

PRESENTACIÓN ORAL

VIH

1. Prevalencia de coinfección VIH/Hepatitis c y correlaciones de riesgo de inyección en personas que se inyectan drogas en Colombia.

Toro-Tobón D, Berbesi D, Segura A, Montoya L.
Universidad CES. davidtorot@outlook.com

Introducción. Colombia reporta un crecimiento exponencial de personas que se inyectan drogas (PQID) en las últimas dos décadas. Aunque la principal carga de enfermedad en las PQID es atribuida a infecciones virales, no se conoce la situación de coinfección VIH/hepatitis C (vhc) en PQID en el país. **Objetivo:** Determinar prevalencia, características demográficas y conductas de inyección de las PQID con coinfección VIH/vhc en Colombia.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio transversal, 1123 PQID fueron reclutados mediante la metodología de respondent driven sampling, en cinco ciudades de Colombia en el año 2014; A cada participante se le aplicó una encuesta y se le tomaron pruebas de laboratorio; Para el análisis estadístico se utilizó una regresión logística multinomial.

Resultados. La edad media fue 26,3 (DE: 6,5) años, siendo un 86% hombres. La prevalencia de infección única por VIH o vhc fue 27,6% y de coinfección 3,3%; Se determinó que los PQID con coinfección presentan mayor frecuencia de inyección (RP:3,5), lavado de agujas y jeringas con agua (RP:3,2), paso de mezcla de droga entre jeringas (RP:2,5), inyección en recinto de consumo cerrado (RP:2,4) e inyección por alguien que cobra por inyectar (RP:2,3), siendo estos riesgos estadísticamente superiores a los que presentan los PQID con una sola infección.

Conclusiones. Las PQID con coinfección VIH/vhc en Colombia presentan características demográficas específicas y mayores conductas de riesgo de inyección; Conocer estas diferencias es fundamental para implementar estrategias de control y modificación de comportamientos que eviten la diseminación descontrolada de ambos virus y sus consecuencias asociadas en el país.

2. Estructura de los programas de atención integral en VIH en Colombia – GRUPO VIHCOL.

Arévalo L, Álvarez C, Cheque A, Delgado E, Echeverría L, Galindo J, García J, Gómez D, González C, Lenis W, Mantilla M, Martínez P, Orozco S, Pardo J, Posada M, Santamaría Y, Sussmann O, Uparela G, Valderrama S, Zuluaga I, Mueses H, Martínez E.
Grupo Colombiano VIH (VIHCOL). larevalom@unbosque.edu.co

Introducción. El grupo VIHCOL agrupa centros de atención integral de VIH (CAI) en Colombia con el fin de generar información que describa la epidemiología, se establezcan diagnósticos de atención y oriente políticas de salud. El objetivo de este reporte es caracterizar los centros y realizar un diagnóstico del recurso humano en el año 2015.

Materiales y métodos. La información se recoge mediante planillas acordadas, con datos conglomerados y poblacionales aplicándoseles análisis estadísticos de epidemiología descriptiva por características de edad y sexo y régimen de afiliación.

Resultados. Se incluyeron datos de 17 centros de 10 ciudades y 22492 pacientes, 64.1% del sector contributivo, 34.5% subsidiado y 1.4% de Fuerzas Armadas. Bogotá, Medellín y Cali aportaron 57%, 18% y 18% de los datos, respectivamente. 79.1% son hombres, 50% están entre 15-39 años de edad, 1.1% son 50. La mediana del número de infectólogos y médicos expertos por

CAI es 1 (RIQ: 1-2) y 2 (RIQ: 1-4), respectivamente, con 8 horas (RIQ: 4-17) y 21 horas (RIQ: 20-180) de vinculación mensuales respectivamente; El 97% de los CAI cuentan con enfermeras y trabajadoras sociales, 88% con químicos farmacéuticos y solo el 12% con agentes comunitarios. El diagnóstico se confirma con western blot en 68% de los CAI. Disponen de genotipificación después del primer fracaso el 94% y previo a tratamiento el 32% de los CAI.

Conclusiones. Los CAI del Grupo VIHCOL reportan recurso humano en número acorde a la guía colombiana, pero subóptima en tiempo de vinculación. La adherencia al algoritmo diagnóstico de la guía es baja.

3. Análisis de la población mayor de 50 Años con infección por VIH en el GRUPO VIHCOL, años 2013 a 2015.

Martínez E, Álvarez C, Arévalo L, Cheque A, Delgado E, Echeverría L, Galindo J, García J, Gómez D, González C, Lenis W, Mantilla M, Martínez P, Orozco S, Pardo J, Posada M, Santamaría Y, Sussmann O, Uparela G, Valderrama S, Zuluaga I, Mueses H.
Grupo Colombiano VIH (VIHCOL). larevalom@unbosque.edu.co

Introducción. El grupo VIHCOL es conformado por 17 centros de atención integral (CAI) de VIH de Colombia. El objetivo de este trabajo es analizar las características de presentación al diagnóstico, tratamiento y éxito virológico en los pacientes >50 años

Materiales y métodos. Se analizan comparativamente pacientes >50 a. y 15-49 a. las variables del estadio inmunológico al ingreso, el primer tratamiento antirretroviral (pTAR) y el éxito virológico (carga viral <50 copias/mL), en los años 2013 al 2015.

Resultados. En los años 2013, 2014 y 2015 ingresaron 128 (11.5%), 251 (14.4%) y 372 (13.4%) pacientes con diagnóstico nuevo >50 a., respectivamente. La proporción de pacientes >50 a. con CD4<200 y <350 al ingreso fueron en el 2013, 32.8 y 63.3%, en el 2014, 42.2 y 63.7% y en el 2015, 36 y 59.7%. Efavirenz en pTAR aumentó progresivamente en >50 a.: 45,5% en 2013, 60,2% en 2014 y 69,6% en 2015; ZDV/3TC fue la combinación de análogos más frecuente en el 2013 (36,4%) y 2015 (57,5%), en contraste con TDF/(3TC ó FTC) en el 2014 (39.1%). Las tasas de éxito virológico en >50 a. activos en TAR fueron 80,5%, 80,2% y 80,4% en cada año (p<0,05 cada año). La población >50 a. tuvo presentación inmunológica más tardía, pero con supresión virológica significativamente superior que los <50 a., (p<0,05 cada año).

Conclusiones. El diagnóstico y acceso a TAR son más tardíos en la población >50 a. en el Grupo VIHCOL, pero con mejor respuesta al tratamiento. Deben diseñarse estrategias para identificar más tempranamente este grupo etario de riesgo.

4. Estudio descriptivo de infecciones oportunistas en una cohorte de pacientes con VIH en Bogotá.

Motta D, Soto M, Ruiz R, Segura S, Valderrama S.
Pontificia Universidad Javeriana. Hospital Universitario San Ignacio. daniel_motta94@hotmail.com

Introducción. La infección por VIH está asociada a múltiples infecciones oportunistas dada su fisiopatología, haciendo relevante conocer las características epidemiológicas de las mismas.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo de la base de datos de historias clínicas de 1109 pacientes con infección por VIH que asistieron a un hospital de cuarto nivel en Bogotá, entre el 2004 y 2015. Se describieron las características demográficas y las infecciones oportunistas asociadas a la infección por VIH.

Resultados. De los 1109 pacientes con infección por VIH en el periodo 2004-2015, 408 pacientes (36,8%) presentaron infecciones oportunistas. De estos, el 88,7% fueron hombres. La mediana de edad fue 45 años (rangos P25: 37 años, P75: 50 años). 60,5% de los pacientes tuvo una única infección, 25% tuvo dos infecciones y 14,5% tuvo 3 o más infecciones. 68,6% de los pacientes se encontraban en estadio 3 al momento de su diagnóstico. Se registraron 661 infecciones oportunistas, siendo las más frecuentes: herpes zóster 22,4%, *Toxoplasma* 14,5%, tuberculosis 12,7%, *Candida* 12,7%, *Pneumocystis* 10,6%, papilomavirus 7,8%, *Cryptococcus* 6,8% y citomegalovirus 6,5% e histoplasmosis 1,4%. La mortalidad de esta subpoblación fue del 3,2% en el seguimiento a 11 años.

Conclusiones. Similar a lo reportado en la literatura las infecciones en sistema nervioso central y pulmonar fueron las más frecuentes. La histoplasmosis fue menos frecuente que en otras regiones del país así como las infecciones bacterianas comparadas a cohortes internacionales. Se debe enfatizar en la importancia de realizar tamización para VIH en pacientes jóvenes con herpes zóster.

5. Lower immune activation, potent cytotoxic responses and preserved balance between Tregs and Th17 profiles characterize the mucosal tissue of HIV-controllers.

Taborda N, González S, Correa L, Castro G, Hernández J, Rugeles M. *Grupo Immunovirología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia. Grupo de Investigaciones Biomédicas, Uniremington. Sección de Dermatología, Departamento de Medicina Interna, Universidad de Antioquia. Laboratorio Clínico VID. Grupo Infettare, Universidad Cooperativa de Colombia. Medellín. nataliataborda@gmail.com*

Introduction. Immune characterization of gut-associated-lymphoid-tissue (GALT), the major target of infection, has not been thoroughly explored in HIV-controllers. This study evaluated immune factors associated with viral control in GALT tissue.

Materials and methods. Descriptive study, including the following infected individuals without antiretrovirals: i) HIV-controllers: 15 individuals who exhibited control of viral replication (<2000 copies/mL), at least for one year and ii) HIV-progressors: 15 patients with viral load between 10.000-100.000 copies/mL. GALT tissue from all participants was obtained by rectosigmoidoscopy. Flow cytometry was used to determine the frequency, phenotype and cytotoxic activity of T and NK-cells; expression of transcription factors was evaluated by real time PCR; microbial translocation was determined by a colorimetric test.

Results. HIV-controllers had higher frequency of CD4+ T and NK-cells, and decreased expression of activation markers on these cells. Interestingly, HIV-controllers exhibited a particular activation phenotype, previously associated with enhanced viral control, with predominance of T-cells expressing HLA-DR but not CD38. Furthermore, a positive correlation of this phenotype with Foxp3 and RORγT suggested the role of Treg and Th17-cells in controlling activation and in maintaining the mucosal integrity, since the microbial translocation was also lower in HIV-controllers. Finally, an increased production of cytotoxic molecules by CD8+ T-cells was observed in these individuals.

Conclusions. Our findings suggest that predominance of HLA-DR+ T-cells, along with lower immune activation, potent cytotoxic responses, and higher expression of transcription factors required for the development of Treg and Th17 cells are associated with better viral control and mucosal integrity.

6. Características demográficas e inmunológicas de los pacientes >15 años de los centros de atención integral en Colombia en los años 2013 a 2015 – GRUPO VIHCOL.

Mantilla M, Álvarez C, Arévalo L, Cheque A, Delgado E, Echeverría L, Galindo J, García J, Gómez D, González C, Lenis W, Martínez P, Orozco S, Pardo J, Posada M, Santamaría Y, Sussmann O, Uparela G, Valderrama S, Zuluaga I, Mueses H, Martínez E. *Grupo Colombiano VIH (VIHCOL). larevalom@unbosque.edu.co*

Introducción. El grupo VIHCOL es integrado por 17 centros de atención integral de VIH (CAI) de Colombia. El objetivo de este trabajo es presentar las características demográficas e inmunológicas de los pacientes atendidos en los CAI del Grupo.

Materiales y métodos. Se caracterizaron por edad, sexo y régimen de afiliación las variables en la población de pacientes >15 años, activos o no en TAR, estadio clínico según categoría CDC y recuento de linfocitos CD4+ (CD4) de los pacientes nuevos por año de cohorte 2013 al 2015.

Resultados. A diciembre 31 del 2015, de 22.492 pacientes de 17 CAI en 10 ciudades, 79% fueron hombres (relación H:M = 3,6:1), 64% del régimen contributivo, 34% subsidiado y 2% Fuerzas Armadas; 56% entre 30-50 años de edad y 95% estaban activos en TAR. De los pacientes nuevos, el 86% fueron <50 años y 27% ingresaron en estadio 3 de CDC (H:27% y M:32%), 23% para el régimen contributivo, 36% subsidiado y 48% Fuerzas Armadas. El 28% ingresaron con CD4<200 (H; 25%, M; 31%), 40% en el régimen subsidiado vs 22% en contributivo. El 27% de los pacientes nuevos reportaron CD4 >500 (H:22%, M:28%), con 31% en el régimen contributivo y 17% en el subsidiado. Se presentaron tendencias entre los años 2013, 2014 y 2015.

Conclusiones. En Colombia, los hombres con VIH acceden más a TAR, a una edad más temprana y con menor deterioro clínico e inmunológico que las mujeres. Los pacientes del régimen subsidiado y Fuerzas Armadas se presentaron más tardíamente.

7. Eficacia virológica en los pacientes tratados con VIH en los centros de atención integral de Colombia - GRUPO VIHCOL.

Sussmann O, Alvarez C, Arévalo L, Cheque A, Delgado E, Echeverría L, Galindo J, García J, Gómez D, González C, Lenis W, Mantilla M, Martínez P, Orozco S, Pardo J, Posada M, Santamaría Y, Uparela G, Valderrama S, Zuluaga I, Mueses H, Martínez E. *Grupo Colombiano VIH (VIHCOL). larevalom@unbosque.edu.co*

Introducción. El grupo VIHCOL es integrado por 17 centros de atención integral (CAI) de VIH de Colombia. Poco es conocido de la eficacia virológica de los pacientes en tratamiento antirretroviral (TAR), o "último 90" de acuerdo a la cascada de cuidado de ONUSIDA (<50 copias/mL). El objetivo del presente trabajo es evaluar la respuesta virológica de los pacientes de los CAI del Grupo VIHCOL.

Materiales y métodos. Se registraron las cargas virales (CV) de los pacientes >15 a., activos en cualquier TAR por al menos un año en los centros de atención integral (CAI) del Grupo VIHCOL de los años 2013, 2014 y 2015, coincidiendo con los puntos de corte de la CAC, analizándolos por variables de sexo, edad y régimen de afiliación.

Resultados. Se reportaron 11481 (H: 76.7%), 14244 (H:77.2%) y 10680 (H: 80.6%) pacientes para los años 2013, 2014 y 2015, respectivamente, con resultados globales de supresión virológica (CV <50 copias/mL) en 73,1% (IC=72.3-74.0%), 72,7% (IC=71.9-73.4%) y 72,4% (IC= 71.6-73.2%) para los mismos años, con tasas significativamente mayores para los hombres, régimen contributivo y >50 a., en los 3 años. La proporción de CV <1000 copias no alcanzó el 90% en los años evaluados. Se presentarán datos de subgrupos por edad, sexo, ciudad y régimen para cada año.

Conclusiones. Colombia, de acuerdo a los resultados del Grupo VIHCOL, no cumple aún la meta del "último 90" de ONUSIDA, con desafíos mayores para el éxito virológico en mujeres, régimen subsidiado y en <50 a.

8. Descripción de la mortalidad en pacientes que viven con el virus de inmunodeficiencia humana (VIH) pertenecientes al programa de atención integral, CEPAIN, en Bogotá - Colombia entre los años 2008 a 2013.

Castañeda C, Arévalo L, Sánchez A, Mantilla M, Cantor L, Moscoso S, Acosta A, Maciado O. *Centro de Expertos para Atención Integral. CEPAIN IPS. larevalom79@hotmail.com*

Introducción. En Bogotá la mortalidad por SIDA ha disminuido, de 420 casos en 2006 a 322 en 2011, para 2014 la tasa de mortalidad por VIH/Sida fue de 4.71 por 100.000 habitantes, y a nivel mundial 1,2 millones de personas murieron como consecuencia de enfermedades relacionadas con el Sida. Se investigó el comportamiento de la mortalidad de los pacientes inscritos dentro del programa de atención a personas viviendo con VIH, pertenecientes al Centro de Expertos para Atención Integral CEPAIN IPS en la ciudad de Bogotá, Colombia.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo retrospectivo, caracterizando los casos con registros de fallecimiento en certificado de defunción de VIH ocurridos durante el periodo 2008-2013 de la Clínica Jorge Piñeros.

Resultados. Durante el presente estudio se documentó el fallecimiento de 121 personas en cuyo certificado de defunción, se registra como causa de muerte la Infección por VIH. Se encontró una tasa de letalidad de 37 fallecimientos por 1.000 personas diagnosticadas para el periodo de 2008-2013, con una disminución en el tiempo, que inicio con 12,4 en 2008 a.,8 en 2013. 16 personas (13,2%) corresponden a mujeres y 105(86,7%) a hombres. El 81%

de las muertes se concentra entre 21 y 50 años, 31,4% ocurre entre los 31 y 40 años; dentro de las causas de muerte, la Neumonía por *P. jirovecii* ocupa mayor porcentaje con un 17%, seguido por el Linfoma no Hodgkin.

Conclusiones. La falla en adherencia y la consulta tardía, son determinantes principales en que los pacientes tengan que hospitalizarse, y en riesgo de mortalidad asociado a ello.

RESISTENCIA BACTERIANA

9. Tratamiento de la bacteriemia por enterococo resistente a vancomicina con daptomicina vs linezolid: revisión sistemática y metanálisis.

Caicedo E, Méndez Y, Urrutia J, Guio S, Fernández D.
Grupo de Análisis en Resistencia Bacteriana de Boyacá (GRAB).
eyaset@gmail.com

Introducción. En el contexto de la infección por *Enterococcus* resistente a vancomicina (ERV) se emplean fármacos de segunda línea como daptomicina o linezolid, por lo tanto se realizó una revisión sistemática que evaluó el tratamiento de bacteriemia por ERV, con daptomicina y linezolid frente a su mortalidad.

Materiales y métodos. Se realizó una búsqueda electrónica en las bases de datos de Pubmed, Embase, Scopus, ScienceDirect, CENTRAL, Lilacs y Google Académico, para identificar estudios anteriores a julio de 2015 que comparen el tratamiento con Daptomicina o Linezolid en el contexto del paciente infectado por ERV.

Resultados. Se incluyeron 15 estudios de 1307 registros. No hubo diferencias entre daptomicina y linezolid con respecto a la mortalidad a 30 días o sin restricción de tiempo. La daptomicina presentó control microbiológico de manera más temprana (OR 0,64 IC95% 0,45-0,92), mientras que no hubo diferencias entre los dos antibióticos en cuanto a mejoría clínica, necesidad de admisión en UCI ni en la aparición de efectos adversos como trombocitopenia, neutropenia e insuficiencia renal.

Conclusiones. No hay diferencias entre daptomicina y linezolid en la terapéutica frente a su mortalidad del paciente infectado por ERV, aunque la daptomicina presentó una cura microbiológica más rápida.

10. Emergencia de clones diversos de *Klebsiella pneumoniae* productoras de KPC con características clínicas y moleculares particulares que desplazan al clon epidémico GC258 en Medellín.

Ocampo A, Chen L, Cienfuegos A, Roncancio G, Kreiswirth B, Jiménez J.
Universidad de Antioquia. Public Health Research Institute Center; New Jersey Medical School – Rutgers University. Clínica Cardio VID.
anamariaocamporios@gmail.com

Introducción. La diseminación mundial de *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos (CR-Kp) se ha asociado con el clon ST258 y sus variantes relacionadas (Grupo clonal -CG258). Este trabajo se propone describir la epidemiología molecular de CR-Kp en cinco hospitales de alta complejidad de Medellín.

Materiales y métodos. Se incluyeron todos los pacientes infectados por CR-Kp entre 2012 y 2014 (n=193). Se recolectaron características clínicas de los pacientes, se realizó detección de carbapenemasas por PCR y tipificación molecular mediante PCR en tiempo real específica para detectar el CG258, PFGE y MLST.

Resultados. De manera interesante, 62,2% (n=120) de los aislamientos pertenecieron a ST no relacionados con el CG258 (NO-CG258). KPC-3 predominó en los aislados del CG258 (86.3%), mientras que KPC-2 predominó en NO-CG258 (75.5%) (p<0,001). El CG258 presentó mayor multiresistencia (91,4% vs. 56,1%, p<0,001). Dentro de este grupo, el ST512 fue el más relevante (96.3%), mostrando pulsotipos estrechamente relacionados y genes de resistencia similares, lo que sugiere la propagación clonal de esta cepa. En contraste, dentro de los NO-CG258 se observó una alta heterogeneidad de ST (34/54), incluyendo ocho ST nuevos. Entre los NO-CG258, los ST14 (13.3%, n=16) y ST307 (14.2%, n=17) fueron los más frecuentes, y mostraron características moleculares y clínicas distintas a las encontradas en el CG258.

Conclusiones. Los resultados sugieren que la diseminación de la resistencia en Medellín se debe principalmente a clones heterogéneos de CR-Kp, probablemente como resultado del ingreso de KPC en diferentes linajes no relacionados, lo cual favorece la endemicidad y representa un desafío para el control de la resistencia.

11. Evaluación de métodos de screening chrom ID CARBA® (bioMérieux), HB&L carbapenemase kit® (Alifax) y Xpert Carba-R® (Cepheid) para detección de microorganismos productores de carbapenemasas.

Josa, D. Bustos, I. Torres, I.
Fundación Clínica Shaio. diego.josa@shaio.org

Introducción. Los microorganismos productores de carbapenemasas han tomado gran importancia a nivel mundial, haciendo necesario implementar test rápidos para su detección oportuna. Nuestro objetivo fue evaluar metodologías para el screening de bacterias productoras de carbapenemasas en hisopados rectales.

Materiales y métodos. Estudio observacional prospectivo de cohortes. Se evaluaron 73 hisopados rectales por tres metodologías: 1a, ChromID CARBA®; 2a, HB&L Carbapenemase® y 3a, Xpert Carba-R®. Se realizó identificación y susceptibilidad por sistemas automatizados y pruebas de test de Hodge, ácido borónico y EDTA.

Resultados. Método 1 detectó 20/73 (27,4%) muestras positivas y 5 falsos positivos (6,9%), con índice de concordancia de 93,2%, sensibilidad del 100% y especificidad del 90%. Es de fácil procesamiento, bajo costo, brinda identificación presuntiva, pero requiere de 24 a 36 horas. Por el método 2 se detectaron 17/73 (23, 3%) muestras positivas y 3 falsos negativos (4,1%). La sensibilidad y especificidad fue del 85% y 100% respectivamente, con índice de concordancia del 95,9%; es de bajo costo y arroja resultados en 6 horas. Por el método 3, se detectó 19/33 (57,5%) muestras positivas y 1 falso negativo (3,1%), con sensibilidad del 95%, especificidad del 100%, e índice de concordancia del 97%. Es muy rápido (1 hora), de fácil montaje y detecta genes específicos, pero es de costo elevado y no permite identificar el microorganismo.

Conclusiones. Existe amplia variedad de metodologías para búsqueda y detección rápida de microorganismos productores de carbapenemasas. La escogencia del método debe tener como requisito que ofrezca una buena sensibilidad, rapidez y sea costoefectivo.

12. Detección de genes de resistencia que codifican para carbapenemasas en enterobacterias, a partir de hisopados rectales mediante PCR en tiempo real con Xpert® CARBA-R.

Suarez C. Guarín N.
Fundación Valle del Lili. carolinasuag@gmail.com

Introducción. La detección correcta y rápida de bacterias multiresistentes permite limitar su diseminación en pacientes hospitalizados, aplicando oportunas medidas de aislamiento. Para evaluar el desempeño de Xpert® CARBA-R (Cepheid) comparado con cromoagar chromoID™CARBA (bioMérieux) para la detección de bacterias resistentes a carbapenems en pacientes que ingresan a Fundación Valle del Lili (FVL), se realizó un estudio de concordancia.

Materiales y métodos. Se evaluaron 44 hisopados rectales de pacientes entre diciembre 2014 y noviembre 2015 y siete cepas de referencia portadoras de carbapenemasas. Todas las muestras se sembraron en MacConkey (bioMérieux) y cromoagar a 37°C sin CO₂ y se incubaron en promedio 26 horas; paralelamente se evaluaron con Xpert®CARBA-R los genes blaKPC, blaNDM, blaVIM, blaIMP-1 y blaOXA-48. Las discrepancias se resolvieron con qPCR (CFX96 real-time PCR detection system (Bio-Rad)). Se realizó estadística descriptiva y concordancia con el test kappa de Cohen.

Resultados. Xpert®CARBA-R identificó al menos un gen de resistencia en 43% (19/44) de las muestras y cromoagar identificó resistencia en 45% (20/44). *K. pneumoniae* y blaKPC fueron la bacteria y el gen de resistencia más frecuentes. Hubo 5 resultados discrepantes con una concordancia entre Xpert®CARBA-R y cromoagar de 80% (IC 95% 0.5 - 1.0); tres de las discrepancias se resolvieron a favor de cromoagar y dos a favor de Xpert®CARBA-R.

Conclusiones. Xpert® CARBA-R mostró resultados comparables con chromoID™CARBA detectando enterobacterias con capacidad de resistencia a carbapenems. El proceso es menos laborioso, con menor tiempo bacteriólogo. El tiempo de respuesta se redujo de 26 a una hora, lo cual evita aislamientos innecesarios y disminuye costos de hospitalización.

13. Factores de riesgo para la adquisición de infección por *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos y a Colistina en hospitales de alto nivel de complejidad de Medellín.

Cienfuegos A, Ocampo A, Higuaita L, Jiménez N.
Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada; Universidad de Antioquia. vanessa.cienfuegos@gmail.com

Introducción. La Colistina es la última opción terapéutica para infecciones por bacterias resistentes a carbapenémicos. El propósito de este trabajo es identificar factores de riesgo para infección por *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos (KRC) y a Colistina (RCol).

Materiales y métodos. Estudio de casos y controles en cuatro hospitales de alta complejidad de Medellín, Junio/2012 a Junio/2014. Los casos fueron pacientes infectados por KRC resistente a Colistina (KRC-RCol) y los controles pacientes infectados por KRC sensible a Colistina (KRC-SCol). Se recolectó información sociodemográfica y antecedentes clínicos. Se realizó MLST y detección del gen plasmídico mcr-1. El análisis bivariado y multivariado se realizó mediante ecuaciones de estimación generalizada.

Resultados. Se analizaron 32 casos y 120 controles. Todos fueron adultos (mediana=54 años, RIC 35–70) y en su mayoría hombres (63,4%). Las infecciones más frecuentes fueron de tracto urinario (28,7%), bacteriemia (23,1%) e intra-abdominal (19,4%). Se encontró alta heterogeneidad de clones en KRC-SCol, mientras que el grupo clonal 258 (GC258) predominó en KRC-RCol (84%). No se detectó mcr-1. Los factores asociados con KRC-RCol fueron infección por GC258 (ORadj=17,5, IC95% 4,9–62,6), uso de Colistina en los últimos seis meses (ORadj=7,2, IC95% 1,10–47,0), mayor tiempo a riesgo (coeficiente adj 0,025, IC95% 0,006–0,044) y ventilación mecánica (ORadj=3,4, IC95% 1,11–10,66).

Conclusiones. La infección por GC258 y el uso previo de Colistina son factores importantes en la adquisición de KRC-CoIR. La resistencia a Colistina en GC258 es preocupante debido a su exitosa diseminación. Los programas de control de infecciones y uso de antibióticos son importantes para prevenir la adquisición de KRC-CoIR.

14. Mortalidad intrahospitalaria asociada a polimixina B en un hospital de tercer nivel, Colombia. 2011-2015.

Barreto J, Osorio J, Gómez C, Ramos J, Samboni C, Candelo L, Álvarez, L. Grupo InfectoControl. jbarretomora@yahoo.es

Introducción. Las polimixinas son antibióticos que previamente entraron en desuso por altas tasas de nefrotoxicidad; retomados nuevamente en infecciones por bacterias gram negativas resistentes a múltiples fármacos (MDR), asociados a altas tasas de mortalidad intrahospitalaria. El objetivo fue determinar factores asociados a mortalidad intrahospitalaria relacionados con el uso de polimixina B en pacientes adultos con infecciones causadas por gram negativos multidrogoresistente.

Materiales y métodos. Estudio observacional, analítico, retrospectivo, tipo cohorte histórica, con análisis de casos y controles anidado, en un Hospital Universitario de tercer nivel (2011-2015), que recibieron polimixina B con terapia combinada intravenosa por más de 48 horas.

Resultados. Se incluyeron 139 pacientes en total. La mortalidad global fue del 40% (54 de 139) $p < 0,001$. La regresión logística final mostró que alguna comorbilidad (OR=5,2; IC 95%: 1,3–19,4), la falla renal (OR=3,2; IC 95%: 1,2–8,2), choque grave o sepsis (OR=5,0; IC 95%: 5,5–40,4) y exposición previa a polimixina B (OR= 6,1; IC 95%: 1,5–25,0) se asocian con una mayor mortalidad intrahospitalaria.

Conclusiones. La mortalidad global fue mayor en pacientes que presentaron falla renal, mostrando asociación la presencia de choque y el uso previo de polimixina B. Dosis mayor de 200 mg/dl día de polimixina B, no se asoció con mortalidad pero sí con presencia de falla renal.

15. Caracterización genómica de aislamientos de *Staphylococcus aureus* con reducida susceptibilidad a la Vancomicina (hVISA), en tres aislamientos de la región Andina.

Berrio M, Porras P, Rincón S, Ardila J, Carvajal L, Ríos R, Reyes J, Díaz L, Arias C. Universidad El Bosque. maritzabp@gmail.com

Introducción. La resistencia intermedia a Vancomicina en *Staphylococcus aureus* (VISA/hVISA), causa gran impacto en salud pública en el mundo. La resistencia en bajos niveles se debe a múltiples cambios genéticos o bioquímicos, la detección y estudio de estos fenotipos ha sido un reto por varios años. El objetivo fue caracterizar genómicamente aislamientos de *S. aureus* con reducida susceptibilidad a Vancomicina.

Materiales y métodos. Se realizó caracterización genómica de tres aislamientos de *S. aureus* de hospitales en Ecuador y Perú confirmados fenotípicamente como hVISA, los cuales fueron obtenidos en un estudio de vigilancia multicéntrico. Se realizó secuenciación de genoma completo en plataforma

illumina (Illumina Inc, San Diego CA), con posterior ensamblaje y anotación genómica. Se realizó tipificación in silico para MLST, Spa y agr. Se estableció presencia de determinantes genéticos de resistencia a antibióticos (genes y mutaciones) y se evaluaron cambios en sistemas regulatorios y genes relacionados con el fenotipo hVISA.

Resultados. Dos aislamientos de Perú presentaron S-T5 y el de Ecuador ST228 (tipos spa t149, t01). Las tres cepas presentaron agr tipo II; se encontraron mutaciones en rpoB, tcaA, walk. El resistoma de estos aislamientos presentó genes de resistencia a aminoglicósidos (aac(6), aph(2')), spc, ant(6)-Ia, macrólidos (ermA) y fluoroquinolonas (norA). Una de las cepas presentó cambios en Walk y RpoB previamente asociados con el fenotipo VISA.

Conclusiones. Es el primer estudio que documenta la caracterización genómica por secuenciación de aislamientos hVISA en estos países, se encontraron mutaciones en genes relacionados previamente a fenotipos hVISA/ VISA. Financiación: Universidad el Bosque.

16. Costos directos asociados a Infecciones de tracto urinario causadas por *K. pneumoniae*, *E. cloacae* y *P. aeruginosa* resistentes a carbapenémicos (KEPRC) en pacientes de una institución de Medellín.

Vargas C, Higueta-Gutiérrez L, Cienfuegos A, Roncancio G, Jiménez J. Universidad de Antioquia. Clínica Cardio VID. carlosvargas1811gesis@gmail.com

Introducción. Las ITU son una de las patologías infecciosas más frecuentes en el ámbito hospitalario que debido a la resistencia bacteriana pueden ser de difícil manejo clínico y ocasionar grandes impactos económicos. El objetivo del estudio fue describir los costos directos médicos asociados a ITU por KEPRC y KEPSC en pacientes de una institución de alto nivel de complejidad de Medellín

Materiales y métodos. Descripción de costos directos médicos desde la perspectiva del tercer pagador. Empleando puntuación de propensión con UCI e Índice de Charlson, se emparejaron los grupos de pacientes con ITU por KEPRC (31) y KEPSC (62). De las historias clínicas se obtuvo la información del proceso de atención y utilizando manuales tarifarios estándar (SISMED e ISS) se calcularon los costos hospitalarios

Resultados. El agente más frecuente fue *K. pneumoniae* con un 51,6% en KEPRC y 80,6% en KEPSC. Los costos de los pacientes con ITU por KEPRC fueron más altos en los primeros 14 días después del diagnóstico, superando los costos de los pacientes con ITU por KEPSC en un 98,3% en los antibióticos, 29,6% en otros medicamentos, 24,8% en imágenes diagnósticas, 39,9% en estancia hospitalaria y 12,6% en los costos generales

Conclusiones. Este estudio evidencia como parte de los costos de los pacientes con ITU por KEPRC recaen principalmente en los antibióticos y otros medicamentos, lo cual enfatiza la importancia de realizar estrategias enfocadas al uso racional de medicamentos en las instituciones de salud.

MICOBACTERIAS

17. Factores asociados al tratamiento no exitoso de la Tuberculosis multi-fármaco-resistente (TB-MDR): experiencia de un programa piloto.

Tobón A, Robledo J, Rueda J, Cáceres D, Mejía G, Montes F, Ospina A, Paniagua L, Fadul S. Corporación para Investigaciones Biológicas. Universidad Pontificia Bolivariana. Hospital La María. Secretaría de Salud de Medellín. Dirección Seccional de Salud de Antioquia. Instituto Nacional de Salud. jrobledo@cib.org.co

Introducción. La TB-MDR se ha convertido en un reto importante para los programas de prevención y control de la enfermedad. El objetivo de este estudio fue describir las características de una cohorte de pacientes tratados para TB-MDR y los factores de riesgo asociados al tratamiento no exitoso.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio de cohorte prospectivo en pacientes diagnosticados con TB-MDR en el programa de la Dirección Seccional de Salud de Antioquia, Hospital La María y la Corporación para Investigaciones Biológicas en Medellín, que recibieron tratamiento en forma programática entre 2010-2015. De acuerdo con el desenlace del tratamiento, los pacientes fueron clasificados como tratamiento exitoso (cura) o no exitoso (abandono, falla, recaída y muerte). La asociación del desenlace con variables de interés fue determinada mediante análisis uni-variados, bi-variados y multivariados.

Resultados. De 128 pacientes con TB-MDR (69% hombres), 77(60%) tuvieron un tratamiento exitoso y 51(40%) tuvieron un tratamiento no exitoso

(21 abandonos, 9 fallas, 1 recaída y 20 muertes). El tratamiento previo irreguloso (RR: 2,54; $p < 0,001$) y la presencia de comorbilidades (VIH y drogadicción) (2,32; $p < 0,001$) fueron más frecuentes en pacientes con tratamiento no exitoso en comparación con los exitosos. Los pacientes con tratamiento no exitoso requirieron mayor tiempo para negativizar los cultivos (RR: 1,92; $p < 0,002$). Durante el tratamiento 6 pacientes desarrollaron TB extremadamente resistente (TB-XDR).

Conclusiones. Un manejo integral y programático del paciente es indispensable para mejorar los niveles de éxito del tratamiento en TB-MDR con una atención particular a los factores que afectan el desenlace del tratamiento.

