Brasilia, Brasilia, Brasil. mdochoadiaz@gmail.com

**Introducción.** La neumonía asociada a la respiración mecánica asistida es una de las infecciones hospitalarias más frecuentes en las unidades de cuidados intensivos. Es una enfermedad multicausal y, en algunas ocasiones, de diagnóstico impreciso con considerable morbimortalidad, prolongadas estancias hospitalarias y altos costos. La morbilidad varía entre 20 y 50 %, pudiendo alcanzar el 70 % cuando la etiología corresponde a bacterias multiresistentes. El manejo cada vez más invasivo de los pacientes críticos en las unidades de cuidados intensivos así como los índices cada vez más elevados de resistencia bacteriana hacen de ella una entidad cada vez más difícil de tratar. En Brasil existen pocos trabajos sobre la epidemiología de la neumonía asociada a la respiración mecánica asistida, siendo esta la justificación de este trabajo.

**Objetivo.** Evaluar los criterios clínicos, los microorganismos aislados y el tratamiento instaurado a pacientes adultos con diagnóstico de neu-

monía asociada a la respiración mecánica asistida en las unidades de cuidados intensivos de un hospital público y otro privado de enero de 2006 a junio de 2010.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo de un estudio descriptivo, retrospectivo, que evaluó los pacientes adultos internados en las unidades de cuidados intensivos de los hospitales pertenecientes al proyecto con diagnóstico de neumonía asociada a la respiración mecánica asistida entre enero de 2006 y julio de 2010, según las informaciones obtenidas en las Comisiones de Control de Infección Hospitalaria. Se incluyeron pacientes mayores de 18 años internados en las unidades de cuidados intensivos de los hospitales respectivos que después de 48 horas o más de respiración mecánica asistida cumplieran con los criterios clínicos de inclusión (aparición de infiltrado pulmonar nuevo o progresivo, consolidación o cavitación en la placa de tórax asociado a fiebre o leucocitosis, y presencia de secreciones traqueales purulentas), así como de laboratorio (solicitud de hemocultivo, cultivo de aspirado traqueal, cultivo de lavado broncoalveolar). Se consideró exclusivamente el primer episodio de neumonía asociada a la respiración mecánica asistida en cada paciente en dicha hospitalización. Se valoraron: los datos generales de cada paciente: sexo, edad, procedencia, diagnóstico al ingreso, presencia de factores de riesgo para neumonía asociada a la respiración mecánica asistida al ingreso; características clínicas de los casos de neumonía asociada a la respiración mecánica asistida: fecha del diagnóstico, presencia de signos y síntomas; resultados de laboratoriales: leucograma, radiografía de tórax, hemocultivos, cultivos de secreción traqueal y lavado broncoalveolar; respiración mecánica asistida: tiempo de uso hasta el diagnóstico del episodio, tipo de dispositivo de respiración mecánica asistida; etiología: tipo de microorganismo aislado; tratamiento: terapia antibiótica instaurada, tiempo de tratamiento; evolución: curación o muerte.

Se hizo un análisis descriptivo de las características epidemiológicas evaluadas, utilizando medidas de tendencia central para las variables continuas y proporciones para las variables categóricas. Se calcularon las tasas de densidad de incidencia de la neumonía asociada a la respiración mecánica asistida, tasa de uso de la respiración mecánica asistida y se presentó en forma de proporciones e intervalos de confianza del 95%. Se elaboró un análisis de supervivencia con el método de Kaplan-Meier, comparando las curvas mediante el test de *log-rank* con un nivel de significancia estadística del 5%. Se analizaron todas las variables comparándolas con el desenlace de muerte con el objetivo de identificar posibles factores predictores de muerte por neumonía asociada a la respiración mecánica asistida durante el tratamiento de la enfermedad, empleándose el modelo múltiple de riesgos de Cox para este fin, y conformando el modelo final las variables con significancia estadística igual a 0,05 o menor. Se utilizó el *software* estadístico SPSS®, versión 17.0, para el análisis descriptivo y Stata®, versión 10.1, para el análisis de supervivencia y regresión de Cox.

**Resultados.** Ciento cincuenta y cinco pacientes satisfacían los criterios de inclusión, 83 del hospital público y 72 del privado. La incidencia total de neumonía asociada a la respiración mecánica asistida en el periodo evaluado fue de 9,7 % (IC<sub>95%</sub> 7,9-11,9) en el hospital público y de 1,1 % (IC<sub>95%</sub> 0,9-1,4%) en el privado; la tasa de densidad de incidencia de neumonía asociada a la respiración mecánica asistida fue de 13 por 1.000 días de respiración mecánica asistida en el hospital público y de 5,32 por 1.000 días de respiración mecánica asistida en el privado. La tasa de uso de la respiración mecánica asistida fue de 0,72 en el hospital público y de 0,28 en el privado. La mediana de edad de los pacientes evaluados fue de 66 años (intervalo intercuartil, 51 a 77 años) y la población de mayores de 60 años fue la más prevalente (64,5 %). El tiempo de hospitalización hasta el episodio de neumonía asociada a la respiración mecánica asistida fue, en mediana, de 8 días en el hospital público y de 20 días en el privado. El tiempo en respiración mecánica asistida hasta la neumonía asociada a la respiración mecánica asistida tuvo una mediana de 6 días en el hospital público y 8 días en el privado. El dispositivo más empleado

para la respiración mecánica asistida fue la traqueostomía con 54,2 % de frecuencia; de igual forma, se confirmó en la valoración individual por hospitales. Todos los pacientes cumplieron con los criterios para el diagnóstico clínico de neumonía asociada a la respiración mecánica asistida. En los cultivos se encontró que las bacterias Gram negativas eran las más prevalentes: *Pseudomonas aeruginosa* (27,9 %), *Acinetobacter baumannii* (18 %) y *Klebsiella pneumoniae* (10,7 %). De las bacterias multiresistentes, *A. baumannii* fue que se aisló con mayor frecuencia. El antimicrobiano más usado fue el meropenem (38 %) tanto en monoterapia (25 %) como en politerapia (46,5 %), y la mediana de tiempo de tratamiento fue de 11 días. Evolucionaron a muerte durante el tratamiento 33 % de los pacientes, 15,5% del hospital público y 17,4% del hospital privado. Cuando se analizó la supervivencia de los pacientes durante el tratamiento se encontró que la mayoría de las muertes ocurrieron durante los primeros 11 días de terapia, sin diferencia estadísticamente significativa entre los dos hospitales. La evaluación de todas las variables en busca de factores de riesgo para muerte por la enfermedad mostró asociación entre el sexo femenino, la procedencia del paciente de otro servicio del hospital al momento del ingreso a la unidad de cuidados intensivos, el tener un diagnóstico al ingreso de tipo médico, el no presentar fiebre al momento del diagnóstico y estar en respiración mecánica asistida por más de 30 días al momento del diagnóstico.

**Conclusiones.** La incidencia de la neumonía asociada a la respiración mecánica asistida tanto en el hospital público como en el privado fue elevada al ser comparada con estadísticas mundiales como las del *National Healthcare Safety Network* (NHSN), y esta cifra fue mayor en el hospital público así como su tasa de incidencia. Fue posible establecer el diagnóstico clínico de neumonía asociada a la respiración mecánica asistida en la totalidad de la muestra. El tiempo de respiración mecánica asistida hasta el momento del diagnóstico de neumonía asociada a la respiración mecánica asistida se correlacionó con los datos reportados por la literatura científica consultada. Las bacterias Gram negativas fueron las más aisladas, y *P. aeruginosa* fue la más prevalente, correlacionándose con las estadísticas reportadas a nivel mundial y regional. El antimicrobiano más utilizado fue el meropenem, hecho explicado por el tipo de microorganismo aislado en los cultivos. La tasa de letalidad por neumonía asociada a la respiración mecánica asistida fue elevada en las dos instituciones, y fue mayor el número de muertes en los primeros 11 días de tratamiento, que se puede explicar por la alta virulencia de los agentes etiológicos y su creciente tasa de resistencia, y por las características de vulnerabilidad de los pacientes críticos en las unidades de cuidados intensivos. En la búsqueda de posibles factores asociados a la muerte durante el tratamiento del episodio de neumonía asociada a la respiración mecánica asistida, el análisis de las variables mostró que a mayor tiempo de respiración mecánica asistida, mayor riesgo de letalidad de la neumonía asociada a la respiración mecánica asistida, dato que ha sido corroborado por estudios similares. La relación ausencia de fiebre y muerte por neumonía asociada a la respiración mecánica asistida puede entenderse desde la perspectiva de que los pacientes adultos mayores son más vulnerables a esta enfermedad y en ellos la letalidad por neumonía asociada a la respiración mecánica asistida es alta, así como hay trabajos que demuestran que en este grupo de población puede presentarse neumonía asociada a la respiración mecánica asistida en ausencia de fiebre. Los anteriores datos dejan claro que es fundamental conocer las características epidemiológicas y los factores de riesgo para la neumonía asociada a la respiración mecánica asistida en las unidades de cuidados intensivos en las que trabajemos para así establecer medidas terapéuticas y preventivas específicas para nuestro ambiente de trabajo, supervisadas siempre por una Comisión de Control de Infecciones Hospitalarias que optimice el uso racional de los recursos que se tienen a disposición. El anterior proyecto de investigación contó con la financiación de la Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) y del Núcleo de Medicina Tropical de la Universidad de Brasilia.

### 239. Efecto del uso de ceftriaxona sobre la incidencia de enterobacterias productoras de beta-lactamasas de espectro extendido en una institución de salud de Medellín

María Angélica Maya, Wilmar Maya, Rodrigo Agudelo, Carolina Rios, Joana Gil, Jorge Nagles.

Clínica Las Américas. Medellín, Colombia. [mangelica@une.net.co](mailto:mangelica@une.net.co)

**Introducción.** El uso de ceftriaxonase asocia con mayor incidencia de enterobacterias productoras de beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE). La efectividad de las estrategias para reducir el uso de antibióticos es difícil de cuantificar cuando la incidencia de resistencia por BLEE es baja.

**Objetivo.** Medir la efectividad de una estrategia de choque para disminuir el uso de ceftriaxonase sobre la incidencia intrahospitalaria de enterobacterias BLEE en un servicio de hospitalización general (180 camas) sin brote activo por estos microorganismos.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio retrospectivo dividido en tres periodos: antes de la intervención (julio de 2009 a agosto de 2010), intervención (septiembre a diciembre de 2010) y después de la intervención (enero a diciembre de 2011). La intervención consistió en la evaluación de todos los pacientes que recibían ceftriaxona y la recomendación escrita en la historia clínica de la suspensión o cambio de antibiótico por subespecialistas en Infectología, con estabilidad de las medidas de higiene de manos y aislamiento hospitalario. El consumo de ceftriaxona se estimó en dosis día definidas (DDD) por 1.000 días de estancia. Se identificaron todos los aislamientos de *Klebsiella pneumoniae* y *Escherichia coli* productoras de BLEE en los tres periodos; se excluyeron los adquiridos en la comunidad y en otras instituciones y se compararon las incidencias esperadas y observadas. Se incluyó sólo el primer aislamiento por paciente.

**Resultados.** En el periodo anterior a la intervención, la incidencia de BLEE aumentó de 0,25 a 0,43 por 1.000 días de estancia y la proporción de uso de CRO creció de 149,3 a 296,4 DDD por 1.000 días de estancia; durante la intervención, el consumo de ceftriaxona cayó a 122,1 (reducción del 58,8 %) y siguió bajando en el periodo posterior a la intervención (71,2 DDD por 1.000 días de estancia a diciembre de 2011). La incidencia esperada de BLEE se estimó en 0,79 por 1.000 días de estancia para diciembre de 2011 y la incidencia observada de BLEE fue de 0,35 por 1.000 días de estancia ( $p=0,007$ ,  $IC_{95\%}$  -0,033 a -0,06).

**Conclusiones.** Fue efectiva la disminución del uso de ceftriaxona para mantener baja y estable la incidencia de BLEE en un servicio de hospitalización general en ausencia de brotes. La intervención descrita puede ayudar a reducir el uso de ciertos antibióticos y tienen un efecto duradero.

### 240. Implementación de un programa de vigías del uso regulado de antibióticos en salas de hospitalización médica y quirúrgica en un hospital universitario de tercer nivel en Colombia

Christian José Pallares, Ernesto Martínez Buitrago.

Hospital Universitario del Valle. Cali, Colombia. [icako@hotmail.com](mailto:icako@hotmail.com)

**Introducción.** El Hospital Universitario del Valle es una institución pública de tercer nivel, de recursos limitados, enfrentada al uso indiscriminado de antibióticos con incremento en los costos.

**Objetivo.** Determinar el impacto de un programa de vigías del uso regulado de antibióticos en la unidad de cuidados intensivos, la de cuidados intermedios y la neuroquirúrgica de nuestra institución.

**Materiales y métodos.** Se entrevistaron los profesionales de enfermería de la planta institucional para garantizar cualidades de aptitud y liderazgo. Se les capacitó con un curso intensivo de 30 horas en el

uso empírico de los antibióticos según la guía institucional, dosificación, duración y problemas relacionados con su uso. Se instruyó al personal sobre el manejo integral de los pacientes con infecciones por microorganismos multiresistentes y estrategias para evitar la selección de flora bacteriana por el uso inapropiado de los antibióticos. Se compararon los resultados en conductas adecuadas e innecesarias, el promedio de costo institucional de los esquemas de tratamiento por mes antes de la intervención (enero a marzo de 2011) y posterior a la intervención (mayo a julio de 2011) mediante la prueba de ji al cuadrado. Los valores de p menores de 0,05 se consideraron significativos.

**Resultados.** Entre mayo y julio de 2011 el promedio de conductas adecuadas se incrementó en 38 % (unidad de cuidados intensivos) ( $p=0,000$ ), 69 % (unidad de cuidados intermedios) ( $p=0,001$ ) y 40 % (unidad de cuidados neuroquirúrgicos) ( $p=0,028$ ); el promedio de conductas innecesarias se redujo un 15 % (unidad de cuidados intensivos) ( $p=0,001$ ), 21 % (unidad de cuidados intermedios) ( $p=0,034$ ) y 4 % (unidad de cuidados neuroquirúrgicos) ( $p=0,006$ ); el costo promedio institucional de los esquemas de antibiótico se redujo en 78 % (unidad de cuidados intensivos) ( $p=0,000$ ), 89 % (unidad de cuidados intermedios) ( $p=0,001$ ) y 81 % (unidad de cuidados neuroquirúrgicos) ( $p=0,002$ ).

**Conclusiones.** La implementación de un programa de vigías del uso regulado de antibióticos mejora el promedio de conductas adecuadas en estas áreas, reduciendo el consumo de antibióticos y el uso innecesario de antibióticos.

#### 241. Brote hospitalario de *Achromobacter denitrificans* relacionado con el uso de clorhexidina contaminada

Santiago León Atehortúa, Lina María Echeverri, Diana Marcela Restrepo, Naira Yadira Valencia, Marisol Tamayo Vélez.  
*Hospital Universitario de San Vicente Fundación. Medellín, Colombia. slam@elhospital.org.co*

**Introducción.** La importancia clínica de *Achromobacterdenitrificans* aún está por determinarse, pero puede tener un gran potencial como causante de infecciones. Se estudio un brote de *A. denitrificans* en 14 pacientes hospitalizados en una institución de alta complejidad de Medellín.

**Materiales y métodos.** Siguiendo los protocolos de epidemiología hospitalaria para la investigación de brotes, se propusieron varias hipótesis que explicaran la presencia de este germen en los hemocultivos; en el laboratorio de microbiología se hicieron los cultivos de las diferentes superficies, dispositivos y soluciones sospechosas de ser la fuente de la contaminación, además de las muestras clínicas.

**Resultados.** En abril de 2011 se presentó un incremento inusual en aislamientos de *A. denitrificans* a partir de hemocultivos, en total de 14 pacientes; entre el 18 de abril y el 3 de mayo de 2011, se generó la alerta de un posible brote hospitalario. Seis pacientes se encontraban hospitalizados en la unidad de cuidados intensivos, un paciente en la unidad de cuidados, tres en la unidad de cáncer y los otros cuatro en salas generales. Todos los pacientes presentaban fiebre en el momento de la toma de los hemocultivos y recibieron tratamiento antibiótico. Lo único que los pacientes tenían en común era el uso de clorhexidina en jabón para la preparación de la piel para la toma de los hemocultivos. De los cultivos realizados a un lote de clorhexidina en jabón, se aisló *A. denitrificans*. Estos cultivos se realizaron a partir de frascos de clorhexidina sellados y el cultivo fue repetido.

**Conclusiones.** El uso de desinfectantes contaminados desde su fabricación, representó un riesgo de infección para los pacientes vulnerables. Es necesario que estas soluciones garanticen la eliminación de la flora transitoria y residente de la piel. Las medidas adoptadas ante el incremento del número de microorganismos poco usuales en las instituciones, contribuyen a la detección de fallas y contribuyen a mejorar el desenlace de los pacientes.

#### 242. Estudio de costos en infección del torrente sanguíneo asociada a catéter en la unidad de cuidados intensivos de una institución de tercer nivel

Sandra Liliana Valderrama, Claudia Janeth Linares, Andres Fernando Meneses, Carlos Arturo Álvarez, José Roberto Támara.

*Pontificia Universidad Javeriana, Hospital Universitario San Ignacio (HUSI). Bogotá, Colombia. sanvalderrama@gmail.com*

**Introducción y objetivo.** La infección del torrente sanguíneo asociada a catéter es una infección asociada a la atención en salud potencialmente prevenible en la mayoría de los casos. El objetivo de este estudio fue determinar el costo atribuible a la infección del torrente sanguíneo asociada a catéter en la unidad de cuidados intensivos de una institución colombiana de tercer nivel durante el 2011.

**Materiales y métodos.** Se utilizó la metodología de estudio de costos de la OPS; se seleccionaron todos los casos de infección del torrente sanguíneo asociada a catéter de la unidad de cuidados intensivos polivalente del Hospital Universitario San Ignacio durante el 2011; para cada caso se seleccionó un control sin infección del torrente sanguíneo asociada a catéter hospitalizado en la unidad de cuidados intensivos, que tuviera un dispositivo intravascular central, pareado por sexo, edad ( $\pm 10$  años), mes de ingreso a la unidad de cuidados intensivos, diagnóstico de ingreso y número de diagnósticos ( $\pm 1$ ). Se evaluaron sólo los costos directos.

**Resultados.** Se identificaron 23 casos de infección del torrente sanguíneo asociada a catéter durante el año 2011; se seleccionaron 23 controles que cumplían el 100% de los criterios de pareamiento. La infección del torrente sanguíneo asociada a catéter incrementó la estancia en 710 días de hospitalización durante un año, de los cuales, 562 días fueron en la unidad de cuidados intensivos, lo que correspondió a un exceso de costo de Co\$ 392'819.106 (US\$ 220.067); el promedio de exceso de estancia en un caso fue de 30 días. El uso de antimicrobianos en exceso por causa de la infección del torrente sanguíneo asociada a catéter correspondió a 1.145 dosis día definidas (DDD) lo que generó un sobrecosto de Col\$ 191'291.486 (US\$ 107.166). El uso de cultivos generó un sobrecosto de Col\$ 30'628.235 (US\$ 17.159). De los pacientes con infección del torrente sanguíneo asociada a catéter hospitalizados en la unidad de cuidados intensivos fallecieron 10 (43,5 %), y de los controles fallecieron 2 (8,7 %), con una diferencia estadísticamente significativa en la mortalidad (OR=6,5; IC<sub>95%</sub> 1,47-59,32;  $p=0,0074$ )

**Conclusiones.** En esta institución de tercer nivel, la infección del torrente sanguíneo asociada a catéter se asocia a un aumento de la estancia hospitalaria, el uso de antimicrobianos, los cultivos y el aumento de la mortalidad. Es necesario intensificar el paquete (*bundle*) de medidas conocidas para la prevención de la infección del torrente sanguíneo asociada a catéter con el objetivo de lograr periodos de cero bacteriemias que mejoren los resultados y la seguridad del paciente, y que controlen la aparición de resistencia bacteriana.

## MICOLOGÍA 2

#### 243. Incidencia y prevalencia de la candidemia en pacientes críticamente enfermos en hospitales colombianos

Jorge Alberto Cortés, Jesús Jaimes, Andrés Meneses.

*Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia jorgecortes@yahoo.com*

**Introducción y objetivo.** La candidemia es una complicación infecciosa de alta morbilidad y mortalidad en pacientes en cuidados intensivos. Se desconoce su incidencia en nuestro medio.

El objetivo fue determinar la densidad de incidencia y de prevalencia de candidemia en los hospitales colombianos.

**Materiales y métodos.** En siete hospitales colombianos de la red GREBO se obtuvieron los datos de estancia y egreso de las unidades de cuidados intensivos durante el período entre 2004 y 2008. A través de los laboratorios de microbiología de las instituciones se identificaron los casos de candidemia. Se construyeron series mensuales de densidad de incidencia y de prevalencia para cada institución y se generaron líneas de tendencia usando promedios móviles con intervalos de 6 meses.

**Resultados.** Entre 2004 y 2008, en siete hospitales colombianos se observó una tendencia a un leve incremento en la densidad de incidencia y de prevalencia de candidemia. Los mayores valores de incidencia y prevalencia fueron de 5 casos por 1.000 días de hospitalización y de 3,5 %, respectivamente. Se observó una tendencia al crecimiento, especialmente en el 2007, con estabilización en el 2008. Para el final del período de estudio, la incidencia promedio observada fue de 2,4 casos por 1.000 días de estancia en las unidades de cuidados intensivos y la prevalencia promedio fue de 1,4 %. El aumento en la prevalencia y la incidencia se observó a partir de un incremento en las especies de *Candida* no *albicans*, mientras que en *Candida albicans* estos valores disminuyeron.

**Conclusiones.** Los casos de candidemia van en aumento tanto en incidencia como en prevalencia en las unidades de cuidados intensivos de los hospitales colombianos, a partir de un aumento en los casos producidos por especies de *Candida* no *albicans*.

#### 244. Histoplasmosis y sida: factores de riesgo, clínicos y de laboratorio, asociados al diagnóstico de esta micosis en una cohorte de pacientes del Hospital La María, Medellín, Colombia

Diego Cáceres, Ángela Tobón, Christina Scheel, Angela Ahlquist, Dedsy Berbesi, Ángela Restrepo, Mary Brandt, Tom Chiller, Beatriz Gómez.

Unidad de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Escuela de Medicina, Universidad CES, Medellín, Colombia. Mycotic Diseases Branch, Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta, Estados Unidos. E.S.E. Hospital La María, Medellín, Colombia. Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad del Rosario, Bogotá - Colombia. diegocaceres84@gmail.com

**Objetivo.** Identificar las características clínicas y de laboratorio presentes en los pacientes con sida con histoplasmosis y sin ella.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de corte transversal en pacientes con sida, provenientes del Hospital La María, Medellín (mayo de 2008 a agosto de 2011). Los criterios de inclusión fueron: la presencia de tres de las cinco manifestaciones siguientes: fiebre, pancitopenia, pérdida de peso, evidencia radiológica de compromiso pulmonar y lesiones en piel o mucosas.

**Resultados.** De los 89 pacientes incluidos, 45 pacientes (50,6 %) fueron clasificados como casos de histoplasmosis y 44 (49,4 %) como enfermos sin histoplasmosis. La mortalidad fue similar en los dos grupos (17,8 % en los pacientes con histoplasmosis y 13,6 % en los pacientes sin histoplasmosis,  $p=0,592$ ). La presencia de adenomegalias, lesiones en piel y mucosa oral y las manifestaciones gastrointestinales, fueron más frecuentes en los pacientes con histoplasmosis. Al utilizar un modelo de regresión logística multivariado, se identificaron como factores de riesgo asociados al diagnóstico de histoplasmosis, los siguientes: aspartato aminotransferasa (AST) mayor de 40 IU/l (razón de prevalencia=4,71; IC<sub>95%</sub> 1,24-17,87;  $p=0,022$ ), hepatomegalia o esplenomegalia (razón de prevalencia=4,63; IC<sub>95%</sub> 1,28-16,73;  $p=0,019$ ) y hemoglobina menor de 9 g/dl (razón de prevalencia=3,56; IC<sub>95%</sub> 1,00-12,67;  $p=0,049$ ).

**Conclusiones.** La posibilidad de identificar factores de riesgo clínicos y de laboratorio, podría ayudar al médico a reducir el tiempo de diagnóstico de la histoplasmosis y, al hacerlo, permitiría iniciar más oportunamente el tratamiento, lo cual, a su vez, podría incidir en la reducción de la mortalidad asociada a la infección por *H. capsulatum* en los pacientes con sida.

#### 245. Desarrollo, validación y transferencia tecnológica a Colombia de la prueba de antigenuria para el diagnóstico de histoplasmosis

Diego Cáceres, Christina Scheel, Ángela Tobón, Ángela Restrepo, Mary Brandt, Tom Chiller, Beatriz Gómez.

Unidad de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Escuela de Medicina, Universidad CES, Medellín, Colombia. Mycotic Diseases Branch, Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta, Estados Unidos. E.S.E. Hospital La María, Medellín, Colombia. Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad del Rosario, Bogotá - Colombia. diegocaceres84@gmail.com

**Introducción.** La histoplasmosis es la micosis endémica más frecuente en Colombia y en las Américas y es, además, causa importante de mortalidad en pacientes con infección por el VIH, especialmente en países con acceso limitado a la terapia antirretroviral y a exámenes diagnósticos especializados.

**Objetivos.** 1) Transferir la tecnología de la técnica ELISA de captura para detectar un antígeno de polisacáridos de *Histoplasma capsulatum* a Colombia en donde la incidencia de la histoplasmosis es alta; 2) validar la técnica en una cohorte de pacientes colombianos, y 3) ayudar a construir capacidad para diagnosticar más rápidamente la histoplasmosis en Colombia y, en un futuro, en otras regiones de América Latina.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio prospectivo de los pacientes con sida del Hospital La María de Medellín (mayo de 2008 a agosto de 2011). Los criterios de inclusión fueron: la presencia de tres de las cinco manifestaciones siguientes: fiebre, pancitopenia, pérdida de peso, evidencia radiológica de compromiso pulmonar y lesiones en piel o mucosas. Se consideró como caso confirmado cuando se cultivó *H. capsulatum*. Se recolectaron 175 orinas: 76 de pacientes del Hospital La María, 44 de individuos sanos y 55 de pacientes con otras micosis.

**Resultados.** La sensibilidad de la prueba fue de 85 % y la especificidad de 98 % cuando se analizaron todos los controles, representados por individuos sanos y por pacientes con otras enfermedades.

**Conclusiones.** La técnica transferida y validada en Colombia es reproducible y se compara con los resultados obtenidos por los CDC. En Colombia, el tener acceso a una prueba diagnóstica rápida y sensible como ésta puede tener un impacto importante al permitir un tratamiento más rápido que disminuyera la mortalidad de la HDP.

#### 246. Silenciamiento de la proteína de choque térmico de 90 kDa en *Paracoccidioides brasiliensis*: efectos en el fitness del hongo

Diana Patricia Tamayo, José Fernando Muñoz, Isaura Patricia Torres, Agostinho Almeida, Ángela Restrepo Moreno, Juan Guillermo McEwen, Orville Hernández Ruiz.

Unidad de Biología Celular y Molecular, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Facultad de Ciencias de la Salud, Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia. Medellín, Colombia. dianapto3@hotmail.com

**Introducción.** La proteína de choque térmico Hsp90 es una chaperona molecular que participa en el plegamiento, estabilización, activación y ensamblaje de diversas proteínas, claves para la regulación de la señalización celular. Ésta permite la diversidad fenotípica, en respuesta a diferentes condiciones de estrés.

**Objetivos.** Desarrollar aislamientos de *Paracoccidioides brasiliensis* con disminución de la expresión de Hsp90 para evaluar su papel en la respuesta a diferentes condiciones de estrés.

**Materiales y métodos.** Se trabajó con cultivos de levaduras de *P. brasiliensis* (cepa ATCC 60855) y se hizo análisis de los dominios de la secuencia de proteínas y análisis filogenético, generación de aislamientos PbHsp90-aRNA de *P. brasiliensis*, análisis de expresión génica, viabilidad y curva de crecimiento, exposición de las levaduras a ambientes ácidos e inducción del estrés por oxidación, e interacción de las levaduras con macrófagos alveolares. Los análisis estadísticos se realizaron con SPSS®, versión 17.0, con una ANOVA. Los valores de p menores o iguales a 0.05 se consideraron estadísticamente significativos.

**Resultados.** Los diferentes aislamientos de *P. brasiliensis* fueron expuestos a ambientes ácidos, en interacción con macrófagos activados y en ensayos *in vitro* para evaluar el papel de la Hsp90 en la respuesta de *P. brasiliensis* a las especies reactivas de oxígeno. Los aislamientos PbHsp90-aRNA poseían una alteración en el *fitness*, que se pudo correlacionar con una baja expresión del gen en estos aislamientos. El silenciamiento del gen afectó la viabilidad de las levaduras, resultando en una mayor sensibilidad de estas células a ambientes ácidos y especies reactivas de oxígeno. Además, el análisis filogenético reveló gran conservación de esta proteína entre otros Onygenales.

**Conclusiones.** Los hallazgos presentados sustentan el papel de la Hsp90 durante la adaptación celular a ambientes hostiles, promoviendo la supervivencia del hongo durante la interacción huésped-patógeno.

#### 247. Papel de los neutrófilos, las células dendríticas y los macrófagos alveolares durante el establecimiento de la respuesta inmune innata en la coccidioidomicosis pulmonar experimental

Angel González Marín, Chiung-Yu Hung, Garry Cole.  
Grupo de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Department Biology and South Texas Center for Emerging Infe. Medellín Colombia agonzalez@ cib.org.co

**Introducción.** Este estudio determinó *in vivo* el papel de los neutrófilos, las células dendríticas y los macrófagos alveolares durante la respuesta inmunitaria innata en la coccidioidomicosis pulmonar experimental.

**Materiales y métodos.** Para evaluar el papel de los neutrófilos, se usaron diferentes grupos de ratones C57BL/6, tratados con anticuerpo monoclonal anti-PMN (mAb-1A8) o con isotipo control un día antes de la infección intranasal con esporas de *Coccidioides posadasii* y cada dos días después de la infección hasta el sacrificio. El papel de las células dendríticas y de los macrófagos alveolares se evaluó mediante un modelo previamente establecido de depleción de células dendríticas y macrófagos alveolares residentes, mediada por la toxina diftérica, utilizando ratones C57BL6 transgénicos portadores del receptor de la toxina diftérica acoplado al promotor del CD11c, los cuales fueron inyectados intraperitonealmente con 5 ng/g de peso corporal de toxina diftérica un día antes de la infección. Se utilizaron diferentes grupos de animales para determinar el porcentaje de supervivencia, la carga fúngica en pulmón y bazo, las concentraciones de citocinas proinflamatorias, citocinas Th1 y Th2, y quimiocinas en pulmón.

**Resultados.** Se observó una eficaz depleción en neutrófilos (95 a 98 %) y de células CD11c+ (80%). En los ratones con depleción de neutrófilos se encontró supervivencia similar a la de los controles. En los ratones con depleción de células dendríticas y macrófagos alveolares se redujeron tempranamente. La carga fúngica fue significativamente menor en los pulmones en los ratones con depleción de neutrófilos en el día 7 después de la infección; los ratones con depleción de células CD11c+ no mostraron diferencias en carga fúngica en los diferentes

grupos. En los ratones con depleción de neutrófilos se observaron concentraciones bajas de IL-4 e IL-5 en el día 7 después de la infección; las concentraciones de otras citocinas proinflamatorias, citocinas y quimiocinas no mostraron diferencias significativas.

**Conclusiones.** Los neutrófilos, las células dendríticas y los macrófagos alveolares no juegan un papel directo en la actividad antifúngica contra *Coccidioides* spp., aunque estas células podrían modular la inmunidad innata contra este hongo por vía de la producción de citocinas y quimiocinas.

#### 248. Identificación y caracterización parcial de la región que codifica para una proteína disulfuro-isomerasa homóloga en *Candida albicans*

Leidy Alejandra Osorio, Mónica Liliana Rincón, Jorge Enrique Gómez.

Universidad del Quindío. Centro de Investigaciones Biomédicas. Grupo en Parasitología y Micología Molecular GEPAMOL. Armenia, Colombia. alejaosoriogiraldo@gmail.com

**Introducción y objetivo.** *Candida albicans* está asociada ecológicamente a seres vivos de sangre caliente; es la especie más patógena ya que es un hongo oportunista, y es la especie más representativa del género ya que hace parte de la microflora normal del ser humano y su prevalencia va en aumento con compromiso de diferentes órganos. Las proteínas disulfuro-isomerasas son unas de las proteínas mayormente implicadas en asistir el plegamiento, catálisis, formación, reducción e isomerización de los puentes disulfuro en el retículo endoplásmico. Pese a la importancia de las proteínas disulfuro-isomerasas para el mantenimiento celular, en *C. albicans* es aún incipiente la información de que proteínas estén implicadas en dichos procesos. El objetivo del estudio fue caracterizar parcialmente la proteína disulfuro-isomerasa homóloga de *C. albicans*.

**Materiales y métodos.** Se realizó un análisis bioinformático para la identificación de la proteína disulfuro-isomerasa y su descripción y se realizó su modelo estructural *in silico*; la región se amplificó por PCR. Posteriormente, se cuantificará la expresión por RT-PCR con respecto al gen de expresión constante *act1*; se someterá a la levadura a diferentes condiciones de crecimiento para luego medir semicuantitativamente los niveles de ARNm; por último, se analizará los productos de secuenciación.