18. Mutaciones en IFNGR1 e IL12RB1 en pacientes colombianos confieren susceptibilidad mendeliana a infecciones por micobacterias (MSMD).

Arias A, Moncada M, Orrego J, Arango C, Wilches A, Restrepo A, Garcés C, Arango C, González A, Olivares M, Osorio S, Góngora D, González D, Pérez C, Sierra J, Castro L, Trujillo M, Casanova J, Bustamante J, Franco J.

Grupo Inmunodeficiencias Primarias; Universidad de Antioquia. Departamento de Pediatría; Fundación Hospitalaria San Vicente. Departamento de Pediatría; Hospital Pablo Tobón Uribe. Pediatría; Universidad de Sucre. Laboratory of Human Genetics of Infectious Diseases; Paris. Clinical Medicine & Child Health; University of Arizona; Phoenix. Paris Descartes University; Imagine Institute. Medellín. aaugusto.arias@udea.edu.co

Introducción. La susceptibilidad mendeliana a infecciones por micobacterias (MSMD por sus siglas en inglés) se caracteriza por predisposición a infecciones causadas por micobacterias ambientales, bacilo de Calmette-Guérin (BCG) y *Mycobacterium tuberculosis*. Algunos pacientes presentan también infecciones por *Candida* sp, *Salmonella* no tifoidea y otros microorganismos. MSMD es causada por mutaciones en IFNGR1, IFNGR2, STAT1, IL12B, IL12RB1, ISG15, IRF8, NEMO, CYBB y RORC involucrados en la inmunidad dependiente de IL-12/IL-23-IFN γ .

Materiales y métodos. Se revisaron historias clínicas, se obtuvo ADN genómico y células mononucleares de sangre periférica y el análisis genético se realizó mediante aproximación de genes candidatos (método de Sanger) o secuenciación completa del exoma (WES) y análisis bioinformático. Los estudios funcionales incluyeron citometría de flujo de IFNGR1 e IL12RB1 y producción de IFN γ /IL-12 en respuesta a BCG.

Resultados. El paciente 1 (P1) presentó infección diseminada por *M. tuberculosis* mientras los pacientes 2 (P2) y 3 (P3) presentaron infección diseminada por *M. bovis* (BCG) post-vacunal; adicionalmente, P2 presentó infecciones por *Salmonella* y *Klebsiella* y enteropatía e hipogamaglobulinemia severas y P3 Tb pulmonar. Las mutaciones identificadas en los 3 pacientes fueron todas homocigóticas: IFNGR1 en P1 (p.I87T) y en IL12RB1 en P2 y P3 (p.C291Y y p.A589fs, respectivamente). Adicionalmente, los mononucleares de P2 produjeron IFN γ en respuesta a BCG + IL12rh.

Conclusiones. El presente estudio demuestra que aunque las infecciones por determinadas micobacterias son altamente prevalentes en Colombia, en los pacientes con infecciones severas y diseminadas por micobacterias debe evaluarse la posibilidad de MSMD. COLCIENCIAS #111556934990, ECOS-NORD #619-2013.

19. Relaciones filogenéticas entre aislamientos clínicos de *Mycobacterium tuberculosis* farmacorresistentes (TB-MDR) de pacientes provenientes de Medellín.

Realpe, T, Osorio A, Mejía G, Zapata E, Robledo J.
Unidad de Bacteriología y Micobacterias; Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Escuela de Ciencias de la Salud. Universidad Pontificia Bolivariana (UPB). terealpe@gmail.com

Introducción. La TB multifármaco-resistente (TB-MDR) puede comprometer el logro de los nuevos objetivos mundiales propuestos para eliminarla. Con este estudio se genotipificaron aislamientos TB-MDR provenientes de pacientes de Medellín con el fin de inferir dinámicas de transmisión y la posible presencia de brotes.

Materiales y métodos. Se aplicó MIRUS-VNTR (24 loci) para genotipificar 131 aislamientos (diagnóstico y seguimiento) de *M. tuberculosis* farmacorresistente de 63 pacientes con TB-MDR con perfil de susceptibilidad definido. Se determinaron relaciones filogenéticas entre aislamientos de diagnóstico inicial de acuerdo a patrones de resistencia a medicamentos, genotipos y su prevalencia.

Resultados. Los aislamientos obtenidos en el diagnóstico inicial presentaron 39 genotipos diferentes; 57% de aislamientos agrupados (12 grupos conformados por 36 aislamientos) y 43% de patrones únicos (27 aislamientos),

algunos grupos compartían áreas geográficas y patrones de resistencia. La tasa de agrupación fue 0,4, los MIRU-VNTR QUB26 y QUB4156c mostraron mayor diversidad alélica. El linaje predominante fue el cuatro (Euro-Americano) (98%), seguido del tres (Oriente-África-India) (2%). El sublinaje más frecuente fue Haarlem, seguido del LAM, S, X y EAI (51%, 33%, 8%, 6%, 2% respectivamente). Se obtuvo concordancia del 67% entre aislamientos diagnósticos iniciales y seguimientos, se observó 33% de variaciones entre 1 y 13 MIRU-VNTR en diferentes loci. Se encontró un patrón único, posiblemente propio de la región.

Conclusiones. Los resultados indican posible transmisión activa en la comunidad. Adicionalmente, los cambios entre aislamientos de seguimiento sugieren eventos de microevolución, infecciones mixtas o reinfecciones.

20. ¿Es la profilaxis con isoniácida factor de riesgo para posterior resistencia a este fármaco?

Martínez R, Jiménez C, Valencia A.
GRUPO VIHDA. ricardoMartinezg@hotmail.com

Introducción. La profilaxis con isoniácida (INH) es una de las alternativas ante la presencia de infección latente tuberculosa (ILTb) en pacientes inmunocomprometidos, sin embargo el posterior riesgo de resistencia farmacológica puede limitar su uso preventivo. Es objetivo del presente trabajo evaluar la resistencia a INH en pacientes que desarrollan enfermedad tuberculosa (ET) habiendo recibido previamente profilaxis con este fármaco.

Materiales y métodos. Se revisaron pruebas de sensibilidad y resistencia en 54 cultivos positivos para *Mycobacterium Tuberculosis* en pacientes con profilaxis previa con isoniácida atendidos en institución prestadora de salud del eje cafetero.

Resultados. La profilaxis se indicó debido a infección por el VIH, uso crónico de esteroides y prescripción de terapia biológica en 60%, 25% y 15% respectivamente. Todos tenían tuberculina positiva previo a su inicio. El promedio en duración de profilaxis fue 8,9 meses. El tiempo promedio entre el fin de la profilaxis y el diagnóstico de ET fue 21 meses. Resistencia a INH se presentó en 2 pacientes mientras que a INH y rifampicina en 1. Hepatotoxicidad se presentó en 1 de los enfermos.

Conclusiones. Al ser mayor el beneficio aportado en la prevención de ET que el riesgo de toxicidad y resistencia farmacológica, la profilaxis con INH debe de ser considerada en pacientes con presencia de ILTb e inmunocompromiso ante el riesgo de desarrollar ET. Es fundamental antes de su prescripción descartar la presencia de ET para evitar resistencia agregada a monoterapia.

21. Caracterización de aislamientos clínicos de *Mycobacterium tuberculosis* linaje Beijing multi-fármaco-resistentes aislados en Colombia.

Hurtado U, Mejía G, Robledo J, Rouzaud F.
Corporación para Investigaciones Biológicas. uahurtadop@unal.edu.co

Introducción. *Mycobacterium tuberculosis* (MTB) sub-linaje Beijing es el más asociado al desarrollo de resistencia a antibióticos y mayor transmisibilidad dentro de una población, convirtiéndose en problema potencial de salud pública en Colombia. En este estudio se identificó el perfil de susceptibilidad de MTB a medicamentos de primera y segunda línea, y su asociación con características genómicas en tres aislamientos linaje Beijing en Colombia.

Materiales y métodos. Los aislamientos 033-46, 033-2293 y 033-2883 fueron remitidos para identificación de especie y pruebas de sensibilidad a medicamentos a la Corporación para Investigaciones Biológicas. Se realizó spoliotyping para identificar el linaje. Las pruebas de susceptibilidad se hicieron usando el BACTEC MGIT 960. Se realizó extracción de ADN usando el método bromuro cetiltrimetilamonio, posteriormente las muestras fueron enviadas a la Universidad de Colorado-Boulder para la secuenciación del genoma usando tecnología HiSeq2000. Los genes katG, inhA, rpoB, gyrA, gyrB y rrs asociados a resistencia a medicamentos fueron evaluados para la identificación de mutaciones y su asociación con el fenotipo.

Resultados. La genotipificación mostró que los aislamientos pertenecen al linaje Beijing y las pruebas de susceptibilidad los clasificó como aislamientos MDR resistentes a todos los medicamentos de primera y a algunos de segunda línea. Con el análisis genómico se encontraron SNPs asociados con resistencia a rifampicina e isoniazida y medicamentos de segunda línea.

Conclusiones. Aunque Colombia es un país con baja prevalencia de MTB linaje Beijing es necesario hacer seguimiento de este a través de herramientas fenotípicas y genotípicas, debido a su potencial en la diseminación de resistencia y su capacidad de adaptación.

22. Effectiveness of individual rehabilitation program focused on decreased progression of disability in patients with Hansen's disease.

Cardona-Castro N, Serrano-Coll H, Vélez J, Trochez D, Beltrán J, Suanca D. *Instituto Colombiano de Medicina Tropical - Universidad CES. Facultad de Fisioterapia - Universidad CES. Ingeniería Biomédica Escuela de Ingeniería de Antioquia-Universidad CES. ncardona@ces.edu.co*

Introducción. Leprosy is a chronic granulomatous infectious disease caused by *Mycobacterium leprae*, which has strong affinity for skin and peripheral nerves. The natural course of this disease is related to nerve damage responsible of the appearance of disabilities in eyes, hands or feet. That will have not only physical disability but also rejection and stigma by society. For these reasons, disability is the most serious consequence of this disease from any point of view, economic, human, and social, and therefore it is necessary to join efforts to reduce the progression of nerve damage.

Materiales y métodos. This is an interventional study (before and after), carry out in ten leprosy patients, in whom previous multidisciplinary assessment (medical, physiotherapy, and biomechanical) designed to them an individualized rehabilitation programs according to singular condition of every patient. Evolution of patient was evaluated every three months during one year.

Resultados. 70% of participants were male, 60% presented disability grade 2, 30% grade 1 and 10% grade 0. All patients had abnormalities in some gait parameters (step width, speed). Furthermore, 100% of patients showed improvement in terms of flexibility, arch joint movement and strength

Conclusiones. The implementation of this individualized rehabilitation programs allows us to detect nerve damage and early implementation mitigates and prevents real way the progression of disability in people affected by leprosy. Financed by the Dirección de Gestión del Conocimiento de la Universidad CES INV 02201400.

23. Utility of recombinant proteins to detect leprosy patients lacking antibodies against PGL-I.

Cardona-Castro N, Muñoz M, Beltrán J, Serrano H, Duthie M. *Instituto Colombiano de Medicina tropical - Universidad CES. ncardona@ces.edu.co*

Introducción. Diagnosis of leprosy is not easy for non-experts and simple immunodiagnostic tools to use in support of Clinical suspicion would be highly beneficial. With a goal of identifying antigen-specific antibody responses that could complement antibody responses to phenolic glycolipid (PGL)-I, we analyzed reactivity of serum samples from Colombian leprosy patients.

Materiales y métodos. Sera from Colombian volunteers were analyzed by enzyme-linked immunosorbent assays (ELISA). Thresholds were set based upon optical densities obtained from sera of healthy individuals from non-endemic regions. Clínicamente diagnosticados pacientes de lepra, todos con medibles índices bacterianos, fueron estratificados en base de tener detectable anti-PGL-I IgM anticuerpos o no. Reactividad de algunos miembros de la familia también fue evaluada. Reactividad contra proteínas LID-1, ML2028, ML2044, ML2055, ML2331 y ML2380, junto con el conjugado de ND-O-LID, fue evaluada. Anticuerpos fueron detectados con anti-humano IgG, anti-humano IgM y proteína A para determinar la sensibilidad diagnóstica, especificidad, valor predictivo positivo (PPV), y valor predictivo negativo (NPV) de cada ensayo.

Resultados. As expected, few patients had circulating IgM antibodies against the proteins but they did possess IgG antibodies. Among all of the antigens tested, LID-1 provided the best performance. Anti-LID-1 IgG responses were detected in all of the anti-PGL-I positive patients and 7 of the 10 PGL-I negative patients.

Conclusiones. Our data indicate that analyses of antibody responses to protein antigens can complement the immune detection achievable by PGL-I to further assist the diagnosis of leprosy. Financed by: Colciencias Grant number code: 325656933516.

24. Validación clínica de una prueba de ELISA usando el conjugado ND-O-LID para detectar lepra multibacilar y paucibacilar.

Cardona-Castro N, Muñoz M, Beltrán J, Serrano H, Duthie M. *Instituto Colombiano de Medicina tropical - Universidad CES. Infectious Disease Research Institute. Salt lake City; Utah. ncardona@ces.edu.co*

Introducción. El retraso en el diagnóstico clínico de lepra indica que deben desarrollarse nuevas herramientas de diagnóstico, que mejoren la detección temprana de la enfermedad, y que impacten en el control de la lepra.

Materiales y métodos. Con el objetivo de evaluar la sensibilidad (SE), especificidad (SP), valor predictivo positivo (VPP), y valor predictivo negativo (VPN) de una prueba de ELISA, usando el conjugado ND-O-LID, estudiamos tres grupos de voluntarios Colombianos: Grupo 1: 331 pacientes multibacilares (MB). Grupo 2: 63 pacientes paucibacilares (PB). Grupo 3: 292 personas asintomáticas. population. We assessed the performance of a rapid system (Leprosy Detect™ fast ELISA; InBios International, Inc., Seattle, WA, USA) based on ND-O-LID capable of generating results within 1.5 hours of sample addition.

Resultados. Para pacientes MB la prueba ELISA ND-O-LID tiene una SE=95% (CI: 92-97), SP=98% (CI: 94-100). VPP=99% (CI: 98-100), VPN=88% (CI 81-95). Para pacientes PB la prueba tiene SE=26% (CI:14-38), SP=98% (CI: 94-100), VPP=88% (CI: 70-100), y VPN=67% (CI: 59-75).

Conclusiones. Estos resultados muestran que el diagnóstico de lepra PB usando pruebas serológicas continúa siendo un reto de investigación. Sin embargo, cuando se compara la prueba de ELISA con PGL-I, nuestros resultados indican que la prueba de ELISA usando el conjugado ND-O-LID tiene mayor eficiencia para facilitar el diagnóstico serológico de pacientes MB y PB. Financed by: Colciencias Grant number code: 325656933516.

INFECCIONES EN PEDIATRÍA

25. Factores asociados con infección, durante el posoperatorio de cirugía cardiaca, en niños menores de 5 años, en la Fundación Cardiovascular De Colombia.

Rodríguez D, Vargas J, Díaz G, Bermon A, Durán A. *Fundación Cardiovascular de Colombia. dradianita82@gmail.com*

Introducción. La infección postoperatoria es una complicación grave después de la cirugía cardiaca, se asocia con una elevada morbilidad y mortalidad, que se traduce en mayores estancias hospitalarias y por ende en mayores costos. El objetivo del estudio fue identificar factores asociados con infección postoperatoria cardiaca en menores de 5 años.

Materiales y métodos. Estudio de casos y controles. Se incluyeron pacientes menores de 5 años. Se seleccionaron dos casos por cada control, ajustando por el modelo reducido de estimación de riesgo para infección posoperatoria cardiaca.

Resultados. Entre Julio de 2014 y Julio de 2015, se realizaron 268 cirugías. Se encontraron 37 casos de infección y 74 controles. La incidencia de infección posoperatoria global fue 13,8%. Entre los casos hubo mayor frecuencia de cateterismo prequirúrgico ($p < 0,001$), mayor número de pacientes con antecedente de cirugía previa ($p 0,002$), duración en ventilación mecánica preoperatoria ($p 0,05$), necesidad de catéter venoso central prequirúrgico ($p < 0,001$), uso de inotrópicos ($p 0,05$) y duración con soporte inotrópico preoperatorio ($p 0,033$). En el modelo de regresión logística se encontró que el antecedente de cateterismo se asoció positivamente con el desenlace de infección ($p: 0,001$; IC 95% 2,46 – 38,01).

Conclusiones. Este trabajo es el primero a nivel nacional que caracteriza condiciones propias de nuestra población, mide infección posoperatoria y determina otros factores diferentes a los descritos en la literatura mundial, asociados con infección postoperatoria cardiaca. El antecedente de cateterismo prequirúrgico aumentó 9 veces el riesgo de infección postoperatoria.

26. Norovirus associated gastroenteritis in a pediatric population of the subsidized health care network in Cali, Colombia.

López-Medina E, Parra B, Davalos D, López P, Villamarín E, Peláez M. *Universidad del Valle. Centro de Estudios en Infectología Pediátrica. Centro Médico Imbanaco. Universidad ICESI. eduardo.lopez@ceiponline.org*

Introducción. Norovirus (NoV) is one of the leading causes of medically attended AGE. However, its epidemiology is not clear in Colombia. We aimed to describe the epidemiology of NoV-associated AGE in children < 5 years of age of the subsidized health care network in Cali.

Materiales y métodos. For 12 months of 2015-2016, active surveillance of children < 5 years of age with AGE was performed in two subsidized health care networks in Cali. Census data was obtained to determine population at risk. Demographic, Clinical and outcome variables were collected. Stool samples were tested for the presence of NoV (GI and GII) using qualitative bead-based multiplexed nucleic acid assay (xTAG® GPP, Luminex). The study received ethics committee approval and subjects' parents were asked for signed informed consent.

Resultados. 36.070 and 24.333 children were under surveillance for AGE leading to hospitalization and outpatient care, respectively. 659 required hospitalization and 5018 required outpatient care due to AGE. Samples were obtained for 165 hospitalized and 166 outpatients. Incidence rate of NoV-associated AGE per 1000 children-year was 4.2 for hospitalized and 36.6 for outpatients. 62 (19%) of all AGE were associated to NoV. 149 (45%) of parents missed work due to their child's illness for 3 days (median, IQR 2-5). Sixteen (46%) of the hospitalized children with NoV-associated AGE received antibiotics for 7 days (median, IQR 6-8.7).

Conclusiones. NoV-associated AGE is frequent in this population of Colombian infants and children. The high burden of this disease warrants public health attention and calls for the development of novel preventive strategies.

27. Epidemiología clínica y molecular de las infecciones por *Staphylococcus aureus* (SASM-SARM) en pacientes pediátricos, provenientes de tres instituciones de alta complejidad en la ciudad de Medellín. 2008-2010.

Salazar L, Velásquez J, Hoyos M, Sepúlveda D, Jiménez J.
Línea de Epidemiología Molecular Bacteriana; Grupo de investigación en Microbiología Básica y aplicada (MICROBA); Escuela de Microbiología; Universidad de Antioquia. lorena.salazaro@udea.edu.co

Introducción. *Staphylococcus aureus* es responsable de un número importante de infecciones en población pediátrica; sin embargo en Medellín, la información del comportamiento de las infecciones en este grupo poblacional es escasa. El objetivo de este trabajo fue describir las características clínicas, epidemiológicas y moleculares de las infecciones por *S. aureus* sensible y resistente a meticilina (SASM-SARM) en pacientes pediátricos de la ciudad de Medellín.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo transversal en pacientes entre 0 y 14 años de edad, provenientes de tres instituciones de alta complejidad de Medellín (2008-2010). Se incluyeron todas las infecciones por SARM y una muestra representativa de las infecciones por SASM. La información clínico-epidemiológica fue obtenida de la historia clínica; la caracterización molecular incluyó la tipificación mediante spa, PFGE y MLST; además, la detección del SCCmec y factores de virulencia.

Resultados. Se incluyeron 182 pacientes, 65 con infecciones por SASM y 117 por SARM. El 41,4% de los pacientes eran menores a un año. El tipo de infección más frecuente fue piel y tejidos blandos. Antecedentes como la estancia en hogares infantiles y el uso de previo de antibióticos, fueron más frecuentes en pacientes con SARM. Se determinaron 16 Complejos clonales, las cepas sensibles fueron más diversas que las cepas resistentes. El casete más frecuente fue el SCCmecIVc (70,8%), que se relacionó con PVL.

Conclusiones. Se evidencia la importancia de las infecciones en niños menores de un año en la ciudad, lo que difiere de lo reportado en otros lugares, y enfatiza la importancia de la epidemiología a nivel local.

28. Infección Invasiva por *Corynespora cassicola* y deficiencia de CARD9 en un paciente colombiano.

Arango C, Moncada-Vélez M, Osorio S, Castro L, Molina V, Muñoz A, Gómez L, Del Río D, Ruiz A, Beltrán C, Vivas R, Berrio I, Restrepo A, Mogollón C, Trujillo M, Garcés C, Cabarcas F, Alzate J, Orrego J, Bustamante J, Puel A, Arias A, Franco J.
Grupo de Inmunodeficiencia Primarias. Servicio de Dermatología; Universidad Pontificia Bolivariana. Hospital Pablo Tobón Uribe. Infectología Pediátrica; Universidad CES. Grupo de Micología Experimental; CIB. Clínica del Rosario. CIDEIM. Infectología, Hospital Universitario Fernando Troconis, Santa Marta. Centro Nacional de Secuenciación Genómica-CNSG; Universidad de Antioquia. Grupo de Inmunodeficiencia Primarias. Casanova, J. Paris Descartes University; Imagine Institute. Laboratory of Human Genetics of Infectious Diseases; Necker Branch; Institut National de la Santé. carlosarangof@hotmail.com

Introducción. Las inmunodeficiencias primarias (IDP) resultan de mutaciones en genes del sistema inmune y pueden conferir susceptibilidad a hongos. La Feohifomicosis comprende infecciones raras mucocutáneas hasta infecciones sistémicas causadas por hongos dematiáceos. Presentamos la caracterización clínica y molecular de una paciente con una infección severa por *Corynespora cassicola* asociada a deficiencia de CARD9

Materiales y métodos. Se revisó la historia clínica, se realizaron tinciones histológicas, evaluación inmunológica, PCR, secuenciación completa del exoma (WES) y análisis bioinformático. Las variantes se confirmaron por secuenciación de Sanger y Western Blot.

Resultados. Paciente de 10 años que presentó úlcera en dorso nasal desde los 3 años que evolucionó hacia una fístula oronasal con perforación septal. Se sospechó inicialmente aspergilosis que fue tratada con mejoría parcial. Entre los 7 y 10 años mediante cultivo se aisló *C. cassicola* y se confirmó mediante PCR pan-fúngica. Inicialmente la paciente respondió bien al tratamiento pero más tarde lo abandonó llevando a progresión de la infección con destrucción severa de parte de la cara, hueso y tejidos adyacentes. Mediante WES se identificaron 2 variantes heterocigotas en CARD9: c.21_27del; p.D7fs10X en el exón 2 y c.C865T; p.Q289X en el exón 6. Dos hermanos resultaron portadores de Q289X. El Western Blot demostró ausencia de CARD9 en células mononucleares de la paciente.

Conclusiones. Este es el primer caso de una paciente colombiana con feohifomicosis causada por *C. cassicola* asociada a mutaciones en CARD9. Estos resultados confirman la naturaleza monogénica de la susceptibilidad genética a hongos dematiáceos en humanos.

29. Uso de un esquema antibiótico de espectro reducido para el tratamiento de la neumonía adquirida en la comunidad.

López-Medina E, Hurtado I, Lerma S, Castrillón D, Villamarín E, Guzmán C, López P.
Universidad del Valle. Centro de Estudios en Infectología Pediátrica. Centro Médico Imbanaco. Fundación Universitaria San Martín. Hospital Universitario del Valle. eduardo.lopez@ceiponline.org

Introducción. Muchas de las neumonías adquiridas en la comunidad (NAC) son causadas por *Streptococcus pneumoniae* o *Staphylococcus aureus*. Colombia tiene baja prevalencia de *S. pneumoniae* resistente a penicilina, sin embargo muchas de las NAC son tratadas con antibióticos de amplio espectro. Describimos nuestra experiencia con el uso de espectro reducido para NAC simple y complicada.

Materiales y métodos. Entre 01/03/2014-01/07/2016 implementamos un protocolo en 3 instituciones de Cali para el tratamiento intrahospitalario de niños previamente sanos, >4 meses, con vacunación PAI completa, y con NAC que no pusiese en peligro la vida. Se preestablecieron criterios objetivos (clínicos, paraclínicos y radiológicos) para el diagnóstico de NAC simple y complicada. Se administró ampicilina IV para NAC simple y se adicionó clindamicina IV para NAC complicada. Datos demográficos, clínicos y de desenlace fueron recolectados en forma prospectiva.

Resultados. Se incluyeron 63 pacientes con NAC simple y 20 con NAC complicada. De los pacientes con NAC simple 48 tenían consolidación y 15 tenían opacidades no consolidativas. De los pacientes con NAC complicada, 11 tenían enfermedad multilobar, 6 derrame pleural y 4 ambas características. Tres requirieron admisión a UCI. No hubo fracasos terapéuticos, excepto un paciente con NAC necrotizante, quien se recuperó después de toracotomía y modificación de antibioticoterapia.

Conclusiones. En nuestro medio, los niños con vacunación completa y NAC simple o complicada que no amenaza la vida pueden ser tratados con antibióticos de espectro reducido. Es necesario conocer datos epidemiológicos locales para optimizar las estrategias de tratamiento para NAC con el fin de mantener un uso racional de antibióticos.

30. Caracterización clínica, microbiológica y epidemiológica de la enfermedad neumococcica invasiva en población pediátrica de 8 hospitales de Bogotá, Colombia 2008-2015.

Leal A, Patiño J, Camacho G, López Y, Beltrán S, Álvarez M, Barrero R, Mariño C, Bonilla C, Ramos N, Moreno, V.
Red Neumocolombia. Universidad Nacional de Colombia. Fundación Hospital de la Misericordia. Clínica Colombia. Fundación Cardioinfantil. Hospital Santa Clara. Hospital El Tunal. Hospital Militar Central. Hospital Universitario Clínica San Rafael. Clínica El Bosque. allealc@gmail.com

Introducción. La enfermedad neumococcica invasiva (ENI), causa alta morbilidad y mortalidad especialmente en menores de 5 años. En el PAI se incluyó la vacuna PCV 10 desde 2011, en 2012 aparece la red Neumocolombia con la intención de realizar la vigilancia de la ENI en pacientes pediátricos de Bogotá

Materiales y métodos. Estudio de series de casos de tipo retrospectivo (2008-2011) y prospectivo (2012-2015) en pacientes pediátricos admitidos en 8 hospitales de Bogotá con ENI, se obtuvo la información de susceptibilidad de los aislamientos, serotipos y desarrollo clínico de la enfermedad.

Resultados. 290 pacientes incluidos, 165 (56,8%) masculino; 152 (52,4%) menores de 24 meses; 77 (26,6%) entre 24 y 59 meses y 61 (21%) mayores de 60 meses. El diagnóstico fue neumonía 184 casos (63,4%); bacteriemia 71 (24,5%); meningitis 25 (8,6%) meningitis más neumonía 6 casos (2%) y otros diagnósticos 4 (1,3%); 108 (37,2%) requirieron UCI. 24 murieron (8,2%), 14 de estos menores de 2 años. Se obtuvo serotificación de 182 aislamientos (62,7%), el serotipo más frecuente fue 14 en 39 casos, serotipo 1 en 30 casos, y serotipo 19A en 19 casos, mientras los serotipos 14,6B y 1 disminuyeron en frecuencia, los serotipos 19A,3 y 6A incrementaron. 11 de 163 aislamientos no meningeos y 2 de 19 aislamientos meningeos fueron resistentes a penicilina.

Conclusiones. *Streptococcus pneumoniae* es una causa frecuente de neumonía y bacteriemia, especialmente en niños menores de dos años. Existe una emergencia de serotipos 19A, 3 y 6A. Es importante vigilar la ENI después de la implementación de la vacunación en Colombia.

31. Caracterización clínica, fenotípica y genética de enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido (*E. coli*, *K. pneumoniae* y *Proteus spp.*) en infecciones urinarias adquiridas en comunidad.

Jurado L, Camacho G, Leal A, Saavedra S.
Universidad Nacional de Colombia. Fundación HOMI - Hospital de la Misericordia. Grupo para el Control de resistencia Bacteriana Bogotá.
lecter85_6@hotmail.com

Introducción. Los patógenos productores de betalactamasa de espectro extendido (BLEE) son una causa emergente importante en la infección de tracto urinario adquirida en comunidad (ITUAC), reportándose en la literatura mundial entre 6 al 10%. Buscamos caracterizar la ITUAC causada por los microorganismos arriba mencionados, clínica, demográfica, epidemiológica y molecularmente

Materiales y métodos. Estudio descriptivo, observacional prospectivo de niños con urocultivo positivo para *Escherichia coli*, *Klebsiella pneumoniae* y *Proteus spp.* con fenotipo BLEE y carbapenemasas, en contexto de ITUAC. Recuperamos aislamiento, pruebas confirmatorias, caracterización molecular por medio de PCR para la detección de genes blaCTX-M, blaSHV y blaTEM, y análisis de historia clínica

Resultados. Desde Enero 7 hasta Julio 7 / 2016, se recolectaron 348 aislamientos que cumplen criterios para ITUAC, 38 en total exhiben fenotipo BLEE (10,9%), siendo 35 *E. coli* (92,1%), 2 *Proteus Spp* (5,26%), 1 *Klebsiella pneumoniae* (2,6%), siendo más frecuente en niñas (n=28, 73,6%), presentando malformaciones de la vía urinaria en 28,9% (n=11), habiendo recibido antibiótico (por profilaxis o ITU previo) en 21% (n=8). La BLEE más detectada fue CTX-M (n=29, 76,3%) seguidos de CTX-M+TEM (n=6, 15,78%), SHV, SHV+TEM y TEM un aislamiento para cada perfil (2,6% cada uno)

Conclusiones. La producción de BLEE en enterobacterias implicadas en ITUAC se ha incrementado, en nuestro medio corresponde al 10,9% (similar a lo reportado en literatura mundial) entre otras atribuible a la diseminación de clones especialmente CTX-M. Trabajo financiado por la Universidad Nacional código Hermes 32213

32. Caracterización clínica de los pacientes pediátricos con infecciones invasoras por *Staphylococcus aureus*.

Beltrán C, Duque M, Niño L, Garcés C, Contreras J, Aguirre N.
Universidad de Antioquia. claudm77@hotmail.com

Introducción. Las infecciones invasivas (II) por *Staphylococcus aureus* (SA) en niños, tienen un espectro clínico muy amplio, incluyendo cuadros que amenazan la vida. No tenemos en nuestro medio una cuantificación global del tamaño del problema ni conocimiento del tipo de manifestaciones que predomina.

Materiales y métodos. Es un estudio descriptivo de corte transversal, retrospectivo, entre Enero de 2014 y Diciembre de 2015, de pacientes con diagnóstico de II por SA hospitalizados en tres instituciones de alta complejidad de la ciudad de Medellín. Los objetivos fueron describir la frecuencia con la que se presentan las II por SA en pacientes menores de 14 años, los patrones clínicos más frecuentes, el patrón fenotípico de resistencia y la gravedad de la infección.

Resultados. 355 pacientes con II por SA fueron incluidos, de los cuales el 35% fueron SAMR. Fue más frecuente en el sexo masculino (60,5%). La principal condición médica encontrada fue la presencia de dispositivos médicos 35,2%. La II más frecuente fue la bacteriemia seguida de infección osteoarticular y neumonía. Se encontró una mortalidad de 5,1%

Conclusiones. Las II por SA son una causa significativa de morbilidad con importante subregistro. Los tipos de enfermedad y la mortalidad tuvieron un

comportamiento similar a otras series. De acuerdo con el patrón de resistencia encontrado, los pacientes pediátricos en quienes se sospeche II por SA deben ser tratados empíricamente para SAMR.

INFECCIONES EN ADULTOS

33. Infecciones tempranas en pacientes trasplantados en un hospital de alta complejidad.

Patiño-López M, Echeverri-Toro L, Bonfante L, Atehortua S, Ospina-Ospina S.
Centros Especializados San Vicente Fundación. maripati3@hotmail.com

Introducción. Introducción: Las infecciones durante el primer mes pos trasplante son una causa frecuente de morbilidad y mortalidad en los pacientes trasplantados. Conocer las características epidemiológicas, clínicas y microbiológicas de estas infecciones es clave para una adecuada vigilancia y control que permitan evitar su aparición y mitigar su impacto.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo transversal utilizando la base de datos del centro de trasplantes y las historias clínicas de los pacientes trasplantados. Se incluyeron pacientes que adquirieron infección en el primer mes pos trasplante. El análisis de los datos se realizó en el software estadístico SPSS 21.0®, se calcularon medidas descriptivas y de asociación (chi cuadrado y test exacto de Fisher).

Resultados. Se estudiaron 53 pacientes trasplantados. La prevalencia de infecciones tempranas fue de 24,7%. La prevalencia por tipo de trasplante fue: para trasplante combinado hígado/riñón 50%, para trasplante de intestino 33,3%, para trasplante de hígado 28,8% y para trasplante renal 21,6%. Las infecciones más frecuentes fueron: infección del tracto urinario (43,4%), bacteriemia (26,4%) e infección del sitio operatorio (22,6%). Las infecciones bacterianas fueron las más predominantes con un 88,6%, seguidas por las infecciones fúngicas en un 7,5% y las virales en un 3,7%. Los microorganismos más frecuentes fueron: *Escherichia coli* (60,4%), *Klebsiella pneumoniae* (17%), y *Staphylococcus aureus* (5,7%). El 41,5% de los microorganismos presentaron multiresistencia antimicrobiana.

Conclusiones. Las infecciones bacterianas fueron las más frecuentes, en su mayoría asociadas a la atención en salud, con mayor prevalencia de infección del tracto urinario y un alto porcentaje de multiresistencia antimicrobiana.

34. Prevalencia de genotipos del virus del papiloma humano de alto riesgo en pacientes con citología anormal en Tulua, Valle del Cauca.

Beltrán, L. Unidad Central del Valle del Cauca. Ríos, A.
Unidad Central del Valle del Cauca. Rojas, L. Unidad Central del Valle del Cauca. lbeltran@uceva.edu.co

Introducción. El cáncer de cérvix es el segundo cáncer más frecuente en mujeres en el mundo, causando el 88% de los casos de mortalidad en países en vías de desarrollo. La fracción estimada para VPH16 y 18 es ligeramente mayor en las regiones desarrolladas en comparación con las menos desarrolladas. En el presente estudio nos propusimos determinar la prevalencia de los tipos de VPH vacunables (16 y 18) y tipos de VPH de alto riesgo no vacunables (31, 33,35,39,45,51,52,56,58,59,66 y 68) en mujeres con citología anormal.

Materiales y métodos. 100 pacientes con citología anormal fueron incluidas en el estudio, mediante PCR en tiempo real se detectaron los genotipos VPH 16, VPH 18 y un pool de 12 genotipos (31, 33, 35, 39, 45, 51, 52, 56, 58, 59, 66 y 68).