**Resultados.** Según el análisis bioinformático se encontró una secuencia de 299 aminoácidos, se encuentra ubicada en el cromosoma 5. Su sitio activo es de la familia tiorredoxina, con dominio HDEL señal de retención al retículo, péptido señal y una región transmembrana, con lo cual se puede sugerir que es una proteína secretada. Se amplificó la región esperada con un peso de 900 pb.

**Conclusiones.** Hasta ahora no se han reportado amplificadas pertenecientes a esta proteína en *C. albicans*, siendo este el primer reporte y según los análisis bioinformáticos la proteína codificada por esta secuencia es, probablemente, una proteína secretada. Además, existe la presencia de isoformas de esta proteína ubicadas

### VIROLOGÍA 3

#### 249. El intererón $\beta$ ejerce un efecto antiviral frente al virus herpes simple de tipo 1 en cultivos primarios de ganglio del trigémino de ratón enriquecidos en neuronas.

Ana María Low, Jeanette Prada Arismendy, Jaime Eduardo Castellanos.

Instituto de Virología, Universidad El Bosque. Grupo de Patogénesis Viral, Facultad de Odontología, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia. jpradaarismendy@yahoo.es

**Introducción y objetivo.** Se ha descrito tanto *in vitro* como *in vivo*, que la infección por virus herpes induce en el ganglio del trigémino la producción de interferón  $\beta$ . Por lo anterior, se propuso caracterizar la respuesta inmune inducida por el interferón  $\beta$  (IFN- $\beta$ ) en cultivos primarios de ganglio del trigémino de ratón.

**Materiales y métodos.** Se cultivaron células en medios enriquecidos y se realizaron: cultivos primarios de ganglio del trigémino de ratón, tratamiento con IFN- $\beta$ , infección con HSV-1, ensayo de viabilidad celular y determinación de la dosis de IFN- $\beta$ , títulos virales y ensayo de plaqueo, ensayo de inmunoperoxidasa para HSV-1 y neurofilamento, extracción de ARN, transcripción inversa y PCR cuantitativa, obtención de lisados celulares totales, SDS-PAGE y transferencia, y *Western blot*. Los datos se analizaron con SPSS®, versión 14.0. Se realizó la prueba de normalidad de Shapiro-Wilk; los datos también se analizaron por ANOVA y el test *post hoc* de Dunnett. Por otro lado, los datos que no se distribuían de manera normal se analizaron por Kruskal-Wallis y Mann-Whitney. Los datos con un valor de *p* menor de 0,05 se consideraron estadísticamente significativos.

**Resultados.** Se evidenció que el interferón  $\beta$  tiene un efecto antiviral frente al virus herpes, que disminuyó la producción de partículas virales, evitó la muerte celular causada por el virus y disminuyó la presencia del antígeno viral en las células. La infección disminuyó significativamente la cantidad de transcritos del gen de la proteína cinasa R, lo que representaría un novedoso mecanismo de evasión de la respuesta al interferón  $\beta$  en el ganglio del trigémino de ratón. La infección causó aumento de la expresión del gen supresor de la señalización de citocinas 3, que se ha relacionado con el apagamiento de la señal del interferón  $\beta$ , pero esta inducción disminuyó con el pretratamiento con interferón.

**Conclusiones.** Se evidenció que la infección inhibió parcialmente la activación de la cascada de señalización Jak-Stat inducida por el interferón  $\beta$ , lo cual podría representar otro nuevo mecanismo de evasión viral que ocurre en el ganglio durante la etapa de infección aguda.

#### 250. Tipificación molecular de adenovirus como agentes etiológicos de la enfermedad respiratoria aguda, Colombia, 2010-2011

Jairo Andrés Méndez-Rico, Juliana Barbosa, Gloria Rey-Benito, Paola Pulido, Teresa Peret, Dean Erdman.  
*Laboratorio de Virología, Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia. jmendez@ins.gov.co*

**Introducción y objetivo.** Los adenovirus comprenden 50 serotipos humanos, divididos en 6 subgrupos, denominados de la A a la F. A su vez, el serotipo B se divide en los subtipos B:1 (5 tipos) y B:2 (4 tipos); de hecho, el subtipo B:1 comprende los virus de mayor importancia clínica. Aunque, en general, los adenovirus humanos están involucrados en los casos de enfermedad respiratoria leve, Ad3, Ad7 y Ad21 pueden causar neumonías e infecciones del tracto respiratorio bajo que incluso pueden llevar a la muerte. En Colombia, durante los años 2010 y 2011 se han reportado cerca de 93 casos de infección respiratoria aguda en los que se identificó los adenovirus como agentes etiológicos. Sin embargo, ante la poca información, este trabajo buscó tipificar por amplificación y secuenciación automática, los adenovirus identificados en Colombia durante el periodo 2010 a 2011.

**Materiales y métodos.** Se analizaron muestras de hisopado orofaríngeo de pacientes pediátricos y adultos con infección respiratoria aguda, remitidas al Laboratorio de Virología de la Subdirección Red Nacional de Laboratorios del Instituto Nacional de Salud durante los años 2010 y 2011. El ADN viral se obtuvo mediante el sistema de partículas magnéticas *NucliSens assay MAG®* (BioMerieux) y, posteriormente, sometido a amplificación por PCR en tiempo real utilizando iniciadores específicos para adenovirus. Las muestras positivas fueron posteriormente amplificadas por PCR convencional, según el proto-

colo de los CDC. Todas las muestras fueron secuenciadas automáticamente y comparadas con las bases de datos del GenBank.

**Resultados.** Las muestras procesadas se recibieron de los departamentos de Casanare, Caldas, Guaviare, Meta, Bolívar, Córdoba, Tolima, Risaralda y Santander, y de la ciudad de Bogotá. La secuenciación de un fragmento del gen del hexón, permitió la identificación de Ad3, Ad2, Ad4 y Ad7.

**Conclusiones.** En Colombia existen diferentes subtipos de adenovirus circulando en varios departamentos y en diversos grupos de edad. Si bien el subtipo Ad3 se detecta con mayor frecuencia, el subtipo Ad7 se ha descrito en Suramérica (Argentina, Chile y Uruguay) implicado en los casos más graves de la enfermedad. Así, la tipificación molecular de los adenovirus representa una valiosa herramienta no sólo para el diagnóstico específico del evento, sino, además, para una adecuada caracterización de los brotes.

#### 251. Análisis de la circulación del virus del dengue durante un año epidémico, Colombia, 2010

Martha Gracia, Lissethe Pardo, Jairo Andrés Méndez-Rico.  
*Laboratorio de Virología, Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia. mgracia@ins.gov.co*

**Introducción y objetivo.** En el 2010, en Colombia se notificaron 157.152 casos de dengue al SIVIGILA, de los cuales, el 94 % correspondía a dengue (147.670 casos) y el 6 % restante a dengue grave (9.482 casos). En este trabajo se analiza el comportamiento y la circulación de los diferentes serotipos del virus del dengue en Colombia durante la epidemia ocurrida en el 2010.

**Materiales y métodos.** Se procesaron 5.154 muestras remitidas por los laboratorios de salud pública del país, las cuales fueron analizadas por técnicas de aislamiento viral en cultivo celular, tipificación por IFI y RT-PCR con secuenciación.

**Resultados.** De las 5.154 muestras procesadas durante este periodo, 1.155 resultaron positivas, 771 por aislamiento viral, procedentes, principalmente del departamento del Huila, seguido de Boyacá y Putumayo, y 384 por RT-PCR. Mediante estas técnicas virológicas fue posible tipificar los virus circulantes en los diferentes departamentos y se pudo determinar la circulación de los cuatro serotipos virales, predominando el virus del dengue de tipo 1 (44 %) seguido del dengue 2 (40 %), el dengue 3 (13 %) y el dengue 4 (3 %).

**Conclusiones.** La vigilancia virológica de la epidemia demostró un porcentaje de positivos de 22,4 %, superior a los promedios registrados por el grupo en años interepidémicos que no superaba el 10 %, lo cual refleja la situación epidémica del país.

#### 253. Diferencias en la capacidad de replicación de las cepas del virus del dengue, serotipos 1 y 3, aisladas en Medellín en poblaciones urbanas de *Aedes aegypti* recolectadas en la misma zona geográfica

Alexander Uribe, Marta Ospina, Francisco Díaz, Jorge Osorio, Marlén Martínez-Gutiérrez.  
*Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales – PECET. Escuela de Microbiología. Grupo de Inmunovirología, Universidad de Antioquia. Laboratorio Departamental de Salud de Antioquia. School of Veterinary Medicine University of Wisconsin. Medellín, Colombia. mmartinezg@pecet-colombia.org*

**Introducción y objetivo.** El dengue es la enfermedad por arbovirus de mayor impacto en salud pública a nivel mundial. La circulación simultánea de los cuatro serotipos del virus en Colombia, hacen relevante evaluar el comportamiento de los distintos serotipos del virus

en cuanto a su competencia vectorial en poblaciones de campo de su vector principal, usando como parámetro para esto el análisis de la cinética de la replicación viral y, de este modo, aportar a la comprensión de los ciclos de transmisión de los diferentes serotipos. Por lo tanto, se propuso evaluar la competencia vectorial entre poblaciones de *Aedes aegypti* de zonas de alta y baja incidencia de dengue en Medellín, a los serotipos 1 y 3 del virus aislados en la misma ciudad.

**Materiales y métodos.** Se establecieron en el laboratorio colonias de mosquitos *Ae. aegypti* de zonas de alta y baja incidencia de la enfermedad para infectarles posteriormente con DENV a una concentración de  $2 \times 10^5$  copias genómicas/ml. Se realizaron extracciones de ARN total de los mosquitos, 7, 14 y 21 días después de su alimentación, para cuantificar el ARN viral por RT-qPCR.

**Resultados.** Se encontró que el serotipo 1 de DENV se replicaba mejor que el serotipo 3 en las tres colonias de mosquitos evaluadas. De igual manera, se encontró que la colonia de baja incidencia era más eficiente replicando ambos serotipos que la colonia de alta incidencia y que la colonia control.

**Conclusiones.** Estas diferencias encontradas en la replicación de estos dos serotipos de DENV en poblaciones silvestres de su vector principal, resaltan el papel que tiene el componente genético de ambos actores (virus y vector) y plantea un panorama interesante que podría comenzar a explicar en cierta medida la relación entre la forma en que se transmite cada uno de los serotipos y el hecho de que cada año en Colombia se presenten brotes más significativos de las formas graves de esta enfermedad.

#### 254. Seroprevalencia de IgG contra virus dengue en niños de edades entre 1 y 15 años en dos áreas del municipio de Armenia, Quindío

Laura Andrea Taborda, María Mercedes González, Camilo Rubio, Harish Padmanabha, Leonardo Padilla Sanabria, Jhon Carlos Castaño.  
*Universidad del Quindío, Armenia, Colombia. latabordab@uqvirtual.edu.co*

**Introducción y objetivo.** El dengue es una enfermedad febril aguda transmitida por *Aedes aegypti* que se caracteriza por los serotipos 1, 2, 3 y 4 del virus dengue; tiene amplio espectro clínico que va desde casos inaparentes, hasta formas graves. Agentes patógenos, como el dengue, inducen inmunidad específica de manera permanente y, según los serotipos. El riesgo de contraer dengue se relaciona más con una infección secundaria, en la que los niños pueden ser más vulnerables a la infección. El objetivo fue determinar la seroprevalencia de los anticuerpos IgG contra dengue en niños entre 1 y 15 años que habitan en dos barrios de Armenia.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal, utilizando una encuesta de prevalencia serológica. El muestreo se definió en cuadras de las áreas de estudio. Se recolectaron 726 muestras de sangre de niños, bajo el supuesto de positivos de 90%. La determinación de IgG contra dengue se hizo con ELISA (Viricell®). El análisis estadístico se determinó con *Statgraphics Centurion®* para la distribución de frecuencia de las variables y se analizaron las asociaciones entre estas variables utilizando EpiInfo, versión 3.4.

**Resultados.** La seroprevalencia de IgG para el virus del dengue fue de 86,7 %. Para las niñas, el 88,4 % fue positiva y el 11,8 % negativa, y para los niños, el 91,5 % fue positiva y 8,4% negativa. La proporción de la seroprevalencia para el grupo de edad fue mayor en los niños de 3 años con resultados positivos del 100 %; el rango de mayor número de resultados positivos fue de 1 a 4 años. La seroprevalencia en las áreas estudiadas fue de 86 % positivas en el barrio 1 y en el barrio 2 fue del 100 %.

**Conclusiones.** El análisis serológico de anticuerpos IgG permitió corroborar la alta circulación del virus en las zonas estudiadas. El estudio no evidenció diferencias entre los sexos respecto a los resultados positivos de IgG.

## PEDIATRÍA 2

#### 255. *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina asociado a la comunidad relacionado con USA300, principal causa de infecciones pediátricas en unidades de cuidados intensivos de Bogotá

Javier Antonio Escobar, Martha Isabel Álvarez-Olmos, Ricaurte Alejandro Márquez, Betsy Esperanza Castro, Aura Lucía Leal, Cristina Mariño, Rocio Barrero, Sebastián Gaines Acuña, Gloria Natasha Vanegas. Grupo COLCIENCIAS 1308-45921501.

*Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana, Universidad el Bosque, Bogotá, Colombia. javiesco21@yahoo.com*

**Introducción y objetivo.** La frecuencia de infecciones pediátricas por *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (SARM) asociado a la comunidad ha aumentado en los últimos años. El objetivo de este estudio fue caracterizar clínica, epidemiológica y molecularmente las infecciones pediátricas por SARM en unidades pediátricas de cuidados intensivos en 15 instituciones de Bogotá.

**Materiales y métodos.** Entre 2009 y 2011, se determinaron las características clínicas y epidemiológicas de 39 pacientes pediátricos con infecciones por SARM detectados en las unidades pediátricas de cuidados intensivos de las instituciones participantes. Se detectaron 26 genes para factores de virulencia relevantes, tipo de SCCmec, spa, agr y relación genética por PFGE y MLST. Se determinó el perfil de resistencia a 11 antibióticos por la dilución en agar.

**Resultados.** De los 39 pacientes, 14 (36 %) adquirieron la infección en el hospital mientras que 25 (64 %) lo hicieron en la comunidad; de estos últimos, 11 presentaron algún factor de riesgo asociado a la atención en salud. Los grupos más afectados fueron los adolescentes y los lactantes con 12 (31 %) y 9 (23 %) casos, respectivamente. Las infecciones más frecuentes fueron las osteoarticulares (31 %), bacteriemias asociadas a catéteres (21 %) y tracto respiratorio inferior (18 %). Se observó mejoría en 23 (59 %) pacientes, recaída clínica en 3 (8 %) y hubo 13 fallecidos, 12 (31 %) atribuibles a la infección. El 95 % de las infecciones fueron ocasionadas por SARM asociado a la comunidad relacionados con USA300 (ST8-PVL-agrI-bsaB); 33 (87 %) con SCCmecIVc, 4 (11 %) con IVa, y 1 (3 %) con IVh. Más de la mitad de los aislamientos (54 %) fueron resistentes únicamente a la oxacilina y 13 (33 %) a la oxacilina y la eritromicina.

**Conclusiones.** Se muestra un predominio de infecciones por SARM asociado a la comunidad USA300 en las unidades pediátricas de cuidados intensivos de Bogotá, ocasionando infecciones osteoarticulares graves y bacteriemias, lo que sugiere un reemplazo de clones que pone en alerta los sistemas de vigilancia. Es necesario considerar estrategias para la contención de este microorganismo en la población pediátrica colombiana.

#### 256. Frecuencia de la leucocidina de Pantón-Valentine en aislamientos de *Staphylococcus aureus* causantes de infecciones pediátricas adquiridas en la comunidad frente a aislamientos nasales de portadores sanos

Niradiz Reyes, Oscar Correa, Ceyla Causil, Juan Rebollo, Hernando Pinzón, Javier Antonio Escobar.  
*Universidad de Cartagena, Cartagena, Colombia. nreyes@unicartagena.edu.co*

**Introducción y objetivo.** *Staphylococcus aureus* es la causa principal de infecciones de piel y tejidos blandos, señalándose que el perfil de toxinas, incluyendo la leucocidina de Pantón-Valentine, se encuentra asociado a la capacidad patógena. Aunque diversos estudios epidemiológicos apoyan esta asociación para la leucocidina de Pantón-Valentine, los estudios en modelos animales e *in vitro* arrojan resultados controversiales. El objetivo del estudio fue comparar la frecuencia de genes para la leucocidina de Pantón-Valentine entre aislamientos de *S. aureus* causantes de infecciones adquiridas en la comunidad y aislamientos nasales de portadores sanos.

**Materiales y métodos.** Se analizaron 351 aislamientos de *Staphylococcus aureus*, un aislamiento por individuo. Mediante PCR múltiple se determinó en cada aislamiento la presencia de genes *nuc* (confirmación de especie), *lukS/lukF* (PVL), y *mecA* (resistencia a la meticilina).

**Resultados.** Los ensayos de PCR múltiple permitieron confirmar que los 351 aislamientos correspondían a *S. aureus*. De éstos, 161 (161/351, 45,9 %) provenían de infecciones clínicas pediátricas y 190 (190/351, 54,1 %) de portadores nasales sanos. De los aislamientos clínicos, 75 (75/161, 46,6 %) fueron de *S. aureus* resistente a la meticilina en comparación con 20 (20/190, 10,5%) de los nasales. De los aislamientos clínicos, 118 (118/161, 73,3 %) eran positivos para la leucocidina de Pantón-Valentine en contraste con 24 (24/190, 12,6 %) de los nasales ( $p < 0,0001$ ). De los aislamientos clínicos de *S. aureus* resistente a la meticilina, 65 (65/75, 86,6 %) fueron positivos para la leucocidina de Pantón-Valentine mientras que de los *S. aureus* nasales resistente a la meticilina 17 (17/20, 85 %) fueron positivos para la leucocidina de Pantón-Valentine ( $p = 0,463$ ). Por el contrario, 53 (53/86, 61,6 %) de los aislamientos clínicos de *S. aureus* sensibles a la meticilina fueron positivos para la leucocidina de Pantón-Valentine mientras que de los *S. aureus* nasales sensibles a la meticilina sólo 7 (7/170, 4,1 %) fueron positivos para la leucocidina de Pantón-Valentine ( $p < 0,0001$ ).

**Conclusiones.** Los genes para la leucocidina de Pantón-Valentine se asociaron significativamente a los aislamientos clínicos, independientemente de la resistencia a la meticilina. Esto pudiera indicar que la leucocidina de Pantón-Valentine es un factor asociado a la infección por *S. aureus*. Para establecer las bases de esta asociación se requieren estudios adicionales.

#### 257. Factores predictores de infección mayor en pacientes operados por cardiopatía congénita en una institución colombiana

Fredi Alexander Díaz, Alvaro Eduardo Durán.  
Fundación Cardiovascular de Colombia. Bucaramanga, Colombia. frediazq@msn.com

**Introducción.** En cirugía cardiovascular pediátrica, las infecciones son causa frecuente de morbilidad y mortalidad.

**Objetivo.** Identificar factores predictores de infección mayor en pacientes con cardiopatía congénita, operados en una institución colombiana.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio retrospectivo de cohorte, que incluyó los pacientes operados en el Instituto del Corazón de Floridablanca de la Fundación Cardiovascular, durante el periodo de 2000 a 2011. Mediante un registro sistemático, se recolectaron datos demográficos, características clínicas, intervenciones y desenlaces intrahospitalarios. Se definió "infección mayor" como la presencia de septicemia, mediastinitis o endocarditis. Entre los factores predictores evaluados se incluyeron: la complejidad del procedimiento (empleando la clasificación RACHS), la edad, el sexo, los síndromes asociados e indicadores clínicos de estabilidad previa. Los riesgos relativos (RR) se estimaron usando la regresión de Cox con una constante en la variable tiempo.

**Resultados.** Se obtuvo información de 2.875 pacientes. La incidencia de infección mayor fue de 9,77 %. En un modelo multivariado, que incluía la información de 2.717 pacientes, este desenlace estuvo fuertemente asociado a la complejidad del procedimiento ( $RR = 5,28$ ;  $IC_{95\%} 2,29-12,22$ )

para RACHS 2; 6,23 ( $IC_{95\%} 2,73-14,21$ ) para RACHS 3, y 8,92 ( $IC_{95\%} 3,83-20,74$ ) para RACHS 4 a 6, comparados con la categoría de RACHS 1. Por otra parte, el logaritmo de la edad estuvo inversamente asociado con infección mayor ( $RR = 0,89$ ;  $IC_{95\%} 0,83-0,95$ ). Otras variables asociadas con el desenlace fueron el síndrome de Down ( $RR = 1,7$ ;  $IC_{95\%} 1,18-2,44$ ), hospitalización prequirúrgica de dos o más días ( $RR = 1,46$ ;  $IC_{95\%} 1,09-1,96$ ) y el antecedente de otra infección ( $RR = 1,39$ ;  $IC_{95\%} 1,04-1,85$ ).

**Conclusiones.** Algunas variables identificadas antes de la cirugía ayudan a predecir el riesgo de infección mayor en pacientes operados por cardiopatía congénita.

#### 258. Relación entre los reactantes de fase aguda y la etiología de la neumonía adquirida en la comunidad en niños hospitalizados del valle de Aburrá

Catalina Arango Ferreira, Lucelly López López, Zulma Vanessa Rueda, Yudy Alexandra Aguilar, María Angélica Maya, Lázaro Agustín Vélez.  
Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. catarango52@hotmail.com

**Introducción.** El aumento de los reactantes de fase aguda en niños con neumonía adquirida en la comunidad se ha asociado con etiología bacteriana y, por ende, con la utilización de antibióticos.

**Objetivos.** Describir la relación entre los reactantes de fase aguda, la gravedad de la neumonía adquirida en la comunidad y su agente etiológico.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio prospectivo de cohorte de 136 niños hospitalizados con diagnóstico clínico y radiológico de neumonía adquirida en la comunidad que aceptaron participar. Se consideraron elevados los reactantes de fase aguda si el recuento de leucocitos estaba por encima de los valores definidos para la edad, los neutrófilos eran iguales a 62 % o mayores, y la PCR era igual a 6 mg/dl o mayor. La gravedad de la neumonía adquirida en la comunidad se estableció según los criterios empleados por la OMS como leve-moderada, grave y muy grave. Los gérmenes responsables se categorizaron en cuatro grupos: virus, bacterias piógenas, atípicas y mixtas. Por último, se comparó la frecuencia de los reactantes de fase aguda elevados en cada categoría de gravedad y cada grupo etiológico.

**Resultados.** Entre estos niños, el 67 % (85/127) tuvieron leucocitosis, 70 % (89/127) neutrofilia, y 31 % (31/101)  $PCR \geq 6$  mg/dl. No hubo diferencias significativas cuando se correlacionaron las distintas categorías de gravedad con leucocitosis (leve-moderada: 65 %; grave: 67 %; muy grave: 86 %), neutrofilia (leve-moderada: 74 %; grave: 67 %; muy grave: 57 %) y  $PCR \geq 6$  mg/dl (leve-moderada: 36 %; grave: 22 %; muy grave: 40%). Tampoco hubo diferencias entre los grupos etiológicos y la elevación de los reactantes de fase aguda: leucocitosis (virus: 44 %; bacterias piógenas: 68 %; bacterias atípicas: 67 %; bacterias mixtas: 67 %); neutrofilia (virus: 62 %; bacterias piógenas: 69 %; bacterias atípicas: 75 %; bacterias mixtas: 70 %) y  $PCR \geq 6$  mg/dl (virus: 25 %; bacterias piógenas: 54 %; bacterias atípicas: 20 %; bacterias mixtas: 35 %).

**Conclusiones.** Los reactantes de fase aguda con los valores definidos en este estudio no son útiles cuando se analizan de forma aislada para definir la gravedad o el grupo etiológico de la neumonía pediátrica adquirida en la comunidad. Por lo tanto, la decisión de iniciar antimicrobianos no debe recaer exclusivamente en estos parámetros.

#### 259. Relación entre la gravedad de la neumonía adquirida en la comunidad, la edad y el agente etiológico en niños hospitalizados de 13 centros del valle de Aburrá

Catalina Arango Ferreira, Zulma Vanessa Rueda, Lucelly López López, María Angélica Maya, Yudy Aguilar, Lázaro Agustín Vélez. Grupo GRIPE, Universidad de Antioquia. Financiación: Colciencias - Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. catarango52@hotmail.com

**Introducción.** La mayor gravedad de la neumonía pediátrica adquirida en la comunidad se ha asociado con edad menor de 5 años y causa bacteriana.

**Objetivo.** Describir la gravedad de la neumonía adquirida en la comunidad en relación con las condiciones clínico-demográficas y la etiología de los niños evaluados.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio prospectivo de cohorte en niños con neumonía pediátrica adquirida en la comunidad. Se incluyeron características clínico-demográficas, y se clasificó su gravedad según los criterios clínicos sugeridos por la OMS como leve-moderada, grave y muy grave. El criterio "incapacidad para beber" se excluyó de la categoría muy grave por la subjetividad de la información. A todos se les practicaron los estudios microbiológicos pertinentes para determinar el agente causal (cultivos, detección de antígenos y serología pareada). Los gérmenes identificados se agruparon en cuatro grupos: virus, bacterias atípicas, piógenas y mixtas.

**Resultados.** De 136 niños, 48 (35 %) eran menores de 2 años, 63 (46 %) entre 2 y 4 años, 18 (13 %) de 5 a 10 años y 7 (5%) de 11 a 17 años. La proporción por sexo fue similar (48 % Vs. 52%). Se consideraron de gravedad leve-moderada 69 (51 %); grave, 58 (43 %), y muy grave, 9 (7 %). Se logró aislamiento microbiológico en 84 (62 %) así: 23 por virus, 12 por bacterias atípicas, 19 por bacterias piógenas y 30 por bacterias mixtas. El 82 % de las neumonías adquiridas en la comunidad se presentó en menores de 5 años, con mediana de edad en la categoría muy grave (15 meses, RIQ=8-36), menor que la observada en las otras categorías (leve-moderada: mediana de 36 meses, RIQ 17-53; grave: 35 meses, RIQ 16-53). La taquipnea se presentó en 40 % de los niños (55/136): 32 % en leve-moderada, 52 % en grave y 33 % en muy grave. En neumonía adquirida en la comunidad grave, 55 % tenía saturación menor de 90% al ambiente, 58 % tiraje y 19 % aleteo nasal. Al relacionar la etiología y la gravedad se observó: virus en 48 % de la neumonía adquirida en la comunidad leve-moderada, 52% en la grave y 0 % en la muy grave; atípicos en 33 % de la leve-moderada, 58 % en la grave y 9 % en la muy grave; piógenas en 31 % en la leve-moderada, 53 % en la grave y 16 % en la muy grave; y mixtas, 67 % en la leve-moderada, 30 % en la grave y 3 % en la muy grave.

**Conclusiones.** Las neumonías adquiridas en la comunidad muy graves son más frecuentes en los niños menores de 36 meses. Las neumonías adquiridas en la comunidad muy graves son más frecuentemente causadas por bacterias piógenas.

#### 260. Estudio transversal de la expresión de citocinas inflamatorias IL-6 y antiinflamatoria IL-10 en pacientes pediátricos con sepsis en estado de desnutrición

Natalia González Leal, Gabriela Vázquez Armenta, Mayra Vázquez de la Torre, Arturo Plascencia Hernández, Fernando Siller López.

Hospital Civil de Guadalajara, Universidad de Guadalajara, México. natagonzalezl@hotmail.com

**Introducción y objetivo.** La sepsis es un síndrome desarrollado ante una infección cuando la respuesta inicial y apropiada del huésped se amplifica y pierde la regulación. El sistema inmunitario y metabólico del paciente son de gran importancia para la contención de la enfermedad. En los estados de desnutrición las fuentes de energía son reducidas y la respuesta al estrés puede ser insuficiente y con ello la efectividad en la reversión de la infección, más aún en individuos de corta edad. El propósito de este estudio fue evaluar la capacidad de la respuesta inflamatoria mediada por IL6 e IL10 en los estados de desnutrición de los pacientes pediátricos con sepsis.

**Materiales y métodos.** Se recolectaron muestras sanguíneas de niños de 2 meses a 15 años de edad hospitalizados con diagnóstico de sepsis

de julio 2009 a enero de 2010 en el Hospital Civil de Guadalajara, México, para los análisis clínicos, microbiológicos y del estado inflamatorio. Se efectuó análisis de valores de Z con los índices de peso para la talla y peso para la edad para valorar el estado nutricional. La determinación de las citocinas inflamatorias IL-6 y antiinflamatoria IL-10 se realizó por ELISA. Se utilizaron pruebas t de Student y U Mann-Whitney, según el caso, tomando una p igual a 0,05 o mayor como estadísticamente significativa.

**Resultados.** Se captaron 20 pacientes pediátricos con sepsis bien nutridos y 17 con sepsis con desnutrición. No hubo diferencias entre ambos grupos en los parámetros clínicos y microbiológicos ni en la expresión de IL-10. Los niveles de IL-6 fueron superiores en los pacientes desnutridos. Además, se observaron correlaciones inversas entre la IL-6 y la hemoglobina en el grupo con desnutrición, e, igualmente, entre la IL-6 y el grado de fiebre en ambos grupos.

**Conclusiones.** La desnutrición pediátrica en pacientes con sepsis no modifica la capacidad de liberar citocinas inflamatorias. Queda por explorar si la expresión aumentada de IL-6 en estos pacientes puede exacerbar críticamente el estado proinflamatorio y generar un agotamiento de las fuentes de energía, de antemano disminuidas.

#### 261. Tracoma activo en Colombia: identificación en indígenas del departamento de Vaupés

Elkin Enrique Hernández, Hollman Miller, Jaime Enrique Moreno, Fernando Peña, Adriana Gómez, Viviana Ramos, María Elena Realpe.

Instituto Nacional de Salud, Bogotá, Colombia. elkineh@yahoo.com

**Introducción y objetivo.** El tracoma es una queratoconjuntivitis crónica causada por infección con *Chlamydia trachomatis* y es la primera causa de ceguera infecciosa prevenible en el mundo. En Suramérica sólo se ha descrito en Brasil y, recientemente, en Colombia, donde se ha demostrado la fase crónica (cicatrices, triquiasis u opacidad corneal), pero no se han confirmado las formas activas de la enfermedad. El objetivo del estudio fue identificar la presencia de tracoma activo en Colombia en indígenas del departamento de Vaupés.

**Materiales y métodos.** Se realizó búsqueda de casos en niños convivientes de pacientes con triquiasis por tracoma (n=16) y en niños procedentes de un centro de recuperación nutricional (n=17); se evaluaron con consulta oftalmológica especializada para la identificación clínica de las formas activas: inflamación folicular o inflamación intensa por tracoma; se tomaron frotis oculares y se analizaron mediante una técnica de tamización basada en PCR en tiempo real (PCRtr) para la detección de *C. trachomatis*; a las muestras positivas se les hizo la prueba de PCRtr confirmatoria y el resultado se validó empleando secuenciación.

**Resultados.** Se identificaron 15 casos clínicos de tracoma activo en niños de 1 a 12 años, se observó mayor proporción de inflamación intensa que de inflamación folicular y mayor compromiso bilateral de la enfermedad. Los pacientes procedían de las comunidades indígenas de Santa Catalina (73,3 %), Pacuativa (20 %) y Piramiri (6,7 %). En 3 (20 %) de estos casos, la PCRtr de tamización detectó la presencia de *C. trachomatis*; este resultado se demostró con la PCRtr confirmatoria y fue validado con la secuenciación.

**Conclusiones.** El estudio confirma, por primera vez en Colombia, la presencia de tracoma activo en indígenas del Vaupés. El resultado positivo observado de la PCRtr concuerda con la informada para esta fase clínica. Se requieren estudios de prevalencia en otras regiones para determinar la magnitud del problema y la implementación de planes de intervención para su control.

### 262. Prevalencia de infección por *Chlamydia trachomatis* y *Neisseria gonorrhoeae* en adolescentes escolarizados de 14 a 19 años utilizando técnica de laboratorio no invasiva

María Cecilia Paredes, Yenny Milena Gómez, Ana Marcela Torres, Marcela Fernández Muñoz, María Belén Tovar.  
Universidad de La Sabana. Chía, Colombia. maria.paredes@unisabana.edu.co

**Introducción y objetivo.** Entre las infecciones bacterianas de transmisión sexual, *Chlamydia trachomatis* y *Neisseria gonorrhoeae* ocupan los dos primeros lugares de frecuencia en el mundo y afectan principalmente a mujeres y jóvenes menores de 25 años, en quienes generan complicaciones en la salud sexual, de la reproducción y materno-infantil. Al no contar en Colombia con datos sobre su frecuencia en adolescentes, se desarrolló el presente estudio con el objetivo de conocer la prevalencia de *C. trachomatis* y *N. gonorrhoeae* en esta población.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de corte transversal en adolescentes voluntarios de 14 a 19 años, matriculados en el año 2011 en colegios de los once municipios de la zona de sabana centro de Cundinamarca. Previa conferencia informativa, se solicitó a cada participante el consentimiento de los padres, su asentimiento, el diligenciamiento de una encuesta y la recolección de una muestra de orina para detección de *C. trachomatis* y *N. gonorrhoeae* empleando la técnica de PCR en tiempo real. La información de las encuestas se escaneó en Teleform®, y se creó una base de datos en Excel®, exportada a Stata 10.1® para su análisis.

**Resultados.** De una muestra de 972 adolescentes sexualmente activos, se encontró una prevalencia de *C. trachomatis* de 2,24 % y de *N. gonorrhoeae* de 0,09 % con un intervalo de confianza del 95% y no se detectó infección simultánea. El 21,4 % de las mujeres positivas para *C. trachomatis* no presentaba síntomas. Se encontró una relación significativa entre la presencia de *C. trachomatis* y el sexo femenino, el consumo de alcohol u otras sustancias con la última relación sexual y el tener pareja con alguna infección de transmisión sexual.