Resultados. La prevalencia de ASC-US fue del 72% (n=72); NICIdel 17% (n=17); NIC-II del 5% (n=5); y ACG 6%(n=6). La prevalencia de virus de papiloma humano fue de 28%, los genotipos 16 y/o 18 se detectaron en el 8% de las mujeres. El 91 % de los ASCUS y el 90% de los NIC están relacionados con otro VPH diferente a 16 y 18. En el 4% (n=4) de las mujeres se encontró coinfección por VPH de alto riesgo

Conclusiones. Dado el alto porcentaje de VPH de alto riesgo no vacunable (tipos de VPH diferentes a 16 y 18), habría que replantear la estrategia de prevención en la población, que podría tener una falsa sensación de protección cuando se encuentran vacunados.

35. Asociación de la infestación por *Demodex spp.* con blefaritis en pacientes que consultaron al laboratorio de micología médica, Facultad de Medicina - Universidad de Antioquia - 2008 - 2014.

Jiménez M, Leal A, Arango M, Gallego L.
Universidad de Antioquia. Laboratorio Departamental.
delpilarjimenez@udea.edu.co

Introducción. La blefaritis afecta principalmente los párpados; la padecen niños y adultos, puede estar asociada con la infección por microorganismos, alergias y se relaciona con otras enfermedades oculares. En los últimos años se ha reconocido el papel de los ácaros *Demodex spp.* como causa de blefaritis crónica. En nuestro país hay pocos estudios sobre esta enfermedad y sus causas. El objetivo de este trabajo fue determinar la asociación entre blefaritis y un índice parasitario (IP) $\geq 0,5$ para *Demodex spp.* en pacientes que consultaron por blefaritis en el laboratorio de Micología Médica, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia.

Materiales y métodos. Se analizaron 1441 historias clínicas de pacientes que consultaron al laboratorio de Micología Médica por blefaritis, entre Junio-2008 y Mayo-2014. Se comparó el IP de cada paciente con los resultados del examen directo de pestañas y los datos de la historia clínica.

Resultados. *Demodex spp.* se encontró en el 79,1% de los pacientes: 59% mujeres y 41% hombres. Se observó una tendencia al incremento en el IP a medida que aumenta la edad. Los pacientes con más síntomas fueron los que al examen directo tenían solo *Demodex spp.* o *Demodex spp.* y *Malassezia spp.*

Conclusiones. En la mayoría de los pacientes con blefaritis de este estudio, *Demodex spp.* estuvo presente con o sin *Malassezia spp.* y entre éstos la mayoría tuvo un IP $\geq 0,5$.

36. Etiología de uveítis posterior en un servicio de uveítis en Colombia.

Gómez J, De La Torre A, Torres E, Duran F, Triviño J, López C, Valdez J, Otero O, Sepulveda J.
Universidad del Quindío. Grupo Neurociencias, Universidad del Rosario. Clínica Barraquer. Universidad Tecnológica de Pereira.
gepamol2@uniQuindio.edu.co

Introducción. El proceso diagnóstico de uveítis posterior requiere la utilización de paneles de pruebas para poder identificar las etiologías que permiten un tratamiento específico. No hay reportes sobre frecuencia de etiologías de uveítis posterior en Latinoamérica.

Materiales y métodos. Se estudiaron 64 pacientes con uveítis atendidos en el servicio de Inmunología Ocular y Uveítis en la Clínica Barraquer en Bogotá Colombia, entre Julio de 2014 a Febrero de 2016. Se tomaron muestras de suero y humor acuoso y en ellas se realizaron análisis de IgG anti-*Toxoplasma gondii* y PCR para: Herpes varicela zoster, *Mycobacterium tuberculosis*, Citomegalovirus y virus de Epstein Barr (EBV) con el estuche Genesis Advanced Kit (Primerdesign Ltd, York House, School Lane, Chandler's Ford, United Kingdom).

Resultados. En total 20 de 64 pacientes (31,2%) tuvieron toxoplasmosis ocular confirmada, 16 una toxoplasmosis ocular indeterminada, siete herpes varicela zoster, uno EBV, uno coinfección con varicela zoster y citomegalovirus, dos coinfección *Toxoplasma* y varicela zoster, uno coinfección TBC y *Toxoplasma* y 14 casos (21%) fueron de etiología desconocida.

Conclusiones. Hasta un 43% de lesiones aparentes de uveítis por *Toxoplasma* pueden ser debidas a otras causas. Las coinfecciones son frecuentes y por ello un panel, y no solo una prueba, deben utilizarse para el diagnóstico de estas infecciones. Financiado por Colciencias 111056934589.

37. Caracterización molecular de papilomavirus humano y *Chlamydia trachomatis* en zona balano-prepucial de población sexualmente activa de Bogotá D.C.

Alayón A, Amézquita S, Gómez S, Rodríguez Y, Vargas H.
Laboratorio de Salud Pública. Secretaría Distrital de Salud de Bogotá D.C. Laboratorio Clínico. Hospital El Tunal E.S.E III Nivel.
adrianalay-g09@hotmail.com

Introducción. En la cadena de contagio para Infecciones de Transmisión Sexual, la población masculina se caracteriza por ser activa y silente, convirtiéndolos en vector asintomático diseminador y perpetuador de la infección. Es importante establecer un diagnóstico oportuno y eficaz dando cumplimiento a objetivos del milenio, relacionados con Salud Sexual y Reproductiva a nivel Distrital. El objetivo del estudio fue estimar la frecuencia del Papilomavirus humano y *Chlamydia trachomatis* en zona balano-prepucial, de población sexualmente activa de Bogotá D.C.

Materiales y métodos. El tipo de investigación es de carácter descriptivo con corte transversal. Se analizaron 100 muestras (frotis del surco balano-prepucial obtenidas por autotoma), de hombres entre 18 a 65 años sexualmente activos, que asisten por sospecha de infección de tracto urinario a consulta externa del Hospital El Tunal E.S.E III Nivel, durante el periodo 2015-2016. Se empleó PCR convencional MY09/MY11 para identificación genérica de VPH

o identificación tipo específica por la técnica Linear Array HPV. Se utilizó PCR convencional para identificación de *C. trachomatis*.

Resultados. Siendo población asintomática, se halló 23% (n=23) de positividad para VPH, del cual 47.82% (n=11) presentó al menos un genotipo de alto riesgo. Para *C. trachomatis* el 100% (n=100) fueron negativas.

Conclusiones. Debido a la muestra y su escasa celularidad, reportes previos revelan que la muestra Gold Estándar para identificación de *C. trachomatis* es orina. Sin embargo, para VPH se logró la recuperación de virus episómicos no integrados involucrados en procesos de infección transitorios, arrojando una positividad alta en hombres asintomáticos, donde un número importante presentó genotipos de alto riesgo.

38. Diagnóstico clínico de mediastinitis posterior a cirugía cardiovascular en adultos.

Roncancio G, Vargas A, González J, Guarín L, Vanegas N, Franco L.
Clínica Cardio VID. roncancio@gmail.com

Introducción. No hay datos definitivos sobre características operativas de los datos clínicos como predictores de mediastinitis. Este trabajo revisa las características de una serie de adultos con mediastinitis después de cirugía cardiovascular.

Materiales y métodos. Estudio observacional analítico en adultos con mediastinitis en postoperatorio de cirugía cardiovascular, según criterios CDC vigentes. Los casos fueron recopilados desde la base de datos del comité de infecciones y cirugía desde el 1 de julio de 2009 hasta el 30 de junio de 2016. El análisis de los datos se realizó con el software SPSS v21.

Resultados. Se documentaron 61 casos; 72% hombres; edad promedio: 62,9 años (DE +/- 10,6). Tiempo promedio entre cirugía e inicio de síntomas: 14,9 días (5-38). Estos fueron: dolor (73,8%), secreción de herida (62,3%), disnea (21,3%), y fiebre (52,5%). Los signos clínicos en la primera exploración por el cirujano fueron: dehiscencia de herida (49,2%), inestabilidad esternal (65,6%); secreción de la herida (75,4%), click esternal (19,7%); clínica de derrame pleural (29,5%). Ninguna asociación de signos o síntomas se presentó en > 80% de los casos. 67% de los pacientes tenían 2 o más criterios de SIRS y 16,4% de los pacientes debutaron con choque séptico. 49 pacientes tenían hemocultivos (positividad 36%; 69% CGP). No se encontró asociación entre signos clínicos y microorganismos causales. Tiempo promedio entre inicio de síntomas y confirmación diagnóstica: 2,0 días (0-15).

Conclusiones. La mediastinitis no siempre es fácil de diagnosticar. La exploración clínica inicial puede fallar para detectarla. Ante la sospecha se debe seguir al paciente y complementar la exploración.

39. sTREM-1 y presepsina: nuevos biomarcadores para sepsis - Una revisión sistemática de la literatura.

Suárez-Suaza J, Gipsis-Saavedra A, Gómez-González J, Rodríguez-Morales A,
GISPEI - Universidad Tecnológica de Pereira. Critical Care Medicine;
Faculty of Health Sciences; Universidad Tecnológica de Pereira.
arodriguezm@utp.edu.co

Introducción. El diagnóstico temprano en sepsis es vital para el curso clínico y los resultados del paciente séptico. Nuevos biomarcadores como el receptor soluble expresado en las células mieloides -1 (sTREM-1) y la Presepsina parecen ser potenciales marcadores de infección y su superioridad de diagnóstico ha sido sugerida por varios estudios preliminares.

Materiales y métodos. Se realizó una revisión sistemática de la literatura utilizando palabras clave en PubMed, Science Citation Index y Scopus (hasta 30 agosto 2015). Los estudios fueron incluidos si evaluaban la efectividad (sensibilidad/especificidad) de sTREM-1, Presepsina o ambos para el diagnóstico de sepsis en pacientes adultos con síndrome de respuesta inflamatoria sistémica (SIRS).

Resultados. Un total de 15 estudios se incluyeron en esta revisión, 11 para sTREM-1 y 4 para Presepsina. El número total de pacientes para sTREM-1 fue 1.897; 8 estudios fueron realizados en la unidad de cuidados intensivos (UCI) y 3 en la sala de emergencias. La sensibilidad fue 49-98% y especificidad de 36-91%. El número total de pacientes para Presepsina fue de 241; con 2 estudios realizados en la UCI y 2 estudios realizados en la sala de emergencias. La sensibilidad fue de 84%-100% y especificidad de 62%-93%.

Conclusiones. Esta revisión sistemática mostró que a pesar de la precisión diagnóstica moderada en la diferenciación de la sepsis del SIRS, la aplicabilidad de sTREM -1 y Presepsina, especialmente en los países en desarrollo, es aún limitada y se necesitan más estudios para extender su uso rutinario en la UCI y los servicios de emergencias.

40. Genotipificación de infecciones mixtas producidas por *Helicobacter pylori* en dos poblaciones del Caribe colombiano.

Bettin A, Parodi R, Hoyos W, Raciny M, Patiño Y, Imbeth P, Campo M. *Universidad Metropolitana. Universidad de Córdoba. Universidad del Sinú. alfonsobettin@yahoo.es*

Introducción. *Helicobacter pylori* coloniza crónicamente el epitelio gástrico. Factores de virulencia están relacionados con la inducción y gravedad de las enfermedades gastroduodenales en humanos. El objetivo de este estudio fue detectar el gen *glmM* y variantes alélicas de la toxina de vacuolización (*vacA*) a partir de biopsias gástricas de pacientes de Montería y Cartagena.

Materiales y métodos. Del 2013 al 2016 se realizó un estudio observacional descriptivo a pacientes con desórdenes gastroduodenales, a los cuales se les extrajo biopsias antrales para la búsqueda de los genes *glmM* y *vacA* de *H. pylori*. Se extrajo ADN usando DNAsol y se detectaron los genotipos de virulencia por PCR convencional con cebadores específicos. La presencia de más de un tipo de *H. pylori* se determinó por la presencia de más de un genotipo *vacA-m/s*.

Resultados. Se analizaron 60 biopsias de pacientes de Montería (n=30) y Cartagena (n=30), con desórdenes gastroduodenales. El 30% de las biopsias de Montería fue positivo para *H. pylori* e infecciones mixtas, detectándose más de un genotipo de *vacA-m1s1* y *vacA-m1s2* en el 77,7%. En Cartagena el 16,7% (5/30) de las muestras resultaron positivas y en un solo individuo se detectó más de una variante alélica de *vacA*. La gastritis crónica fue el hallazgo clínico más frecuente en las dos poblaciones.

Conclusiones. La detección de más de un tipo de *H. pylori* causando infecciones mixtas fue predominante en Montería y las variantes alélicas de *vacA* más virulentas fueron observadas, lo que sugiere que en estas poblaciones específicas existe amplia exposición a diferentes cepas virulentas.

MEDICINA TROPICAL

41. Assessing the genetic differences between serovars Copenhageni and Icterohaemorrhagiae of *Leptospira interrogans* using whole genome and SNP typing techniques.

Aguirre A, Torres I, Rishishwar L, Jordan K, Gallo J. *GenomaCES; Universidad CES, Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia. Grupo de Biología Celular y Molecular; CIB, School of Biology Georgia Institute of Technology. Doctoral Program in Biomedical Sciences; Universidad del Rosario. isaurap10@gmail.com*

Introducción. Leptospirosis is a worldwide zoonotic disease that can result in Weil's disease or pulmonary hemorrhage syndrome. It can also cause economic losses in cattle dependent industries due to abortions and reproductive failure. Adequate control and management of this disease requires subtyping to the serovar level of infecting and environmental isolates. However, although molecular techniques have increased the typing capabilities some serovars remain difficult to tell apart. Our objective was to determine genetic variation between serovars Copenhageni and Icterohaemorrhagiae of *Leptospira interrogans*.

Materiales y métodos. We analyzed 111 reads of isolates from serovars Copenhageni and Icterohaemorrhagiae of *Leptospira interrogans* and used bioinformatic tools such as ANI, genomic dot-plots, gene clustering, SNP analysis and locus specific analysis as to better understand the genetic background of the phenotypic differences between these two serovars.

Resultados. No significant genetic variation was observed between isolates of these two serovars. This was surprising as genetic variation is observed in other *L. interrogans* serovars. With the techniques employed we assessed variation at different levels of the genome.

Conclusiones. We propose genomic evidence for the consideration that the serovars Copenhageni and Icterohaemorrhagiae could potentially be regarded as one serovar. These results suggest that the identification by serological testing of Copenhageni and Icterohaemorrhagiae should be re-evaluated.

42. Prevalencia de infección por *Leptospira spp* en humanos, caninos y roedores en tres zonas urbanas de Medellín, Colombia, 2015.

Loaiza E, Hincapié D, Ochoa J, Agudelo P, De La Peña A. *Universidad Pontificia Bolivariana. Universidad de Antioquia. Universidad CES. etloaiza@gmail.com*

Introducción. Leptospirosis, es una zoonosis altamente extendida mundialmente. Se transmite por el contacto con la orina de animales infectados. Los roedores son los principales reservorios de *Leptospira spp* y los caninos son importantes en el mantenimiento y la transmisión a los humanos en ambientes urbanos. Son escasos los estudios que relacionen la infección por *Leptospira spp* en humanos, caninos y roedores en zonas de alto riesgo de transmisión. El objetivo fue determinar la prevalencia de infección por *Leptospira spp* en humanos, caninos y roedores en tres barrios marginales de Medellín.

Materiales y métodos. Estudio de corte determinando la infección por *Leptospira spp* en humanos, caninos y roedores mediante la prueba de microaglutinación. Se tomaron muestras de 607 humanos, 135 caninos y 70 roedores distribuidos en tres barrios de Medellín, mediante un muestreo aleatorio por conglomerados.

Resultados. En el barrio Moravia la proporción de prevalencia de infección en humanos fue de 40,4% (IC95%:29,2 - 52,8), la seropositividad en caninos y en roedores del 29,1% y 90% respectivamente. En Santo Domingo Savio, fue de 54,4% (IC95%:36,2 - 71,4) en humanos, del 40,8% en caninos y del 60% en roedores. En La Iguaná, fue de 63,2% (IC95%:51,6 - 73,6) en humanos, del 34,61% en caninos y del 60% en roedores. Los serogrupos encontrados indican que existen otros hospederos implicados en el mantenimiento de la infección en los tres barrios.

Conclusiones. Se sugiere una alta exposición a *Leptospira spp* en los tres barrios, en humanos, caninos y roedores. Financiado por CODI (UdeA), Innova (UPB) y Secretaría de Salud de Medellín.

43. Análisis genómico de un aislado colombiano de *Leptospira santarosai* y predicción de genes asociados con patogenicidad.

Villarreal R, Agudelo P. *UNIVERSIDAD CES. rajuvi77@yahoo.com*

Introducción. El estudio se propuso caracterizar el genoma de un aislado Colombiano de *L. santarosai* para inferir factores de patogenicidad bacteriana.

Materiales y métodos. Bajo el enfoque de una investigación de tipo cuantitativa se secuenció un aislado de origen colombiano de *L. santarosai* empleando secuenciadores de nueva generación 454 GS FLX Titanium. Posteriormente se emplearon programas bioinformáticos para la descripción física del genoma (número de genes, tamaño), predicción de marco abierto de lectura, predicción de proteínas y sus ortólogos en otras especies patógenas, de patogenicidad intermedia y no patógenas, localización celular de proteínas.

Resultados. Se logró el ensamblaje del genoma de la espiroqueta *L. santarosai* serogrupo Grippotyphosa serovar Alice y la descripción de las características genéticas, estructurales y funcionales de sus genes. Se concluye que el core-genoma del aislado se compone de 1747 proteínas, las cuales son comunes a todas las cepas de *L. santarosai* disponibles en GenBank. Se determinó que tiene un total de 4138 proteínas, 141 son exclusivas de su genoma. Se identificó y describió el posible rol de los factores de virulencia encontrados en el aislado colombiano.

Conclusiones. El estudio contribuye a la comprensión de los mecanismos fisiopatológicos inducidos por *Leptospira*. Estos resultados son la base para diseñar pruebas para el diagnóstico de leptospirosis en Colombia.

44. Diseño de péptidos con restricción conformacional de proteínas de superficie de *Leptospira interrogans*.

García A, Calvo J, Galindo A. *Universidad Distrital Francisco José de Caldas. Escuela Militar de Cadetes "General José María Córdoba". anamgarcia2105@gmail.com*

Introducción. La leptospirosis es una enfermedad zoonótica causada por numerosas variedades de microorganismos pertenecientes al género *Leptospira* y que afectan en su mayoría a animales domésticos y silvestres, sin embargo se puede transmitir a seres humanos a través del contacto con la orina o carne del animal infectado. Las técnicas para diagnosticar la enfermedad son poco confiables debido a que esta presenta etapas en las que tanto la bacteria como los anticuerpos sufren seroconversiones lo que hace lentos los procesos de tratamiento. Los péptidos sintéticos suelen ser usados para detectar anticuerpos en sueros, pero a menudo no son tan activos. No obstante, cuando se usan péptidos restringidos conformacionalmente para imitar fragmentos estructurados de proteínas pueden ser muy efectivos.

Materiales y métodos. En este trabajo se analizaron computacionalmente las secuencias de las proteínas de superficie LipL32 y LipL41 de la bacteria *Leptospira interrogans* obtenidas gracias al Protein Data Bank y se diseñaron siete péptidos que imitan fragmentos expuestos estructurados de estas proteínas, basados en la estructura secundaria original predicha mediante I-Tasser

Resultados. Se obtuvieron las siguientes secuencias 3 α -hélice comprendidas entre los aminoácidos Ser-5 e Ile-17 (SILAISVALFASI), Glu-250 y Glu-261 (ELQKQIAIAEE), Ala-258 y Ala-267 (AAEESLKKAA) y una loop entre Thr-39 y Thr-46 (TIPGTNET) para LipL32 y 3 α -hélice para la lipoproteína LipL41, todas con una estructura de α -hélice. Leu-7 y Glu-16, Glu-332 y Lys-345, Lys-316 y Ala-327.

Conclusiones. Se espera que la prueba de estos péptidos en ensayos de ELISA permitan identificar marcadores para el diagnóstico de la enfermedad. Financiado por la Escuela Militar de Cadetes (ESMIC).

45. Roedores como portadores de *Leptospira spp.* patógenas en el área urbana del municipio de Sincelejo – Sucre.

Caraballo L.
Universidad de Sucre. blanenr@gmail.com

Introducción. *Leptospira spp.* infecta una variedad de especies animales, principalmente roedores, por su capacidad de mantener las *Leptospira* en los túbulos renales por periodos prolongados de tiempo, por lo que el objetivo de este trabajo fue determinar si los roedores capturados en la zona urbana del municipio de Sincelejo, son portadores de *Leptospira spp.* patógenas.

Materiales y métodos. Mediante un estudio descriptivo transversal, se identificó ADN de bacterias patógenas del género *Leptospira* presentes en una población de roedores del municipio de Sincelejo.

Resultados. Se detectó ADN bacteriano en el 4,87% (11\226) de los roedores. Los roedores capturados fueron *Mus musculus* 81,86% (185\226), *Rattus rattus* 11,06% (25\226) y *Rattus norvegicus* 7,08% (16\226). El ADN amplificado, se encontró que presentaba homología con secuencias de las especies *L. interrogans* 72,8% (8\11) y *L. borgpetersenii* 27,3% (3\11). Se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre los porcentajes de positividad del PCR según la especie del roedor.

Conclusiones. En este estudio, se encontró que los roedores del género *Mus spp.* están jugando un importante papel en la diseminación de *Leptospira spp.* patógenas así como las especies del género *Rattus*, lo que demuestra el importante problema de salud pública que puede llegar a ser la leptospirosis en el municipio de Sincelejo.

46. Estratificación del riesgo epidemiológico de leptospirosis en Antioquia, Colombia.

Loaiza E, Hincapié D, Ochoa J, Agudelo P, Molina A.
Universidad Pontificia Bolivariana. Universidad de Antioquia. Universidad CES. etloaiza@gmail.com

Introducción. La leptospirosis es una zoonosis reemergente de distribución mundial causada por una espiroqueta del género *Leptospira spp.* Considerada como una enfermedad ocupacional asociada al contacto con animales infectados. La globalización y urbanización desordenada de las grandes ciudades ha hecho que se convierta en un problema de salud urbano. Se pretendió caracterizar el comportamiento sociodemográfico, geoespacial y temporal de la leptospirosis notificada al SIVIGILA en Antioquia durante 2010-2015 y estratificar los municipios de acuerdo con el riesgo de ocurrencia de la enfermedad.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo retrospectivo de casos confirmados de Leptospirosis durante 2010-2015 en Antioquia basado en la notificación al Sistema Nacional de vigilancia en Salud Pública

Resultados. Se reportaron 1338 casos confirmados de leptospirosis. La tasa de mortalidad fue de 0,35 casos / 100.000 personas, la tasa de letalidad fue de 1,64%. La región que más casos notificó fue Urabá (51,87%), seguida del Valle de Aburrá (20,40%) y Oriente (6,57%). El mayor número de casos perteneció al área urbana (61,9%), mayor frecuencia de hombres (72,2%), estudiantes (22,5%) y amas de casa (13,8%), con una mediana por edad de 29 años (rango intercuartílico: 18-45). Se presentaron tres agrupamientos espacio temporales, en Urabá, Norte-Nordeste y Occidente. Medellín fue el municipio con mayor riesgo de leptospirosis a partir de la construcción del índice global de riesgo con análisis de componente principales.

Conclusiones. Leptospirosis es un problema de salud pública que afecta con mayor frecuencia a la población adulta joven del departamento. El conocimiento del nivel de riesgo de leptospirosis, puede contribuir al control de esta enfermedad.

47. Características clínicas y epidemiológicas de la leptospirosis infantil en el Urabá Antioqueño.

Pérez-García J, Agudelo-Flórez P, Arboleda-Naranjo M.
Universidad CES. Instituto Colombiano de Medicina Tropical.
jperez@ces.edu.co

Introducción. La leptospirosis en población pediátrica tiene un comportamiento epidemiológico influenciado tanto por prácticas cotidianas como aspectos ambientales. El necesario reconocer aspectos clínicos y epidemiológicos que afectan a la población infantil de la región de Urabá- Colombia.

Materiales y métodos. Estudio transversal analítico de información clínica y sociodemográfica de 126 pacientes con edades entre 5 y 17 años con síndrome febril que ingresaron a instituciones de salud en cuatro municipios de la región de Urabá, entre 2010 y 2012.

Resultados. La positividad a *Leptospira* fue de 58,7% (74/126) obtenida mediante microaglutinación, inmunofluorescencia indirecta o hemocultivo. Los serogrupos reconocidos con títulos superiores a 1:800 fueron Grippothyposa y Bratislava, ambos de origen silvestre. El mayor número de los casos tuvieron una presentación clínica leve y los severos fueron 29,7% (22/74). En este grupo los signos más comunes fueron ictericia (45,4%), dolor abdominal (40,9%) y manifestaciones hemorrágicas (40,9%). La severidad de los cuadros clínicos estuvo asociada con la presencia de animales domésticos dentro de la vivienda (OR 2,73; IC95% 0,98-7,60; p=0,05); en el modelo de regresión logística muestra la importancia de la variable, asistir a una institución educativa, en un cuadro severo de leptospirosis (OR 3,89; IC 95% 1,04-14,6; p=0,04).

Conclusiones. La leptospirosis infantil severa presenta signos icterohe-morrágicos potencialmente fatales. Los factores ambientales de riesgo para adquirir la enfermedad deben ser monitoreados (la tenencia de animales domésticos dentro de la vivienda) y frente a la presentación clínica severa deberán ser vigilados factores asociados a la asistencia a instituciones educativas de la zona de Urabá.

48. Determinación de protozoos y helmintos en sistemas de abastecimiento de agua para consumo humano de dos municipios de Antioquia.

Ríos S, López J, Agudelo R, Gutiérrez L.
Grupo Biología de Sistemas; Facultad de Medicina; Universidad Pontificia Bolivariana. Grupo de Investigación Salud y Ambiente; FNSP; Universidad de Antioquia. sandra.riost@udea.edu.co

Introducción. Algunos parásitos son resistentes a los procesos de tratamiento y desinfección del agua para consumo humano, poniendo en riesgo la salud de las comunidades. Se determinó la presencia de protozoos y helmintos en sistemas de abastecimiento de agua para consumo humano de la zona urbana de dos municipios de Antioquia.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo transversal. Se recolectaron 10 L de agua, por triplicado, en dos fuentes de abastecimiento y dos tanques de almacenamiento de agua potable de la zona urbana de cada municipio. Se utilizó un protocolo para la concentración y detección de las formas parasitarias, integrando filtración por membrana, agitación mecánica, centrifugación y concentración química, posteriormente se determinó la presencia de formas parasitarias de protozoos y helmintos, mediante examen microscópico directo.

Resultados. En la fuente de abastecimiento del municipio 1, se observaron ooquistes de coccidias y estructuras compatibles con larvas de nematodos, éstas últimas fueron detectadas también en la planta de tratamiento. En la fuente de abastecimiento del municipio 2, se observaron ooquistes de coccidias, quistes de *Iodamoeba butschlii*, formas de *Blastocystis spp.*, quistes de *Balantidium coli*, ooquistes de coccidias y estructuras compatibles con larvas de nematodos; mientras que en el tanque de almacenamiento se observaron larvas y adultos de uncinarias.

Conclusiones. Se evidenció la presencia de parásitos potencialmente patógenos, tanto en las fuentes de agua como en las plantas de tratamiento que abastecen la zona urbana de dos municipios antioqueños. Estos resultados permitirán orientar medidas sanitarias prioritarias e investigativas posteriores en el tema de saneamiento básico. Financiación: CIDI-UPB Radicado 251B08/14-65.

VIROLOGÍA

49. Secuenciación de genoma completo de los cuatro serotipos de virus Dengue.

Calvo E, Sandoval I, Castellanos J.
Universidad El Bosque. calvoeliana@unbosque.edu.co

Introducción. Un genoma de RNA no solo contiene la información genética para la producción de nuevas partículas virales, sino que codifica una serie de elementos estructurales que son funcionales. Estas estructuras actúan como promotores, potenciadores y silenciadores del proceso de replicación y también en la evasión de la respuesta antiviral. En el genoma de virus Dengue (DENV) se han encontrado estos elementos en los extremos 5' y 3' no traducibles, y en regiones codificantes del genoma; sin embargo, los análisis de secuencia se han limitado a la búsqueda de mutaciones en la proteína E, principalmente. **Objetivo:** Implementar un método sencillo y asequible para la secuenciación de genoma completo de los cuatro serotipos de DENV.

Materiales y métodos. Se realizó un alineamiento múltiple con genomas completos correspondientes a los cuatro serotipos. Se seleccionaron regiones de máxima similitud y se diseñaron oligonucleótidos de manera que permitieran amplificar todo el genoma en fragmentos de 1000pb aproximadamente. La utilidad de este juego de oligos se probó en reacciones de RT-PCR en las que se utilizó como plantilla RNA viral de los 4 serotipos. Los fragmentos correspondientes a DENV-2 se enviaron a secuenciación y las secuencias obtenidas fueron editadas y ensambladas.

Resultados. Los oligos diseñados permitieron amplificar el genoma de los cuatro serotipos en 12 fragmentos. A partir de la secuencia de cada fragmento se pudo ensamblar el genoma completo de un virus control.

Conclusiones. El método implementado es sencillo y útil para conocer la secuencia genómica de cualquier serotipo de DENV.

50. Efecto antiviral de moléculas derivadas de *Psidium guajava* contra el virus dengue y el virus Chikungunya: evaluación in silico e in vitro.

Quintero-Gil C, Trujillo A, Robledo S, Díaz F, Martínez M.
Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA, Universidad Cooperativa de Colombia. Grupo de Biología Funcional, Universidad Nacional de Colombia-Medellín. Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET. Universidad de Antioquia. Laboratorio de Investigaciones Fotoquímicas y Farmacológicas de la Universidad de Cartagena-LIFFUC. marlen.martinezg@campusucc.edu.co

Introducción. El virus Chikungunya (CHIKV) y el virus Dengue (DENV) circulan en Colombia y para ninguno de los ellos hay tratamiento antiviral específico. El objetivo fue evaluar el efecto antiviral de moléculas derivadas de *Psidium guajava* sobre la infección por DENV y CHIKV en células VERO

Materiales y métodos. Se aislaron cinco moléculas (ácido gálico, catequina, quercetina, naringina y hesperidina) cuyas estructuras fueron descargadas del DrugBank. La estructura cristalizada de las glicoproteínas de CHIKV y DENV se descargaron de PDB (Código 3N41 y 3UZV). La energía de afinidad (moléculas-proteínas) se determinó por docking (Autodock Vina). Se evaluó la citotoxicidad de las moléculas por MTT (400 µg/ml y 6,2 µg/ml) y se evaluó el efecto antiviral por ensayo de titulación. Los resultados fueron analizados por medio t-Student.

Resultados. In silico todas las moléculas (exceptuando la Naringina) se consideraron potenciales antivirales para DENV (afinidades menores a 3.0). Para CHIKV, aún la Naringina fue considerada potencial antiviral. La evaluación *in vitro*, demostró que todos los compuestos inhiben de manera significativa la producción de DENV en comparación con el control sin tratamiento, siendo la Quercetina y la Catequina los mejores antivirales (p<0,05, porcentajes de inhibición del 100,0 y 86,5%, respectivamente). En el caso de la inhibición de CHIKV solo la Quercetina y la Catequina fueron antivirales (p<0,05, porcentajes de inhibición del 50%).

Conclusiones. La combinación de herramientas de bioprospección y la validación en el laboratorio con apoyo de herramientas bioinformáticas, permitió identificar moléculas antivirales derivadas de la planta *Psidium guajava* para estos dos virus. COLCIENCIAS Proyecto No. 123171249665.

51. Co-Circulación y co-Infección con arbovirus: dengue-Chikungunya-Zika.

Sánchez F, Castellanos J, Calvo E.
Universidad Nacional de Colombia. Universidad El Bosque. fsanchezq@unal.edu.co

Introducción. La introducción al continente americano de dos nuevos arbovirus transmitidos por el mismo mosquito vector y que producen manifestaciones clínicas similares al dengue (DENV) durante la fase aguda, ha puesto en evidencia la necesidad y urgencia de un método de detección rápido, eficiente y específico que permita hacer un diagnóstico diferencial. En Colombia, principalmente se realizan pruebas de diagnóstico para DENV, por tanto un alto número de casos tanto de Chikungunya (CHIKV) como de Zika (ZIKV) quedan sin confirmar, otros sin reportar y las co-infecciones son pasadas por alto. En este estudio, se evaluó la utilidad de un protocolo de PCR anidado para la detección de co-infecciones en muestras de pacientes con síndrome febril sospechoso de infección por arbovirus.

Materiales y métodos. Se realizó una primera ronda de transcripción reversa y amplificación (RT-PCR) con tres parejas de oligos externos que reconocen regiones de los genes C-preM, E1 y E de DENV, CHIKV y ZIKV respectivamente, seguido por una segunda ronda de amplificación con oligos internos específicos para cada virus.

Resultados. En las 20 muestras analizadas se detectaron siete casos de infección por un único virus, siete casos de co-infecciones con dos virus (DENV-ZIKV, CHIKV-ZIKV o DENV-CHIKV) y un caso de infección con los tres arbovirus. En cinco muestras no se detectó virus.

Conclusiones. Se confirmó la co-circulación de estos tres virus en áreas definidas y una alta probabilidad de co-infección (8 de 15 muestras positivas para virus).

52. Factores asociados con la disposición a pagar por una vacuna contra Dengue en población del Caribe colombiano.

Díaz F, Bracho Y, Martínez R, Rodríguez-Morales A, Díaz R, Luna M.
Universidade de Sao Paulo. Organización Latinoamericana para el Fomento de la Investigación en Salud. Universidad de Santander. Universidad Tecnológica de Pereira. frediazq@msn.com

Introducción. La demanda sentida de vacunas es un determinante de su introducción en regiones endémicas. **Objetivo:** Identificar factores asociados con la Disposición a Pagar por una Vacuna contra Dengue (DPVD).

Materiales y métodos. De octubre a diciembre de 2015, se realizó una encuesta poblacional incluyendo 1037 familias en 11 municipios del Caribe colombiano. Un adulto por familia fue entrevistado sobre su percepción y antecedentes de Dengue. Los participantes recibieron una descripción de cuatro escenarios hipotéticos de vacunas contra Dengue (con variaciones en su efectividad y número de dosis). Fue interrogada la DPVD frente a 5 precios hipotéticos. Usando la regresión logística, con opción de cluster por individuo, se exploraron variables asociadas con la DPVD, ajustadas por las características de la vacuna (precio, número de dosis y efectividad).

Resultados. Se observó una mayor DPVD en los encuestados que consideraron probable contraer la enfermedad (OR: 1,56; IC95%: 1,08–2,26). Otras variables asociadas a una mayor DPVD fueron el antecedente personal de Dengue (OR: 1,89; IC95%: 1,01–3,54) y el haber sido vacunado contra la fiebre amarilla (OR: 1,82; IC95%: 1,22–2,73). Por otra parte, respuestas que indicaron desconocimiento de antecedentes relacionados con dengue estuvieron asociadas a una menor DPVD.