**Conclusiones.** La prevalencia de *C. trachomatis* fue baja en comparación con hallazgos en grupos similares y se presentaron menos casos asintomáticos que lo reportado en otros estudios. Se recomienda implementar en Colombia un sistema de vigilancia epidemiológica mediante programas de tamización para *C. trachomatis* y *N. gonorrhoeae* en diferentes poblaciones para priorizar estrategias preventivas en las de mayor riesgo. Financiación: Colciencias

## INFECTOLOGÍA DE ADULTOS

### 263. Asociación de variaciones en genes que codifican para citocinas con el desarrollo y desenlace de la sepsis

Carolina Montoya Ruiz, María Teresa Rugeles, Fabián Alberto Jaimes, Paula Andrea Velilla.  
Grupo Inmunovirología, Universidad de Antioquia, Grupo Académico de Epidemiología Clínica (GRAEPIC), Universidad de Antioquia. Unidad de Investigaciones, Hospital Pablo Tobón Uribe. Medellín, Colombia. carolinamontoyaruiz@gmail.com

**Introducción y objetivo.** La sepsis es un síndrome clínico complejo caracterizado por una reacción sistémica a la infección. Su patogénesis involucra dos procesos antagónicos: una respuesta proinflamatoria exagerada, caracterizada por una alta producción de citocinas proinflamatorias, y una respuesta antiinflamatoria que puede llevar a inmunosupresión; el equilibrio entre estas dos respuestas es lo que determina la evolución del paciente. Este balance es muy variable entre individuos y, posiblemente, es afectado por variantes genéticas

que modulan la producción de mediadores endógenos, como las citocinas. El objetivo de este trabajo fue evaluar la asociación de los polimorfismos (SNP) TNF $\alpha$  -308(G/A), TNF $\beta$  +252(G/A), IL1 $\beta$  +3953(C/T), IL1 $\beta$ -511(A/G), IL10 -1082(A/G), IL10 -819(C/T) y IL10 -592(C/A) con el desarrollo, la gravedad y el desenlace de la sepsis.

**Materiales y métodos.** Se trata de un estudio transversal, en el cual se genotipificaron por la técnica PCR-RFLP, 620 pacientes que ingresaron por sospecha de infección de sepsis de 2008 a enero de 2009 al estudio "Hacia un diagnóstico efectivo en sepsis: un análisis de clases latentes" realizado por la Universidad de Antioquia y el Hospital San Vicente Fundación; posteriormente, se clasificaron en individuos con sepsis y controles agudamente enfermos. El análisis se hizo con la prueba exacta de Fisher.

**Resultados.** Se encontraron las siguientes asociaciones: i) de la variante G del SNP TNF $\beta$  +252, de la variante C del SNP +3953 y del haplotipo TNF $\beta$  +252G-TNF $\alpha$  -308G con el desarrollo de sepsis; ii) de la variante G del SNP IL10 -1082 con el desarrollo de sepsis grave, y iii) de la variante A del SNP TNF $\alpha$  -308 con mortalidad e ingreso a la unidad de cuidados intensivos. No se encontró asociación significativa con los puntajes de gravedad.

**Conclusiones.** Estos resultados indican que dichas variantes cumplen un papel importante tanto en el desarrollo de la sepsis como en su desenlace, lo cual contribuye a un mejor entendimiento del curso clínico de la enfermedad.

Sostenibilidad 2011-2012.

### 264. Efectividad de la profilaxis antifúngica primaria en pacientes sometidos a trasplante alogénico de médula ósea, revisión sistemática

Fredy Orlando Guevara, Jorge Alberto Cortés, Carlos Álvarez Moreno, Felipe Zamora.  
Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia. fredyorlando79@gmail.com

**Introducción.** La infección fúngica invasora ha presentado un aumento de la incidencia en las últimas dos décadas en los pacientes con trasplante alogénico de médula ósea. La mortalidad generada por este tipo de infección en estos pacientes está entre 70 y 80 %, por lo que se han buscado nuevas herramientas diagnósticas y terapéuticas para disminuir el impacto de este evento.

**Materiales y métodos.** Se realizó un estudio para determinar si la profilaxis antifúngica sistémica en pacientes llevados a TCMH alogénico mejora la supervivencia o disminuye la incidencia de EFI en los receptores, mediante una revisión sistemática de la literatura desde el 1° de enero de 1990 al 30 de noviembre de 2011.

**Resultados.** Se encontró una disminución en los casos de EFI comprobada en los estudios que compararon el fluconazol contra el placebo con una diferencia entre el 11 y el 13 % a favor del fluconazol. Se encontró una disminución del 3 % en la mortalidad atribuible y disminución del 5 % en la EFI comprobada, en el grupo de pacientes con enfermedad injerto contra huésped a favor del posaconazol comparado con el fluconazol.

**Conclusiones.** La profilaxis antifúngica con fluconazol es eficaz para la prevención de EFI y para disminuir la mortalidad en los pacientes sometidos a TCMH alogénico.

### 265. Farmacocinética de la piperacilina-tazobactam en pacientes con neoplasias hematológicas y neutropenia febril posterior a la quimioterapia en el Instituto Nacional de Cancerología, Empresa Social del Estado, Bogotá

Sonia Isabel Cuervo, José Camilo Álvarez, Javier Ricardo Garzón, Julio Cesar Gómez, Edelberto Silva Gómez, Ricardo Sánchez Pedraza, Jorge Augusto Díaz, Jorge Alberto Cortés.  
Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia. jcalvarezr@unal.edu.co

**Introducción.** Los pacientes con neutropenia febril presentan variaciones en el líquido extracelular que pueden alterar las concentraciones plasmáticas de los betalactámicos conllevando a fracasos terapéuticos o a toxicidad.

**Objetivo.** Este estudio evalúa el comportamiento farmacocinético de la piperacilina-tazobactam en pacientes con neoplasias hematológicas y neutropenia febril posterior a la quimioterapia en el Instituto Nacional de Cancerología.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio abierto, sin asignación aleatoria, observacional, descriptivo y prospectivo de dos fases: 1) se analizaron 15 muestras de pacientes con neoplasia hematológica sin neutropenia febril ni antibiocioterapia con valores diferentes de albúmina para estandarizar la prueba de difusión en agar gel; 2) se evaluaron 15 muestras de pacientes, de cada uno se tomaron muestras de sangre con el antibiótico en estado estacionario a los 10, 60, 120, 180 y 350 minutos después de la infusión. La medición de la concentración del antibiótico hizo mediante difusión en agar gel; por medio de la regla trapezoidal se calcularon los parámetros farmacocinéticos:  $C_{min}$ ,  $C_{max}$ ,  $T_{max}$ , ABC, vida media, volumen de distribución y constantes de eliminación de la piperacilina-tazobactam y se comparó con lo descrito en individuos sanos.

**Resultados.** Fase 1: se estudiaron 15 pacientes con edades entre 19 y 78 años (mediana, 55), y albúmina entre 2,5 y 4,7 g/dl (3,31±0,67). No se observaron alteraciones cinéticas por las diferencias de albúmina en el modelo *in vitro*. Fase 2: se estudiaron 15 pacientes con edades entre 18 y 62 años (mediana, 28), una media de neutrófilos absolutos de 208 por ml (DE=603,2),  $C_{max}$  media de 216 g/L (DE±158,2), ABC de 469 g (DE±202,6), media de eliminación de 0,55 L/hora (DE±0,3), con media de la vida media de 2,83 hora (DE±5,2).

**Conclusión.** Los pacientes con neutropenia febril posterior a la quimioterapia presentaron variaciones importantes en los parámetros farmacocinéticos con respecto a los individuos sanos, con vidas medias más prolongadas y valores máximos más elevados.

Financiación: Universidad Nacional DIB, Colciencias proyecto 202010015111-2010 e Instituto Nacional de Cancerología.

#### 266. El lactato sérico al ingreso al servicio de urgencias es un factor pronóstico para la mortalidad en pacientes con sepsis sin hipotensión.

Jessica Londoño A., Alba Luz León A., Ferney Rodríguez T., Lena Barrera, Gisela De La Rosa E., Rodolfo Dennis, Carmelo Dueñas, Marcela Granados S., Darío Londoño, Francisco Molina, Guillermo Ortiz, Fabián Jaimes B.

Universidad de Antioquia. Medellín Colombia. [fjaimes@catios.udea.edu.co](mailto:fjaimes@catios.udea.edu.co)

**Introducción y objetivo.** La relación del lactato y la mortalidad en sepsis no ha sido explorada adecuadamente en el paciente con estabilidad hemodinámica. Nuestro objetivo fue determinar la utilidad del lactato como factor pronóstico de mortalidad a los 28 días en pacientes admitidos al servicio de urgencias con diagnóstico clínico de sepsis y sin choque séptico.

**Materiales y métodos.** Se hizo un análisis secundario del estudio "La epidemiología de la sepsis en Colombia", en una cohorte prospectiva de pacientes en diez hospitales generales de cuatro ciudades de Colombia. Se incluyeron en este análisis los pacientes con estabilidad hemodinámica, con disponibilidad de lactato y admitidos con infecciones adquiridas en la comunidad confirmadas con los criterios de los CDC. Se realizó una regresión logística controlando para la edad, el sexo, las morbilidades asociadas y los puntajes de gravedad.

**Resultados.** Se incluyeron 961 pacientes con edad promedio de 57,2±21,0 años, el 54,2 % eran mujeres; el puntaje SOFA promedio fue de 3,0±2,3 y el APACHE, de 11,1±6,4. Se observó una relación lineal entre el lactato y el riesgo de muerte y, al ajustar por los factores de confusión, el lactato se asoció de manera significativa con la mortalidad (OR=1,16; IC<sub>95%</sub> 1,02-1,33).

**Conclusiones.** El valor del lactato se asocia de forma independiente y significativa con la mortalidad a los 28 días en los pacientes con infección que se consultan al departamento de urgencias sin hipotensión. Además, la mortalidad incrementa de manera lineal con los valores de lactato sérico a partir de cualquier valor detectable.

#### 267. Lactato sérico como factor pronóstico en adultos con sepsis en la unidad de cuidados intensivos

Beatriz Elena Porras.

Hospital Santa Clara ESE. Bogotá, Colombia. [beporras@yahoo.com](mailto:beporras@yahoo.com)

**Introducción.** El lactato sérico es importante factor pronóstico en los pacientes críticos.

**Objetivo.** Determinar la utilidad del lactato sérico como factor predictor de mortalidad en los pacientes que ingresaron con sepsis a la unidad de Cuidados intensivos del Hospital Santa Clara entre junio de 2008 y julio de 2009.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio retrospectivo en adultos con sepsis, por medio de la medición del lactato sérico tomado en las primeras 24 horas de ingreso. Se calcularon los índices APACHE II y SOFA.

**Resultados.** Se incluyeron 60 pacientes, 75 % en choque séptico y 25 % con sepsis grave. En 50 pacientes se presentó una mortalidad del 66 % a los 28 días. En el análisis de la mortalidad a los 28 días se encontró por regresión logística: lactato mayor de 4 mmol/l (OR=6,43; IC<sub>95%</sub> 0,69-60,31; p<0,10) comparado con lactato menor de 2,4 mmol/l y en lactato entre 2,5 y 3,9 mmol/L (OR=2,00; IC<sub>95%</sub> 0,09-44,35; p<0,66). Los pacientes con lactato menor de 2,4 mmol/l sobrevivieron más. Los pacientes con lactato mayor de 4 mmol/l presentaron mayor mortalidad. El BUN del primer día y el APACHE II tuvieron relación estadísticamente significativa con la mortalidad a 28 días (p<0,05).

**Conclusiones.** La mayoría de los pacientes tenía al ingreso un título de lactato menor de 2,4 mmol/l, que podría explicarse por el tratamiento inicial en urgencias lo que pudo haber disminuido dicho valor. No hubo relación entre el título de lactato del día 1 con la mortalidad a 28 días. El título de lactato del día 2 en la unidad de cuidados intensivos tuvo correlación positiva con el pH, la base exceso, los hidrogeniones, el BUN, el bicarbonato y el SOFA, así como relación estadísticamente significativa con la mortalidad a los 28 días (p<0,05). El título de lactato sérico al ingreso mayor de 4 mmol/l representó un riesgo 5 veces mayor de morir a los 28 días; el título de lactato entre 2,5 y 3,9 mmol/l presentó el doble de riesgo pero sin significancia estadística, y los pacientes con título de lactato al ingreso menor de 2,4 mmol/l sobrevivieron más de 28 días. El APACHE II tuvo relación estadísticamente significativa con la mortalidad a los 28 días.

#### 268. Curso clínico de la sepsis, la sepsis grave y el choque séptico en una cohorte de pacientes infectados de 10 hospitales colombianos

Alba León, Natalia Hoyos, Lena Barrera, Gisela De La Rosa, Rodolfo Dennis, Carmelo Dueñas, Marcela Granados, Darío Londoño, Ferney Rodríguez, Francisco Molina, Guillermo Ortiz, Fabián Jaimes.

Universidad de Antioquia. Medellín Colombia. [fjaimes@catios.udea.edu.co](mailto:fjaimes@catios.udea.edu.co)

**Introducción.** La sepsis es un síndrome con varios estadios clínicos relacionados con mortalidad diferencial según su gravedad.

**Objetivo.** Establecer los factores determinantes de progresión de los estadios clínicos desde la infección hasta el choque séptico durante la primera semana, así como su relación con la mortalidad a los 7 y a los 28 días.

**Materiales y métodos.** Se trata del análisis secundario del estudio "Epidemiología de la sepsis en Colombia" para calcular el riesgo de progresión de los estadios de infección durante la primera semana y para determinar los factores relacionados con la mortalidad a los días 7 y a los 28.

**Resultados.** En 2.681 pacientes se demostró que la progresión hasta choque séptico se aumentaba según los valores iniciales de APACHE II (OR=1,02; IC<sub>95%</sub> 1,02-1,03), SOFA (OR=1,16; IC<sub>95%</sub> 1,14-1,17), y según las fuentes de infección intraabdominal o respiratoria (OR=1,32; IC<sub>95%</sub> 1,20-1,46, y OR=1,20; IC<sub>95%</sub> 1,10-1,32, respectivamente). Las variables relacionadas con la mortalidad en la primera semana fueron: la progresión a sepsis grave (HR=2,11; IC<sub>95%</sub> 1,12-3,98) y choque séptico (HR=2,96; IC<sub>95%</sub> 1,48-5,90), los valores iniciales de APACHE II (HR=1,06; IC<sub>95%</sub> 1,04-1,09) y SOFA (HR=1,09; IC<sub>95%</sub> 1,03-1,14), y la fuente de infección respiratoria (HR=1,72; IC<sub>95%</sub> 1,10-2,70)

**Conclusiones.** La fuente de infección intraabdominal y respiratoria, junto con los puntajes de SOFA y APACHE II, incrementan el riesgo de progresión clínica a estadios más graves, y estos mismos sumados a la progresión de la infección, son los principales determinantes de la mortalidad al día 7 y 28 en este síndrome.

## PARASITOLOGÍA 2

### 269. Producción de proteínas recombinantes de *Plasmodium falciparum*: solubles Vs. insolubles

Jacqueline Chaparro-Olaya, Paula Hernández Atehortua, Lilianna Morales de la Pava.

Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia. [jchaparroolaya@yahoo.com](mailto:jchaparroolaya@yahoo.com)

**Introducción.** En la investigación de la biología de los parásitos de malaria, una herramienta molecular muy utilizada son las proteínas recombinantes. Aun así, la expresión de proteínas heterólogas de *Plasmodium* spp. es un desafío, ya que muchas de ellas difícilmente se expresan y, cuando lo hacen, se obtienen en la fracción insoluble. Esto hace que su purificación sea dispendiosa y de bajo rendimiento. En este trabajo se evaluaron varios programas bioinformáticos para predecir la solubilidad de las proteínas, y se ensayaron varias estrategias metodológicas que se han reportado como adecuadas para la producción de proteínas recombinantes solubles.

**Materiales y métodos.** Se usaron programas bioinformáticos para predecir la solubilidad de las proteínas de *Plasmodium falciparum* expresadas en *Escherichia coli*. Luego se hizo la expresión de las proteínas recombinantes para contrastar los resultados *in silico* con los resultados experimentales. Para intentar mejorar la solubilidad de las proteínas recombinantes, se modificaron los parámetros de la expresión, como la temperatura, la concentración del inductor y los sistemas de expresión, entre otros.

**Resultados.** Ningún programa bioinformático predijo acertadamente la solubilidad de todas las proteínas "problema". Los cambios introducidos en el protocolo de expresión no mejoraron la solubilidad de todas las proteínas recombinantes de forma constante.

**Conclusiones.** Ninguno de los programas pudo predecir correctamente la solubilidad de las proteínas recombinantes de *P. falciparum*; por el contrario, para algunos de ellos, el porcentaje de error fue mayor que el de acierto. Algunos de los cambios introducidos en el protocolo de expresión mejoraron la solubilidad de algunas proteínas recombinantes. Sin embargo, no hay forma de predecir qué cambios favorecen la solubilidad de qué proteína. Se indican algunas pruebas preliminares para intentar elegir la mejor estrategia de expresión. Este trabajo fue realizado gracias al apoyo de la Universidad El Bosque, a través de la financiación del proyecto PCI 2011- 264.

### 270. Capacidad infecciosa natural por *Plasmodium* spp. en vectores de malaria de dos regiones endémicas de Colombia

Doris A. Rosero, Natalí Álvarez, Mariano Altamiranda, Juan C. Marín, Nelson J. Naranjo, Margarita M. Correa.

Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. [roserodoris@hotmail.com](mailto:roserodoris@hotmail.com)

**Introducción.** La determinación de la capacidad infecciosa natural por *Plasmodium* spp. en especies de *Anopheles* es importante para conocer su papel en la transmisión. Por ello, en este trabajo se determinaron las tasas de infección natural por *Plasmodium* spp. en especímenes *Anopheles* spp. recolectados en localidades de las regiones de Urabá-Bajo Cauca y Alto Sinú y Pacífica, las cuales aportan el mayor número de casos de malaria del país.

**Materiales y métodos.** Los especímenes se recolectaron en El Bague (Antioquia) y en Tierralta y Puerto Libertador (Córdoba, región del Alto Sinú), y en Vigía del Fuerte (Antioquia), Buenaventura (Valle del Cauca) y Tumaco (Nariño), en la región del Pacífico. Se evaluó la capacidad infecciosa natural por *Plasmodium vivax* VK210, *P. vivax* VK247 y *P. falciparum* por ELISA y PCR anidada.

**Resultados.** De 9.325 especímenes recolectados en la región del Alto Sinú, 3.520 fueron de Puerto Libertador, donde se encontró un ejemplar de *Anopheles (Nyssorhynchus) nuneztovari* s.l. positivo para *P. vivax* VK247 para una tasa de infección natural de 0,038 (1/2.623; IC<sub>95%</sub> 0,001-0,212). De 2.441 especímenes de El Bague se encontró un ejemplar de *An. nuneztovari* s.l. y uno de *Anopheles (Nyssorhynchus) darlingi* con *P. vivax* VK247 (tasa de infección natural, 0,098; 1/1.025; IC<sub>95%</sub> 0,002-0,542) y VK210 (tasa de infección natural, 0,083 %; 1/1.202; IC<sub>95%</sub> 0,002-0,463), respectivamente. En Vigía del Fuerte, de 2.772 especímenes, un ejemplar de *An. darlingi* fue positivo para *P. falciparum* (tasa de infección natural, 0,037 %; 1/2.732; IC<sub>95%</sub> 0,001-0,204). En Tierralta se evaluaron 592 especímenes y no se encontraron especímenes infectados. En la región del Pacífico se evaluaron 1.210 especímenes, 504 eran de Buenaventura y se encontró un ejemplar de *An. nuneztovari* s.l. con *P. vivax* VK247 (tasa de infección natural, 0,206; 1/486; IC<sub>95%</sub> 0,005-1,148). En Tumaco se evaluaron 706 especímenes y no se encontraron especímenes infectados.

**Conclusiones.** Estos resultados reafirman la importancia de *An. nuneztovari* y *An. darlingi* como vectores primarios en las regiones evaluadas. Esta información es importante para establecer estrategias de control dirigidas a las especies vectores. Financiación: The National Institutes of Health NIH-USA, proyecto No. R03AI076710.

### 271. Evaluación de indicadores de babesiosis bovina en garrapatas *Rhipicephalus (Boophilus) microplus* y bovinos de 3 a 9 meses de la zona del Magdalena medio colombiano

Sandra Ríos Tobón, Lina Andrea Gutiérrez, Leonardo Alberto Ríos. Grupo de investigación en Microbiología Veterinaria, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Facultad de Medicina, Escuela de Ciencias de la Salud, Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín, Colombia. [sandrariostobon@gmail.com](mailto:sandrariostobon@gmail.com)

**Introducción y objetivo.** *Babesia* spp. es un parásito transmitido por garrapatas que afecta la ganadería del mundo. El Magdalena medio colombiano es una región enzoótica para babesiosis, pero no hay estudios que evidencien el comportamiento de su ciclo de transmisión. El objetivo fue evaluar algunos indicadores entomológicos y parasitológicos de la infección por *Babesia* spp. en animales bovinos y garrapatas de la región, por medio de técnicas directas microscópicas y moleculares.

**Materiales y métodos.** Se diseñó un estudio de tipo descriptivo representativo no probabilístico; el número de terneros muestreados fue de

237, a los cuales se les extrajo sangre y se retiraron las garrapatas hembras adultas para su análisis por medio de técnicas directas, microscópicas y moleculares, con el fin de detectar la infección por *Babesia* spp.

**Resultados.** El 59,9 % fueron positivos para *Babesia bigemina* y el 3,4 % para la infección mixta (*B. bovis* y *B. bigemina*); no se encontraron resultados positivos para *B. bovis* como único agente. En garrapatas, de 770 especímenes capturados, se analizó su hemolinfa, el porcentaje total de garrapatas positivas para *B. bigemina* fue de 79,2 % y para la infección mixta de 9,4 %. El grado de infestación total de la zona fue de 3,2 garrapatas por cada animal bovino. Los terneros de 6 o 7 meses de edad presentaron el mayor grado de infestación con 4,7 garrapatas por cada animal bovino. Se estableció una correlación positiva entre las frecuencias de tiempo mayores del baño garrapaticida y la carga parasitaria en los bovinos.

**Conclusiones.** Es necesario realizar una vigilancia de la enfermedad en las zonas ganaderas, con nuevos indicadores entomológicos y parasitológicos que den cuenta de la complejidad del fenómeno. Estos resultados permiten inferir que una periodicidad mayor de 90 días en los tratamientos garrapaticidas en las zonas estables es un factor abiótico que favorece la adquisición de inmunidad protectora en terneros, influyendo positivamente sobre el control natural de la infección y la ausencia de enfermedad en el tiempo.

#### 272. Estandarización de un método de detección en agua de quistes de *Giardia* spp., *Blastocystis* spp. y ooquistes de *Cryptosporidium* spp.

Fabiana María Lora, Raúl Eduardo Rivera, Jhon Edward García, Jorge Enrique Gómez.  
Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. fabisuares6@hotmail.com

**Introducción y objetivo.** En Colombia, el capítulo 3 de la Resolución 2115 de 2007 obliga a las empresas de agua potable a hacer los análisis necesarios para la detección en agua de *Giardia* spp. y *Cryptosporidium* spp. y a elaborar los mapas epidemiológicos de riesgo para estos parásitos y otros protozoos. Los métodos estándar para la detección son bastante costosos y pueden llevar a encarecer los procesos de control y tratamiento del agua, lo que puede llevar al aumento de los servicios públicos. El objetivo del estudio fue desarrollar métodos eficientes y menos costosos, para el control y la vigilancia de estos protozoos, incluyendo algunos que son de importancia en el parasitismo intestinal, como es el caso de *Blastocystis* spp.

**Materiales y métodos.** Se evaluaron los métodos de detección para la concentración de las formas parasitarias utilizando sales o precipitación. Para ello, se inocularon 20 litros de agua pura con las formas parasitarias y se determinó la sensibilidad y la reproducibilidad del método. Esta técnica se validó luego en el campo, tomando 50 muestras de agua 20 litro por cada estación ubicada antes, en y después de una planta de tratamiento de agua potable; las muestras se precipitaron por centrifugación, se concentraron y se observaron por microscopio óptico y por inmunofluorescencia.

**Resultados.** La prueba tuvo una recuperación entre 80 y 90 %. En las muestras de campo, en la planta y en la red de distribución se encontró *Cryptosporidium* spp., *Giardia* spp. y *Blastocystis* spp. La forma parasitaria más frecuente fue *Blastocystis* spp., seguido de *Giardia* spp., y el menos frecuente *Cryptosporidium* spp.

**Conclusiones.** Se ha desarrollado un método eficiente y de bajo costo para la detección de protozoos. Este método se pudo aplicar con éxito en las muestras de una planta de tratamiento y de la red de distribución.

#### 273. Prevalencia de anticuerpos anticisticercosis en cerdos de traspatio del municipio de Toca, Boyacá

Julio César Giraldo, Karina Liliana Cueva, Román Ramírez, Adriana María Pedraza.  
Universidad Incca de Colombia. Bogotá, Colombia. jcesargiraldo@gmail.com

**Introducción.** El binomio teniasis-cisticercosis es un problema de salud pública en los países en desarrollo, incluido Colombia, debido a factores como la presencia de personas con tenias, a la crianza no tecnificada de cerdos y a las deficiencias sanitarias y educativas, entre otros.

**Objetivo.** Determinar la prevalencia de cisticercosis porcina en el área rural de Toca, Boyacá.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un muestreo en el área rural de la población porcina, con consentimiento informado de sus dueños; se determinó la presencia de anticuerpos anticisticercosis por medio de la técnica ELISA con el empleo de la fracción de 53 kDa como antígeno y se aplicó una encuesta estructurada.

**Resultados.** Se evaluaron 306 cerdos; el 10,5 % (32/306) de los animales resultaron positivos. Las variables analizadas fueron: crianza a libre albedrío, 8,6 % (57/306); comedero en recipiente de plástico, 46,7 % (147/306); pisos de tierra, 8,6 % (25/306); paredes de madera, 47,7 % (160/306); techos de zinc, 71,5 % (219/306); desinfección de bebederos y comederos, 79 % (242/306); agua de acueducto para el consumo, 72,8 % (223/306); limpieza ocasional de corrales, 37,5 % (115/306), y alimento concentrado, 81 % (248/306) en el proceso de crianza.

**Conclusiones.** Del análisis bivariado de los resultados se halló significancia estadística ( $p < 0,05$ ) para la edad, el propietario, el servicio sanitario, el drenaje, la desinfección, el tipo de piso y la alimentación. Los resultados obtenidos en el municipio de Toca ratifican que el complejo teniasis-cisticercosis es un problema de salud pública en Colombia y, por ende, se deben mejorar las actividades de control de esta parasitosis por parte de las autoridades locales con una mayor presencia e inversión.

#### 274. Prevalencia de cisticercosis humana en el área rural de Mercaderes, Cauca

Luis Reinel Vásquez, Piedad M Agudelo, Julio César Giraldo, Diego Vergara, Diana Samper, Diana Lucía Nieto, Omar A Ramos, Lina M Bonilla, Victor H Campo.  
Universidad del Cauca, Universidad INCCA de Colombia, Universidad CES. Popayán, Colombia. Ireinel@unicauca.edu.co

**Introducción.** El complejo teniasis-cisticercosis es un problema de salud pública en los países de América Latina como Colombia, debido a diversos factores como la presencia de pacientes con tenias o la crianza no tecnificada del cerdo o deficiencias sanitarias y educativas, entre otros.

**Objetivo.** Determinar la prevalencia de cisticercosis humana en el área rural de Mercaderes, Cauca.

**Materiales y métodos.** Se realizó un muestreo de la población humana en el área rural, se obtuvo el consentimiento informado y se determinaron los anticuerpos anticisticercosis por medio de la técnica ELISA con la fracción de 53 kDa. Se aplicó una encuesta estructurada.

**Resultados.** Se realizaron 665 serologías en la determinación de anticuerpos anticisticercosis, y 28,4 % (189) resultaron positivas. Los resultados seropositivos estuvieron relacionados con la procedencia, la fuente de agua y el lugar donde se bañaban, entre otras. Se programaron discusiones con grupos focales en los que se aclaró el ciclo de vida.

**Conclusiones.** El complejo teniasis-cisticercosis es un problema de salud pública en Mercaderes; se deben mejorar las actividades de control de esta parasitosis por parte de las autoridades locales con una mayor presencia e inversión. Este trabajo se realizó en el marco de un proyecto de Colciencias (contrato 307), cofinanciado por la Universidad del Cauca, la Universidad INCCA y la Universidad CES; además, con recursos proporcionados por la Vicerrectoría de Investigaciones de la Universidad del Cauca con código id2287 y Asmet Salud EPS-S.

### 275. Prevalencia de parasitosis intestinal en niños escolares de Quibdó, y evaluación de la tasa de reinfección a los 3 y 6 meses después del tratamiento

Aixa Natalia Alzate, Diana Yoleth Correa, Judith Trujillo, Gloria Isabel Mejía, José Mauricio Hernández.  
Universidad Pontificia Bolivariana de Medellín. Medellín, Colombia. [jhernandez@cib.org.co](mailto:jhernandez@cib.org.co)

**Introducción y objetivo.** La parasitosis intestinal representa un problema de salud pública en los países en desarrollo. Los niños en edad escolar son los más afectados pudiendo causar alteraciones en su desarrollo psicomotor. El objetivo de este trabajo fue evaluar la prevalencia de parasitosis intestinal en niños escolares de Quibdó, y conocer la tasa de reinfección a los 3 y 6 meses después del tratamiento farmacológico.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio transversal realizado en cuatro escuelas públicas de Quibdó. El muestreo fue aleatorio en la selección de escuelas, cursos y niños. A los niños cuyos padres o acudientes aceptaron su participación y completaron un cuestionario de datos, se les tomaron muestras de materia fecal al inicio y a los 3 y 6 meses. Las muestras fueron concentradas y examinadas por microbiólogos de la Universidad Pontificia Bolivariana. Los niños cuya muestra de materia fecal fue positiva para parásitos intestinales, recibieron tratamiento farmacológico de acuerdo con el protocolo nacional.

**Resultados.** Se incluyeron al estudio 155 niños. La prevalencia general de parasitosis intestinal fue de 89 %. Hubo 125 (81%) niños parasitados con helmintos: 82 con *Trichuris trichiura*, 72 con *Ascaris lumbricoides*, 12 con uncinarias y 4 con *Strongyloides stercoralis*; hubo 97 (63%) niños con: 43 con *E. coli*, 31 con *Entamoeba histolytica/dispar*, 17 con *Giardia lamblia* y 2 niños con céstodos, *Hymenolepis nana*. La tasa de reinfección a los 3 meses fue de 58 % para protozoos y de 48% para helmintos. A los 6 meses aumentó en 40 % para protozoos y en 8 % para helmintos. La infección con protozoos no se asoció con los factores sociodemográficos evaluados, mientras que la infección por helmintos se asoció con la condición de no tener letrina en la casa ( $p=0,02$ ;  $OR=2,09$ ;  $IC_{95\%}$  1,25-3,50) y con tener el piso de la vivienda en tierra ( $p=0,05$ ;  $OR=1,76$ ;  $IC_{95\%}$  1,05-2,96).

**Conclusiones.** Existe una altísima prevalencia de parasitosis intestinal en los niños escolares de Quibdó. La tasa de reinfección a los 3 meses fue superior al 50 % y a los 6 meses alcanzó el 98% para protozoos, lo que sugiere que tiene poco valor hacer desparasitaciones cada 12 meses para los niños de las escuelas, cuando los hábitos higiénicos y las condiciones sanitarias de sus viviendas no se han intervenido.

### 276. Estudio transversal de los aspectos parasitológicos y entomológicos de la tripanosomiasis en animales bovinos (*Bos taurus*) de la raza Holstein de una hacienda de la zona ganadera lechera de clima frío, Antioquia

Richard Zapata Salas, Edison Alberto Cardona, Julián Reyes Vélez, Omar Triana Chávez, Víctor Hugo Peña, Leonardo Alberto Ríos, Rolando Barahona Rosales, Diana Polanco Echeverry.  
Escuela de Microbiología, Grupo de Investigación en Microbiología Veterinaria, Universidad de Antioquia, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad CES, Grupo de Investigación Biología y Control de Enfermedades Infecciosas. Medellín, Colombia. [microbiolorich@gmail.com](mailto:microbiolorich@gmail.com)

**Introducción y objetivo.** En las zonas andinas altas dedicadas a la ganadería especializada en producción de leche es inusual encontrar *Trypanosoma vivax*, *Trypanosoma evansi* y sus vectores. El objetivo de este estudio fue evaluar elementos de la epizootiología de la tripanosomiasis causada por *T. vivax* y *T. evansi* en la ganadería bovina especializada en la producción de leche.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo transversal. Se evaluaron 338 animales bovinos que hubiesen nacido en la zona de estudio, pertenecientes a diferentes estados fisiológicos; además, 4.251 moscas capturadas en diferentes salas de ordeño. Se practicaron técnicas de microscopía y PCR con dos marcadores moleculares que diferencian los tripanosomas hasta especie, en muestras de sangre de animales bovinos y moscas. Se hizo análisis de relación y asociación entre las variables clínicas, fisiológicas y de producción y la infección en animales bovinos, y entre la infección en bovinos y las poblaciones de moscas picadoras capturadas, con las pruebas estadísticas U de Mann Whitney, ji al cuadrado y regresión lineal múltiple.

**Resultados.** La frecuencia de infección por *T. vivax* y *T. evansi* en animales bovinos fue de 3,6 % y 0 %, respectivamente. Se caracterizaron como potenciales vectores a *Haematobia irritans* (97,1 %) y *Stomoxys calcitrans* (2,8 %). No se identificaron tábanos. Se identificó *T. vivax* y *T. evansi* en moscas picadoras capturadas de dos salas de ordeño.