Conclusiones. Los antecedentes y percepciones de la comunidad sobre la enfermedad pueden afectar su interés en la adquisición de vacunas. Por tanto, el perfil epidemiológico de la población y la transferencia del conocimiento en salud serían condicionantes de la demanda de estas intervenciones preventivas. **Financiamiento:** Departamento de La Guajira en convenio con OLFIS. Convenio 019 de 2014.

53. Dinámica espacio-temporal del Dengue en la ciudad de Medellín, Colombia. 2008-2013.

Calle D, Carabalí M, Parra G, Henao E, Sanabria W, Restrepo B.
Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Universidad CES. McGill University. Centro de Investigación en Salud para el Trópico (CIST), Universidad Cooperativa de Colombia. Secretaría de Salud de Medellín. d_calle@hotmail.com

Introducción. Medellín es una ciudad con transmisión endemo-epidémica de Dengue, sin embargo las zonas de riesgo no están bien caracterizadas. Por tal motivo se realizó un estudio cuyo objetivo fue analizar la dinámica espacio-temporal del dengue entre 2008 y 2013.

Materiales y métodos. El análisis espacial de los casos de dengue y de las visitas entomológicas se hizo mediante Densidad de Kernel y de "Puntos Calientes", con el programa ArcMap 10.3.1. El análisis temporal se hizo mediante series de tiempo en el programa R-studio. Los datos los suministró la Secretaría de Salud de Medellín.

Resultados. Fueron analizados 19.743 casos de dengue y para el análisis entomológico se tuvieron en cuenta 16.383 viviendas visitadas por año. Se identificaron "Puntos Calientes" en las comunas Aranjuez, Santa Cruz y Manrique (zona nororiental) durante todo el período y en las comunas de San Javier y Laureles durante los años 2009 a 2012 (zona suroccidental). El año 2010 tuvo puntos calientes en todas las comunas. La mayor concentración de domicilios con el vector se dio en las comunas Aranjuez, Santa Cruz y Manrique durante todo el período, y en las comunas San Javier y Laureles del 2008 al 2012, y en contraste con la densidad de casos, durante el 2010 no se encontraron puntos calientes en las comunas Belén, Guayabal y Candelaria. Durante todo el período se tuvo la misma distribución temporal de los casos.

Conclusiones. Los Sistemas de Información geográfica permitieron identificar las zonas de mayor riesgo de Dengue en Medellín, facilitando la estratificación e intervención eficaz.

54. Detección del virus Dengue en larvas y pupas de *Aedes aegypti* recolectadas en áreas rurales de los municipios de La Mesa y Anapoima, Cundinamarca.

Velandia M, Olano V, Coronel C, Cabezas L, Castellanos J, Calderón M, Matiz M.

Universidad El Bosque. mlvelandiaro@gmail.com

Introducción. El *Aedes aegypti* es el principal vector del DENV y recientemente se ha detectado en áreas rurales. Por la alta incidencia y prevalencia del Dengue en Cundinamarca se evaluó la transmisión transovárica del virus en larvas y pupas en áreas rurales de La Mesa y Anapoima.

Materiales y métodos. Se visitaron 241 viviendas donde se recolectaron 100 individuos. En el laboratorio se clasificaron, agruparon y homogenizaron. Se extrajo RNA con Trizol® y se realizó una RT-PCR, los productos amplificados fueron analizados en geles de agarosa al 2%.

Resultados. En los dos municipios, el serotipo más frecuente fue el DENV-1, en algunos pools se identificaron los serotipos DENV 1 y 2: DENV 1 y 3; DENV 1 y 4 o los serotipos DENV 1, 2 y 3.

Conclusiones. Los resultados obtenidos confirman la transmisión vertical del virus de manera natural en el área rural de los municipios estudiados. Estos hallazgos reafirman la capacidad vectorial del *Ae. aegypti*, que permite la diseminación del virus en los diferentes estados de desarrollo del vector. Esto explicaría la persistencia del virus en la región y la posibilidad de transmitirlo en fase adulta sin haber tomado sangre infectada. Esta situación aumenta el riesgo de infección por DENV en Colombia, por lo tanto se requieren programas de prevención y control en todas las áreas con presencia del mosquito. Universidad El Bosque PCI 98-2014 y la Fundación Lazos de Calandaima.

55. Vigilancia de los virus Dengue, Zika y chikunguña en el departamento de Córdoba.

Jiménez M, Gómez L, Marín E, Ramos E, Osorio J, Trujillo A.
Universidad del Sinú. Universidad de Antioquia. University of Wisconsin.
jimenez950424@gmail.com

Introducción. Dengue, Zika y chikunguña son arbovirosis de alto interés en salud pública en Colombia, se ha expandido rápidamente gracias a la presencia del mosquito vector y hospederos susceptibles sin previa inmunidad sumado a la superposición geográfica que dificultan el diagnóstico y hacen necesaria la validación de métodos diagnósticos. El objetivo fue establecer una vigilancia basada en el laboratorio de estos arbovirus en pacientes febriles de Córdoba.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo de corte transversal entre Junio/2015 y mayo/2016, incluyó 260 pacientes con síndrome febril menor a 5 días sospechosos de Dengue. A partir del suero se detectó antígeno y anticuerpos contra virus Dengue mediante pruebas rápidas para tamizaje. Por RT-PCR en tiempo real se detectaron los virus Dengue, Zika y chikunguña y por PCR convencional se serotipificaron las muestras positivas para Dengue.

Resultados. De las 260 muestras, 35% fueron positivas para Dengue por pruebas rápidas (NS1+/IgM+), en contraste con 8,1% por RT-PCR en tiempo real. El serotipo encontrado en el mayor porcentaje corresponde a DEN3. Para Zika la positividad fue de 6,9% con 27,7% de reactividad cruzada en la prueba rápida. El menor porcentaje de positividad se obtuvo con chikunguña (2,6%).

Conclusiones. La RT-PCR en tiempo real permitió confirmar y diferenciar el virus desencadenante del cuadro clínico en 17,6% de los casos, resaltando la importancia de la vigilancia por laboratorio de estas arbovirosis. La prueba rápida evidenció reacción cruzada entre Dengue y Zika al detectar anticuerpos IgM/IgG. Gobernación de Córdoba-SGR 754-2013.

56. Asociación entre los niveles de HDL y componentes de la respuesta inflamatoria con la progresión de la infección por VIH-1.

Marín L, Castro G, Hernández J.

Universidad Cooperativa de Colombia. Universidad de Antioquia. Infettare; Facultad de Medicina; Universidad Cooperativa de Colombia.
bleidy1122@gmail.com

Introducción. Las lipoproteínas de alta densidad (HDL) además de transportar lípidos como el colesterol, pueden modular diversos mecanismos inmunológicos, incluyendo la respuesta inflamatoria mediada por los inflamasomas. Dicha respuesta puede condicionar la progresión la infección por VIH-1. Éste trabajo evalúa la asociación de las HDL y los componentes de los inflamasomas con la progresión de la infección por VIH-1.

Materiales y métodos. Estudio transversal, donde se incluyeron 20 pacientes infectados con VIH-1 (carga viral entre 1240 y 57649 copias/ml), entre 18 y 60 años de edad sin tratamiento antirretroviral, y 24 controles sanos pareados por sexo y edad. Se cuantificaron los niveles séricos de HDL, proteína C reactiva (PCR), IL-1beta, IL-6 e IL-18, así como la expresión transcripcional de los componentes de los inflamasomas en células mononucleares de sangre periférica por RT-PCR en tiempo real.

Resultados. Al comparar con los controles sanos, los pacientes con VIH-1 presentaron menores niveles de HDL y alta expresión transcripcional de ASC (uno de los componentes de los inflamasomas), la cual fue más marcada en los pacientes con carga viral mayor a 10.000 copias/ml. Adicionalmente, se observó que los niveles de HDL se correlacionaron positivamente con el recuento de linfocitos T CD4+ y negativamente con la expresión transcripcional de los receptores NLRP1, NLRP3 y AIM2. Finalmente, los niveles de PCR se correlacionaron positivamente con la carga viral.

Conclusiones. Las HDL podrían modular la expresión de algunos componentes de los inflamasomas durante la infección por el VIH-1, especialmente en los individuos que presentan mayor progresión de la infección. COLCIENCIAS 141565741029.

EPIDEMIOLOGÍA HOSPITALARIA

57. Descripción del consumo de antibióticos en hospitales colombianos de tercer nivel de complejidad pertenecientes a la red de vigilancia ABACIN durante 2013 a 2015.

Montañez A, Álvarez C, Gómez C, Ballen D, Valderrama S, Gualtero S, Bonilla D, Sussmann O, Ordóñez K.

Programa ABACIN; Asociación Colombiana de Infectología Capítulo Central. Clínica Universitaria Colombia; Colsanitas. Universidad Nacional de Colombia. Clínica de la Mujer. Hospital Universitario San Ignacio. Fundación Clínica Shaio. Clínica de Occidente. Clínica Palermo. Hospital Universitario San Jorge de Pereira. SES Hospital de Caldas.
anitmontanezayala@gmail.com

Introducción. ABACIN (www.abacin.org) es un programa colombiano de uso racional de antibióticos (AB), liderado por Asociación Colombiana de Infectología Capítulo Central desde 2013. Objetivo: Vigilar el consumo de AB en hospitales de tercer nivel del país.

Materiales y métodos. Participan Instituciones de salud interesadas en vigilar el uso de AB. Dispone de una herramienta electrónica en-línea para ingreso de datos. Se usó el sistema de control de consumo (ATC/DDD), y la unidad de medida: dosis diaria /100 días-camas, durante el 2013-2015. Se estimó diferencias de medias del consumo reportado en 2014 - 2015

Resultados. 11 instituciones reportaron datos (5 Bogotá y 6 otras-ciudades). Los 5 AB más comunes fueron: meropenem, vancomicina, cefepima, ceftriaxona y ciprofloxacino. Promedio general de DDD /100 días-camas del consumo fue 78,5 para 2013, 50,6 en 2014 y 45,6 para el 2015. Promedio de DDD /100Días-cama de los AB más comunes fue 0,23 para meropenem (VR:

2gr), 1,45 para vancomicina (VR: 2gr), 2,37 a cefepime (VR: 2gr), 1,47 y 0,71 para ceftriaxona (VR: 2 gr) y ciprofloxacina (VR: 1 gr). Nuestros resultados describen un aumento de algunos AB como meropenem, cefepima y ceftriaxona. Se reportaron diferencias en consumo de AB para ciprofloxacina ($p=0,001$), Tigeciclina ($p=0,000$) y Piperacilina/tazobactam ($p=0,001$).

Conclusiones. A pesar de la disminución en el consumo total de antimicrobianos, AB como meropenem, ceftriaxona y cefepima presentaron incremento en su uso en instituciones participantes. Nuestros resultados describen patrones de consumo de AB en Colombia; que Correlaciónalos con resultados de sensibilidad a AB ayudarían a proporcionar datos que apoyen estrategias para vigilancia y uso prudente de AB.

58. Caracterización genética y molecular de aislamientos de nueve especies bacterianas causantes de infección en UCI en hospitales de cinco ciudades de Colombia.

Moncada M, Castro B, Roza Z, Olarte N, Tovar C, Moncayo J, Reyes N, Sánchez H, Leal A, Vanegas N, Escobar J.

Universidad el Bosque. Hospital el Tunal. Universidad del Sinú. Universidad Tecnológica de Pereira. Universidad de Cartagena. Hospital Universitario Departamental de Nariño. Grupo para el Control de la Resistencia Bacteriana de Bogotá-GREBO. I3 Institute; University of Technology of Sydney. mvmoncada@unbosque.edu.co

Introducción. Los pacientes de UCI son vulnerables a las infecciones por bacterias resistentes, aumentando los índices de morbi-mortalidad. En Colombia la información sobre esta problemática es limitada, por esta razón es importante determinar los diferentes mecanismos de resistencia en bacterias causantes de infección en pacientes de UCI a nivel nacional.

Materiales y métodos. Estudio prospectivo durante nueve meses en infecciones causadas por nueve especies bacterianas en pacientes adultos de UCI en cinco instituciones hospitalarias a nivel nacional. Se evaluó la resistencia bacteriana microbiológica y molecularmente a los principales antibióticos según la especie. Se estableció la relación filogenética por PFGE y MLST

Resultados. Se analizaron 378 aislamientos bacterianos de los cuales *Escherichia coli* (34,7%), *Klebsiella pneumoniae* (23,5%), *Pseudomonas aeruginosa* (15,6%) y *Staphylococcus aureus* (11,9%) entre las especies más frecuentes. Se encontraron 66(21,2%) aislamientos gram negativos multiresistentes (>3 familias), principalmente en *K. pneumoniae*, *P. aeruginosa* y *A. baumannii*. Adicionalmente, la carbapenemasa tipo KPC/ST258 como la más frecuente en *K. pneumoniae*, VIM/ST111/ST244/ST1932/ST1978 y KPC-2/ST235 en *P. aeruginosa* y OXA-23 en diferentes clones para *A. baumannii*. En los aislamientos gram positivos, se detectaron 16 aislamientos MRSA de genotipo comunitario (IVc-IVa), no se detectaron aislamientos con resistencia a vancomicina.

Conclusiones. Estos resultados muestran un comportamiento diferencial en la dinámica poblacional en cada microorganismo, impactando directamente el comportamiento de su resistencia, por lo cual se sugiere el diseño de estrategias de prevención y control diferentes para cada uno de ellos. Proyecto financiado por Colciencias código 1308-569-33463.

59. Epidemiología de *Candida spp.* y perfil de susceptibilidad a antifúngicos en aislamientos provenientes del torrente sanguíneo de instituciones hospitalarias de mediana y alta complejidad de Colombia, año 2015.

Hernández C, Maldonado N, Leal A, Martínez E, Pallares C, Ovalle M, Robledo J, Robledo C, Villegas M, Berrío I.

Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM). Laboratorio Medico de Referencia; Grupo GERMEN. Grupo para el Control de la Resistencia Bacteriana de Bogotá GREBO. Universidad del Valle. Red de Vigilancia de Eventos Nosocomiales del Valle RENOVA. Universidad Pontificia Bolivariana. crihergo@gmail.com

Introducción. Las infecciones por *Candida sp.* son un problema creciente en pacientes inmunocomprometidos y críticamente enfermos en instituciones hospitalarias a nivel mundial. El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia y perfil de susceptibilidad de especies de *Candida sp.* en muestras del torrente sanguíneo de instituciones hospitalarias de mediana y alta complejidad de Colombia

Materiales y métodos. Estudio retrospectivo de aislamientos obtenidos en hemocultivos e identificados por sistemas de microbiología automatizada durante el año 2015 en 88 instituciones de 22 ciudades de Colombia participantes de los Grupos GERMEN, GREBO, CIDEIM y RENOVA. Los análisis se realizaron usando el software WHONET 5.6 considerando el primer aislamiento por paciente. Se emplearon los criterios de interpretación del CLSI del 2012 (M27-S4)

Resultados. El género *Candida*, con el 6,3% de los aislamientos, fue el quinto género más frecuentemente aislado (1054/16708) oscilando entre el 3,0% en la región oriental y el 9,0% en el Eje Cafetero. *Candida albicans* fue la especie más frecuente (37,2%), seguido de *Candida parapsilosis* (26,9%), *Candida tropicalis* (15,6%) y *Candida glabrata* (7,8%). En unidades de cuidado intensivo (UCI), el 100% de las *C. albicans* fueron sensibles a fluconazol y el 97% en salas, *C. parapsilosis* presentó una susceptibilidad del 82% en UCI y 76% en salas mientras que *C. tropicalis* y *C. glabrata* presentaron una susceptibilidad >90%. *C. albicans* y *C. tropicales* presentaron 5 aislamientos resistentes a Caspofungina.

Conclusiones. La frecuencia y distribución heterogénea de las especies de *Candida* en torrente sanguíneo requieren ser tenidas en cuenta en pacientes con factores de riesgo para candidemias.

60. Descripción de pacientes con colonización por enterobacterias resistentes a carbapenémicos en pacientes del Hospital Universitario San Ignacio en Bogotá 2015 – 2016.

Valderrama S, Gualtero S, Garzón J, Bustamante Á, Hernández A, González Á, Gamba L, Linares C.

Hospital Universitario San Ignacio. Pontificia Universidad Javeriana. sandra.valderrama@gmail.com

Introducción. El objetivo de este estudio es describir los pacientes con colonización por enterobacterias resistentes a carbapenémicos en un hospital universitario.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo de pacientes con colonización por ERC. Los pacientes fueron identificados de los cultivos de tamización positivos de hisopado rectal realizados de rutina en una institución al ingreso de los pacientes con hospitalización previa, estancia en hogares de cuidado crónico, y semanalmente en pacientes del servicio de hematología y Unidad de cuidado intensivo (UCI)

Resultados. Se incluyeron 37 pacientes, 52,9% mujeres, con mediana de edad de 57,5 años. El microorganismo más frecuentemente aislado fue *Klebsiella pneumoniae* (64,7%), seguido por *Enterobacter cloacae*, *Escherichia coli* (8,8% cada uno). Los aislamientos correspondieron al servicio de hematología en 35,3%, seguido por UCI en 23,5%, luego de una media de estancia de 14 y 8,4 días respectivamente. El 76% tenían historia de hospitalización y 32,4% antecedente de uso de antibióticos, 52,9% recibieron carbapenémico y 5,9% cefalosporinas de tercera generación. 88,2% tenían dispositivos invasivos. La comorbilidad más frecuente fue neoplasia 64,9%, seguida por VIH 16,2%, 14,7% desarrollaron infección después de la colonización, la mortalidad fue 21,4% (n:6), tres muertes fueron asociadas a infección por ERC.

Conclusiones. Los pacientes colonizados por ERC en esta institución frecuentemente fueron inmunosuprimidos, por lo que en esta población se deben intensificar las medidas de control de infecciones, teniendo en cuenta que un alto porcentaje no presentó uso previo de antimicrobianos. El porcentaje de pacientes que desarrollaron infección después de la colonización fue mayor al reportado en la literatura.

61. Evaluación de la estrategia *risk assessment* para el manejo de Infecciones Asociadas a la Atención en Salud en una institución de IV nivel de complejidad en Cali.

Pallares C, Franco A, Villegas M.

Centro Médico Imbanaco. Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM). icako@hotmail.com

Introducción. Las infecciones intrahospitalarias son un problema de salud pública y deben ser analizadas para buscar estrategias que minimicen su incidencia. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la estrategia *risk assessment* en el manejo de infecciones asociadas a la atención en salud en un hospital en Cali.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo en un hospital de Cali entre enero-junio 2016 en pacientes con diagnóstico de infección intrahospitalaria. Se implementó una matriz de análisis por tipo de riesgo asociado a la infección "*risk assessment*" que asignó un puntaje (1-5) según la probabilidad de ocurrencia e impacto en el desenlace de factores relacionados con el paciente, no adherencia a prácticas seguras, equipo de salud, ambiente, insumos y oportunidad en interconsultas, procedimientos y administración de tratamientos. Se evaluaron las oportunidades de mejora y el puntaje de los riesgos para mitigar, investigar o monitorizar el riesgo según el puntaje obtenido. Se usaron proporciones para la descripción de las variables.

Resultados. Se realizó el *risk assessment* en 179 pacientes con infección intra-hospitalaria, 38% fueron infección del sitio operatorio y 32% del torrente sanguíneo por catéter. 59% de las oportunidades de mejora fueron factores relacionados con el paciente (edad extrema, múltiples comorbilidades, inmunosupresión), 21% no adherencia a prácticas seguras (listas de chequeo en inserción y manejo de dispositivos invasivos) y 3% en interconsultas de especialistas.

Conclusiones. La estrategia *risk assessment* permite evaluar oportunidades de mejora en forma cuantitativa para priorizar estrategias de prevención y control en pacientes con infecciones asociadas a la atención en salud.

62. Impacto de la implementación de medidas de prevención de infección sintomática de tracto urinario asociado a catéter urinario en pacientes de postoperatorio de cirugía cardiovascular de la Clínica Miocardio de Bogotá.

Valbuena M, León L, Ospina L.
Clínica Miocardio S.A.S. mafeuniverso@gmail.com

Introducción. La infección sintomática de tracto urinario asociada a catéter urinario ISTUCA, es la causa más común de infección asociada al cuidado de la salud, hasta el 30% de las infecciones adquiridas en el hospital. Comparar la tasa de ISTUCA en pacientes postoperatorios de cirugía cardiovascular antes y después de la implementación de medidas de prevención de infección urinaria asociada a catéter urinario

Materiales y métodos. Se realizó un estudio retrospectivo de cohortes comparativas antes y después de la implementación de las estrategias de control de infecciones, se incluyeron los pacientes que ingresaron a cirugía cardiovascular durante el año 2014 y 2015, se excluyeron los pacientes sometidos a sondaje previo a la cirugía; las estrategias se basaron en las recomendaciones de las Guías de Práctica Clínica para la prevención de infecciones intrahospitalarias asociadas al uso de dispositivos médicos de la ACIN 2010. Se empleó el software Stata para análisis estadísticos

Resultados. Se presentaron 10 casos de ISTUCA en el año 2014 y 2 casos en el año 2015, los días dispositivo fueron de 1579 en 2014 y 1353 en 2015, con tasas promedio de 6,33 y 1,47 respectivamente, la diferencia de tasas fue de 4,85, con un intervalo de confianza de 95 % y una $p < 0,05$

Conclusiones. Las estrategias de prevención de ISTUCA implementadas en pacientes postquirúrgicos de cirugía cardiovascular encaminadas al uso, material, técnica de inserción del catéter, educación al personal sanitario, uso de sistemas cerrados colectores de orina, y la vigilancia epidemiológica reflejan la disminución de la tasa de ISTUCA.

63. Tolerancia a los biocidas, persistencia y perfil de sensibilidad de aislados ambientales de *P. aeruginosa*, *E. coli* y *A. baumannii* hospitalarios y de la comunidad.

Crespo M, Vásquez D, Libreros G.
Universidad del Valle. Universidad Santiago de Cali.
maria.crespo.ortiz@correounivalle.edu.co

Introducción. La exposición a biocidas puede inducir cambios en la susceptibilidad bacteriana a los antibióticos usados en la terapia. Sin embargo los efectos de la exposición a los desinfectantes son motivo de controversia y requieren un estudio detallado. El objetivo de este trabajo fue analizar la viabilidad, persistencia y susceptibilidad de bacterias de ambientes hospitalarios y domésticos posterior a la exposición a biocidas.

Materiales y métodos. En un estudio experimental *in vitro* se determinó la concentración inhibitoria mínima (CIM) y la concentración bactericida (CBM) para clorhexidina (CH), cloruro de benzalconio (CB) y triclosan (TC) de 20 aislados de *Pseudomonas aeruginosa* (10), *Acinetobacter baumannii* (5) y *Escherichia coli* (5) obtenidos de ambientes hospitalarios y domésticos. La viabilidad bacteriana después de la exposición y remoción del biocida fue evaluada por citometría de flujo y cultivo. Se analizó la dinámica de recuperación microbiana y los perfiles de sensibilidad antes y después de la recuperación.

Resultados. Independiente de su procedencia *P. aeruginosa* presentó mayor tolerancia a todos los biocidas. *A. baumannii* y *E. coli* fueron hasta 8 a 13 veces más tolerantes a BA y TC que las cepas de referencia. Se observó que la exposición a biocidas altamente efectivos induce formas viables no replicativas en *P. aeruginosa* y *E. coli*. Un aislado de *A. baumannii* presentó cambios en el perfil de susceptibilidad posterior a la exposición.

Conclusiones. Desviaciones del protocolo de desinfección pueden favorecer la persistencia y diseminación de bacterias no replicativas, por lo que métodos alternativos al cultivo deben utilizarse en el seguimiento.

64. Sensibilidad a caspofungina y anidulafungina y presencia de mutaciones en los genes FKS en aislamientos de *Candida spp.* provenientes de sangre en 15 instituciones hospitalarias de Medellín.

Berrío I, Maldonado N, De Bedout C, Arango K, Cano L, Jiménez-Ortigosa C, Perlin D, Gómez B, Robledo C, Valencia Y, Robledo J.
Laboratorio Médico Referencia - Grupo GERMEN. Clínica el Rosario. Corporación para investigaciones Biológicas (CIB). Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM). Escuela de Microbiología; Universidad de Antioquia. Public Health Research Institute-NJMS Rutgers University; Newark, NJ. Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud; Universidad Rosario. Escuela de Ciencias de la Salud; Universidad Pontificia Bolivariana. Indiraberriom@hotmail.com

Introducción. La resistencia a equinocandinas es un fenómeno emergente. Mutaciones en las regiones denominadas "hot spots" de los genes FKS en *Candida spp.* resultan en concentraciones inhibitorias mínimas elevadas y fallos terapéuticos. El objetivo de este estudio fue determinar la sensibilidad a caspofungina y anidulafungina y la presencia de mutaciones en genes FKS en aislamientos de *Candida spp.* de sangre.

Materiales y métodos. Se analizaron 147 aislamientos de *Candida spp.* recolectados en un estudio realizado en 15 instituciones hospitalarias de Medellín, en 2010-2011. La identificación se realizó por secuenciación molecular y se empleó dilución en caldo del CLSI para determinar la sensibilidad a equinocandinas. Se emplearon los criterios de interpretación del CLSI del 2012 (M27-S4). La secuenciación de los genes FKS fue realizada en el Instituto de Investigación en Salud Pública, Universidad Rutgers, Nueva Jersey.

Resultados. Las especies más frecuentes fueron *Candida albicans* (40,8%), *Candida parapsilosis* (23,1%) y *Candida tropicalis* (17,0%). La sensibilidad global a anidulafungina y caspofungina fue de 98,0% y 88,4% y la sensibilidad intermedia de 1,4% y 10,2%, respectivamente. No se encontraron mutaciones que conducen a cambios de aminoácidos en genes FKS; sin embargo, 54 aislamientos presentaron polimorfismos en los "hot spots" secuenciados; 30 (85%) tenían mutaciones silentes principalmente en FKS1 HS1 y ocho (15%) en FKS1 HS2.

Conclusiones. Se encontraron aislamientos de *Candida spp.* con sensibilidad disminuida a equinocandinas, concretamente a caspofungina, que no estuvieron relacionados con mutaciones que conducen a cambios en los aminoácidos. Se requieren estudios prospectivos para establecer el comportamiento actual de la resistencia a equinocandinas en la región.

PRESENTACIÓN EN POSTER

INFECCIONES EN ADULTOS

65. Identificación de *Ureaplasma spp* y *Chlamydia trachomatis* en hombres sexualmente activos de Colombia.

Castelblanco L, Rojas D, Gómez S, Vargas H.
Laboratorio de Salud Pública. Secretaría Distrital de Salud de Bogotá D.C. lcastelblanco.08@gmail.com

Introducción. Casos de ITS en hombres asintomáticos no se encuentran reportados en la actualidad a nivel mundial pero afectan la población sexualmente activa debido a que no presentan signos clínicos, favoreciendo su prevalencia a nivel mundial, generando un problema de salud pública. El objetivo del proyecto de investigación es establecer la positividad de *Chlamydia trachomatis*, y *Ureaplasma spp* en un grupo de hombres colombianos sexualmente activos asintomáticos a una infección de transmisión sexual.

Materiales y métodos. Estudio de casos y controles de un total de 430 hombres asintomáticos con una media de edad de 28 años de diferentes zonas geográficas de Colombia (Tolima, Antioquia, Atlántico, etc), donde los casos son pacientes VPH positivos (n=143) y controles negativos a VPH (n=287). Quienes aceptaron de forma voluntaria participar del estudio. Se les realizó un frotis de la zona balanoprepucial para la tipificación de VPH e identificación molecular con primers específicos para *Ureaplasma spp* y *Chlamydia trachomatis* mediante una PCR convencional.

Resultados. De los 143 casos analizados se identificó *Ureaplasma spp* del 12,5% (n=18) de los cuales el 55% (n=10) no utilizaron condón, y *Chlamydia trachomatis* en el 4,1% (n=6) de los cuales el 16% no utilizaron condón. De los 287 controles se identificó *Ureaplasma spp* del 8,36% (n=24) de los cuales el

75% no utilizaron condón, y *Chlamydia trachomatis* en el 3.13% (n=9) donde el 11.1% (n=1) no utilizaron condón.

Conclusiones. En la población colombiana masculina asintomática se logró identificar la presencia de VPH, *Ureaplasma spp* y *Chlamydia trachomatis* presentando una prevalencia de *Ureaplasma spp* sobre *Chlamydia trachomatis*.

66. Epidemiología molecular de infección anal por Virus de Papiloma Humano en población sexualmente activa de Bogotá D.C. – Colombia.

Obando D, Barbosa L, Teuzaba E, Salamanca S, Gómez S, Díaz L, Arce P, Vargas H.

Secretaría Distrital de Salud de Bogotá D.C. Laboratorio de Patología; Patolab LTDA. Clínica de la Mujer. Ginesalud IPS. daoh2106@hotmail.com

Introducción. El virus del papiloma humano (vph) puede llegar a infectar diferentes zonas anatómicas que posean tejido epitelial de transición. La mayoría de los casos de cáncer anorrectal están asociados a la infección por este virus, sin embargo, en Colombia este tema aún no ha sido estudiado. Este trabajo busca establecer el perfil molecular y epidemiológico de la infección genital anal por vph y su posible asociación con factores de riesgo en población sexualmente activa de la ciudad de Bogotá.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo donde se recolectaron citocapillados anales de 253 pacientes de 18 a 88 años de edad, que asistieron a un examen por citología anal y cervical en Patolab Ltda y Ginesalud IPS para una posterior identificación molecular de 37 tipos virales.

Resultados. La prevalencia global de la infección por vph fue del 60.08%, de las muestras positivas el 36.84% presentó genotipos de alto riesgo, el 26.97% de bajo riesgo, y el 36.18% de alto y bajo riesgo simultáneamente. El 64.35% de los pacientes con citologías negativas, fueron positivos para algún genotipo viral. El grupo de edad que presento una mayor positividad (63.82%) oscilaba entre los 25 a 44 años. El número de compañeros sexuales y la edad de inicio de actividad sexual, determinaron un posible riesgo para contraer el virus. Índice de confianza 95%

Conclusiones. Debido a la elevada presencia encontrada del VPH surge la necesidad de implementar acciones desde salud pública que permitan hacer una identificación molecular temprana de virus, con el fin de evitar el desarrollo de lesiones que son precursoras de cáncer.

67. Prevalencia de *Chlamydia trachomatis* en el ámbito mundial: revisión sistemática 1980 – 2015.

Ospina T, Cardona J.

Universidad de Antioquia. tmaria.ospina@udea.edu.co

Introducción. La infección por *Chlamydia trachomatis* muestra una prevalencia diversa según sea el grupo poblacional de estudio. El objetivo del estudio fue estimar la prevalencia de *C. trachomatis* a nivel mundial por medio de una revisión sistemática en el periodo 1980-2015.

Materiales y métodos. Revisión sistemática de la literatura científica, donde se aplicó protocolo de búsqueda en cuatro bases de datos multidisciplinarias con 11 estrategias de búsqueda, criterios de inclusión, exclusión, evaluación de la reproducibilidad en la selección de los estudios y la extracción de la información. Las variables se analizaron con frecuencias y se evaluó la prevalencia global y específica según país de estudio, tipo de población, grupo etario, prueba diagnóstica, cada uno con sus intervalos de confianza del 95%.

Resultados. Se incluyeron 288 estudios, con mayor proporción en mujeres, jóvenes, de Estados Unidos y Brasil. Las pruebas más usadas fueron las moleculares y en muestras como frotis cervical. Los grupos más estudiados con población general, pacientes de clínicas de salud sexual, ginecología, gestantes. Se incluyeron 492.911 individuos con una prevalencia global de 7,56%, mientras que las prevalencias más significativas por grupos se hallaron en homosexuales con 18,26%, problemas oculares 15,85%, trabajadoras sexuales 12,13%. Los países con las prevalencias más altas fueron Trinidad y Tobago con 52%, Sudáfrica 48,7%, Jamaica 45,5%, Israel 43,1%, Finlandia 34,0% y Serbia 31,9%.

Conclusiones. Los estudios con las más altas prevalencias se agrupan en África, homosexuales, personas con problemas oculares, trabajadores sexuales y gestantes. Según la edad la prevalencia más alta fue en niños y la más baja en adulto.

68. Determinación de los factores de virulencia *cagA* y *vacA* en aislamientos de *Helicobacter pylori* obtenidos de pacientes con enfermedades gastroduodenales de tres poblaciones Antioqueñas.

Salazar B. Gómez S, Pérez T, Benítez J, Marín M, Martínez A.

Universidad de Antioquia. Universidad de Santander. IPS Promedan. beatrizsalazar@gmail.com

Introducción. *Helicobacter pylori* (Hp) es el agente etiológico de varias enfermedades gastroduodenales. En Antioquia no existen estudio de genotipificación y patrón de susceptibilidad. Objetivo: determinar los factores de virulencia *cagA* y *vacA* a partir de aislamientos obtenidos de pacientes con enfermedades gastroduodenales.

Materiales y métodos. Estudio transversal/descriptivo, muestra: 300 individuos mayores de 18 años que consultan por endoscopia digestiva en 5 hospitales del Departamento entre 2016-2017, según criterios de exclusión (consumo de inhibidores de bomba de protones y/o del receptor-H2 en los últimos 15 días, antibióticos en el último mes, cirugía gástrica, alteraciones de la coagulación, quimio/radioterapia). Se evaluaron aspectos clínico/epidemiológicos, de cada individuo y se recolectaron 11 muestras para estudios microbiológicos, histopatológicos y moleculares.

Resultados. se optimizó el crecimiento de Hp en agar Brucella BBL/sangre de caballo/isovitalex BBL/Dent Oxoid. En el ensayo piloto (n=16; 68.8% mujeres/31.3% hombres), edad promedio 48 años (SD+/-14), El 87% de los pacientes (piloto) residía en zona urbana-área metropolitana comparado con 93.3% (estudio). La prevalencia de Hp fue 68.8% (antro) y 62.5% (cuerpo). El 18.7% de los aislamientos portan el gen *cagA* tanto en antro como en cuerpo. En el estudio (n=31; 67.7% mujeres/32.3% hombres), promedio edad 48 años (SD+/-13.1), la prevalencia fue de 61.3% (antro) y 58.1% (cuerpo). El porcentaje de aislamientos *cagA* (+) fue de 25.8% (antro) y 32.2% (cuerpo).

Conclusiones. Se optimizó el cultivo para *H. pylori*. La prevalencia bacteriana y del gen *cagA* concuerda con lo descrito en la literatura.

69. Prevalencia y perfil de Susceptibilidad del *Staphylococcus aureus* de fenotipo comunitario en jóvenes en entrenamiento deportivo.

Méndez I. Bustamante L, Hernández R, Lesport L, Nassar M.

Facultad de Medicina; Universidad Militar Nueva Granada. ivan.mendez@unimilitar.edu.co

Introducción. El *Staphylococcus aureus* meticilino resistente (SAMR) es un patógeno responsable de múltiples infecciones tanto adquiridas en la comunidad como en la atención en salud. El objetivo de este estudio es establecer en una población de riesgo la prevalencia y analizar el perfil de susceptibilidad a antimicrobianos alternativos a vancomicina para el tratamiento el de las infecciones por el SAMR-Adquirido en la comunidad (SAMR-CA).

Materiales y métodos. Se realizó un estudio observacional descriptivo transversal en jóvenes deportistas practicantes de fútbol, obteniendo 91 muestras de hisopados nasales para su posterior análisis microbiológico. La identificación se realizó a través de microscopia, tinción de gram, catalasa, coagulasa, agar saldo manitol, el perfil de resistencia a través del método de Kirby Bauer y E-test para vancomicina para los SAMR.

Resultados. Se obtuvieron 91 muestras, 44 aislamientos identificados como *Staphylococcus aureus*, solo una fue resistente a la meticilina y sensible a la Vancomicina y 43 fueron SAMS.

Conclusiones. Se evidencia una baja circulación de la cepa SAMR en la población estudiada, con base a este hallazgo no recomienda la realización rutinaria de tamizaje nasal para la identificación del SAMR-CA en deportistas con las características de la población estudiada, sin embargo, se recomienda el adecuado lavado de manos, limpieza y asepsia de heridas derivadas del entrenamiento o práctica deportiva.

70. Costos asociados a la mediastinitis en cirugía cardiovascular.

Roncancio G, Vargas A, González J, Franco L, Pineda A.

Clínica Cardio VID. roncancio@gmail.com

Introducción. La mediastinitis es una infección grave con alta tasa de morbilidad y mortalidad que genera altos costos económicos para los servicios de salud. Se pretende determinar el sobrecosto económico de la atención en salud en los pacientes sometidos a cirugía cardíaca con Mediastinitis

Materiales y métodos. Estudio de casos y controles anidado en una cohorte retrospectiva realizado en pacientes adultos sometidos a cirugía de cambio valvular, bypass y cirugía mixta de enero a diciembre de 2013. Se utilizó chi cuadrado y la prueba U de Mann Whitney para comparar los grupos.

Resultados. Se obtuvieron 14 casos y 14 controles. El promedio de costo de atención de un paciente con mediastinitis fue \$ 95.853.516; sin mediastinitis \$29.410.624 (p=0.003). El sobrecosto de atención de los 14 pacientes con mediastinitis fue \$1.910.955.270. Medicamentos representó 28.2% del costo total de la atención, seguido por la estancia en UCI (24,1%). Los pacientes con mediastinitis tuvieron 1.109 días de hospitalización frente a 186 días de los

pacientes sin mediastinitis ($p=0,002$). El costo promedio de día de atención de los pacientes con mediastinitis fue de 2'094,413 pesos frente a 2'213,074 pesos de pacientes sin mediastinitis. La tasa de mortalidad fue 21,4% en los pacientes que presentaron mediastinitis. El promedio de edad en el grupo de casos fue de 65 ± 8 años. No se encontró diferencia en transfusión sanguínea ($p=0,347$), tiempo de perfusión ($p=0,937$), tiempo de pinza aórtica ($p=0,684$) ni hipotermia ($p=0,529$) entre casos y controles.

Conclusiones. La mediastinitis implica un sobrecosto significativo, además de la morbimortalidad asociada. Las medidas para evitarla están justificadas.

71. Caracterización fenotípica de aislamientos clínicos de *Staphylococcus epidermidis* para la formación de biopelícula y perfil de resistencia.

Acuña S, Aguiar F, Aulestia G, Segura M, Guevara A, Pinilla G, Muñoz L, Navarrete J.

Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. Universidad Nacional de Colombia. saccuna@unicolmayor.edu.co

Introducción. *Staphylococcus epidermidis*, es importante comensal de la microbiota de la piel, como patógeno oportunista, puede formar biopelícula en dispositivos médicos, incrementando la resistencia a los antibióticos. Objetivo: Correlacionar en muestras Clínicas de *S.epidermidis*, la formación de biopelícula, la biomasa viable y resistencia bacteriana.

Materiales y métodos. Se caracterizó la formación de biopelícula, mediante estudio observacional descriptivo en 31 aislamientos clínicos de *S.epidermidis* con presencia del operon *icaADBCicaR*, mediante los métodos rojo congo+5% sacarosa y cristal violeta, caldo BHI+NaCl.2% y BHI+Glucosa1%. La viabilidad celular se realizó en cultivo durante 24h, y curvas de crecimiento en el Bioscreen durante 48 h, para correlacionarlas con la adherencia. El perfil de resistencia se identificó en 12 antibióticos.

Resultados. De los 31 aislamientos de *S. epidermidis* analizados con rojo congo+5% sacarosa 35,5% fueron positivos. Los puntos de corte para clasificar la adherencia de las bacterias por cristal violeta con BHI+Glucosa1% y BHI+NaCl.2% resultaron fuertemente adherentes en 48,4%. Los antibióticos más resistentes fueron: gentamicina (87,1%), eritromicina (77,4%), oxacilina (64,5%) y su relación con aislamientos fuertemente adherentes fue de: 48,1%, 54,2%, 50% respectivamente. La curva de crecimiento celular a las 24h se correlacionó con aquellos aislamientos débilmente adherentes, y su conteo celular máximo durante las 24h fue de 17,6 UFC/mL.

Conclusiones. Los *S.epidermidis* presentan comportamiento heterogéneo para la formación biopelícula. El rojo congo+5% sacarosa presentó 35,5% de aislamientos positivos y 48,5% en BHI+NaCl.2% y BHI+Glucosa1%. Fueron fuertemente adherentes pero con las curvas de crecimiento mostraron una débil adherencia. Por lo tanto los métodos estudiados no podrían demostrar la formación de biopelícula. Financiado proyecto-COLCIENCIAS:651-2014.

72. Efecto del *Staphylococcus aureus* meticilino resistente sobre el perfil de proteínas de membrana en la línea celular de cáncer de mama MCF-7.

Sierra A, Fernández A, Pertus K, Fernández R.

Universidad Metropolitana. adrianayanett@gmail.com

Introducción. El objetivo fue determinar el efecto del *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (SARM), sobre las proteínas de membrana de la línea celular de cáncer de mama MCF-7

Materiales y métodos. Cepas ATCC y hospitalaria, de SARM fueron puestas en contacto con la línea celular MCF-7 a diferentes tiempos y concentraciones, se evaluaron: viabilidad celular por el método del MTT, variaciones fenotípicas y análisis del perfil proteico de membrana con el software Image Lab.

Resultados. Los cambios en la viabilidad celular fueron más pronunciados en la cepa SARM hospitalaria. Se observó estimulación en el crecimiento celular a un moi de 20 siendo más pronunciado a las 48 y 72 horas, a la vez que se observaron cambios fenotípicos como la formación de filopodias. Se evidenció la disminución en concentración de algunas proteínas de membrana, siendo más evidentes en SARM hospitalaria a las 48 horas de infección en todas las MOI, la disminución fue de alrededor del 50%. En las bandas 1 a 7 y 16 a 18 la disminución se presenta en las MOI 15 y 20, la SARM Hospitalaria afectó la expresión de dichas proteínas en todas las MOI.

Conclusiones. El SARM hospitalaria estimula el crecimiento de células MCF-7, ocasiona la disminución en la concentración de algunas proteínas de la membrana, y estimula la formación de filopodias, indicadoras de movilidad celular, a futuro la identificación de estas proteínas, nos llevara a concluir que SARM hospitalario podría ser uno de los posibles factores inductores de los procesos metastásicos.

EPIDEMIOLOGÍA HOSPITALARIA

73. Adherencia a las prácticas de higiene oral como medida de prevención para NAV en una Unidad de Cuidados Intensivos (UCI) pediátrica.

Ballesteros A, González L, Mancera A, Gómez C.

Universidad Nacional de Colombia. Fundación Hospital de la Misericordia. Clínica de la Mujer. angie1788@hotmail.com

Introducción. Dentro de las medidas de prevención para Neumonía asociada al ventilador (NAV), se incluyen los protocolos de higiene oral; en particular el uso de enjuagues orales con clorhexidina al 0,12% y el cepillado dental con niveles de evidencia moderados, sin embargo su implementación no ha sido generalizada.

Materiales y métodos. Estudio observacional descriptivo de corte transversal, para medir la frecuencia de adherencia a las prácticas de higiene oral en niños hospitalizados en la unidad de cuidado intensivo pediátrico del Hospital de la Misericordia; Bogotá, Colombia, que requieran manejo con ventilación mecánica durante el periodo comprendido de enero a junio de 2016.

Resultados. Durante el periodo de observación se captaron 30 pacientes en UCI, promedio de edad de 7 años, 50% de sexo masculino, porcentaje adherencia al cepillado dental de 26,7% y de uso de enjuague oral del 76%, sin embargo solo el 46% recibieron clorhexidina 0,12%, El 53% de los pacientes presentaban alguna lesión en cavidad oral y cerca del 16% presentaban más de un hallazgo patológico en la cavidad oral.

Conclusiones. Existe una oportunidad de mejoramiento en los protocolos para higiene oral con el fin de disminuir la tasa de NAV, además se requiere la participación de odontopediatras en este proceso por cuanto la proporción de lesiones de cavidad oral que puedan requerir intervención en este escenario no son despreciables.

74. Impacto económico de la colonización nasal por *Staphylococcus aureus* Meticilino Resistente (SAMR), en pacientes que ingresan al Servicio de Cirugía Cardiovascular del Hospital Universitario San Ignacio (HUSI).

Martínez H, Hidalgo M, Valderrama S, Quitian H, Correa J, Ríos G, Rojas J.

Maestría Microbiología; Universidad Nacional de Colombia. Departamento de Microbiología; Pontificia Universidad Javeriana. Hospital Universitario San Ignacio. h-martinez@javeriana.edu.co

Introducción. El tratamiento de las infecciones sitio operatorias por SAMR, generan costos adicionales en el sistema de salud. El objetivo principal del estudio fue evaluar el impacto económico de la colonización nasal por SAMR, en pacientes que ingresan al Servicio de Cirugía Cardiovascular del HUSI.

Materiales y métodos. Estudio de corte longitudinal transversal, realizado con pacientes mayores de 18 años candidatos y programados para cirugía cardiovascular, entre Febrero a Diciembre de 2015, se recolectaron hisopados nasales y se empleó PCR en tiempo real. El análisis económico se basó en la estimación de costo beneficio y costo efectividad.

Resultados. Colonización nasal hospitalizados 21% y ambulatorios el 16,3%. El costo total de la estrategia de tamizar, dar tratamiento y tratar las infecciones que se presenten versus no tamizar y tratar las ISO que se presenten, fue de \$193.021.851 y \$137.671.765 respectivamente, con una relación costo – efectividad de \$194.810 versus 146.615 respectivamente. El costo incremental fue de \$55.350.086, los casos de infecciones evitadas con el tamizaje y la profilaxis por cada 1000 casos respectivamente fueron 52, y el costo de cada caso de infección evitado fue de \$1.068.147.

Conclusiones. De los resultados de este estudio, se pudo establecer que el implementar la estrategia de tamizaje versus tratamiento de las infecciones, es costo efectivo, sin embargo de la identificación precoz y tratamiento eficaz, depende la costo-efectividad de la estrategia.

75. Control exitoso de un brote de infección causado por *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos (KPC) en colangiopancreatografía retrógrada endoscópica (CPRE) en un Hospital Universitario en Bogotá, Colombia.

Linares C, González A, Valderrama S, Hani A, Escobar Y, Cortés G, Guerrero C, Rodríguez I, Triana L, Celis Y, Maldonado L.

Hospital Universitario San Ignacio. Pontificia Universidad Javeriana. Secretaría Distrital de Salud de Bogotá. cjlinares@husi.org.co

Introducción. La *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos es un problema grave de salud pública asociada a alta tasa de mortalidad. La infección es una complicación reconocida en la CPRE.

Materiales y métodos. Se realizó investigación epidemiológica y molecular para estudio de brote en pacientes sometidos a CPRE. Mediante revisión de historias clínicas, auditorías de la práctica de limpieza y desinfección, cultivos ambientales y duodenoscopios y tipificación molecular de los aislamientos en Secretaría Distrital de Salud.

Resultados. Entre enero y febrero de 2015, 3 pacientes fueron identificados con KPC relacionados con la CPRE, el caso índice presentó la infección antes del procedimiento; los dos restantes fueron posterior al mismo. La mediana de edad fue de 64 años; tasa de ataque del 11,5% (3/26). Hubo 2 infecciones del torrente sanguíneo y 3 infecciones intra-abdominales, 2 pacientes fallecieron. Los aislamientos clínicos eran portadores del gen blaKPC con similitud superior al 95%. Los cultivos de vigilancia rutinarios de duodenoscopios fueron negativos; la cepa epidémica fue aislada de un duodenoscopio por el lavado y cepillado de los canales durante el brote.

Conclusiones. Las medidas adoptadas de control del brote y prevención de nuevos eventos son: implementación del reprocesamiento de equipos de CPRE de acuerdo con recomendaciones del Centro de Control de Enfermedades (CDC), educación al personal, eliminación de reutilización e incorporación de monitoreo utilizando bioluminiscencia y cultivo. Durante un año se han realizado cultivos microbiológicos semanales y vigilancia después del reprocesamiento con bioluminiscencia, en caso de resultado mayor que 100 unidades relativas de luz, el procedimiento de limpieza y desinfección es repetido.

76. Impacto de la implementación de la estrategia multimodal para la higiene de manos en un hospital universitario de cuarto nivel. Bogotá, Colombia.

González P, Bustamante A, Valderrama S, Linares C, Narváez D, Roa O, Gamba L, Gualtero S, López J.
Hospital Universitario San Ignacio. alanbusu@gmail.com

Introducción. Este estudio pretende mostrar el impacto de la estrategia multimodal del lavado de manos desarrollado por la OMS en un hospital de cuarto nivel de atención en Colombia.

Materiales y métodos. Se desarrollaron las 5 fases de la estrategia de la OMS en un periodo de cuatro años. Se seleccionó una enfermera para liderar la estrategia y 10 auxiliares de bioseguridad que realizan observaciones, educación, y abastecen los insumos durante las 24 horas del día. Adicionalmente se mantuvo los paquetes de medidas de prevención de infecciones asociadas a dispositivo

Resultados. Para el año 2012, se realizaron 11021 observaciones de lavado de manos, con 82,2% de adherencia. En el 2016, 36673 observaciones, con 99% de adherencia. A partir del 2014 se implementó la medición por los 5 momentos del lavado de manos, con el mayor cumplimiento para el tercer momento de 99,1%. En nuestro hospital, el índice de infecciones asociadas al cuidado de la salud (IACS) disminuyó de 4,5% para el 2012 a 2,6% para 2016, en la unidad de cuidado intensivo (UCI) de 6,7% a 4,0%, la tasa de infección del torrente sanguíneo asociada a catéter de 4,5% a 0,7% en 2016.

Conclusiones. Se obtuvo una reducción significativa de IACS después del inicio de esta estrategia. Para lograr las metas, fue importante el soporte dado por el hospital y la educación permanente que permitió un cambio cultural institucional.

77. Caracterización de pacientes con infecciones por anaerobios estrictos en un hospital de cuarto nivel de complejidad (2014-2015).

Ariza B, Sinning I.
Hospital Universitario San Ignacio. Pontificia Universidad Javeriana.
deariza@husi.org.co

Introducción. Los microorganismos anaerobios mantienen el equilibrio entre el huésped y los organismos que lo colonizan. Las infecciones por ellos se producen cuando esta relación se interrumpe. El conocimiento de las características que poseen los pacientes al momento de desarrollar una infección por anaerobios aporta datos valiosos para vigilancia epidemiológica de estas infecciones.

Materiales y métodos. Estudio observacional, retrospectivo.

Resultados. Se encontraron 103 pacientes con diagnóstico confirmado de infección por anaerobios. El 12,6% de los pacientes habían sido intervenidos quirúrgicamente en los últimos 30 días principalmente cirugía ginecobstétrica y abdominal. En cuanto al foco infeccioso, los principales fueron hematógeno y osteoarticular. La hipertensión, enfermedades gastrointestinales y neoplasias fueron las enfermedades de base mayormente encontradas. Los bacilos gram-negativos fueron los microorganismos más aislados.

Conclusiones. Aunque el estudio mostró una mortalidad baja, es importante conocer las características que poseen los pacientes al momento de desarrollar una infección por anaerobios y el comportamiento en un ámbito hospitalario complejo.

78. Implementación de un paquete de medidas para la prevención de infecciones asociadas a catéter en una institución de salud de alta complejidad – reporte de una experiencia.

Builes D, Bonfante-Olivares L, Echeverri-Toro L, Atehortua S, Agudelo C.
Centros Especializados de San Vicente Fundación.
dmbm@sanvicentefundacion.com

Introducción. Las infecciones del torrente sanguíneo asociadas a catéter central (ITS-AC) son una complicación frecuente y de alta morbimortalidad que afecta a los pacientes hospitalizados, principalmente en unidades de cuidados intensivos. Recientemente se ha demostrado que la implementación de estrategias en forma de paquetes de medidas es una medida altamente efectiva para disminuir las tasas de infección.

Materiales y métodos. Se describe el proceso de implementación y los resultados obtenidos con el diseño e implementación de un paquete de medidas para la prevención de las ITS-AC en un servicio de hospitalización general entre enero del 2013 y diciembre de 2015. La implementación del paquete se hizo en dos fases, una primera en la que se introdujeron las medidas relacionadas con el mantenimiento y una segunda fase en la que se introdujeron las medidas relacionadas con la inserción del catéter. Las infecciones se definieron de acuerdo con los criterios de los CDC/NHSN.

Resultados. La tasa de bacteriemia asociada a catéteres pre-intervención era de 7.4 x 1000 días y disminuyó a 2.5 x 1000 días al terminar la implementación de la primera fase y 1.8 x 1000 días luego de la implementación de la segunda fase. La adherencia a las medidas de mantenimiento aumentó del 81% inicial al 93% final y la adherencia a las medidas de inserción aumentó del 64% inicial al 84% final.

Conclusiones. Los paquetes de medidas durante la inserción y el mantenimiento de catéteres centrales son efectivos para disminuir las infecciones asociadas a estos dispositivos, siempre y cuando se logren altos niveles de adherencia.

79. Primer año de implementación de gestión de antibióticos en hospital de alta complejidad.

Pérez J. López M, Sánchez A, Cortés S.
Fundación Hospital San Carlos. jairoe21@gmail.com

Introducción. Los programas de gestión de antibióticos (PGA) se asocian con disminución del consumo de antibióticos, resistencia bacteriana y estancias hospitalarias.

Materiales y métodos. Trabajo descriptivo realizado en la Fundación Hospital San Carlos. Se evaluaron los inicios de antimicrobianos de segunda línea, entre febrero 24 y diciembre 31 de 2015. Se clasificaron las prescripciones, y se modificaron si era pertinente. Presentamos el análisis de formulación y el resultado del consumo de antimicrobianos y perfil de sensibilidad microbiológico antes y después del PGA.

Resultados. Se evaluaron 2837 antimicrobianos. Con 660 (23%) inicios inadecuados. Por preferencia de otro antibiótico: 286 (10%) o sin indicación: 253 (9%). La formulación fue inadecuada en ciprofloxacina (90%), Meropenem (67%); infección urinaria (33,7%) y neumonía (15,7%). Se hizo modificación en 1080 casos (61,4%), en promedio en 2,39 días (0 – 14). Perfil microbiológico antes y después: UCI: *K. pneumoniae* BLEE 26,7% a 21%; *S. marcescens* Resistente (R) a meropenem 27,3% a 0. *P. aeruginosa* R a meropenem 35% a 17,9%. NO UCI: *K. pneumoniae* BLEE 32,3 a 26,9% y R a meropenem 11,6 a 9,1%. *S. marcescens* R a meropenem 25% a 5,9%. *P. aeruginosa* R a meropenem 26,2 % a 20,3%. *A. baumannii* R a meropenem 60% a 0 y a ampicilina sulbactam 60% a 0. La Dosis Diaria Defenida de meropenem, ceftriaxona, piperazilina tazobactam, ciprofloxacina y vancomicina disminuyó; excepto un aumento en UCI de ceftriaxona.

Conclusiones. El PGA resulta en disminución de la resistencia por BLEE y carbapenemasas en gram-negativos; y una disminución del consumo de antibióticos de amplio espectro.

80. Neumonía por *Staphylococcus aureus* meticilino resistente en un hospital de cuarto nivel de complejidad.

Medina R, Gómez C, Nader N, Pezador A.
Hospital Militar Central. ramon8809@hotmail.com

Introducción. El presente estudio tiene como objetivo describir las características demográficas, clínicas y microbiológicas de la neumonía por SAMR en la población del Hospital Militar Central.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo realizado en el Hospital Militar Central en pacientes mayores de 18 años con diagnóstico de neumonía bacteriana con aislamiento positivo para SAMR en sangre, esputo, lavado broncoalveolar y líquido pleural entre los años 2012 y 2015.

Resultados. Se revisaron 211 aislamientos correspondientes a *S. aureus*, de los cuales 24 correspondieron a neumonía bacteriana por SAMR. El 75% correspondieron a hombres, con edad promedio de 43.5 años (rango: 18 – 90 años); siendo el 37.5% militares activos. El 25% de los pacientes tenían exposición previa a antibióticos betalactámicos. La neumonía nosocomial fue la presentación más frecuente (45.8%), seguida por la neumonía adquirida en la comunidad (41.7%). Solo el 29.2% requirió manejo en UCI. El fenotipo CA-SAMR fue el más frecuentemente aislado en los pacientes con neumonía bacteriana (95.8%); con presentación radiográfica unilobar (45.8%). El 79.2% de estos pacientes tuvieron una estancia hospitalaria mayor a 14 días; con una mortalidad global de 37.5%.

Conclusiones. La neumonía por SAMR representa una causa poco frecuente de neumonía bacteriana en la población del Hospital Militar Central; siendo el fenotipo CA-SAMR el más frecuentemente encontrado, con alto impacto en estancia hospitalaria y en mortalidad global.

81. Caracterización de los pacientes con infección por bacilos gram negativos productores de metalobetalactamasas en Hospital Militar Central en período comprendido entre 2013 – 2015.

Bravo J, Mantilla B, Gómez C, Cardona C, Quintero J, Botero C, Pinzón L, Pescador L, Pérez J, Gómez J, González M.
Grupo de Investigación en Enfermedades Infecciosas; Hospital Militar Central (GREINMIL). jbravoojeda@gmail.com

Introducción. El advenimiento de patógenos con perfil de resistencia a betalactámicos mediante expresión de metalobetalactamasas (MBL) constituye uno de los principales problemas de salud pública. Por esto, se busca caracterizar a los pacientes con infección por Bacilos Gram negativos productores de MBL en Hospital Militar Central.

Materiales y métodos. Se realizó estudio descriptivo, en Bogotá, mediante la revisión de perfil microbiológico de la institución con identificación por biología molecular de expresión de MBL aisladas de 16 pacientes, durante el período comprendido entre 2013 y 2015.

Resultados. La edad promedio fue 42 años +/- 2,29 años, procedentes de UCI en 43.75%. Los microorganismos aislados fueron *Pseudomonas aeruginosa* (62.50%), *Providencia rettgeri* (18.75%), *Citrobacter freundii*, *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* (6.25%). Las MBL diagnosticadas fueron VIM (62%) y NDM (37,5%) Se evaluaron número de días catéter, sonda vesical y Ventilación Mecánica. Así mismo, los días de antibiótico utilizados de carbapenem, aminoglicósido y piperacilina/tazobactam. Al 87,50% de los pacientes se realizó procedimiento quirúrgico siendo Cirugía abdominal y Ortopedia los más descritos (25%). Procedimiento endoscópico en 31,25% de los pacientes, siendo la endoscopia digestiva la más registrada.

Conclusiones. *Pseudomonas aeruginosa* es el microorganismo más frecuentemente aislado con este tipo de resistencia, siendo VIM la más aislada seguida de NDM. Es importante establecer el papel fundamental de la biología molecular en el diagnóstico de resistencia bacteriana. La caracterización de pacientes con infección por bacilos gram negativos productores de MBL, permitirá la identificación de factores de riesgo como herramienta para su rápido diagnóstico, caracterización epidemiológica y tratamiento específicos.

82. Evaluación de la implementación de listas de chequeo para precauciones estándar y especiales (contacto, gotas y aérea) en una institución IV nivel de complejidad en Cali.

Pallares C, Venté E, Caicedo A.
Centro Médico Imbanaco. Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM). icako@hotmail.com

Introducción. La adherencia a las precauciones estándar y especiales es una de las prácticas más importantes y efectivas para disminuir la transmisión cruzada de las infecciones. OBJETIVO: evaluar la implementación de listas de chequeo para monitorizar la adherencia a precauciones estándar y especiales en una institución de Cali.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo entre enero-junio 2016. Se implementaron 5 listas de chequeo (precauciones estándar, por contacto, por

gotas, por vía aérea y protectoras) en todas las áreas de hospitalización y se monitorizó su adherencia mediante vigilancia activa por el equipo de control de infecciones. Las variables observadas fueron infraestructura, uso de elementos de protección, conductas del equipo de salud y educación al familiar y paciente. Se usaron proporciones para la descripción de las variables.

Resultados. Se realizaron 230 observaciones en toda la institución, de las cuales el 49% (n=112) fueron de precauciones estándar, 23% (n=53) de contacto, 17% (n=39) de gotas, 7% (n=16) protectoras y 4% (n=10) vía aérea. La adherencia global a las listas de chequeo fue 86%. El ítem con menor adherencia fue el de educación al familiar del paciente sobre higiene respiratoria y etiqueta de tos.

Conclusiones. Mediante el seguimiento de la adherencia a buenas prácticas usando listas de chequeo para precauciones estándar y especiales se logran identificar oportunidades de mejora para cerrar las brechas.

RESISTENCIA BACTERIANA

83. Factores asociados a infecciones por bacterias gram negativas con patrones de resistencia tipo betalactamasa de espectro extendido y carbapenemasas en una clínica de tercer nivel en Ibagué 2013-2015.

Porras D, Hernández X, Díaz D, Arias S.
Universidad del Tolima. Clínica Medicadiz. Facultad Nacional de Salud Pública; Universidad de Antioquia. dianithamar@hotmail.com

Introducción. En el departamento del Tolima no se han realizado estudios acerca de las infecciones por bacterias gram negativas multirresistentes, por lo tanto el presente estudio busco establecer la asociación entre factores clínicos y sociodemográficos con la infección por bacterias gram negativas con patrones de resistencia antibiótica tipo betalactamasa de espectro extendido (BLEE) y Carbapenemasa en pacientes de la unidad de cuidado intensivo (UCI) y el servicio de hospitalización de una clínica privada de tercer nivel en la ciudad de Ibagué entre los años 2013 y 2015.

Materiales y métodos. Estudio epidemiológico observacional analítico de casos y controles con 186 pacientes: 124 controles (pacientes con diagnóstico de infección por bacterias gram negativas sin patrones de resistencia antibiótica tipo BLEE y Carbapenemasa) y 62 casos (pacientes con diagnóstico de infección por bacterias gram negativas con patrones de resistencia antibiótica tipo BLEE y Carbapenemasa).

Resultados. Las enfermedades urológicas (OR 2,552 IC 95% 1,173-5,550), la hospitalización en los últimos tres meses (OR 3,172 IC 95% 1,527 – 6,589), la infección por dispositivos (OR 9,884 IC 95% 1,139 – 85,774) y el catéter vesical (OR 2,781 IC 95% 1,166 – 6,634) fueron factores de riesgo independientes (FR) para el aislamiento de bacterias con resistencia antibiótica tipo BLEE y Carbapenemasa.

Conclusiones. Al igual que en otros estudios en otros contextos se encontró que el antecedente de hospitalización previa reciente, la infección por dispositivos y el uso de catéter vesical son FR significativos. En este estudio las enfermedades urológicas también es un FR, posiblemente por el perfil de pacientes atendidos.

84. Identificación genotípica de β-lactamasas de espectro extendido (blaTEM, blaSHV-2), en aislados clínicos de *Escherichia coli* uropatógena de Bucaramanga, Santander.

Trejos-Suárez J, Grandas-Franco Y, Porras-Gutiérrez M, Greco-Angarita C, Silva-Sayago J.
Universidad de Santander UDES. juanita.trejos@udes.edu.co

Introducción. La problemática de las infecciones de tracto urinario ha venido en aumento, debido a la aparición de resistencia bacteriana a antimicrobianos, influenciado por la presión selectiva, la preexistencia de genes de resistencia y el uso indiscriminado de antibióticos, por ello se propuso identificar molecularmente β-lactamasas de espectro extendido (blaTEM y blaSHV-2), en aislados clínicos de *Escherichia coli* uropatógena, de Bucaramanga, Santander.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo. Desde marzo a agosto del 2014, 275 aislados de *Escherichia coli* provenientes de urocultivos (> 10.000 UFC/mL) fueron trasladados a la Universidad de Santander-UNDES, de estas se estudiaron 250 cepas de las cuales 120 eran presuntivas de producir β-lactamasas según método fenotípico. Los genes de interés se amplificaron mediante PCR convencional. Se utilizó *Klebsiella pneumoniae* ATCC 700603 como control positivo. El producto amplificado fue de 470 pb para blaSHV-2 y 1080pb para blaTEM.

Resultados. El 52,8% de las cepas eran portadoras del gen blaTEM y el 2,8% del gen blaSHV-2. Se encontró co-existencia de los genes en el 1,68% de las cepas. Las cepas tuvieron una distribución filogenética así: A: 25,28%, B1: 21,34%, B2: 13,5% y D: 39,88% donde las cepas pertenecientes al grupo D (virulentas) evidencian la mayor presencia tanto del gen blaSHV-2 como de blaTEM, seguido de aquellas que se encuentran clasificadas en el grupo A y B1 (comensales).

Conclusiones. El principal gen implicado en la producción de β -lactamasas en las cepas de *E. coli* uropatógena es blaTEM, comparándolo con la presencia de blaSHV-2, además de presentarse co-existencia de los dos genes.

85. Perfiles de resistencia de *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* productoras de KPC-2 en la ciudad de Barranquilla.

Bettin A, Molina D, Marín A, Guerrero M, Beltrán C, Campo M, Escobar J. *Maestría en Microbiología. Universidad Metropolitana-Barranquilla. Grupo de Genética Bacteriana; Universidad del Bosque.* alfonsobettin@yahoo.es

Introducción. *E. coli* y *K. pneumoniae* productoras de KPC es un problema a nivel mundial; en Colombia, la prevalencia ha sido evidenciado por distintos investigadores. En Barranquilla se desconoce la prevalencia real de estas enzimas en las instituciones de salud (IPS). El objetivo fue describir los perfiles de resistencia de *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* productoras de KPC-2.

Materiales y métodos. Se analizaron 50 aislamientos, 7 de *E. coli* y 43 de *K. pneumoniae* resistentes a carbapenémicos, recuperados entre el 2015-2016 en 6 IPS de Barranquilla. Los aislamientos fueron analizados con técnicas de detección fenotípica de enzimas por difusión de disco y por PCR convencional. La determinación de perfiles de susceptibilidad se realizó por métodos automatizado

Resultados. Los aislamientos se recuperaron de orina (32,0%), sangre (32,0%) y el restante 36,0 % de secreciones, tejidos y líquidos. El 68% de los aislamientos tuvieron CIM a ertapenem de ≥ 4 $\mu\text{g/ml}$ y 38% tuvo CIM a meropenem de ≥ 8 $\mu\text{g/ml}$; todos los aislamientos fueron positivos para la prueba de Hodge modificado y la prueba de ácido Borónico, al 100% de los aislamientos se les confirmó el gen blaKPC, la variante KPC-2 fue confirmada con ensayos de restricción. La resistencia a las cefalosporinas osciló entre 62% y 94%, a ciprofloxacina 76%, trimetopim sulfametoxazol (SXT) 66%, piperacilina tazobactam (TZP) 18% y gentamicina 14%. El 100% de los aislamientos fueron sensibles a tigeciclina.

Conclusiones. El perfil de resistencia de los aislamientos productores de KPC-2 en Barranquilla mostró resistencia elevada a cefalosporinas de tercera generación, SXT, ciprofloxacina, pero baja a TZP y gentamicina.

86. Farmacocinética de Cefepime en pacientes con neoplasias hematológicas y neutropenia febril post-quimioterapia en el Instituto Nacional de Cancerología, Empresa Social del Estado, Bogotá.

Álvarez J, Cuervo S, Cortés J, Sánchez R, Gómez J, Silva E, Díaz J. *Universidad Nacional de Colombia. Instituto Nacional de Cancerología.* jcalvarezr@una.edu.co

Introducción. Los parámetros farmacocinéticos y farmacodinámicos de los antimicrobianos hidrofílicos varían en diversas situaciones patológicas como la sepsis, el trauma, las quemaduras, la hipoalbuminemia y en la neutropenia febril post-quimioterapia con respecto a los voluntarios sanos.

Materiales y métodos. Estudio abierto, no aleatorizado, observacional, descriptivo, prospectivo que evalúa los parámetros farmacocinéticos de cefepime en pacientes con neoplasias hematológicas y neutropenia febril post-quimioterapia en el Instituto Nacional de Cancerología en 14 pacientes con neutropenia febril post-quimioterapia en tratamiento con cefepime en estado estacionario a dosis de 2 gramos IV cada 8 horas.

Resultados. Mediante la técnica de método microbiológico, cefepime mostró un modelo farmacocinético bicompartimental, se calcularon los parámetros farmacocinéticos de cefepime: La $C_{\text{máx}}$ fue de 47,12 - 98,53 mg/L (66,72 \pm 14,39), la C_{min} de 0,86-12,04 mg/L (4,45 \pm 3,12), el V_c fue de 0,31-0,63 L/kg (0,46 \pm 0,09), el ABC: 89,2-188,39 mg x h/L (131,07 \pm 33,4), la Cl: 4,75-22,79 L/h (10,9 \pm 4,6) y la $t_{1/2}$ alfa y beta de 0,96-2,35 h respectivamente.

Conclusiones. Los pacientes con NFPQ presentan variaciones en los parámetros PK de cefepime comparado con individuos sanos.

87. Comparación entre el test tridimensional y la identificación de genes de resistencia por PCR para detección de carbapenemasas en un programa de vigilancia de multiresistencia.

Castrillon M, Gutiérrez X, Múnera M, Ramírez B, Cuartas M. *Universidad de Antioquia. Hospital Pablo Tobón Uribe.* marlon.castrillon@udea.edu.co

Introducción. Las carbapenemasas tienen la habilidad de hidrolizar carbapenems y casi todos los betalactámicos de uso clínico. Por esto se consideran un problema de salud pública internacional y su identificación en muchas ocasiones es basada exclusivamente en métodos fenotípicos. El objetivo del estudio fue comparar la prueba para la detección fenotípica de carbapenemasas (Test Tridimensional) con la prueba de biología molecular (PCR) para la detección de genes de resistencia (prueba de referencia).

Materiales y métodos. Se realizó un estudio descriptivo con 37 cepas de bacterias gram negativas y 5 cepas control, del programa de vigilancia de multiresistencia en un hospital de alta complejidad de Medellín entre 2012 y 2014. Se hicieron cálculos de sensibilidad, especificidad, VPP, VPN e índice de Youden (IY) con sus respectivos intervalos de confianza para el test tridimensional.