**Conclusiones.** Los resultados muestran un comportamiento epizootico atípico al que sucede en los países de Suramérica, ya que se identificó *T. vivax* y *T. evansi* en la probóscide y en el tórax y el abdomen de las moscas picadoras y por su alta densidad de población, se sugiere como principal vector a la mosca de los cuernos. Por medio de un modelo de regresión lineal múltiple, se encontró una relación estadísticamente significativa entre el número de animales positivos y el número de moscas capturadas ( $p=0,034$ ); el modelo indica que por cada incremento de 500 moscas *H. irritans* en la zona de estudio, un nuevo bovino será infectado con *T. vivax*.

## MICOBACTERIAS 3

### 277. Cuerda y esputo inducido como alternativas al aspirado gástrico para la confirmación microbiológica de la tuberculosis pulmonar en niños

Carlos Mario Pérez, José Mauricio Hernández, Esther Cecilia Wilches, Addis Lorena Casanova, Diana Marcela Castrillón, Sergio Andrés Mejía, Santiago León Atehortúa, Gloria Isabel Mejía, Verónica Gómez Tangarife, Juan Carlos Rozo, Beatriz Ferro, Cesar Moreira, Ana Elvira Prada- Quiroz, María Patricia Arbelaez, Charles Daley, Jaime Alberto Robledo.  
National Jewish Health, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Secretaría Departamental de Salud del Valle del Cauca, Grupo Tuberculosis Valle Colorado Universidad de Antioquia, Hospital Departamental de Buenaventura. Medellín, Colombia. [nanimc@gmail.com](mailto:nanimc@gmail.com)

**Introducción y objetivo.** En los niños con tuberculosis pulmonar es difícil lograr confirmación bacteriológica. Los especímenes alternativos al aspirado gástrico, como el esputo inducido y la cuerda, han probado ser útiles en los pacientes paucibacilares. El objetivo de este estudio fue comparar el rendimiento, en forma individual y en combinación, del aspirado gástrico, el esputo inducido y la cuerda, para determinar la estrategia óptima de recolección que permita confirmar la tuberculosis pulmonar en niños.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio comparativo, prospectivo, en los hospitales de Buenaventura y Medellín de marzo de 2009 a abril de 2011, que incluyó 245 niños menores de 15 años con sospecha de tuberculosis pulmonar. Se siguieron dos procedimientos: cuerda-sonda nasogástrica, con el aspirado gástrico y la cuerda como especímenes, y la inducción de esputo. Cada muestra se cultivó en medio Lowenstein-Jensen y se procesó en MGIT. Se comparó el rendimiento bacteriológico y su asociación con la presencia de hallazgos clínicos específicos.

**Resultados.** Se aisló *Mycobacterium tuberculosis* en 11,4 % (28/245) de los pacientes en una o más muestras. El mayor rendimiento lo obtuvo la inducción de esputo (22/28), seguido por el aspirado gástrico (20/28) y la cuerda (17/28). La combinación de aspirado gástrico e inducción de esputo identificó 26 de 28 pacientes, seguida por inducción de esputo y cuerda (24/28) y aspirado gástrico e inducción de esputo (23/28). Sin embargo, ninguna de las diferencias fue estadísticamente significativa. El aislamiento de *M. tuberculosis* se asoció positivamente con una prueba de tuberculina positiva (OR=3,4; IC<sub>95%</sub> 0,99-11,69; p=0,039), rayos X indicativos de tuberculosis intratorácica (OR=2,36; IC<sub>95%</sub> 0,96-5,8; p=0,05) especialmente con enfermedad de tipo adulto (OR=36; IC<sub>95%</sub> 3,86-335,31; p<0,001) y tuberculosis miliar (OR=52,08; IC<sub>95%</sub> 2,53-1,06; p<0,001).

**Conclusiones.** La combinación de varios especímenes respiratorios puede aumentar el rendimiento hasta en ~27 %. Aunque el mayor rendimiento se obtuvo con aspirado gástrico e inducción de esputo, no hubo diferencia significativa con el aspirado gástrico y la cuerda, recolectado en un único procedimiento. Los cultivos positivos se asocian con lesiones del parénquima. A pesar de esto, la confirmación de tuberculosis pulmonar en niños es muy limitada.

Financiación de Colciencias (2213-45921559)

#### 278. Evaluación de los métodos de extracción del ADN micobacteriano, sencillos y costo-efectivos para el uso rutinario en laboratorios de escasos recursos

Verónica Gómez Tangarife, Angela María Guzmán, Gloria Isabel Mejía, Diego H Cáceres, Jaime Alberto Robledo, François Rouzaud.

Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Universidad Pontificia Bolivariana (UPB), Medellín, Colombia. [vgomez@cib.org.co](mailto:vgomez@cib.org.co)

**Introducción y objetivo.** El crecimiento lento de algunas micobacterias de interés clínico hace que el aislamiento por los métodos convencionales, la identificación y las pruebas de sensibilidad sean inadecuados cuando se necesita un diagnóstico preciso y urgente para iniciar el tratamiento. Se han desarrollado varios métodos moleculares para la detección directa, caracterización de especie y predicción genotípica de resistencia. Estos métodos –los cuales son confiables– pueden reducir potencialmente el tiempo de diagnóstico de semanas a días. Tanto la complejidad técnica como el alto costo de los equipos e insumos hacen que el uso de la lisis enzimática, detergentes y otros kits comerciales de extracción de ADN sean de difícil acceso en los países de economía emergente. El objetivo de este estudio fue evaluar ocho protocolos de extracción del ADN para la detección directa del ADN micobacteriano usando PCR, con el fin de reducir el número de pasos, costos y riesgo de infección en el laboratorio.

**Materiales y métodos.** Se evaluaron ocho protocolos económicos, rápidos y sencillos para la extracción de ADN a partir de cultivos de *Mycobacterium tuberculosis* y de micobacterias no tuberculosas. Los protocolos evaluados incluyeron diferentes soluciones de lisis (agua, NaCl al 0,85 %, Tritón X100 al 1 % y SDS al 1 %) con sonicación y sin ella. Se cuantificó el ADN y se evaluó su calidad mediante PCR. Los datos se analizaron utilizando el software Prism 5.0®, GraphPad, USA.

**Resultados.** Todos los métodos evaluados, excepto el de SDS al 1 % con sonicación y sin ella, permitieron la obtención de ADN de buena calidad. El método de extracción más efectivo fue el que utilizaba Tritón X100 al 1 % (p<0,05). El costo por extracción osciló entre US\$ 0,11 y US\$ 0,58. El tiempo de desarrollo para la extracción de ADN estuvo entre 11 y 12 minutos.

**Conclusiones.** Considerando la seguridad, bajo costo y buena calidad de ADN, se recomienda el uso de seis protocolos, los cuales pueden ser fácilmente implementados en los laboratorios con recursos limitados, lo que podría contribuir a un mejor manejo de las infecciones por micobacterias.

#### 279. Microbiota del tracto respiratorio en tuberculosis pulmonar: una aproximación utilizando técnicas independientes de cultivo y pirosecuenciación

Luz Elena Botero, Luisa Fernanda Delgado, Ginna Esmeralda Hernández-Neuta, José Ricardo Bustos, Martha Lucía Cepeda, Juan Manuel Anzola, Cesar Augusto Osorio, Jaime Alberto Robledo, Patricia Del Portillo Obando, María Mercedes Zambrano.

Grupo de Bacteriología y Micobacterias - (CIB - UPB), Medellín, Corporación Corpogen, Bogotá. Universidad Pontificia Bolivariana, Medellín, Colombia. [luzelenabp@yahoo.com](mailto:luzelenabp@yahoo.com)

**Introducción y objetivo.** El tracto respiratorio superior alberga microorganismos (microbiota) en relación homeostática que protegen las mucosas de agresores. Cuando se rompe la homeostasis, los patógenos sobrepasan las barreras, se establecen en tejidos y causan enfermedad. Actualmente, no se conoce el papel de la microbiota en los pacientes con tuberculosis. El objetivo del estudio fue caracterizar la microbiota del tracto respiratorio de pacientes con tuberculosis utilizando métodos moleculares independientes del cultivo, y compararla entre enfermos y sanos.

**Materiales y métodos.** Se realizó una prueba piloto analizando muestras nasales y de orofaringe de 6 pacientes con tuberculosis y 6 controles, además, muestra de esputo de pacientes con tuberculosis. Se extrajo ADN genómico, se amplificó la región V1-V2 del 16S ADN r e ITS1 y se desarrolló la pirosecuenciación 454® de Roche. Se analizaron las secuencias V1-V2 utilizando QIIME y se crearon grupos con el 97 % de identidad con UCLUST. Se seleccionaron secuencias representativas de cada OTU y clasificadas taxonómicamente con RDP. Se analizaron con BLAST las secuencias de ITS1 contra el Fungi-GeneBank y los alineamientos con ESPRIT. Se hicieron análisis de riqueza y diversidad con MOTHUR.

**Resultados.** De 825.512 secuencias de la región V1-V2, 561.657 tuvieron calidad óptima, y tamaño promedio de 358 bp. Predominaron los filos Firmicutes, Bacteroidetes, Actinobacteria y Proteobacteria. Para eucariotes, de 783.925 secuencias de ITS1, 319.513 fueron óptimas con tamaño promedio de 209 bp. En muestras nasales dominó el filo Basidiomycota y en orofaringe, Ascomycota (*Candida* spp.).

**Conclusiones.** Los pacientes y los controles tuvieron mayor diversidad en la orofaringe que en el hisopado nasal. Las poblaciones microbianas residentes en las fosas nasales son diferentes a las de la orofaringe, independiente de la condición de paciente o control. Existe diversidad microbiana similar entre el esputo y la orofaringe. Tanto la orofaringe como las fosas nasales albergan comunidades diversas, resultados que se analizarán a fondo en el estudio definitivo.

#### 280. Integración de la filomicobacteriología en el estudio evolutivo de la interacción patógeno-humano, ejemplo de los genes crt

Ana Milena Murillo, Verónica Gómez, Luz Elena Botero, Jaime Robledo, François Rouzaud.

Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Medellín, Colombia. [mileta\\_14@hotmail.com](mailto:mileta_14@hotmail.com)

**Introducción.** Los carotenoides se presentan ampliamente entre las bacterias y desempeñan un papel importante entre otros en la protección contra los efectos nocivos de los rayos ultravioleta del sol. Los genes principalmente responsables de la producción de los carotenoides se agrupan bajo la denominación genérica de los genes *crt*, *crtE*, *crtB*, *crtI* y *crtY*, que codifican la GGPP sintasa, fitoeno sintasa, licopeno sintasa y ciclasa, respectivamente, caracterizados en varias micobacterias.

**Materiales y métodos.** Se analizó la estructura y la secuencia genómica de los genes *crt* de 13 especies de micobacterias, disponibles

en Genbank, así como de nuestros propios datos de secuenciación a partir de aislamientos clínicos. Los análisis filogenéticos y de evolución molecular se hicieron con el programa MEGA 5.

**Resultados.** Un grupo completo y organizado (*cluster*) de 4 genes *crt* es más probable que se encuentre en micobacterias ambientales expuestas a la luz, como *Mycobacterium marinum*, en cuyo caso la función de protección de los carotenoides se puede cumplir. Sin embargo, la colonización de un huésped ha eliminado la necesidad de protección contra la luz en especies como *Mycobacterium bovis* y *Mycobacterium tuberculosis*, las cuales albergan únicamente agrupaciones parciales, lo que sugiere la pérdida de su capacidad de producir el licopeno y algunos de sus precursores.

**Conclusiones.** El desciframiento de la organización genómica de 13 especies de micobacterias ambientales y patógenas en combinación con el análisis filogenético de los genes *crt* realizados con MEGA 5, apoyan la hipótesis de que la capacidad de síntesis de los carotenoides estuvo presente al principio del árbol de la evolución de las micobacterias y que precede a una pérdida progresiva cuando las patógenas empezaron a colonizar sus huéspedes y se trasladaron a sitios sin luz.

### MICOLOGÍA 3

#### 281. Secuenciación y ensamblaje genómico *de novo* de los hongos dimorfos *Emmonsia parva* y *Emmonsia crescens*

Juan E. Gallo, José F. Muñoz, Elizabeth Misas, Emily A. Whiston, John W. Taylor, Juan G. McEwen, Oliver K. Clay.

Unidad de Biología Celular y Molecular, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Medellín. Doctorado en Ciencias Biomédicas, Universidad del Rosario, Instituto de Biología, Bogotá, Colombia. Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Department of Plant and Microbial Biology, University of California, Berkeley, CA, United States. Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud, Universidad del Rosario, Bogotá, Colombia. josefmg@gmail.com

**Introducción.** *Emmonsia parva* y *Emmonsia crescens*, hongos no patógenos en humanos, fueron seleccionados en nuestro grupo para la secuenciación *Next Generation Sequencing* (NGS), con el fin de comparar hongos dimorfos de importancia clínica, como *Paracoccidioides brasiliensis*, *Histoplasma capsulatum*, *Blastomyces dermatitidis* y *Coccidioides* spp., frente a hongos no patógenos estrechamente relacionados con ellos. Para *Emmonsia* spp., el ensamblar millones de secuencias cortas producidas por NGS resultó ser un reto, debido a la gran cantidad de secuencias repetidas o de baja complejidad en sus genomas.

**Objetivo.** Establecer una estrategia para el ensamblaje *de novo* de *E. parva* y *E. crescens*.

**Materiales y métodos.** La secuenciación NGS se realizó con Illumina/Solexa a partir de una librería de insertos de ~650 pb. Se hizo análisis antes del ensamblaje de los *reads* evaluando su calidad, distribución de porcentaje de GC y homología (BLAST/BLAT). El ensamblaje *de novo* se hizo con SOAPdenovo, ABySS y Velvet, y diferentes valores de k. Finalmente, se compararon los resultados estadísticos de ensamblaje, la distribución del porcentaje de GC y la recuperación de los genes por BLAST.

**Resultados.** La secuenciación generó ~26 y ~32 millones de *aired-end reads* de 101 pb para *E. parva* y *E. crescens*, respectivamente. El análisis anterior al ensamblaje produjo la distribución del porcentaje de GC (regiones repetitivas y espacio génico), una calidad satisfactoria de los *reads* en las regiones génicas y la presencia de gran parte de los genes conocidos en el hongo cercano *B. dermatitidis*. El ensamblaje *de novo* evidenció que SOAPdenovo es el programa más adecuado para

*Emmonsia* spp., que se recuperan la gran mayoría de los genes y que las regiones intergénicas repetidas superan el límite de ensamblaje a partir de *reads*.

**Conclusiones.** El tamaño y la calidad actual de las secuencias NGS como Illumina/Solexa son suficientes para ensamblar el espacio génico de los genomas, aun en presencia de cantidades elevadas de ADN repetida. Financiado por Colciencias proyecto N° 221348925460.

#### 282. Criptococosis en niños colombianos, 1997-2011

Jairo Francisco Lizarazo Niño, Patricia Escandón, Clara Inés Agudelo, Elizabeth Castañeda.

Hospital Universitario Erasmo Meoz. Cúcuta. Instituto Nacional de Salud, Grupo Colombiano para el Estudio de la Criptococosis. Bogotá, Colombia. pescandon@ins.gov.co

**Introducción y objetivo.** La criptococosis es menos frecuente en niños que en adultos. En Colombia se está llevando a cabo una encuesta nacional con el fin de proveer un estimativo de la situación real de esta micosis en el país. El objetivo del presente estudio fue analizar los datos de las encuestas de los pacientes menores de 16 años, recibidos entre 1997 y 2011.

**Materiales y métodos.** Se hizo un análisis retrospectivo de las encuestas registradas durante los 15 años de la vigilancia de la criptococosis en Colombia.

**Resultados.** De 1.578 encuestas recibidas, 41 (2,6 %) correspondían a niños, con una edad promedio en el momento del diagnóstico de 8,5±4,1 años; 63,4 % era de sexo masculino. Los niños procedían de Bogotá-Cundinamarca (10), Norte de Santander (7), Antioquia (5), Valle (5), Huila (3), Tolima (3), Risaralda (2), Santander (2), Caquetá (2), Nariño (1) y La Guajira (1). El factor de riesgo prevalente fue la infección por el VIH en 29,3 % de los casos y en 3 la criptococosis definió el sida. Otros factores de riesgo fueron: tumor sólido, 9,7%; enfermedad autoinmune y uso de esteroides, 4,9 %; no se determinó el factor de riesgo en el 56,1 % de los casos. Las manifestaciones clínicas informadas en 29 casos, fueron: cefalea, 75,8 %; fiebre, 69 %; náuseas y vómito, 62,1%; alteraciones mentales, 55,2 %; signos meníngeos, 37,9 %; alteraciones visuales, 27,6 %; convulsiones, 24,1 %; hidrocefalia, 20,7 %; focalización neurológica, 20,7 %, y tos, 10,3 %. El cultivo se realizó en 36 casos, 91,7 % de líquido cefalorraquídeo. De 34 aislamientos, 32 (94,1 %) fueron de *Cryptococcus neoformans* var. *grubii*, 29 patrón molecular VNI y 3 VNII y 2 (5,9 %) de *C. gattii*, patrón molecular VGII.