Resultados. Se observó para el test tridimensional una sensibilidad de 0,96 (IC 95%: 0,7965 - 0,9998), especificidad de 0,8824 (IC 95%: 0,6356 - 0,9854), VPP 0,9231 (IC 95%: 0,7487 - 0,9905), VPN 0,9375 (IC 95%: 0,6977 - 0,9984) e IY de 0,8424.

Conclusiones. El test tridimensional es útil en un ambiente hospitalario, ya que permite la identificación de una gran variedad de carbapenemasas, aun cuando no es posible la completa clasificación de la misma.

88. Descripción de un brote de *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos (CR-Kp) ST307 en un hospital de alta complejidad. Medellín, Colombia.

Rodríguez E. Ocampo A, Cienfuegos A, Higueta L, Jiménez J. *Línea de Epidemiología Molecular Bacteriana; Grupo de Microbiología Básica y Aplicada; Universidad de Antioquia.* andrearrt@gmail.com

Introducción. El éxito de *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos ha sido relacionado principalmente con la diseminación global del linaje genético ST258; sin embargo, en los últimos años se ha descrito la emergencia de nuevos clones. En este estudio se reporta un brote de CR-Kp ST307 en un hospital de Medellín.

Materiales y métodos. Estudio transversal que incluye todos los pacientes infectados con CR-Kp entre el 2012 y 2014. Los aspectos clínico-epidemiológicos fueron obtenidos de la historia clínica. La identificación y antibiograma de los aislamientos fue realizada por Vitek2@. Se realizó la detección de carbapenemasas por PCR y tipificación molecular por PFGE y MLST.

Resultados. Entre Junio 2013 y Marzo del 2014 se detectó un grupo de aislamientos estrechamente relacionados por PFGE (Coeficiente Dice 80%) pertenecientes al ST307 (n=14); sugiriendo la ocurrencia de un brote. La mayoría de aislamientos presentaron CTX-M-15 (93%, n=13) y la carbapenemasa KPC-2 (57,1%, n=8), seguida de KPC-3 (35,7%, n=5). Se observó alta resistencia a gentamicina y ciprofloxacina (85,7%, n=12). Con relación a los pacientes la infección más frecuente fue bacteriemia (35,7%, n=5), los antecedentes más importantes fueron cirugía (85,7%, n=12), enfermedad cardiovascular (42,9%, n=6) y uso de aminoglucósidos (50%, n=7). De manera preocupante, los pacientes infectados con el ST307 presentaron mayor mortalidad comparado con otros ST (50% Vs 32%).

Conclusiones. Se describe por primera vez en Colombia la emergencia de CR-Kp ST307 descrito previamente en Estados Unidos e Italia, donde presenta altos niveles de morbi-mortalidad. Así mismo se resalta la importancia de la utilización de herramientas moleculares en la vigilancia epidemiológica. Financiación: 111565741641. Colciencias.

89. Conocimientos y prácticas de uso de antibióticos en población ambulatoria atendida por un laboratorio clínico de la ciudad de Medellín.

Maldonado N, Robledo J, Navarro C, Gómez J, Ochoa J, Pérez A, Gaviria A, Robledo C. *Laboratorio Médico Referencia - Grupo GERMEN. Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Escuela de Ciencias de la Salud; Universidad Pontificia Bolivariana.* natalia.maldonado@yahoo.com

Introducción. El aumento de la resistencia a los antibióticos es crítico para la salud mundial. El uso excesivo y erróneo de antibióticos favorece la

aparición de bacterias resistentes. El objetivo del estudio fue caracterizar los conocimientos y prácticas de uso de antibióticos en pacientes ambulatorios

Materiales y métodos. Durante el segundo trimestre de 2016 se aplicó una encuesta estructurada a 500 adultos que acudieron para exámenes, donar sangre o como acompañantes a las sedes de atención del Laboratorio Médico de Referencia en Medellín. La información fue analizada en SPSS®

Resultados. El 91,4% de los encuestados considera que los antibióticos curan infecciones; 38,8% cree que sirven para resfriados y 33,6% para Zika o Dengue. El 61,1% asevera que en su entorno se consumió antibióticos en el último semestre y fueron prescritos por médico general (60,6%). Un 47,6% de la población reporta haber suspendido el antibiótico ante la mejoría de síntomas y 45,6% conservó antibióticos sobrantes para uso futuro. El 59,8% cree que las bacterias se vuelven resistentes a los antibióticos y 17,2% piensa que el cuerpo se vuelve resistente a éstos. Un 26,4% considera que la resistencia a antibióticos no es un peligro y 36,4% cree que es un peligro pero sólo para el individuo infectado, pero no para la población.

Conclusiones. Se observan prácticas inapropiadas y conceptos errados en la comunidad frente al uso de los antibióticos. Estas prácticas contribuyen al aumento de la resistencia a antibióticos, por lo que programas comunitarios de educación en uso de antibióticos y prevención de infecciones en hogares son indispensables.

90. Caracterización molecular de mecanismos de resistencia a carbapenémicos en aislados de *Pseudomonas aeruginosa* con diferentes perfiles de susceptibilidad fenotípica.

Morales S, Gallego M, Vanegas J, Jiménez J.
Universidad de Antioquia. sara.moralesz@udea.edu.co

Introducción. *Pseudomonas aeruginosa* presenta diferentes mecanismos de resistencia a los carbapenémicos dificultando su inferencia a partir del antibiograma. El objetivo de este estudio fue caracterizar los mecanismos moleculares de resistencia a carbapenémicos en aislados de *Pseudomonas aeruginosa* con diferentes perfiles de susceptibilidad fenotípica a estos antibióticos.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo a partir de una colección microbiana de aislados de *Pseudomonas aeruginosa* provenientes de pacientes infectados en cinco hospitales de Medellín, durante los años 2012 y 2014. Se seleccionaron 40 aislados con diferentes perfiles de resistencia a carbapenémicos y se realizó la detección de carbapenemasas por PCR y la medición de los niveles de expresión de la porina OprD, la bomba de expulsión MexAB-OprM y la betalactamasa AmpC mediante qRT-PCR.

Resultados. En la mayoría de los aislados resistentes no se observó ninguno de los mecanismos evaluados (n=21). En los aislados resistentes solo a meropenem se encontró sobreexpresión de AmpC (n=1) y disminución de la expresión de MexAB-OprM (n=2) y OprD (n=1). En los aislados resistentes solo a imipenem, se observó disminución en la expresión de MexAB-OprM (n=3) y se confirmó la presencia de mutaciones en el gen que codifica la porina OprD (n=1). Finalmente, en aislados resistentes simultáneamente a imipenem y meropenem se detectó la presencia de carbapenemasas (VIM, n=3 y KPC/VIM, n=1).

Conclusiones. En los aislados de *P. aeruginosa* no productores de carbapenemasas los mecanismos moleculares hallados no explican el fenotipo de resistencia a carbapenémicos, lo que podría explicarse por la complejidad de los sistemas de regulación de los mismos.

91. Susceptibilidad *in vitro* de *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina aislado de infecciones en piel y tejidos blandos a vancomicina, daptomicina, linezolid y tedizolid.

Montoya D, Vanegas J, Ocampo A, Jimenez J.
Universidad de Antioquia. dm.urrego@gmail.com

Introducción. El tratamiento de infecciones por *S. aureus* resistente a meticilina (SARM) representa un reto ante la emergencia de nuevos mecanismos de resistencia. Tedizolid es una nueva oxazolidinona con mayor actividad aprobada para el tratamiento de infecciones en piel y tejidos blandos. En este estudio se determinó la susceptibilidad *in vitro* a vancomicina, daptomicina, linezolid y tedizolid en aislados de SARM provenientes de piel y tejidos blandos.

Materiales y métodos. Se incluyeron 150 aislados provenientes de pacientes adultos de tres hospitales de Medellín entre 2008 y 2010. Las características clínico-epidemiológicas se recolectaron de la historia clínica. La concentración inhibitoria mínima (CIM) e determinó mediante E-test. Para la tipificación molecular se empleó SCCmec, spa y MLST.

Resultados. Los antecedentes de los pacientes evidenciaron un alto uso de antimicrobianos y hospitalizaciones. Los valores de CIM50 y CIM90 para tedizolid, fueron los más bajos, equivalentes a 0,38 y 0,5 ug/ml respectivamente. El rango de CIM obtenidas fue inferior al de los otros antimicrobianos evaluados (0,19-0,75 ug/ml frente a 0,5-2,0ug/ml para vancomicina, 0,25-1,5 ug/ml para daptomicina y 0,38-4,0 ug/ml para linezolid). Así mismo, tedizolid mostró una CIM dos a cinco veces menor que linezolid. El genotipo más frecuente fue el tipo spa t1610, complejo clonal CC8 y SCCmec IVc (29,3%, n=44).

Conclusiones. Tedizolid mostró una mayor actividad *in vitro* que los otros antimicrobianos evaluados. Esto sumado a su menor toxicidad, buena disponibilidad, dosis diaria y la no necesidad de ajuste de dosis, convierte a tedizolid en una alternativa promisoriosa para el tratamiento de las infecciones de piel y tejidos blandos por SARM.

VIH

92. Características relacionadas con diagnóstico positivo para VIH en hombres que tienen sexo con hombres (HSH), Cali-Colombia.

Galindo J, Tello I, Mueses H.
Corporación de Lucha Contra el Sida. centroinvestigaciones@cls.org.co

Introducción. En Colombia la toma voluntaria de pruebas de VIH oscila en 20% en población general y entre poblaciones de mayor riesgo es 20% a 50%. El conocimiento de características en personas recién diagnosticadas, podría direccionar estrategias para el tamizaje y la educación. Se condujo un estudio para determinar las características relacionadas con diagnóstico VIH+ en HSH.

Materiales y métodos. Entre 2012 y 2015, se llevó a cabo en Cali un estudio descriptivo mediante tamizaje para VIH con participación voluntaria de 503 personas HSH mayores de 18 años. Previo consentimiento informado, se implementó un cuestionario estructurado sobre características sociodemográficas, conocimientos y comportamientos relacionados con VIH. Se hicieron análisis descriptivos, de comparación de grupos según diagnóstico de VIH y regresión logística multivariada.

Resultados. Edad promedio 27,3±8,9 años. El 63% con prueba de VIH previa; frecuencia de VIH+ 13,9% IC95% (10,9%-17,0%). Del análisis multivariado se observó mayor frecuencia de diagnóstico VIH+ en personas >25 años (OR=3,1; IC95% 1,5-6,6), con escolaridad hasta secundaria (OR=28; IC95% [1,3-6,0]), con consumo de sustancias psicoactivas (OR=2,0; IC95% 1,0-4,1), con tatuajes/piercing (OR=2,4; IC95% 1,1-5,0), con antecedente de ITS (OR=2,6; IC95% 1,3-5,4) y en quienes se creían en riesgo para VIH (OR=3,2; IC95% 1,5-6,9). Adicionalmente en el análisis bivariado, quienes conocían o convivían con alguien con VIH/Sida, o sospechaban que su pareja tuviera VIH, presentaron mayor frecuencia de positividad para VIH (p entre <0,014), pero estas relaciones desaparecieron en el análisis multivariado.

Conclusiones. Los resultados sugieren características que pueden direccionar la búsqueda de VIH en personas con factores de riesgo adicionales a su vulnerabilidad por preferencia sexual.

93. Factores asociados a CD4 ≥ 1000 en un grupo de pacientes con infección por VIH en Bogotá, Colombia.

Páez C, Sussmann O.
Asistencia Científica de Alta Complejidad. carolpaezun@gmail.com

Introducción. Los pacientes con infección por VIH con altos recuentos de CD4 tienen un mejor pronóstico, comparados con aquellos que tienen inmunosupresión sostenida. Este trabajo pretende identificar factores relacionados con CD4 ≥ 1000 en pacientes con tratamiento antiretroviral (TARV).

Materiales y métodos. Se realizó un estudio transversal con datos de 83 pacientes provenientes de una institución prestadora de salud de Bogotá especializada en la atención de usuarios con VIH. Se incluyeron pacientes > 15 años, recuento actual de CD4 ≥ 1000 células, y con TARV. Se calcularon t de student para medir diferencias entre medias.

Resultados. La prevalencia de CD4 ≥ 1000 encontrada es 2,4%. El rango de edad es de 15 a 64 años, 53 pacientes (72,6%) son hombres y 20 mujeres (27,4%). La afiliación al régimen contributivo: subsidiado fue 48 Vs 52%, la t de student no mostró diferencias. El diagnóstico se dio por solicitud voluntaria en 40%. La mayoría de los pacientes (83,5%) han estado con cargas virales indetectables, el esquema más frecuente es lamivudina/zidovudina más efavirenz.

Conclusiones. La prevalencia de CD4 > 1000 es baja. El diagnóstico oportuno por prueba voluntaria se asocia con mayor probabilidad de tener CD4

>1000 células. Existe mayor probabilidad de tener recuentos de CD4 \geq 1000 si el paciente es diagnosticado con CD4 >500 células y solicitud voluntaria de la prueba diagnóstica de VIH. No se encontraron diferencias entre los grupos según tipo de afiliación al SGSSS.

94. Mutaciones relacionadas con resistencia antiretroviral secundaria en pacientes colombianos viviendo con VIH.

Montes J.
Asistencia Científica de Alta Complejidad. jorgemontesr@gmail.com

Introducción. Las mutaciones asociadas a resistencia del manejo antiretroviral determinan el éxito del manejo del VIH. Este trabajo pretende definir los factores asociados a la resistencia así como las principales mutaciones presentes en un grupo de pacientes provenientes de Bogotá.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio de casos y controles, en pacientes VIH manejados en una IPS especializada de Bogotá. Los casos fueron pacientes con resistencia ARV y los controles fueron pacientes que no desarrollaron resistencia a pesar de haber recibido un manejo antiretroviral similar e iniciado al mismo tiempo.

Resultados. Se incluyeron 71 pacientes. Se encontró asociación entre edad joven y resistencia (OR: 0,891; $p < 0,001$), y con una menor carga viral al momento del diagnóstico. La adecuada adherencia al tratamiento, se mostró como un factor protector al desarrollo de resistencia (OR: 0,030, $p < 0,001$). Se evidencia que existe mayor riesgo de generación de mutaciones en pacientes jóvenes. Respecto a los tipos de mutaciones, las más frecuentes fueron M184V en INTR (81%) y K103N en INNTR (40%), L24I (40%) en IP.

Conclusiones. Los pacientes más jóvenes y con una carga viral elevada al momento del inicio de la terapia se asociaron con mayor posibilidad de resistencia ARV. Las mutaciones más frecuentes son similares a las encontradas en la literatura.

95. Evaluación de la eficacia de una técnica *in house* para genotipificar VIH-1 en diferentes matrices: Una propuesta de acceso a la vigilancia de fármaco resistencia en Colombia.

Abella C.
Instituto Nacional de Salud. cabella@ins.gov.co

Introducción. El alto costo de los ensayos comerciales para genotipificar el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH), no permite que países de bajo y medianos ingresos como Colombia realice vigilancia de fármaco resistencia por el laboratorio. Demostrar la eficacia de técnicas *in house* para genotipificar el VIH usando plasma y sangre seca en papel filtro permite acceder al monitoreo de fármaco resistencia en Colombia.

Materiales y métodos. Mediante un estudio experimental *in vitro*. Laboratorio de VIH del grupo de virología del Instituto Nacional de Salud de Colombia (Julio a noviembre de 2016). Se estandarizó una técnica molecular para genotipificar VIH-1 en plasma y sangre seca en papel filtro. Se comprueba la trazabilidad de la técnica usando un método normalizado. Para el análisis filogenético de las secuencias obtenidas se utiliza el método neighbor joining.

Resultados. Los resultados esperados son el límite de detección en plasma 1000 copias/ul y en sangre seca en papel filtro 5000 copias/ul, sensibilidad > 98% y > 96% en plasma y sangre seca en papel filtro respectivamente, reproducibilidad > 98%. No debe haber diferencia significativa entre los patrones de mutación y subtipos reportados en la caracterización previa frente a la técnica estandarizada.

Conclusiones. Todos los parámetros analizados deberán demostrar que la prueba de genotipificación *in House* para VIH-1 cumple con requisitos de exactitud y precisión necesarios para obtener resultados confiables.

96. Perfiles de riesgo y frecuencia de VIH en grupos vulnerables, Cali-Colombia.

Mueses H, Galindo J, Tello I, Martínez J, Alvarado B.
Corporación de Lucha Contra el Sida. Queen's University. centroinvestigaciones@cls.org.co

Introducción. Los hombres que tienen sexo con hombres (HSH), personas transgénero (TRANS) y mujeres trabajadoras sexuales (MTS) son más afectados por el VIH que poblaciones heterosexuales (HS). El presente estudio describe simultáneamente los perfiles de riesgo y positividad para VIH en grupos vulnerables y personas heterosexuales.

Materiales y métodos. Entre 2012 y 2015, participaron 604 personas de comunidades con mayor riesgo (59 TRANS, 444 HSH, 101 MTS) y 733 heterosexuales, todos de estrato socioeconómico 1 y 2, en campañas de asesorías/pruebas voluntarias (APV). Previo consentimiento informado, se utilizó un cuestionario estructurado específico para cada grupo (recomendado por UN-FPA) sobre aspectos sociodemográficos, conocimientos y comportamientos relacionados con VIH. Se brindó asesoría pre-test/prueba rápida VIH con confirmatoria en los positivos y asesoría posterior según resultado de la prueba. Se condujeron análisis descriptivos y comparativos.

Resultados. La prevalencia de VIH+ fue más alta en los grupos de alto riesgo (TRANS+HSH+MTS) que en HS (12.4% vs 2.6%; $p < 0,001$). Participantes de alto riesgo reportaron mayor número de parejas sexuales (4 vs 1; $p = 0,0001$), mayor uso consistente de condón (30%-67% vs 9%-36%; $p < 0,001$), mayor uso de alcohol/drogas (56%/43% vs 39%/36%; $p < 0,001$), mayor frecuencia de sexo comercial (25% vs 3%; $p < 0,001$) y anal (82% vs 25%, $p < 0,001$) e historia de infecciones de transmisión sexual (20% vs 14%; $p = 0,005$), además de mayor frecuencia de prueba previa VIH (65% vs 42%; $p < 0,001$), menor seguridad social en salud (77% vs 90%; $p < 0,001$) y menor convivencia con pareja estable (19% vs 43%, $p < 0,001$).

Conclusiones. Se necesitan mayores esfuerzos en APV y promoción/prevenición de VIH con enfoque diferencial en las poblaciones que continúan en alto riesgo.

97. Viremias bajas y factores asociados en pacientes con VIH revisión sistemática.

Mejía L, Malpica J.
laMejias05@yahoo.es

Introducción. El tratamiento antirretroviral (TAR) ha mejorado significativamente la morbimortalidad del paciente con infección por VIH. Las guías de práctica clínica recomiendan la supresión virológica (ARN VIH < 50 cop/ml) como objetivo del TAR. Se han descrito episodios de viremia detectable en hasta 20-40% de los pacientes que alcanzan la supresión virológica con TAR. Objetivo: Determinar la prevalencia y factores relacionados con la presencia de Blips, mediante una revisión sistemática de la literatura.

Materiales y métodos. Revisión sistemática de la literatura científica con base en estudios publicados en español e inglés en las principales bases de datos, investigaciones realizadas a partir del año 2010 a partir de la implementación de un protocolo de búsqueda que incluyó criterios de inclusión y exclusión y se llevó a cabo un análisis descriptivo y cualitativo de los datos a través de frecuencias, así determinar la prevalencia e identificar los factores asociados más frecuentes.

Resultados. La prevalencia global de viremia transitoria fue de 36,7%. Encontramos relación entre viremia y disminución de las células T CD4 de 15 Vs 10 células/mm³ por año, la mayor duración del TAR y la elevación de marcadores CD3 tienen relación estadísticamente significativa con la presencia de viremia.

Conclusiones. La prevalencia de viremia fue 36,7%, encontramos relación de viremias de bajo grado con mayor tiempo de tratamiento y TAR en monoterapia. Los Blips presentan una disminución de las células T CD4 de 10-15 células/mm³ por año y asociación con elevación de marcadores de la activación de células T, especialmente CD3.

98. Enfermedad renal en pacientes VIH pertenecientes a un programa de atención a 2015 en Bogotá, Colombia.

Arévalo L, Sánchez A.
Centro de Expertos para Atención Integral CEPAIN IPS. larevalom79@hotmail.com

Introducción. La enfermedad renal es una causa importante de morbilidad y mortalidad en los pacientes con infección por VIH. Su reconocimiento y manejo oportuno evitan las consecuencias de una condición terminal.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo retrospectivo, con búsqueda de niveles alterados de creatinina del año 2015, y proteinuria anormal de 24 horas en el periodo 2010-2015 en los pacientes del programa de atención integral en VIH del Centro de expertos para atención integral, Bogotá (Colombia), identificados los casos se revisó la historia clínica.

Resultados. Se encontró 119 personas de 4026 con alteraciones en la función renal, con una prevalencia del 2,9 por cada 100 personas. 74 personas con alteración de creatinina y 45 con proteinuria significativa en 24 horas. Una media de edad de 47 años, 113 pacientes de sexo masculino. Se presenta 79% de pacientes en estadio Sida, el estadio renal está compuesto en su mayoría por estadios 1 y 2 con 47 y 26% respectivamente. 6 pacientes están en terapia de reemplazo renal, 2 en hemodiálisis y 4 en diálisis peritoneal. El 50% de los

pacientes presentan comorbilidades relacionadas con riesgo cardiovascular, y 11 pacientes presentan patologías anatómicas. La regresión logística evidenció que hay una relación de riesgo de presentar la patología renal en VIH en pacientes con estadio Sida de 2.3 veces más (IC 1.4-3.8) p.

Conclusiones. En los pacientes con VIH se puede determinar que el género masculino y el haber estado en estadio Sida son factores que aumentan el riesgo de presentación de alteraciones renales.

99. Rendimiento diagnóstico de la genotipificación pre-tratamiento en pacientes VIH-Naïve, según tiempo probable desde la infección retroviral inicial.

Galindo J, Coral M, Agudelo L, Mueses H.
Corporación de Lucha Contra el Sida. *centroinvestigaciones@cls.org.co*

Introducción. El genotipo en pacientes VIH+ sin exposición a terapia anti-retroviral (TARV) es costo-efectivo para seleccionarla, cuando la frecuencia de mutaciones transmitidas supera el 4-5%. Sin embargo, para Colombia o países con recursos limitados, su uso debe racionalizarse para obtener el mejor rendimiento diagnóstico. Este estudio presenta una caracterización genotípica de pacientes VIH+ naïve según tiempo probable desde la infección retroviral inicial.

Materiales y métodos. Subanálisis de estudio retrospectivo, entre 2008 y 2015, 343 pacientes VIH+ mayores de 18 años, naïve, tuvieron genotipo pre-tratamiento. Se establecieron dos grupos: pacientes con infección-VIH<1 año y aquellos con infección-VIH≥1 año. Se consideraron mutaciones de resistencia definidas por OMS-2009 e Internacional AIDS Society-USA 2013 (IAS-USA, y características sociodemográficas y relacionadas con VIH.

Resultados. Al comparar quienes tenían infección <1 año (n=96) frente a aquellos con ≥1 año (n=247) se diferenciaron significativamente en: la frecuencia de mutaciones según lista OMS-2009 fue mayor para el grupo de infección <1 año (11,5% vs 4,5%; p=0,017). Incluyendo mutaciones relevantes de la lista IAS-USA 2013 y Database-Stanford la diferencia se mantuvo (24% vs 13,8% p=0,017). El 18,8% presentó afectación de la susceptibilidad a ≥1 antiretroviral en aquellos con infección <1 año, frente a 9,7% con ≥1 año (p=0,022); y adicionalmente en edad promedio 27,7 años vs 34,3 años; células T-CD4/mm³ 493 vs 309, en estado no avanzado de enfermedad 93,8% vs 70,9% y mediana carga viral 41280 vs 23709 copias/mL.

Conclusiones. El estudio genotípico se justifica en pacientes VIH-naïve, principalmente con infección <1 año, por su mayor rendimiento diagnóstico que influirá en la mejor selección de la primera TARV.

100. Riesgo de eventos adversos a la nevirapina en una cohorte de pacientes con VIH en Bogotá, Colombia.

Yela, L. Infectoclínicos.
luisferyela@gmail.com

Introducción. El uso de nevirapina en pacientes con infección por VIH se ha restringido por un mayor riesgo de toxicidad en altos recuentos de CD4 diferenciados y en mujeres. Este trabajo pretende definir el riesgo de presentar eventos adversos a la nevirapina según el recuento de CD4 y el género.

Materiales y métodos. Cohorte retrospectiva a partir de historias clínicas de pacientes con VIH bajo terapia con nevirapina de 2003 - 2013. Se incluyeron variables de edad, género, conteos de CD4 >250 células/uL en mujeres y hombres >400 células/uL. Los eventos adversos incluidos fueron rash cutáneo y hepatotoxicidad. Se calcularon los riesgos relativos e intervalos de confianza.

Resultados. 293 pacientes, 259 (88%) hombres. Se presentó rash en 38 (13%) del total y en 20.4% de pacientes con recuento CD4 >250 células, 11,5% en el grupo CD4 <250 células, el RR calculado entre los dos grupos es 1,77 (IC 95% 1,77 - 3,41, p 0,14). Riesgo de rash en hombres con CD4 >400 células/uL RR 1,59 (IC 95% 0,66 - 3,8, p 0,3103). Riesgo de rash en mujeres con CD4 >250 células/uL RR 1,55 (IC 95% 0,35 - 6,85, p 0,5607). Se encontró hepatitis tóxica en 5 pacientes (4 hombres y una mujer).

Conclusiones. Este estudio no encontró un mayor riesgo de desarrollar efectos adversos asociados a la nevirapina en pacientes con altos recuentos de CD4 o en mujeres.

101. Coinfección VIH/TB en pacientes hospitalizados.

Alvarez M, Villa J, Agudelo C, Hidron A, Echeverri L, Ramírez J, Ocampo A, Porras G, Trompa I, Eusse A, Restrepo L, Restrepo L.
Clínica Universitaria Bolivariana. Universidad Pontificia Bolivariana. Hospital Universitario San Vicente Fundación. Hospital Pablo Tobón Uribe. Centros Especializados San Vicente Fundación. Hospital General de Medellín. IPS Universitaria; Clínica Leon XIII. mariafda_12@hotmail.com

Introducción. Tuberculosis es la condición definitoria de Sida más frecuente en el mundo y, así mismo, la infección por VIH representa un importante factor de riesgo para la adquisición de esta. Adicionalmente, tienen tasas más altas de recurrencia y de infecciones por TB-MDR. La mortalidad es mucho mayor en los pacientes coinfectados y está relacionada con el deterioro del estado inmune, efectos adversos de tratamientos, reconstitución inmune y, en muchas ocasiones, con el retraso en el diagnóstico e inicio de tratamiento.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo prospectivo de pacientes ingresados con diagnóstico de coinfección VIH/TB en seis hospitales, durante un año.

Resultados. 128 pacientes coinfectados con VIH/TB fueron admitidos. El 79,7% eran varones con una edad media de 38,4 años, 40,7% estaban en programa de VIH. Se hizo diagnóstico de novo de VIH en 28,9% de los pacientes. El 41,8% del total habían tenido previamente tuberculosis y de éstos sólo el 13% estaban en TARGA al momento del ingreso. La principal forma de Tuberculosis fue la pulmonar, siendo el único órgano afectado en 34,4% de los pacientes, en 17,2% la forma solo extrapulmonar estuvo presente. Las principales infecciones oportunistas concomitantes fueron candidiasis (14,1%), histoplasmosis (11,7%) y toxoplasmosis (7,8%). La toxicidad del medicamento antituberculoso se produjo en el 12,5%. La estancia media fue de 23,2 días, 10,2% fueron readmitidos, la mortalidad fue del 5,5%.

Conclusiones. Se necesitan estrategias para implementar y mantener programas para el diagnóstico y tratamiento de TB latente y activa, así como para retener los pacientes en los programas y disminuir las reinfecciones.

102. Prevalencia de Tuberculosis latente en pacientes con infección por VIH.

Páez C, Sussmann O.
Asistencia Científica de Alta Complejidad. carolpaez@gmail.com

Introducción. La tuberculina es la prueba recomendada por la Guía de Práctica Clínica de VIH Colombiana para diagnosticar Tuberculosis (TBC) latente en pacientes con infección por VIH. Es preciso determinar la prevalencia de TBC latente en pacientes con VIH ya que desde la década de los 90 no se publican estudios recientes en Colombia.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio de prevalencia, a partir de los datos de 3762 pacientes atendidos en dos instituciones de atención integral de VIH a quienes se les realizó la tuberculina en el periodo de febrero 2015 a junio 2016 en Bogotá y Medellín. Se tabularon datos de recuento de CD4, carga viral, y otros exámenes. Se calcularon frecuencias relativas y se hizo un análisis multivariado.

Resultados. De 3762 pacientes, 878 (23,3%) fueron mujeres y 2884 hombres (76,6%). La prevalencia de tuberculina positiva en la población fue de 7,2% (273 pacientes). Se encontraron induraciones de 1-48 mm, con mayor frecuencia en el rango 5-10 mm. No se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre el tamaño de induración y CD4, carga viral o cambios en la radiografía de tórax (p 0,28).

Conclusiones. La prevalencia de TBC latente en la muestra es de 7,2%, esta patología no se asocia con el nivel de CD4, la relación de CD4 y nivel de induración no es estadísticamente significativa. La PPD reactiva no se asocia a cambios en la radiografía de tórax, recuento de CD4 ni baciloscopias positivas para BAAR. Se deben ampliar los estudios con otro tipo de pruebas.

103. Caracterización de la coinfección de VIH/Hepatitis B en un programa de atención en VIH - Bogotá, Colombia entre los años 2009 a 2015.

Arévalo L, Oviedo C.
Centro de Expertos para Atención Integral CEPAIN IPS.
larevalom79@hotmail.com

Introducción. La coinfección de VIH y hepatitis B, implica una detección temprana y un tratamiento adecuado; ya que se puede acelerar la progresión de la enfermedad hepática, y puede haber un aumento del riesgo de hepatitis B dada la inmunosupresión por el VIH.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo retrospectivo, en el que se realizó una búsqueda de todos los antígenos de superficie de Hepatitis B de los pacientes del programa de atención en VIH del centro de expertos en atención integral, Bogotá (Colombia) en el periodo 2009-2015. Identificados los casos reactivos se efectuó una revisión de la historia clínica.

Resultados. Se registraron en el programa 4026 personas con VIH, y con diagnóstico de Hepatitis B 152 personas. El mayor porcentaje correspondió a los pacientes en los grupos con edades entre los 26-35 y 35-45 años con un 32,9 y 33,6%. La prevalencia global de Hepatitis B en la población estudiada

fue de 3,77 por cada 100 personas para el periodo 2009-2015. Progresaron a Hepatitis B crónica 122 pacientes (93%), de los cuales tuvieron una curación 37 personas en un tiempo promedio de 523 días. Dentro del proceso de seguimiento del paciente con VIH y coinfección, los marcadores serológicos permitieron la clasificación de la hepatitis crónica en diferentes estados.

Conclusiones. El estudio encontró una mayor prevalencia para la ya descrita en el país, sin embargo, se sigue considerando un área de baja endemicidad. A pesar que las personas portadoras son el 2,1% de la población estudiada, solo se encontró una curación del 35%.

104. Coinfección Hepatitis C y el virus de inmunodeficiencia humana en un programa de atención integral en Bogotá, Colombia entre los años 2010 y 2016.

Arévalo L, Mantilla M, Sanchez A, Castañeda C, Moscoso S, Acosta A, Cantor L, Maciado O.
Centro de Expertos para Atención Integral (CEPAIN) IPS.
larevalom79@hotmail.com

Introducción. Dado que el virus de inmunodeficiencia humana (VIH) y el virus de la hepatitis C (VHC), tienen en común los mismos mecanismos de transmisión, las personas con VIH están en riesgo de adquirir el VHC.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo, en el que se realizó una búsqueda de todos los anticuerpos de VHC de los pacientes del programa de atención en VIH del Centro de expertos para atención integral CEPAIN IPS, Bogotá (Colombia), desde Enero de 2010 a Abril de 2016. En estos pacientes se investigó la presencia en suero de RNA viral, y se efectuó una revisión de la historia clínica.

Resultados. A la fecha de corte se identificó 4152 pacientes con VIH, se determinó que 69 pacientes tenían la presencia de anticuerpos para VHC, y 29 tenían cuantificación de DNA viral (0,69%). Hay una mayor presentación en el grupo de 35 a 49 años con una mediana de 37, 28 personas son hombres, y cuatro personas abandonaron el programa. La prevalencia de Hepatitis C fue de 0,67 por cada 100 personas a diciembre de 2015. El genotipo del VHC predomina el 4 con 69,5% (16 personas), seguido por el 1 con 30,5% 1A 4 pacientes y 1B 3 personas. De los 25 pacientes en control activo, 4 ya terminaron su manejo, y 17 se encuentran en tratamiento.

Conclusiones. La prevalencia de la coinfección en nuestra población es baja, con una mayor prevalencia del genotipo 4, y que implica un enfoque terapéutico diferente con el advenimiento de las nuevas terapias.

105. Papel de los inflamomas en las alteraciones sistémicas y de la mucosa gastrointestinal de los pacientes infectados con el VIH-1.

Feria M, Hernández J, Taborda N, Rugeles M.
Universidad de Antioquia. Universidad Cooperativa de Colombia. Corporación Universitaria Remington. geronimoferia23@gmail.com

Introducción. Los inflamomas inducen maduración proteolítica de la IL-1 β e IL-18, que están aumentadas en pacientes infectados con el VIH-1, correlacionándose con progresión de la infección. Se ha demostrado que el VIH-1 activa el inflamoma NLRP3, pero no es claro el papel de este y otros inflamomas durante la progresión de la infección. Por lo tanto, el objetivo fue determinar diferencias entre la expresión de los componentes del inflamoma (NLRP3, NLRP1, NLRP4, AIM2, ASC, caspasa-1, IL-1 β e IL-18) en mucosa gastrointestinal (GALT) y sangre periférica (SP) de pacientes VIH-1 positivos, que ejercen control de la carga viral (PC) y de aquellos que progresan (PP).

Materiales y métodos. Estudio descriptivo, donde se evaluaron 15 PC (cargas virales <2000 copias/mL) y 15 PP (10,000-100,000 copias/mL; CD4 > 350 células/ μ L) con más de un año de infección y sin tratamiento antirretroviral. En muestras de SP y GALT se analizó la expresión de los componentes del inflamoma mediante PCR en tiempo real.

Resultados. Los PP tenían una mayor expresión de IL-18, IL-1 β y caspasa-1 en comparación con los PC tanto en GALT como en SP. Sin embargo, no se encontraron diferencias en la expresión de los demás componentes del inflamoma.

Conclusiones. Estos hallazgos sugieren que la expresión de IL-18, IL-1 β y caspasa-1 se correlaciona positivamente con la progresión de la infección por el VIH-1. No obstante, durante la infección la activación de la caspasa-1 y la producción de IL-18 e IL-1 β debieron ser mediadas por vías no clásicas diferentes al inflamoma y/o por otras proteasas.

106. Deterioro neurocognitivo en pacientes con VIH en un programa de atención integral en Bogotá, Colombia.

Cantor L, Maciado O, Arévalo L, Ruiz M, Sanchez A, Mantilla M, Castañeda C, Moscoso S, Acosta A.
Centro de Expertos para Atención Integral (CEPAIN) IPS.
larevalom79@hotmail.com

Introducción. A pesar de los avances en el tratamiento antirretroviral, el sistema nervioso central (SNC) sigue siendo afectado presentando un conjunto de disminuciones de diferentes características intelectuales. La forma más conocida es la demencia asociada al VIH, y representa el trastorno más severo.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio analítico transversal en el programa de atención del Centro de Expertos para Atención Integral CEPAIN (IPS) de la ciudad de Bogotá (Colombia), desde abril de 2015 a mayo de 2016. Se aplicó el instrumento HDS *Spanish* versión (HDS-S), para determinar la frecuencia de riesgo de desarrollar trastornos neurocognitivos.

Resultados. Se incluyó 764 personas en el estudio, de las cuales 336(43.9%) tenían algún grado de deterioro cognitivo. La mediana de edad fue de 36 años, 72 pacientes eran mayores de 50 años, 271 personas eran hombres, 86 personas tenían educación superior, y 10 ninguna. Al determinar la asociación entre el deterioro con las variables clínicas se evidenció un Chi2 de 2.45 (p=0.1206) para CD4 < 200 cel/mm3, para mayores de 50 años 46.5 (p=0,0000), y antecedente de infecciones oportunistas relacionadas con SNC de 23.13 (p=0,0000). De la población estudiada se realizó el examen a 165 personas que ingresaban al programa, de los cuales 40 pacientes tenían algún grado de deterioro cognitivo. Las funciones más afectadas fueron la de velocidad y construcción, con un grado severo en 50,5% y 79,8% respectivamente.

Conclusiones. Un alto porcentaje de pacientes presentan deterioro cognitivo siendo imperceptible al no manifestarse por memoria, es recomendable tamizar a todos los pacientes en su ingreso.

107. Asociación entre alelos HLA clase I y el control de la replicación del VIH-1 en individuos crónicamente infectados con el virus

Acevedo L, Arcia D, Rugeles M, Velilla P.
Grupo Inmunovirología; Facultad de Medicina; Universidad de Antioquia. liloacevedo@gmail.com

Introducción. Similar a otras patologías, se ha propuesto que alelos del complejo mayor de histocompatibilidad en humanos-HLA, se asocian con progresión de la infección por el VIH-1. Se ha reportado asociación con progresión lenta del HLA-B*57 en población Caucásica y del HLA-A*03 en población China, infectadas por el subtipo-B, y del HLA-B*35:05 en población tailandesa infectada con CRF1_AE. El objetivo fue explorar la asociación entre alelos HLA clase-I con carga viral (CV) y recuento de linfocitos-T (LT) CD4+ en una cohorte de individuos VIH-1+.

Materiales y métodos. Estudio exploratorio con 79 individuos VIH+. Se tipificó HLA-A y -B por PCR-SSP, designando dos dígitos y clasificando en supertipos y en motivo Bw. Con base en carga viral (CV), se clasificaron en controladores: <2.000 copias/mL; no controladores con CV bajas: 2.000-10.000 copias/mL y con CV altas: >10.000 copias/mL. Según recuento de LT CD4+ se clasificaron en: >500 células/ μ L y entre 499-200 células/ μ L.

Resultados. La frecuencia alélica entre grupos descritos de CV y LT CD4+ fue similar. Sin embargo, se encontró que individuos HLA-B*15+ o con alelos del supertipo-B62 exhibían CV significativamente menores comparadas con individuos negativos para estos alelos; en contraste, individuos HLA-A*01+ ó -B*40+ presentan CV altas comparadas con individuos negativos para estos. No se observaron diferencias asociadas al recuento de LT CD4+.

Conclusiones. Este estudio es un acercamiento a la relación de alelos HLA y progresión a la infección por VIH en Colombia, postulando como potencial alelo asociado al control viral al HLA-B*15. Sin embargo, se requieren más estudios para confirmar este resultado. Financiado por Colciencias Proyecto N°. 111556933380.

MICOLOGÍA

108. Estudio comparativo de identificación de *Candida spp.* y determinación de la sensibilidad a equinocandinas en 147 aislamientos obtenidos a partir de hemocultivos en 15 hospitales de Medellín, Colombia.

Berrio I, Maldonado N, De Bedout C, Arango K, Cano L, Jiménez-Ortigosa C, Perlin D, Gómez B, Robledo C, Valencia Y, Robledo J. Laboratorio Médico Referencia - Grupo GERMEN. Clínica el Rosario. Corporación para investigaciones Biológicas (CIB). Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM). Escuela de Microbiología; Universidad de Antioquia. Public Health Research Institute-NJMS Rutgers University; Newark, NJ. Escuela de Medicina y Ciencias de la Salud; Universidad del Rosario. Escuela de Ciencias de la Salud; Universidad Pontificia Bolivariana. Indiraberriom@hotmail.com

Introducción. Las equinocandinas son el tratamiento de primera línea para el manejo de Candidiasis invasiva; un diagnóstico oportuno y preciso de estas infecciones es crucial. El objetivo de este estudio fue evaluar el desempeño de MALDI TOF MS para identificación de especies de *Candida* y del método Etest para determinar la sensibilidad a anidulafungina y caspofungina.

Materiales y métodos. Se analizaron 147 aislamientos de *Candida spp.* provenientes de hemocultivos de 15 instituciones de salud de Medellín, de un estudio previo realizado en 2010-2011. La identificación de las especies de *Candida* se realizó por MALDI TOF MS y por secuenciación de la región D1/D2 del 28S ADNr. Se empleó dilución en caldo del CLSI y Etest para la determinación de la sensibilidad a equinocandinas. Se calculó la concordancia entre los métodos de identificación de especies y la concordancia categórica entre los resultados de sensibilidad a antifúngicos de ambos métodos.

Resultados. Las especies más frecuentes fueron *Candida albicans* (40,8%), *Candida parapsilosis* (23,1%) y *Candida tropicalis* (17,0%). Se encontró una concordancia del 99,3% entre los resultados de identificación de especies; ya que el MALDI TOF MS no pudo identificar *Candida auris*. La concordancia entre los métodos de sensibilidad fue 91,8% para anidulafungina y 89,8% para caspofungina, con importantes diferencias por especie de *Candida* y equinocandina probada.

Conclusiones. La tecnología MALDI TOF MS es un método preciso para la identificación de levaduras. El método Etest es útil como metodología de rutina, pero se deben interpretar con precaución los resultados de las pruebas según el antifúngico y la especie implicada.

109. Validation of a new commercial antigen detection test for the diagnosis of progressive disseminated histoplasmosis in Colombia.

Caceres D, Tobon A, Restrepo A, Chiller T, Gómez B. ORISE fellow with the Mycotic Diseases Branch; Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Medical and Experimental Mycology Unit; Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Hospital La María. Universidad del Rosario. diegocaceres84@gmail.com

Introducción. In countries where patients do not have effective access to HIV antiretroviral therapies and diagnostic tests, histoplasmosis is an important cause of mortality. The progressive disseminated form of histoplasmosis (PDH) can be fatal within weeks if left untreated.

Materiales y métodos. A commercial enzyme immunoassay (EIA) kit against *Histoplasma capsulatum* galactomannan antigen (HGM EIA) was developed by IMMY. We tested urine samples from a prospective cohort of HIV patients from La María Hospital in Medellín, Colombia, who were suspected of having histoplasmosis (May 2008 to August 2011). Results of the new test were compared with a quantitative antigen capture ELISA developed by CDC (Scheel 2009, Caceres 2014) used regularly in our medical mycology laboratory in Colombia.

Resultados. A total of 123 urine samples were tested, 28 from patients with proven histoplasmosis and 95 samples from persons without histoplasmosis (52 with other infectious diseases and 43 from healthy individuals). In proven cases of histoplasmosis the IMMY HGM EIA was positive in 27 of the 28 cases (96% sensitivity) while when using the CDC ELISA test, 24 out of the 28 cases turned out positive (86% sensitivity). Overall specificity was 94% for both methods.

Conclusiones. High sensitivity and specificity was observed with the IMMY HGM EIA. Access to a commercial test in endemic regions could impact on the reduction of the mortality associated with histoplasmosis in AIDS patients.

110. El uso de Itraconazol más un anticuerpo monoclonal específico para neutrófilos mejora el control de la infección y atenúa la fibrosis pulmonar en ratones infectados con *Paracoccidioides brasiliensis*.

Puerta J, Pino P, Arango J, González A. Corporación para Investigaciones Biológica (CIB). Grupo MICROBA; Escuela de Microbiología; Universidad de Antioquia. angel.gonzalez@udea.edu.co

Introducción. Previamente se demostró que la depleción de neutrófilos durante los estadios crónicos de la paracoccidioidomicosis (PCM), controla la infección, disminuye la respuesta inflamatoria y la fibrosis pulmonar. El objetivo del presente estudio fue evaluar la eficacia del tratamiento con un anticuerpo monoclonal específico para neutrófilos (AcM-N) combinado con el antifúngico Itraconazol (ITZ) en un modelo experimental en ratón de PCM pulmonar.

Materiales y métodos. Ratones BALB/c machos fueron inoculados i.n. con levaduras de *P. brasiliensis*. Los animales fueron tratados con el AcM-N en la semana 4 post-infección (vía i.p. cada 48h durante dos semanas) más ITZ (vía oral, diariamente durante 8 semanas). Los animales fueron sacrificados en la semana 12 post-infección. Se determinó la carga fúngica, niveles de colágeno, sub-poblaciones de neutrófilos, genes asociados con el desarrollo de fibrosis, y se realizó análisis histopatológico.

Resultados. Se observó que los animales tratados con el AcM-N/ITZ presentaron disminución de: carga fúngica, colágeno y expresión de genes que codifican para colágeno-3, TGFβ-1 y metaloproteína de matriz-8. La histopatología mostró una mejor recuperación de la arquitectura pulmonar con disminución de la inflamación y fibras de colágeno. De interés, todos los animales tratados con ITZ presentaron un incremento de neutrófilos tipo II (Ly6G+/CD11b+), incluyendo aquellos animales tratados con el AcM-N.

Conclusiones. Los resultados indican que el uso combinado de AcM-N/ITZ mejora el control de la infección y atenúa la fibrosis pulmonar. Además, los hallazgos sugieren que el ITZ parece modular la respuesta inmune, actuando como quimioatrayente para una subpoblación de neutrófilos.

111. Construcción de bibliotecas proteómicas "In house" de genotipos moleculares de *Cryptococcus spp* patógenos humanos

Monroy J, Ceballos A, Sánchez-Quitian A, Escandón P, Castañeda E, Parra-Giraldo C. Unidad de investigación en Proteómica y Micosis Humanas, Departamento de Microbiología, Facultad de Ciencias, Pontificia Universidad Javeriana. Grupo de Microbiología, Instituto Nacional Salud, Bogotá-Colombia. j_monroy@javeriana.edu.co

Introducción. *Cryptococcus neoformans* y *C. gattii* son especies de levaduras patógenas que causan meningitis en pacientes inmunocomprometidos cobrando más de 625.000 vidas anualmente alrededor del mundo. Estas especies se clasifican en ocho variedades moleculares, cuatro asociadas a cada una. Las variedades se diferencian en su ecofisiología, perfil de resistencia a antibióticos y patogenicidad. Por lo tanto, identificar los patrones moleculares mediante una metodología rápida y robusta permitirá una clasificación oportuna de las cepas y un mejor direccionamiento del tratamiento.

Materiales y métodos. Se confirmó tanto por métodos bioquímicos, moleculares y espectrometría de masas la identidad de las ocho cepas referencia incluidas en el estudio. A partir de estas cepas representantes de los ocho tipos moleculares se construyó una biblioteca in-house, realizando un consenso de varios espectros generados para una misma cepa, a fin de establecer un espectro de masas de proteínas específico para cada patrón molecular de estas dos especies de *Cryptococcus*.

Resultados. De las cepas estudiadas, seis fueron confirmadas como *C. neoformans* y/o *C. gattii* tanto por métodos bioquímicos como por espectrometría de masas. Se obtuvieron los espectros de masas para todas las cepas confirmadas y a partir de estos se diferenciaron las cepas a nivel de tipo molecular.

Conclusiones. Se estableció una biblioteca de espectros de masas de proteínas que nos permite diferenciar rápidamente a nivel de tipo molecular las especies de *Cryptococcus* Financiación. Unidad de Investigación en Proteómica y micosis humanas - Pontificia Universidad Javeriana, Grupo de Microbiología - Instituto Nacional de Salud.

112. Caracterización de levaduras orales de individuos sanos en clínicas odontológicas Colombianas.

Rivera R, Kadar I, Montes L, Cepeda E, González E, Cano L, Gómez B, De Bedout C, Zuluaga A, Arango K, Restrepo A. Universidad Antonio Nariño. Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Escuela de Microbiología; Universidad De Antioquia. riveraquirola@uan.edu.co

Introducción. Para Colombia no existe suficiente información que permita conocer las principales levaduras que colonizan la cavidad oral de pacientes inmunocompetentes. Por esta razón se realizó un estudio multicéntrico de identificación de levaduras orales de pacientes adultos sanos atendidos en clínicas odontológicas Colombianas.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio multicéntrico en pacientes ASA I de las clínicas odontológicas de la Universidad Antonio Nariño (UAN) en 9 ciudades colombianas (Armenia, Bogotá, Bucaramanga, Cúcuta, Ibagué, Neiva, Palmira, Popayán y Villavicencio). Se tomaron datos demográficos, antecedentes clínicos generales y oral de los pacientes y un enjuague oral a partir del cual se cultivaron las levaduras, identificadas amplificando la región D1/D2 del gen ARNr 28s, los cuales fueron enviados a macrogen (Maryland, USA) para la secuenciación bidireccional Sanger. Se realizaron análisis de correspondencias, tablas de contingencia y regresiones múltiples para el análisis de los datos.

Resultados. El 55% de la población presentó levaduras orales y de estos el 12% tenían colonizaciones mixtas. *Candida albicans* fue la levadura más frecuente (52%), seguida de *C. parapsilosis* (18%), *C. dubliniensis* (7,5%), *C. glabrata* (6%), *C. tropicalis* (3%), *C. intermedia* (3%), entre otras. La colonización mixta más frecuente fue *C. albicans* y *C. parapsilosis*. Se estableció una asociación entre la presencia de las levaduras orales y el portar aparatología o prótesis dental.

Conclusiones. Por primera vez para Colombia se establecen cuales son las levaduras orales más frecuentes en población sana y se establece como el principal factor predisponente para esta colonización el portar prótesis o tener aparatología dental. Universidad Antonio Nariño Proyecto:20131111.

113. Perfil epidemiológico y microbiológico de los casos de candidemia en un Hospital Universitario en Bogotá, Colombia entre 2008 y 2014.

Barahona J, Calvo M, Romero D, Angulo J, Alarcón L, Rodríguez M, Garzón J.
Pontificia Universidad Javeriana. jebarahonac@gmail.com

Introducción. *Candida spp.* es una levadura comensal humana. Por condiciones del huésped, puede causar infecciones invasivas con alto impacto en mortalidad, estancia intrahospitalaria y costos para los sistemas de salud. El objetivo de este estudio fue determinar las características epidemiológicas y microbiológicas de los casos de candidemia en un hospital universitario en Bogotá, Colombia entre 2008-2014.

Materiales y métodos. Estudio transversal observacional descriptivo del registro de hemocultivos positivos para *Candida spp.* en un hospital universitario. Se evaluaron variables de especie, perfil de resistencia y su relación con factores demográficos, comorbilidades (diabetes, neoplasias, quimioterapia, falla renal, VIH, corticoides, terapia biológica) y factores asociados (neutropenia, días UCI, NPT, ventilación mecánica, cirugía previa, pancreatitis, uso de antibióticos y antifúngicos).

Resultados. Se encontraron 123 casos de candidemia, con predominio en pacientes de 15 a 60 años (56.9%). *C. albicans* fue la especie más aislada (42.3%). La infección por especies No-albicans (NAC) alcanzó un 57.7%, con predominio de *C. parapsilosis* (21.2%) y *C. tropicalis* (14.6%). El 17% (n=21) de los hemocultivos contó con antifungigrama, con resistencia a por lo menos un antifúngico en 28.4% (n=6). Las comorbilidades más frecuentes fueron las neoplasias. En pacientes con estancia en UCI, se determinó una media de estancia previa a la toma del hemocultivo positivo de 11.3 días (SD 13.2; Mediana 8 días).

Conclusiones. Los casos de candidemia presentan un alto impacto en la población económicamente activa. Se reporta un tiempo medio de estancia previo a la toma de hemocultivo positivo. Se reafirma el incremento de casos por especies NAC, observado a nivel mundial desde los años 90.

114. Criptococosis en perros: Reporte de un caso en un perro Labrador en Bogotá, Colombia.

Escandón P, Vélez N, Pérez F, Avila O.
Instituto Nacional de Salud. Clínica Dover. Clínica Dover.
pescandon@ins.gov.co

Introducción. La criptococosis afecta tanto a humanos como a animales, demostrando que éstos últimos actúan como centinela para la detección de la enfermedad en humanos. El objetivo es describir un caso de criptococosis en un canino, así como la búsqueda del hongo en el ambiente.

Materiales y métodos. Canino macho de raza Labrador retriever de tres años de edad, consulta a la clínica veterinaria Dover por una masa en la región submandibular izquierda. Se realizó un muestreo ambiental en las zonas don-

de frecuentaba el animal en Bogotá y un parque natural. Las muestras clínicas y ambientales se procesaron con técnicas convencionales, el tipo molecular se determinó por PCR huella digital (GTG)5 y RFLP-URA5.

Resultados. La exploración física revela un aumento en el tamaño de la masa y la temperatura local de la zona afectada; se inició el tratamiento anti-biótico con enrofloxacina, Meloxicam y clorhexidina; una muestra citológica fue tomada al día 19, revelando una reacción inflamatoria neurotrófica; el día 63 presentó inflamación del tejido subcutáneo en la región submandibular y tos; el día 86 en el examen citológico, se observaron células levaduriformes, se inició terapia antifúngica (ketoconazol y fluconazol). El paciente comienza con signos neurológicos en el día 90 (nistagmo, delirando, convulsiones), en el día 92 se sacrificó al perro. En una muestra clínica del animal y dos ambientales de árboles de *Eucalyptus sp* se obtuvieron aislados de *Cryptococcus neoformans* VNI

Conclusiones. Este es el primer caso de criptococosis en un Labrador retriever reportado en Colombia con la descripción clínica y recuperación ambiental.

115. Caracterización de la capacidad patogénica de cepas de *Candida haemulonii* vs *Candida auris* en modelo de *Galleria mellonella*.

Ramírez-Rojas L, Muñoz J, Dos Santos-Dias L, Pelleschi-Taborda C, Souza-Dos Santos A, Sanchez-Quitian A, Parra-Giraldo C.
Unidad de investigación en Proteómica y Micosis Humanas, Facultad de Ciencias, Departamento de Microbiología, Pontificia Universidad Javeriana. Department of Microbiology, Institute of Biomedical Sciences, University of São Paulo São Paulo, Brazil. Laboratório de Investigação de Peptidases, Departamento de Microbiologia Geral, Instituto de Microbiologia Paulo de Góes, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brazil. claudia.parra@javeriana.edu.co

Introducción. En Latinoamérica se ha descrito en hospitales de tercer y cuarto nivel especies crípticas de *Candida auris* y *Candida haemulonii* causando Candidemia. Son hongos oportunistas con resistencia a Anfotericina B. Existe una alerta global por detección de brotes en Inglaterra y Latinoamérica, incluyendo aislamientos colombianos. El objetivo de este trabajo es caracterizar la capacidad patogénica de cepas de *Candida haemulonii* vs *Candida auris* en modelo *Galleria mellonella*.

Materiales y métodos. La identificación de las cepas se realizó por MALDI-TOF y biología molecular. Las larvas de *Galleria mellonella* fueron infectadas con una concentración de 5x10⁷ células/ml, haciendo seguimiento durante 10 días. Se realizaron 3 réplicas biológicas con 5 cepas de *C. auris*, obtenidas de pacientes del HUSI, y 12 cepas de *C. haemulonii* en pacientes de hospitales de Brasil previamente caracterizadas

Resultados. La mortalidad de las larvas inoculadas con *C. auris* es del 100% al tercer día pos infección y en las infectadas con *C. haemulonii* obtuvimos 2 patrones de comportamiento con menor capacidad patogénica que *C. auris*. Las cepas de *C. haemulonii* 11, 3 y 7 mostraron una mortalidad del 80% al día 8 pos infección, y las cepas 1,2 y 12 presentaron un porcentaje del 20% al día 7 pos infección

Conclusiones. Las cepas de *Candida auris* exhiben mayor patogenicidad que las cepas de *Candida haemulonii*, generando tasas de mortalidad con diferencias significativas en *Galleria mellonella*, estas varían en un rango entre 1-3 y 5 días, respectivamente. Este estudio continúa con la evaluación de características biológicas de cada especie, en conjunto con el grupo brasilero.

116. Determinación de la colonización pulmonar por *Pneumocystis jirovecii* en muestras respiratorias no invasivas por q-PCR, de pacientes con EPOC del HUSI Bogotá, Colombia.

Echeverry L, Parra-Giraldo C, Sanchez A, Garzón J, Hernández C, Burbano J, Cita J, Linares M, Cañas A.
Facultad de Ciencias, Unidad de Investigación en Proteómica y Micosis Humanas, Grupo de Investigación en Enfermedades Infecciosas, Departamento de Microbiología, Pontificia Universidad Javeriana, Medicina Interna, Neumología e Infectología, Hospital Universitario San Ignacio, laura.echeverry@javeriana.edu.co

Introducción. *Pneumocystis jirovecii* es un hongo atípico, unicelular, no cultivable y con tropismo al pulmón que puede generar colonización en el individuo y/o neumonía por *Pneumocystis* (PcP) en pacientes inmunocomprometidos. El diagnóstico de rutina se basa en las preparaciones por histopatología. Sin embargo, en la última década se han desarrollado técnicas moleculares para evaluar la frecuencia de colonización, la cual ha cobrado importancia en individuos con patologías estructurales de pulmón, planteando

que la colonización por el hongo pueda influir en la exacerbación de los síntomas respiratorios.

Materiales y métodos. Sesenta y cuatro muestras de esputo inducido proveniente de pacientes con EPOC, fueron procesadas realizando una descontaminación de la muestra con solución mucolítica, para realizar la extracción de ADN y cuantificar el ADN mediante espectrofotometría para proceder a realizar la PCR en tiempo real. Durante el procedimiento se realizó una validación del kit, utilizando DNA obtenido de lavado broncoalveolar (LBA) de pacientes con neumonía por *Pneumocystis jirovecii*, observados por histopatología con coloración de plata-metanamina.

Resultados. Ocho (8) de sesenta y cuatro (64) muestras de esputo inducido proveniente de pacientes con EPOC fueron positivas para *Pneumocystis jirovecii* por medio del análisis de q-PCR.

Conclusiones. En este estudio se pudo determinar que el porcentaje de colonización del hongo *Pneumocystis jirovecii* en pacientes con Enfermedad pulmonar Obstructiva Crónica (EPOC) del Hospital Universitario San Ignacio es del 12,5%.

117. Estandarización de una PCR en tiempo real múltiple para la detección simultánea de *Pneumocystis jirovecii* y *Mycobacterium Tuberculosis*.

Molina A, Muñoz C, Cano L, Naranjo T.
Universidad Pontificia Bolivariana. Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Universidad de Antioquia. tonny.naranjo@upb.edu.co

Introducción. En paralelo al aumento de pacientes sometidos a diferentes procesos de inmunosupresión y al número elevado de pacientes VIH lo cual sigue siendo un problema de salud pública, se ha visto incrementada la incidencia de diferentes tipos de infecciones oportunistas (IO); dentro de estas la neumocistosis y la tuberculosis son de las más frecuentes teniendo gran relevancia clínica para estos pacientes. Algunos de los métodos comúnmente utilizados para el diagnóstico de estas IO son poco sensibles y lentos, por tal razón el objetivo de este trabajo fue estandarizar una PCR en tiempo real múltiple para la detección simultánea de *P. jirovecii* y *M. tuberculosis*.

Materiales y métodos. Como blancos moleculares para el desarrollo de la qPCR multiplex se utilizó el gen mitocondrial de la subunidad mayor del rRNA (mtLSUrRNA) específico de *P. jirovecii* y el segmento de inserción específico del complejo *M. tuberculosis* (MTBC) IS6110; a partir de los cuales, previa secuenciación, se diseñó un conjunto de combinaciones entre cebadores y sondas que fueron utilizados para la optimización de la qPCR multiplex.

Resultados. Se seleccionó la mejor combinación de cebadores y sondas para cada gen blanco según criterios de eficiencia y reproducibilidad, luego de desarrollar ensayos de compensación se logró estandarizar un protocolo multiplex, capaz de detectar en una muestra de manera simultánea los genes específicos asociados a infección por neumocistosis y Tuberculosis.

Conclusiones. Se logró la estandarización de un nuevo protocolo unificado de qPCR multiplex capaz de detectar simultáneamente genes específicos de *P. jirovecii* y *M. tuberculosis*. Financiado por CIDI-UPB 084B-02.

MICOBACTERIAS

118. Análisis de Costo-Efectividad del Xpert® MTB/RIF para el diagnóstico de TB en pacientes VIH Positivos de la ciudad de Villavicencio.

Triana D, Hernandez J, Zapata J, Rodriguez D, Mejia G, Zapata E, Robledo J, Llerena C.
Universidad Pontificia Bolivariana. Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Instituto Nacional de Salud. Organización Internacional para las Migraciones. Fundación Robert Salter. jHernández@cib.org.co

Introducción. La OMS recomienda utilizar el Xpert® MTB/RIF como método diagnóstico en pacientes con sospecha de tener TB, que estén coinfectados con VIH. El presente estudio evalúa la efectividad y costo que tiene esta prueba para diagnosticar TB en pacientes con VIH comparándola con el cultivo en medio líquido MGITM.

Materiales y métodos. Estudio transversal. Se realizó una evaluación económica analizando la efectividad del Xpert® MTB/RIF para detectar un caso positivo y su costo desde la perspectiva institucional, comparándolas con el cultivo en medio líquido MGITM. El estándar de oro se determinó con la sumatoria de los dos resultados y el concepto clínico. Se ingresaron 37 pacientes con diagnóstico de VIH y sospecha clínica de TB pertenecientes al sistema público de salud de Villavicencio entre el 1 de marzo y el 30 de mayo de 2016.

Resultados. A los 37 casos se les recolectó una muestra de esputo que fue

procesada para prueba molecular y cultivo líquido; se diagnosticaron 4 casos de TB según estándar de oro. El costo del Xpert® MTB/RIF fue de \$ 83.075, con una sensibilidad del 100% (IC95% 87–100) y el del MGITM \$30.516, su sensibilidad fue del 75% (IC95% 20–100).

Conclusiones. La tecnología del Xpert® MTB/RIF es más costosa comparada con el cultivo en medio líquido; sin embargo es más efectiva con un tiempo menor en la obtención de resultados, lo que la hace más costo-efectiva para diagnosticar TB en pacientes coinfectados con VIH de Villavicencio, tal como lo recomienda la literatura mundial.

119. Determinación de la Incidencia de TB activa, e investigación de la transmisión de TB entre los pacientes mediante genotipificación molecular en el EPEC La Esperanza del municipio de Guaduas, Cundinamarca.

Guerra J, Mogollon D, Parra C, Navarrete M, Sánchez R, Murcia M.
Universidad Nacional de Colombia. julioaguerr@gmail.com

Introducción. La incidencia y la prevalencia de TB son mucho mayores en las cárceles que en la población general. La genotipificación molecular mediante 24-locus MIRU-VNTR por sí solo o en combinación con spoligotyping, permite investigar la relación en la transmisión de TB entre los pacientes. El objetivo fue determinar la Incidencia de TB activa, e investigar la transmisión de TB mediante genotipificación molecular.

Materiales y métodos. Se realizó búsqueda activa de internos con síntomas respiratorios de cualquier duración. Se tomaron y analizaron 3 muestras de esputo por tinción de Ziehl-Neelsen, y la primera muestra fue cultivada en medio sólido y líquido MGIT. Las pruebas de sensibilidad a rifampicina e isoniacida fueron realizadas utilizando el sistema BACTEC MGIT y GenoType MTBDRplus. La genotipificación de los aislados se realizó por Spoligotyping y 24-locus MIRU-VNTR.

Resultados. 301 internos fueron evaluados debido a que reportaron síntomas respiratorios de cualquier duración. 24/301 fueron diagnosticados con TB, para una incidencia de 1.118 casos/100.000. Se pudo obtener aislamientos positivos en 19/24 casos. Las pruebas de susceptibilidad reportaron que solo 1/19 cepas fue mono-resistente (isoniacida). Los análisis de los resultados del 24-locus MIRU-VNTR y spoligotyping mostraron que se formaron 3 clusters (2 cepas cada uno) y 13 patrones únicos. Pacientes de los clusters 1 y 2 comparten la misma celda.

Conclusiones. La incidencia encontrada fue 47,5 veces mayor que la incidencia nacional. Se pudo establecer que los pacientes con TB con el mismo genotipo molecular (al menos en 2 clusters) posiblemente están involucrados en la misma cadena de transmisión Convenio cooperación 30.09.48.296.

120. Análisis de costo-efectividad de cinco alternativas diagnósticas para TB-MDR comparadas con el método de las proporciones múltiples.

Hernández J, Mejía G, Zapata E, Castrillon D, Sánchez L, Realpe T, Robledo J, Alvis N.
Universidad Pontificia Bolivariana. Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Universidad de Antioquia. Universidad de Cartagena. jHernández@cib.org.co

Introducción. La tuberculosis fármaco-resistente (TB-MDR) representa una amenaza de salud pública mundial. El desarrollo y evaluación de métodos diagnósticos que permitan una detección rápida y precisa de la enfermedad son prioridad. El objetivo del presente proyecto fue analizar la costo efectividad de cinco alternativas para el diagnóstico rápido de TB-MDR (MODS, nitrato reductasa, prueba colorimétrica MTT, agar capa delgada y prueba molecular Genotype MTBDRplus®, frente al método de las proporciones múltiples.

Materiales y métodos. Se realizó un análisis de efectividad, medida en la capacidad de cada prueba en generar un resultado concluyente y diagnosticar un verdadero positivo, y un análisis de costos, directos e indirectos desde la perspectiva institucional. Se construyó un árbol de decisión y se determinaron las razones de costo efectividad (CER) y razón incremental de costo efectividad (ICER).

Resultados. Se ingresaron 151 pacientes. La sensibilidad de las pruebas estuvo entre el 100% para las proporciones múltiples y 17% para MODS. Los costos estuvieron entre \$33.694 para la capa delgada y \$191.546 para el GenoType MTBDRplus®. La prueba de mejor efectividad para el diagnóstico de TB-MDR fue las proporciones múltiples.

Conclusiones. Los métodos MODS, Nitrato Reductasa, Colorimétrico MTT y Capa Delgada son menos costosos y menos efectivos que el método de proporciones múltiples. El método GenoType® MTBDRplus es más costoso pero menos efectivo (dominado). Con este panorama, la recomendación para el programa nacional de control de la TB es seguir utilizando el método de las proporciones múltiples hasta tener nueva evidencia que sugiera lo contrario.

121. Resultados al tratamiento con moxifloxacina en una cohorte de pacientes con Tuberculosis.

García-Goez J, Quiñones E, Pacheco R,
Fundación Valle del Lili. jofergarcia@gmail.com

Introducción. En pacientes con tuberculosis con resistencia a fármacos estándar de primera línea, con interacciones medicamentosas, hepatotoxicidad secundaria o receptores de un trasplante de órgano sólido, las fluoroquinolonas son una alternativa dentro del régimen antituberculosis. Describimos la experiencia de moxifloxacina en poblaciones especiales con enfermedad activa por tuberculosis.

Materiales y métodos. Estudio transversal, descriptivo, realizado en la Fundación Valle del Lili durante el 2007 y el 2013. De la cohorte de pacientes con Tuberculosis (BDCLINIC), que recibieron moxifloxacina dentro de su tratamiento anti-tuberculosis fueron evaluados.

Resultados. De 366 individuos incluidos en la cohorte, 71 (20%) recibieron moxifloxacina en el tratamiento de la tuberculosis pero sólo 43 tenían aislamiento microbiológico. 53,5% sexo masculino. La mediana de edad fue 40 años [RI, 29-52]. Con presentación extrapulmonar en 51,2%. Las indicaciones en el uso de moxifloxacina fueron: resistencia a fármacos de primera línea (51,2%), hepatotoxicidad a fármacos (18,6%), interacciones farmacológicas (16,2%) y trasplante de órgano sólido (14%). El éxito en el tratamiento antituberculosis se alcanzó en el 100% de los receptores de un trasplante; 87,5% en el grupo de hepatotoxicidad, 81,8% en el grupo de resistencia y 71,4% en el grupo de interacciones medicamentosas. La mortalidad global fue del 14%.

Conclusiones. En pacientes trasplantados y pacientes con toxicidad hepática a los fármacos de primera línea, la moxifloxacina es una excelente alternativa, alcanzando tasas de curación superiores al estándar nacional. Estudios clínicos son requeridos.

122. Resultados al tratamiento anti-tuberculosis en población receptora de un trasplante de órgano sólido en un centro de remisión.

García-Goez J, Rojas V, Munera G, Pacheco R, Vélez J.
Fundación Valle del Lili. Universidad ICESI. jofergarcia@gmail.com

Introducción. Los receptores de un trasplante de órgano sólido (TOS) tienen un riesgo mayor que la población general en el desarrollo de tuberculosis (TB). El uso de rifampicina lidera interacciones farmacológicas y se asocia al desarrollo de rechazo agudo y pérdida del injerto. Este estudio describe los resultados al tratamiento anti-tuberculosis en receptores de TOS.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo realizado en la Fundación Valle del Lili a partir de los registros de la cohorte institucional de pacientes con TB (BDCLINIC) y el registro de pacientes trasplantados entre 1996 y 2014. Pacientes con diagnóstico de TB posterior a un TOS fueron evaluados. El desenlace se definió en término de éxito al tratamiento antituberculoso, falla al tratamiento y muerte.

Resultados. 2.349 trasplantados fueron analizados y el diagnóstico de TB fue hecho en 31 receptores. El 25,8% presentaron TB pulmonar y 40% tuvieron una baciloscopia de esputo positiva. El éxito al tratamiento se logró en 64,5%, con mortalidad de 9,7%. El rechazo agudo apareció en 12,9% de los casos, especialmente en los pacientes tratados con rifampicina.

Conclusiones. El tratamiento de la tuberculosis en receptores de un TOS es un reto para el clínico, el conocimiento de las interacciones farmacológicas, el identificar el rechazo agudo y el uso de regímenes anti-tuberculosis libres de rifampicina puede mejorar las tasas de éxito. Pero estudios clínicos son requeridos.