**Conclusiones.** La vigilancia pasiva realizada por medio de esta encuesta nos permitió estimar que la criptococosis es una enfermedad rara en niños, infectados o no con el VIH y en la mayoría, sin factor de riesgo conocido. Esta situación es similar a la reportada a nivel mundial, con excepción del norte de Brasil donde la criptococosis infantil es frecuentemente diagnosticada.

#### 283. Criptococosis por *Cryptococcus gattii* en Colombia, 1997-2010

Jairo Francisco Lizarazo, Patricia Escandón, Clara Inés Agudelo, Elizabeth Castañeda.

Hospital Universitario Erasmo Meoz. Cúcuta. Instituto Nacional de Salud, Grupo Colombiano para el Estudio de la Criptococosis. Bogotá, Colombia. pescandon@ins.gov.co

**Introducción y objetivo.** En Colombia se está llevando a cabo una encuesta para estimar la situación de la criptococosis. La criptococosis por *Cryptococcus gattii* afecta principalmente a pacientes inmunocompetentes. El objetivo de este estudio fue analizar los datos de criptococosis por *C. gattii* recibidos a través de la encuesta de 1997 a 2010.

**Materiales y métodos.** Se hizo un análisis retrospectivo de las encuestas recibidas con cultivo.

**Resultados.** De 1.207 encuestas analizadas, se encontraron 41 casos de criptococosis por *C. gattii* para una prevalencia de 3,4 %. Los datos demográficos indicaron que 78 % de los pacientes eran hombres; la proporción hombre:mujer fue de 3,6:1. La edad promedio en el momento del diagnóstico fue de 40,9±15,7 años, y 31,7 % de los pacientes eran de Norte de Santander. No se determinó factor de riesgo en 85,4 % de los casos y en 92,3 % eran provenientes de Norte de Santander. La infección por VIH se reportó en 9,8 % y enfermedad autoinmune y esteroides en 2,4 %. Las manifestaciones clínicas en 40 casos fueron: cefalea, 82,5 %; náuseas y vómito, 57,5%; alteraciones mentales, 50%; visión anormal, 42,5%; fiebre, 40%; hipertensión intracraneal con hidrocefalia o sin ella, 35%; signos menígeos, 32,5 %; convulsiones, 15 %; signos neurológicos focales, 17 %, y tos, 10 %. Los rayos X se informaron en 21 (51 %) casos, con anomalías en 33 %. La tomografía de cráneo se realizó en 15 (36,6 %), con anomalías en 66,7 %. El examen directo fue positivo en 97,4 % de los casos. La antigenemia fue positiva en todos los líquidos cefalorraquídeos y en 75 % de los sueros. Se recuperó *C.gattii* en 90,2 % de los líquidos cefalorraquídeos y en 9,8 % de muestras respiratorias. En 38 aislamientos se determinó el serotipo, B en 89,5 % y C en 10,5 %. Los patrones moleculares fueron VGII, 48,8 %; VGIII, 34,2%; VGI, 14,6%, y VGIV, 2,4 %.

**Conclusiones.** La vigilancia pasiva realizada mediante esta encuesta permite estimar que la criptococosis por *C. gattii* tiene una baja prevalencia en Colombia. Sin embargo, el alto número de casos asociados al patrón VGII es de consideración por el potencial de ocasionar brotes.

#### 284. Cuantificación de *Pneumocystis jirovecii* por PCR en tiempo real en lavado broncoalveolar y lavado orofaríngeo: ¿es posible diferenciar entre colonización y enfermedad?

Yudy Aguilar, Zulma Rueda, María Angélica Maya, Cristian Vera Marín, Jenniffer Rodiño, Carlos Muskus, Lázaro Vélez.  
Grupo Investigador de Problemas en Enfermedades Infecciosas- GRIPE, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. clamona@une.net.co

**Introducción.** *Pneumocystis jirovecii* es un hongo que causa neumonía en pacientes con inmunosupresión grave. Su detección se logra por microscopía en muestras representativas del tracto respiratorio bajo, pero las técnicas moleculares han aumentado su sensibilidad lo que permite detectar *P. jirovecii* en muestras menos invasivas, como la del lavado orofaríngeo.

**Objetivo.** Validar una qPCR para la detección y cuantificación de *P. jirovecii* en lavado broncoalveolar y lavado orofaríngeo de pacientes inmunosuprimidos sospechosos de neumocistosis.

**Materiales y métodos.** Se incluyeron 158 pacientes seriamente inmunocomprometidos, sospechosos de neumocistosis de quienes se obtuvieron muestras de lavado broncoalveolar y lavado orofaríngeo. Se detectó *P. jirovecii* por microscopía con inmunofluorescencia directa y azul de O-toluidina. Se diseñó y estandarizó una qPCR con SYBR-green, la cual amplifica un fragmento del gen *mtLSU* de ARNr de *P. jirovecii*. Se compararon los resultados obtenidos con la microscopía del lavado broncoalveolar y la qPCR, y se determinó el punto de corte con la curva ROC.

**Resultados.** De los 158 pacientes incluidos, 25 tenían neumocistosis por microscopía. Todos fueron positivos por qPCR en el lavado broncoalveolar (mediana de punto de corte: 18 RIQ; 16,5-21,6) mientras que en 19/25 se amplificó en su lavado orofaríngeo (mediana de punto de corte: 31 RIQ; 28,2-34,7). De los 133 negativos por coloraciones, 89 fueron positivos por qPCR en lavado broncoalveolar (mediana de punto de corte: 34 RIQ; 30,6-35,5) y 34 en lavado orofaríngeo (mediana de punto de corte: 33,8 RIQ; 34,1-36,3). En el análisis con la curva ROC usando como punto de corte un valor menor de 27, se encontró una sensibilidad clínica de 100 % y una especificidad de 97,7 % para el diagnóstico de neumocisto-

sis en lavado broncoalveolar. Con un valor menor de 33 como punto de corte en el lavado orofaríngeo, se obtuvo una sensibilidad del 52 % y una especificidad de 97,7 %. Con estos puntos de corte se diagnosticarían 7 pacientes adicionales a los identificados por microscopía.

**Conclusiones.** Esta qPCR permite la detección de *P. jirovecii* en secreciones respiratorias. Su capacidad de cuantificar permite determinar puntos de corte en el lavado broncoalveolar que diferencien pacientes colonizados de pacientes enfermos con buena sensibilidad y especificidad, identificando así casos adicionales de neumocistosis. No ocurre lo mismo en el lavado orofaríngeo.

### RESISTENCIA BACTERIANA 3

#### 285. Tendencia de la resistencia a carbapenémicos en aislamientos de *Klebsiella pneumoniae* en pacientes críticos de hospitales colombianos, 2008-2011

Jorge Alberto Cortés, María Victoria Ovalle, Aura Lucía Leal, Andrés Meneses.  
Universidad Nacional de Colombia, Grupo GREBO. Bogotá, Colombia. jorgecortes@yahoo.com

**Introducción y objetivo.** En Colombia se ha identificado la resistencia a los carbapenémicos en aislamientos de *Klebsiella pneumoniae*. El objetivo fue describir la tendencia de esta resistencia en los aislamientos de *K. pneumoniae* de las unidades de cuidados intensivos de los hospitales de la red GREBO en Colombia entre 2008 y 2011.

**Materiales y métodos.** En una red de de vigilancia por laboratorio con 38 hospitales de tercer nivel, se obtuvo la información de aislamientos de *K. pneumoniae* en pacientes en las unidades de cuidados intensivos, identificadas en hemocultivos y su perfil de resistencia. Se calculó la tendencia de resistentes a los carbapenémicos (meropenem, imipenem o ertapenem).

**Resultados.** En el periodo de observación se identificaron 1.923 pacientes con bacteriemia por *K. pneumoniae*. La tasa de resistencia en 2008, 2009, 2010 y 2011 fue de 3,1 %, 8,6 %, 10,5 % y 9,2 % para meropenem y de 2,4 %, 9,2 %, 11,4 % y 9,1 % para imipenem. Las tasas de resistencia fueron más elevadas para ertapenem en todos los periodos (aunque el número de aislamientos probados fue menor). La tasa de resistencia en los aislamientos resistentes a los carbapenémicos fue mayor de 95 % frente a las cefalosporinas de tercera o cuarta generación, mayor de 90 % en amicacina y con resistencias variables a quinolonas y gentamicina.

**Conclusiones.** Los aislamientos de *K. pneumoniae* resistente a los carbapenémicos han incrementado su frecuencia en los últimos años con un perfil de multiresistencia.

#### 286. Distribución de los principales elementos genéticos móviles en los aislamientos de *Streptococcus pneumoniae* resistentes a los macrólidos en Colombia

Viviana Ramos Rueda, Carolina Duarte Valderrama, Jaime Moreno Castañeda.  
Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia. vramos@ins.gov.co

**Introducción y objetivo.** La resistencia a los macrólidos se ha incrementado en los aislamientos clínicos de *Streptococcus pneumoniae* y se ha asociado con la presencia de elementos genéticos móviles. El objetivo de este estudio fue determinar la distribución de los principales elementos genéticos móviles en los aislamientos invasivos de *S. pneumoniae* resistentes a los macrólidos en Colombia de 1994 a 2009.

**Materiales y métodos.** Se analizaron 156 aislamientos de *S. pneumoniae* resistentes a los macrólidos. Los aislamientos contaban con datos epidemiológicos, serotipo, los patrones de sensibilidad antimicrobiana y los fenotipos de eritromicina-clindamicina por la técnica

del doble disco. La presencia de transposones se determinó por PCR múltiple para identificar los genes: *tetM*, *cat*, *Aph3-III*, *int-Tn916*, *xis-Tn916*, *tnpA-Tn917*, *tnpR-Tn917*, *int-Tn5252*, *ermB*, *mefA* y *mefE*, y se realizó PFGE a 108 aislamientos.

**Resultados.** La prevalencia de resistencia a los macrólidos fue de 4,4 %. Los fenotipos cMLSB, iMLSB y M se observaron en 61,8 %, 2,5 % y 35,7 % de los aislamientos, respectivamente. Los serotipos más comunes observados fueron 6B (33,1 %), 6A (17,3 %), 14 (15,3 %), 19A (9,5 %) y 19F (7,6 %). Los elementos genéticos móviles más frecuentes fueron: el elemento mega (23,7 %) asociado al serotipo 6A, el transposón Tn5253 (23,7 %) hallado, principalmente, en aislamientos con serotipo 6B, de los cuales, 65 % se asociaron con el clon Spain6B-ST90, el transposón Tn3872 (10,9 %), relacionado con los tipos capsulares 6B y 14, y el transposón Tn1545 (8,3 %), especialmente con aislamientos serotipo 19A. Otros siete transposones (33,4 %) identificados se asociaron con diferentes serotipos.

**Conclusiones.** Los principales elementos genéticos móviles asociados a la resistencia a la eritromicina en aislamientos de *S. pneumoniae* estudiados de Colombia son el transposón Tn5253 y el elemento mega. La presencia de transposones se asocia con el fenotipo cMLSB y con multiresistencia antimicrobiana.

#### 287. Suceptibilidad antimicrobiana de bacterias anaerobias por el método dilución en agar

Diana Y. Molina, Cecilia M. Martínez, Juan Carlos Cataño, Patricia M. Sierra, Margarita María Correa, Clara Lina Salazar. Grupo de Investigación en Bacterias Anaerobias y Aerobias de importancia clínica (GIBAA), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. IPS Universitaria-Clínica León XIII. Fundación Antioqueña de Infectología. Medellín, Colombia. [clarlin27@gmail.com](mailto:clarlin27@gmail.com)

**Introducción.** La resistencia entre bacterias anaerobias ha incrementado en los años recientes en Europa y en Estados Unidos; en nuestro medio se desconoce su frecuencia y el impacto, enmascarado en parte por el uso de antibióticos de amplio espectro.

**Materiales y métodos.** Se analizaron 36 cepas aisladas de pacientes hospitalizados en la IPS Universitaria, Clínica León XIII, en los años 2010 y 2011. Se realizó determinación de la concentración inhibitoria mínima (CIM) a metronidazol, clindamicina, amoxicilina, ampicilina-sulbactam y piperacilina-tazobactam mediante la técnica dilución en agar descrita en el documento M11-A7 de 2007 del *Clinical and Laboratory Standard Institute* (CLSI). La categorización de la sensibilidad se basó en los puntos de corte establecidos en el documento M100S22-2012 del CLSI. También se determinó prueba de betalactamasas.

**Resultados.** El 61,1 % (22/36) de las cepas fueron de *Bacteroides fragilis*; 11,1 % (4/36) *Prevotella* spp.; *Fusobacterium necrophorum*, 8,3 % (3/36); *Fusobacterium mortiferum*, 5,5 % (2/36); *Clostridium* spp., 5,5 % (2/36), y cocos Gram positivos, 8,3 % (3/36). La resistencia de *B. fragilis* a metronidazol fue de 18 % (4/22); a clindamicina de 13,6 % (3/22); el 100% fue resistente a amoxicilina y positivo a betalactamasas; la resistencia a ampicilina-sulbactam y piperacilina-tazobactam fue de 9,1 % (2/22). Solo una cepa de *Prevotella* spp. fue resistente a un único antibiótico, clindamicina. Para *F. necrophorum*, una cepa (33,3 %) fue resistente a metronida-

zol (CIM<sub>50</sub> > 256 µg/ml) y a amoxicilina (CIM<sub>50</sub> = 8 µg/ml). Otra cepa de *F. necrophorum* fue resistente solo a amoxicilina (CIM<sub>50</sub> = 32 µg/ml). Todos la cepas de *F. mortiferum* (n=2) solo fueron resistentes a amoxicilina. Solo una de de *Clostridium* spp. fue resistente a amoxicilina (CIM<sub>50</sub> = 16 µg/ml) y a metronidazol (CIM<sub>50</sub> > 256 µg/ml). Las cepas de cocos Gram positivos (n=2) solo fueron resistentes a clindamicina.

**Conclusiones.** Similar a lo reportado en la literatura científica, *B. fragilis* presenta significativa resistencia a metronidazol y clindamicina. La resistencia de *B. fragilis* a amoxicilina permite explicarse por la producción de betalactamasas. La resistencia global a clindamicina fue de 38,8 %, superior que para metronidazol (13 %).

#### 288. Emergencia de fenotipos multiresistentes en Enterobacteriaceae causantes de infección del tracto urinario de inicio comunitario en hospitales de Colombia

Gerson Arias, Jorge Alberto Cortés, Aura Lucía Leal, Giacarlo Buitrago, María Victoria Ovalle, Sandra Yamile Saavedra, Betty Castro, Javier Antonio Escobar. Universidad Nacional de Colombia, Laboratorio de Genética Bacteriana- Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia. [gmahler@gmail.com](mailto:gmahler@gmail.com)

**Introducción y objetivo.** La infección de las vías urinarias es una enfermedad frecuente, de gran preocupación por la resistencia creciente de los microorganismos causantes frente a los antibióticos de primera línea y la aparición en la comunidad de cepas multiresistentes productoras de betalactamasas de espectro extendido. El objetivo del presente estudio fue determinar los perfiles de sensibilidad a los principales agentes antimicrobianos utilizados en el manejo de las infecciones urinarias de inicio en la comunidad, caracterizarlas molecularmente y describir los factores de riesgo asociados a la presencia de multiresistencia.

**Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio observacional prospectivo de 12 meses, en 9 hospitales de Colombia. Se analizaron aislamientos de *Escherichia coli*, *Klebsiella* spp. y *Proteus* spp. de pacientes con infección de las vías urinarias de inicio comunitario. Se determinó la presencia de betalactamasas de espectro extendido, AmpC y KPC, por métodos microbiológicos y moleculares. Se establecieron factores relacionados con la aparición de estos mecanismos de la resistencia.

**Resultados.** Se recolectaron 325 aislamientos (287 de *E. coli*, 29 de *Klebsiella* spp. y 9 de *Proteus* spp). Las morbilidades asociadas más frecuentes fueron: hipertensión arterial (n=82; 25,2 %) y diabetes mellitus (n=68; 20,9 %). Se encontró consumo previo de antibióticos en 23 % y antecedentes de previa infección de las vías urinarias en 29 %. La resistencia a las cefalosporinas de tercera y cuarta generación varió entre 3,4 y 6,3 % para *E. coli*, y entre 3,4 y 17,2 % para *K. pneumoniae*. Se detectó CTX-M-15 en 7 aislamientos de *E. coli* (2,4 %), 4 pertenecientes al clon ST131. En *K. pneumoniae* se detectaron 3 aislamientos positivos para KPC-3 (10,3 %).

**Conclusiones.** Se confirma la emergencia de enterobacterias multiresistentes como causa de infección de las vías urinarias de origen comunitario. Se resalta la circulación en Colombia del clon ST 131 y carbapenemasas de tipo KPC en pacientes por fuera del ambiente hospitalario.