123. Diagnóstico de tuberculosis pleural mediante métodos moleculares y métodos fenotípicos en hospitales de la red pública y privada de Bogotá.

Ossa S, Rodríguez J, Navarrete M, Murcia M.
Universidad Nacional de Colombia. jRodriguez@unal.edu.co

Introducción. En Colombia, la tuberculosis pleural es la forma extra-pulmonar más prevalente con un 36,8%. Debido a su naturaleza paucibacilar su diagnóstico siguiendo un reto dada la baja sensibilidad de los métodos tradicionales. El objetivo del estudio fue evaluar diferentes métodos moleculares para el diagnóstico de tuberculosis pleural con el fin de contribuir a mejorar su detección.

Materiales y métodos. Este fue un estudio de corte transversal, que contó con la participación de 4 hospitales de Bogotá; los pacientes vinculados al estudio previo consentimiento informado, accedieron a proporcionar el líquido pleural. A cada muestra se le realizó PCR en tiempo real (qPCR) para IS6110;

Genotype MTBDRplus®; PCR múltiple para IS6110 y hsp65, PCR IS6110, baciloscopia, cultivo sólido y líquido.

Resultados. Se evaluaron 80 líquidos pleurales de 80 pacientes con sospecha clínica de tuberculosis pleural. La PCR en tiempo real, el Genotype MTBDRplus® y la PCR IS6110 fueron las técnicas que mejor se comportaron para el diagnóstico de tuberculosis pleural con 17/80 (21%), 8/80 (10%), y 5/80 (6%) pruebas positivas respectivamente; por cultivo sólido y líquido dieron 2 resultados positivos (2/80~2,5%) siendo el mismo número de baciloscopia positivas.

Conclusiones. La PCR en tiempo real (qPCR) fue la técnica que más casos de tuberculosis pleural determinó en este estudio; por tanto, además de los métodos tradicionales, se sugiere la inclusión de este método molecular para mejorar el diagnóstico de tuberculosis pleural. Este trabajo fue financiado por la División de Investigación de la Universidad Nacional de Colombia, sede Bogotá.

124. Tuberculosis en pacientes hospitalizados Clínica SOMA 2014-2016.

Betancur C, Gutiérrez N.
Universidad CES. cbetancurmed@gmail.com

Introducción. Mostramos el comportamiento clínico y paraclínico de pacientes hospitalizados con diagnóstico de tuberculosis.

Materiales y métodos. Estudio retrospectivo descriptivo corte transversal con evaluación de los pacientes hospitalizados entre 1 enero 2014 30 junio 2016, Clínica SOMA Las variables cuantitativas fue evaluada con la prueba de Shapiro-Wilk. Los datos fueron expresados como mediana y rango intercuartil. Empleando PASW Statistics versión 18.

Resultados. Se llegó al diagnóstico microbiológico en 45 pacientes, 28 hombres y 17 mujeres, entre los 16 y 90 años con una mediana de 44 años, IQ (27-61). La forma pulmonar fue la más frecuente: 25 pacientes (55,5%), seguida de la pleural 7 pacientes (15,5%), ganglionar 6 (13,3%), intestinal 3 (6,67%), vertebral 3 pacientes (6,67%) y un paciente (2,22%) meníngea, hepática y renal. 2 pacientes eran VIH. El tiempo de evolución fue entre 0,42 y 60 semanas con mediana de 2,4 semanas, IQ (1-7,5). El método diagnóstico que comprobó la enfermedad fue por el directo: 20 pacientes, cultivo 28, ZN de tejido en 13 y en 4 pacientes por reacción en cadena de polimerasa. La mediana de la sedimentación fue 48, IQ (36-80), Hemoglobina 12,5, IQ (10,5-14,2), recuento leucocitario 8.810 IQ (6.900-11.025) y linfocitos 1460 IQ (963-2106).

Conclusiones. Es importante conocer el comportamiento de los pacientes hospitalizados con Tuberculosis y lograr diagnósticos tempranos que permitan aumentar la efectividad en prevenir la transmisión a otros pacientes y al personal de la salud.

125. Tuberculosis activa en comunidades indígenas con asentamiento en el trapezio amazónico (parte 1- Puerto Nariño).

Vega M, Pérez F, Valencia S, Murcia L, Orjuela D, Mape C, Parra C, Navarrete M, Sánchez R, Murcia M.
Universidad Nacional de Colombia. Laboratorio de Salud Pública de Amazonas. maravegamar@unal.edu.co

Introducción. El objetivo del estudio es determinar la situación de la tuberculosis activa, en comunidades indígenas del municipio de Puerto Nariño, Amazonas.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo de corte transversal. Se realizó una búsqueda activa de individuos sintomáticos respiratorios (SR) mediante consulta médica entre la población que aceptó participar en el estudio y firmó el consentimiento informado. A los pacientes SR captados se les tomó muestra seriada de esputo espontáneo o inducido. Las muestras se procesaron para baciloscopia (BK) y cultivo en LJ y BACTEC(TM) MGIT(TM). Los cultivos positivos para complejo *M. tuberculosis* se les está evaluando susceptibilidad a fármacos antituberculosos por métodos fenotípicos y genotípicos.

Resultados. 768/6290 (12,3%) pacientes fueron captados como SR mediante consulta médica. Se realizaron 2238 BK de las cuales 33/2238 (1,5%) fueron positivas, correspondientes a 15 pacientes. Se procesaron 768 cultivos de los cuales hasta el momento se han identificado 68 aislados pertenecientes al complejo *M. tuberculosis*. Se han evaluado 68 aislados por GeneXpert MTB/Rif® todos sensibles a rifampicina, y por Genotype MTBDRplus® se han evaluado 14/68 (20,6%) aislados sensibles a rifampicina e isoniazida.

Conclusiones. Los resultados sugieren alta prevalencia de tuberculosis en la población en estudio, debido probablemente al hacinamiento, pobreza, desnutrición, ubicación geográfica, propios de las comunidades indígenas. Proyecto financiado por Sistema General de Regalías mediante convenio con la Gobernación del Amazonas y la Universidad Nacional de Colombia N°063 de 2013.

126. Utilidad en la medición de la enzima lactato deshidrogenasa en el seguimiento de pacientes con tuberculosis miliar.

Martínez R, Jiménez C, Valencia A.
GRUPO VIHDA. ricardoamartinezg@hotmail.com

Introducción. El componente paucibacilar de la tuberculosis miliar plantea la necesidad de utilizar medidas no baciloscópicas que permitan evaluar la respuesta terapéutica después de iniciar terapia antituberculosa.

Materiales y métodos. Se realizó seguimiento clínico y medición en niveles de lactato deshidrogenasa (LDH) tras inicio de terapia anti-tuberculosa en 42 pacientes atendidos en centros de tercer nivel de atención en el eje cafetero. Se incluyeron pacientes con diagnóstico confirmado mediante baciloscopia, pruebas moleculares o cultivo.

Resultados. Tras confirmarse TB miliar 12 pacientes presentaban niveles de LDH entre 5 y 10 veces por encima del valor normal y los 30 restantes entre dos y cuatro veces; Mejoría clínica apareció tras 4 semanas de tratamiento en 15 casos y se relacionó con descenso en valores de LDH después de igual periodo de tiempo; 18 pacientes permanecieron sintomáticos durante 2 meses, con elevación enzimática por igual periodo y descenso gradual al mejorar síntomas; 9 enfermos persistían sintomáticos tras 12 semanas de terapia y ninguno de estos normalizó el valor de LDH, la persistencia sintomática en este último grupo fue asociado a resistencia farmacológica.

Conclusiones. La elevación sostenida en niveles séricos de LDH se relaciona con persistencia sintomática en pacientes con TB miliar y puede reflejar fallas en respuesta terapéutica por resistencia farmacológica; la característica paucibacilar de la TB miliar obliga a buscar alternativas de seguimiento que reflejen la respuesta a tratamiento siendo el seguimiento en los valores de LDH alternativa que debe de ser considerada.

127. Evaluación de una prueba de biología molecular para identificación de Mycobacterium Tuberculosis y sensibilidad a medicamentos de 1ª y 2ª línea en un hospital de alta complejidad.

Peñata A, Holguín A, Atehortúa S, Vergara P, Castaño T, Bustamante J Ospina S.
Biología Molecular e Inmunogenética de trasplantes. Hospital Universitario San Vicente Fundación. Escuela de Microbiología; Universidad de Antioquia. Facultad de Medicina; Universidad de Antioquia. Servicio de Microbiología; Hospital Universitario San Vicente Fundación, Medellín. carlosadrianpb@gmail.com

Introducción. La tuberculosis es un problema de salud pública que se asocia con alta morbilidad y una alta mortalidad importante afecta a un tercio de la población mundial y la resistencia a fármacos se ha convertido en obstáculo para su control, debido a la aparición de cepas de *Mycobacterium tuberculosis* multirresistentes (MDR-TB) y extremadamente resistentes (XDR-TB).

Materiales y métodos. Estudio descriptivo, observacional de corte transversal retrospectivo, de pacientes en cuyo proceso de atención se les realizó: baciloscopia, cultivo Ogawa-Kudoh, prueba molecular y registro adecuado de historia clínica. Se realizó medidas estadísticas descriptivas univariadas y de validez diagnóstica.

Resultados. se incluyeron 156 muestras de 154 pacientes, de los cuales el 65,6% fueron hombres. El diagnóstico más frecuente fue el Virus de la Inmunodeficiencia Humana (46,1%). La sensibilidad y especificidad global fue del 96,36% (IC 95%. 90,51 – 100) y 90,51% (IC 95%: 83,62 – 96,38) respectivamente. La resistencia global fue del 12,6%. El 57% de los resultados fueron tomados en cuenta en la toma de decisiones terapéuticas.

Conclusiones. Anyplex™II_MTB/MDR/XDR fue útil en la identificación de la micobacteria y sensibilidad a medicamentos en muestra directa, permitiendo una orientación terapéutica inicial. La implementación de nuevas ayudas diagnósticas, deben estar en concordancia con las necesidades en la atención del paciente.

PRESENTACIONES ORALES**MEDICINA TROPICAL****128. Identificación in silico de moléculas inhibitoras de la proteína disulfuro isomerasa TGME49_211680 de Toxoplasma gondii.**

González K, Gómez J, Moncada D, Arenas A, Arenas J, Villegas S.
Universidad del Quindío. kjgonzalezr@uqvirtual.edu.co

Introducción. La proteína disulfuro isomerasa TGME49_211680 contribuye a la formación y reorganización de enlaces disulfuro, y al correcto plegamiento de

proteínas de secreción y de membrana involucradas en el proceso de infección de *Toxoplasma gondii* a células humanas. Dada la importancia de esta proteína, el objetivo del trabajo fue identificar moléculas con potencial inhibitorio de su actividad.

Materiales y métodos. A través del portal web DrugDiscovery@TACC, se evaluó masivamente la afinidad entre la proteína disulfuro isomerasa TGME49_211680 y 642.769 moléculas con propiedades óptimas para ser utilizadas como medicamentos, depositadas en la librería virtual ZINC, ejecutando el software de acoplamiento molecular AutoDock-Vina en la supercomputadora "Lonestar" del centro de computación avanzada de la Universidad de Texas. Los acoplamientos fueron direccionados hacia las regiones esenciales para la actividad redox de la proteína y el sitio de interacción con el sustrato.

Resultados. Se identificaron 8 moléculas que interactúan a través de enlaces de hidrógeno e interacciones hidrofóbicas con el motivo catalítico de la proteína TGME49_211680, con energías de acoplamiento entre -7.5 y -8.5 kcal/mol. Así mismo, la búsqueda sobre el sitio de unión del sustrato permitió identificar 15 moléculas acopladas en esta región, con energías de interacción entre -8.8 y -9.5 kcal/mol.

Conclusiones. Se identificaron moléculas interactuantes con el motivo catalítico y el principal sitio de unión del sustrato de la proteína disulfuro isomerasa TGME49_211680, cuyo acoplamiento puede inducir a conformaciones estructurales que restringen la flexibilidad de la proteína y su actividad redox, y por tanto son candidatas para fases experimentales en la inhibición de la proteína.

129. Polimorfismos en genes de citoquinas asociados con toxoplasmosis ocular en población colombiana.

Mantilla L, Naranjo C, Beltrán L, De La Torre A, Gómez J, Sepulveda J.
Universidad Tecnológica de Pereira. Clínica Barraquer. Universidad del Rosario. Universidad del Quindío. eliana.mantilla@utp.edu.co

Introducción. La retinocoroiditis toxoplásmica (RT), es la principal causa de incapacidad visual en los países occidentales y es consecuencia de la infección congénita o adquirida luego del nacimiento con *T. gondii*. Los polimorfismos en los genes de las citoquinas pueden jugar un papel primordial en la resistencia o susceptibilidad a enfermedades infecciosas. El objetivo del trabajo fue estimar el riesgo asociado a los polimorfismos en genes de las citoquinas IL-1 α , IL-1 β , IFN- γ , TNF- α , IL-10 e IL-12, en población general y en pacientes con toxoplasmosis ocular.

Materiales y métodos. Se obtuvo ADN genómico de 83 pacientes con RT (IgG+, PCR+ en humor acuoso con carga ocular + <2) y 19 controles sanos (IgG-). Se realizó la genotipificación mediante la técnica de minisequenciación.

Resultados. Se estandarizó un multiplex, que permitió evaluar los polimorfismos en los genes de estas citoquinas en una misma reacción de amplificación. Se encontró una asociación estadísticamente significativa para los SNPs IL-10-1082 G/A e IL-10-819 C/T con valores de p= 0,0005 y p=0,0001 respectivamente. Al realizar el test de asociación se encontró al alelo A del SNP IL-10-1082 G/A como un factor de riesgo con un OR=6.581, IC [1,761-24,584] con un valor de p=0,00224. Se realizó igualmente un análisis de haplotipos para el gen de la IL-10 encontrándose un valor de p=5e-04 para el haplotipo GA con un OR= 0,11, IC [0,03-0,36] asociado a protección.

Conclusiones. El desarrollo de RT se asocia en nuestra población con la presencia del SNP IL-10-1082 G/A. Financiado por COLCIENCIAS (Contrato 469-2013) y Universidad Tecnológica de Pereira (5-14-1).

130. Identificación de ortología entre Integrina ligada a kinasa (ILK) humana y proteína Tirosina kinasa (TKL) de Toxoplasma gondii.

García D, Gómez J, Moncada D, González K.
Universidad del Quindío. danigarci2002@gmail.com

Introducción. Las integrinas son proteínas transmembrana cuya función radica en la unión de las células con ligandos de la matriz extracelular, factores de crecimiento, entre otros. La unión entre la integrina ligada a kinasa (ILK) y el factor de crecimiento endotelial vascular (VEGF) generan pérdida de visión, degeneración macular, entre otras patologías oculares. Por lo tanto, el objetivo del trabajo fue identificar la ortología entre ILK del humano y la proteína tirosina kinasa (TKL) de *Toxoplasma gondii*.

Materiales y métodos. Se realizó una búsqueda de integrinas de la retina en NCBI- PUBMED, y con ILK se realizó un blast en ToxoDB, condicionando Blast de proteínas específicamente en *Toxoplasma gondii*. Una vez identificada la proteína ortóloga, se procedió a identificar sus dominios en NCBI-CD. Se utilizó SIGNAL-P y TARGET-P para predicción de tráfico intracelular. Se buscó primer en NCBI-PRIMER-BLAST. Se realizó modelamiento de la proteína ortóloga en ITASSER.

Resultados. Utilizando como molde el modelo cristalográfico de código PDB 1y6a.1.A se obtuvo un modelo estructural de la proteína TKL con c-score de -0.60. Esta proteína presenta un dominio de tirosina-quinasa entre las posiciones 538-928 con 100 kDa de peso molecular. Además, se predijo que TKL de *Toxoplasma gondii* transita en el medio intracelular únicamente.

Conclusiones. El estudio de TKL probablemente otorgará información sobre vías de señalización fundamentales para *Toxoplasma gondii* teniendo en cuenta que ILK es proteína fundamental para la sobrevivencia de la célula hospedadora.

131. Identificación in silico de epítomos B de las proteínas disulfuro isomerasas TGME49_211680, TGME49_312110 y TGME49_238040 de *Toxoplasma gondii* como candidatos para diagnóstico de toxoplasmosis.

Vargas M, Moncada D, Cardona N, Gómez J.
Universidad del Quindío. mvargasm@uqvirtual.edu.co

Introducción. Las proteínas disulfuro isomerasas (PDIs) se han descrito como altamente inmunogénicas, en humanos se han encontrado anticuerpos IgA, IgM e IgG contra PDIs de *T. gondii*. El objetivo del estudio fue identificar los posibles epítomos B de tres PDIs de *T. gondii* a través de herramientas bioinformáticas para el desarrollo futuro de una prueba diagnóstica de toxoplasmosis.

Materiales y métodos. Para la selección de los péptidos se utilizaron las secuencias de las proteínas TGME49_312110, TGME49_238040 y TGME49_211680. Se emplearon 4 servidores web: BepiPred y BCPREDS para la predicción de epítomos B lineales; ElliPro y DiscoTope para los conformacionales. Se consideraron como epítomos B potenciales los péptidos predichos por al menos tres servidores. Asimismo se analizó el perfil de unión de TGME49_211680 al HLA-II por medio de los recursos de análisis del IEDB, incluyendo los 11 alelos de referencia del HLAII-DRB1. Además se realizó un BLAST con los péptidos identificados de TGME49_211680, para descartar los péptidos conservados en proteínas humanas.

Resultados. Para la PDI TGME49_312110 se identificaron 4 epítomos B correspondientes a los aminoácidos en las posiciones 1-12,46-70,244-262 y 539-554. Para la proteína TGME49_238040 se encontraron 5 péptidos, correspondientes a los residuos 1-20,391-414,1012-1032,1092-115 y 1142-1157. Para TGME49_211680 se predijeron 14 epítomos B reconocidos por 10 de los 11 alelos del HLAII-DRB1. De éstos, 4 péptidos fueron seleccionados al no encontrarse conservados en proteínas humanas y correspondieron a los residuos 414-436,293-320,175-193 y 293-321.

Conclusiones. Se identificaron los epítomos B potenciales de tres PDIs de *T. gondii*, los cuales son candidatos promisorios para una prueba diagnóstica de toxoplasmosis.

132. Identificación de la familia de proteínas disulfuro isomerasa de *Toxoplasma gondii*.

Moncada D, Gómez J, Arenas A, Cardona N, González K, Murillo M, Vargas M, Arenas J.
Universidad del Quindío. dmmoncadag@uqvirtual.edu.co

Introducción. Las proteínas disulfuro isomerasa (PDI) se encargan de la organización de puentes disulfuro a través de reacciones de oxidación-reducción, donde isomerizan o forman complejos proteínicos. Son conocidas por su actividad en homeostasis celular y condiciones de estrés celular. En la actualidad son blancos para inhibición con moléculas pequeñas y candidatos vacunales en protozoos como *Plasmodium*, *Leishmania* y *Trypanosoma*. El objetivo fue identificar y describir la familia de proteínas PDI de *T. gondii* y sus funciones en el plegamiento de proteínas del parásito.

Materiales y métodos. Se realizó la identificación de proteínas PDI-like de *Toxoplasma gondii*, usando como molde de búsqueda la proteína TGME49_211680. En las proteínas identificadas se analizaron regiones funcionales en los instrumentos NCBI-CD, PROSITE y SMART; perfiles de expresión y enriquecimiento de ontología de gen con el programa STEM desde 5 transcritomas desde la base de datos ToxoDB, se predijo tráfico intracelular con el programa Target-P y el modelo estructural de cada proteína en el servidor I-TASSER

Resultados. Se identificaron 20 proteínas con dominios tiorredoxina, que van desde 106 aminoácidos hasta 1378. Donde 6 proteínas presentaron péptido señal, 6 región de retención al retículo y arquitecturas desde un dominio tiorredoxina hasta 6. Los análisis de transcriptoma identificaron 4 PDI estadio específicas para ooquiste, estadio entero-epitelial de *Felis catus* y taquizoite. Finalmente se identificaron las proteínas de mayor expresión multiestadio.

Conclusiones. Se identificaron proteínas con arquitecturas capaces de realizar procesos redox e isomerización. Siendo la proteína TGME49_211680 la de mayor expresión en los transcriptomas analizados, mostrándola como candidato de inhibición y de potencial inmunogénico.

133. Modelo computacional de la proteína GRA3 del parásito *Toxoplasma gondii*.

García L, Molina D, Murillo M, Cardona N, Gómez J.
Universidad del Quindío. lauralorenagar@hotmail.com

Introducción. GRA3 es una proteína del parásito *Toxoplasma gondii* importante para el fenotipo de virulencia de las cepas tipo II. GRA3 no tiene homología con proteínas con estructura descrita.

Materiales y métodos. Para el modelamiento estructural se obtuvo la secuencia de aminoácidos de la proteína GRA3 de la cepa ME49 en ToxoDB v.28. La predicción de la estructura secundaria se realizó con el servidor ProFunc, el análisis de la estructura secundaria, terciaria y la construcción del modelo tridimensional se realizó utilizando el servidor I-TASSER. Las propiedades estereoquímicas del modelo se evaluaron mediante el análisis de Ramachandran en PROCHECK. Para el alineamiento estructural entre GRA3 y su ortólogo (Bcl-xL, PDB: 1BXL) se utilizó FATCAT. Para la visualización del modelo se usó UCSF CHIMERA 1.9. La región del péptido señal y regiones transmembrana fueron identificados con el predictor XtalPred-RF.

Resultados. Encontramos una homología estructural de la proteína GRA3 con el miembro antiapoptótico Bcl-xL. Modelamos la proteína GRA3 e identificamos su posible sitio activo y los aminoácidos compartidos con Bcl-xL. Encontramos que la proteína GRA3 consta de dos alfa-hélices centrales hidrofóbicas (hélices 5-6) que están rodeadas por hélices alfa anfipáticas; los dominios BH1, BH2 y BH3 se encuentran cerca unos de otros y forman una hendidura hidrófoba alargada similar a la de Bcl-xL, que puede representar el sitio de unión para otros miembros de la familia Bcl-2 como la proteína proapoptótica Bak.

Conclusiones. El modelo puede servir para la búsqueda bioinformática de inhibidores de actividad para esta proteína.

134. Respuesta de citoquinas en PBMCs de individuos con toxoplasmosis ocular y crónica estimulados ex vivo con la cepa RH y la cepa RH-ROP18 knockout de *Toxoplasma gondii*.

Murillo M, Hernández A, Arenas A, Vargas M, Cardona N, Moncada D, Gómez J.
Universidad del Quindío. mmurillol@uqvirtual.edu.co

Introducción. La proteína ROP18 es un factor de virulencia en ratones; pero hasta el momento su efecto en la infección humana es poco entendido. El objetivo de este trabajo fue medir los niveles de producción de las citoquinas IFN γ , IL1 β e IL10 en PBMCs de pacientes estimulados con las cepas RH y RH-ROP18-KO (ROP18 knockout) de *Toxoplasma gondii*.

Materiales y métodos. PBMCs de individuos con toxoplasmosis crónica asintomática, toxoplasmosis ocular y seronegativos para *Toxoplasma* fueron estimulados durante 24 horas con parásitos de las cepas RH y RH-ROP18-KO de *Toxoplasma gondii*. Se determinaron los niveles de IFN γ , IL1 β e IL10 en sobrenadantes a través de un ELISA comercial. Finalmente, los niveles de citoquinas se expresaron como una relación de citoquinas (RC) = (pg/ml citoquina en RH-ROP18KO) / (pg/ml citoquina en RH).

Resultados. Los PBMCs de individuos con toxoplasmosis ocular estimulados con RH-ROP18-KO presentaron mayores niveles de IL1 β (RC= 1,67; p = 0,031), y de IL10 (RC= 2,5; p = 0,7) cuando se compararon con los grupos de toxoplasmosis crónica y seronegativos, que mostraron mayores niveles de IL1 β e IL10 en la estimulación con la cepa RH. Los niveles de IFN γ en seronegativos fueron significativamente mayores (RC 1,2; p = 0,04) con la cepa RH-ROP18-KO en comparación con el grupo de toxoplasmosis crónica que presentó un mayor nivel con la cepa RH (RC= 0,73).

Conclusiones. La proteína ROP18 podría tener un papel en la infección humana interfiriendo en la producción de IL1 β e IL10 en el grupo de toxoplasmosis ocular y de IFN γ en la forma crónica. Financiado por Colciencias Programa Joven Investigador y proyecto código 111356933664.

135. Identificación de anticuerpos contra péptidos de ROP1, ROP5, ROP17 y derivados recombinantes de GRA6 de *Toxoplasma gondii* en pacientes con toxoplasmosis ocular y asintomática.

Rincón M, Cardona N, Gómez J.
Universidad del Quindío. monicarinconbio@gmail.com

Introducción. Se cree que el tipo de cepa y su virulencia participan en la severidad de la toxoplasmosis. El objetivo del estudio fue identificar anticuerpos específicos contra los polimorfismos de péptidos de proteínas ROPs y los DRs de la proteína GRA6 de *Toxoplasma gondii* en pacientes con toxoplasmosis ocular y asintomática como un predictor del desarrollo de formas clínicas.

Materiales y métodos. Los péptidos se identificaron a partir de proteínas ROP1, ROP5 y ROP17 *T.gondii*. Se realizó una estrategia bioinformática para identificar secuencias polimórficas que fueran epítopes B mediante los predictores BC-PRED Y BPIPRED. Además se analizó sus propiedades inmunogénicas. Se realizó un ELISA indirecto para evaluar la presencia de anticuerpos IgG contra los péptidos y los DRs en pacientes con toxoplasmosis ocular (n=23) y asintomática (n=20).

Resultados. Las muestras positivas contra los seis péptidos seleccionados solo se presentaron en la población ocular y estuvo entre el 5 y el 15%. Para los DRs en la población crónica, estuvo entre 5 y el 55% y en la población ocular entre el 26 y el 52%. No se encontró asociación entre la positividad de la prueba y la forma clínica de toxoplasmosis ($p = >0,05$). Tampoco se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre los dos grupos de individuos ($p = >0,05$).

Conclusiones. Estos péptidos y DRs no son útiles para una prueba ELISA predictiva de formas clínicas de toxoplasmosis, ni como prueba que permita demostrar asociación con la severidad de la toxoplasmosis ocular.

MICROBIOLOGÍA

136. Identificación de la microbiota bucal y su relación con enfermedad periodontal en caninos de la Fundación Razas Únicas, Chía – Cundinamarca.

Bohórquez J, Antolinez D, Corredor A.
Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. johiiztin10@gmail.com

Introducción. Correlacionar la microbiota encontrada en la cavidad bucal de los caninos de la Fundación Razas Únicas en el municipio de Chía – Cundinamarca con la presencia de enfermedad periodontal e infección transmitida por mordeduras para orientar sobre el posible tratamiento de las mismas.

Materiales y métodos. Estudio transversal y descriptivo. Se tomaron treinta muestras orales con escobillón estéril a 24 caninos de la Fundación Razas Únicas del municipio de Chía – Cundinamarca, 24 muestras se recolectaron para identificación de bacterias aerobias se transportaron en medio Tripticasa Soya para su posterior identificación. Para las 6 muestras restantes se hizo identificación de bacterias anaerobias, las cuales fueron transportadas en medio VMGA-III. No se tuvieron en cuenta criterios de exclusión.

Resultados. De las 30 muestras analizadas se logró con éxito el aislamiento de 60 bacterias, entre ellas *Escherichia coli*, *Proteus mirabilis*, *Citrobacter freundii*, *Enterobacter sakazakii*, *Enterobacter cloacae*, *Enterococcus durans*, *Enterococcus faecalis*, *Eikenella corrodens*, *Porphyromonas endodontalis*, *Fusobacterium spp* y *Capnocytophaga spp*. Las bacterias anaerobias están principalmente relacionadas con enfermedad periodontal y la presencia de enterobacterias está relacionada con contaminación oro fecal.

Conclusiones. La identificación de la microbiota bucal de caninos permite en Colombia realizar estudios profilácticos y tratamientos con antimicrobianos para la enfermedad periodontal en caninos y para casos asociados a mordeduras en humanos.

137. Identificación directa de microorganismos a partir de muestras de orina utilizando la tecnología MALDI-TOF MS (Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry).

Sierra E, Maldonado N, Arroyave B, Robledo C, Hoyos P, Robledo J.
Laboratorio Médico Referencia - Grupo GERMEN. Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Escuela de Ciencias de la Salud; Universidad Pontificia Bolivariana. labmedicomicro@labmedico.com

Introducción. La aplicación de la tecnología basada en la espectrometría de masas MALDI-TOF para la identificación de microorganismos directamente de muestras clínicas, permite resultado rápidos para un manejo y tratamiento tempranos y efectivos. El objetivo de este estudio fue evaluar un método para la identificación directa de microorganismos en muestras de orina utilizando la tecnología MALDI-TOF MS.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio descriptivo entre octubre de 2015 y julio de 2016. Un total de 426 muestras de orina, positivas y negativas, fueron sometidas a centrifugaciones y lavados secuenciales para eliminar interferentes y concentrar el microorganismo. El sedimento final fue analizado por MALDI-TOF MS (Vitek MS, bioMérieux). Los resultados de identificación se compararon con la identificación realizada a partir del cultivo puro utilizando la misma tecnología.

Resultados. Del total de urocultivos 200, fueron positivos y 226 negativos por el método convencional. De los positivos, 47,5 % se identificaron correctamente por el método directo, 10,5% se identificaron erróneamente y 42,0% no

fueron identificados. De los negativos, 84,5% fueron negativos por el método directo. En general, el 67,1% de las orinas analizadas tuvieron un resultado concordante con ambos métodos. El tiempo promedio entre el procesamiento y análisis de resultados por cada muestra de orina fue de 2 horas.

Conclusiones. La tecnología MALDI-TOF MS empleada en forma directa para identificación de microorganismos demostró una alta concordancia para las muestras negativas; sin embargo, en las muestras positivas se requiere mejorar el desempeño e integrar el resultado en un algoritmo diagnóstico que mejore su utilidad para la toma de decisiones.

138. Evaluación del panel de identificación sanguíneo Filmarray® (PCR múltiple anidada) en la detección de candidemia comparada con pruebas fenotípicas.

Solarte M, Ramos R, Jaramillo L, Ortega R, Bacca J, Davila M, Solarte MA.
Hospital Universitario Departamental de Nariño. masolarte9@gmail.com

Introducción. La frecuencia de candidemias como causa de sepsis es creciente en el mundo. Los métodos tradicionales para la detección de la fungemia son ineficaces, el panel sanguíneo Filmarray Biofire® (PCR múltiple anidada) ofrece la posibilidad de detección de candida en torrente sanguíneo en una hora. El objetivo del presente estudio es describir la experiencia del Filmarray en la detección de candidemia y comparar su eficiencia con pruebas feno.

Materiales y métodos. Este estudio es de tipo descriptivo observacional, de corte transversal, retrospectivo. Realizado entre Julio de 2015 y Junio 2016, Se analizaron 137 muestras de sangre de pacientes hospitalizados, las cuales fueron sometidas al proceso de identificación de microorganismo utilizando el método de PCR anidada FilmArray Biofire® (Panel sanguíneo, que detecta 24 patógenos) y se comparó con resultados obtenidos en el equipo automatizado Microscan Walkaway®.

Resultados. En las muestras analizadas el 13,8% fueron candidas (n: 19), de los cuales el 63,2% (n=12) correspondieron a *Candida parapsilosis*, el 26,3% (n=5) a *Candida albicans* y el 10,5% (n=2) a *Candida glabrata*. El 42,1% (n=8) fueron monofúngicos con una concordancia con pruebas fenotípicas del 100%. En el 57,9% (n=11) se encontraron dos o más microorganismos en los cuales no se aisló la cándida cuando se utilizó paneles cromogénicos.

Conclusiones. La PCR múltiple anidada es un método más eficiente para la detección de fungemias que los cultivos cromogénicos.

139. Identificación directa de microorganismos a partir de hemocultivos positivos utilizando la tecnología MALDI-TOF MS (Matrix-Assisted Laser Desorption Ionization–Time of Flight Mass Spectrometry).

Sierra E, Maldonado N, Arroyave B, Robledo C, Hoyos P, Robledo J.
Laboratorio Médico Referencia - Grupo GERMEN. Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Escuela de Ciencias de la Salud; Universidad Pontificia Bolivariana. labmedicomicro@labmedico.com

Introducción. La identificación rápida de microorganismos en sangre es crucial para el diagnóstico clínico y la elección del tratamiento adecuado. El objetivo de este estudio fue evaluar un protocolo de identificación directa de microorganismos en hemocultivos mediante la espectrometría de masas MALDI-TOF.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio descriptivo entre octubre de 2015 y julio de 2016, se procesaron 200 hemocultivos positivos de pacientes hospitalizados en la Clínica El Rosario, Medellín. Se utilizó un protocolo de centrifugaciones y lavados secuenciales y extracción de proteínas con etanol 70%, ácido fórmico 70% y acetoneitrilo. El sobrenadante fue analizado por MALDI-TOF MS (Vitek® MS, bioMérieux) y los resultados fueron comparados con la identificación por el mismo método a partir del cultivo puro.

Resultados. En el 49,5% de los hemocultivos se obtuvo identificación por el método directo de MALDI-TOF. De estos, 72 (72,7%) fueron identificados correctamente (nivel de confianza promedio de 99,9%) y 27 (27,3%) tuvieron una identificación errónea (nivel de confianza promedio de 53,9%). El 72,2% de las identificaciones correctas fueron bacilos gram negativos, como *Escherichia coli* (34,7%) y *Pseudomonas aeruginosa* (16,6%). El tiempo promedio de procesamiento e identificación de microorganismos fue de 1 hora y 30 minutos.

Conclusiones. La utilización de la tecnología MALDI-TOF MS para identificación directa de microorganismos en hemocultivos positivos, proporciona una identificación más oportuna, que es esencial para el diagnóstico y el tratamiento precóz de pacientes con bacteriemia y sepsis. Futuras evaluaciones deben realizarse para determinar el impacto de este protocolo en el desenlace clínico y los costos de atención de los pacientes.

140. Estandarización de una PCR anidada para la detección de quistes de *Giardia sp.* a partir de muestras vegetales (repollo, lechuga crespa y lisa)

Pinto V, Muñoz G, Lora F, Gómez J.
Universidad del Quindío. vale-aleja13@hotmail.com

Introducción. Las técnicas moleculares como la PCR, permiten la identificación de *Giardia* en diferentes muestras ambientales. Se propone estandarizar una PCR anidada para la identificación de los quistes de *Giardia* a partir de muestras vegetales (repollo, lechuga crespa y lisa).

Materiales y métodos. La PCR-anidada se realizó mediante la amplificación de la SSU ARNr, empleando los primers RH1F y RH4R para la primera amplificación y para la segunda GiarF y GiarR. Se evaluaron diferentes parámetros de amplificación y volúmenes utilizando el kit GoTaq Green Máster Mix. La sensibilidad se determinó mediante diluciones de 10, 50 y 100 quistes por ml, y la especificidad se realizó utilizando ADN de otros protozoos.

Resultados. Las condiciones óptimas para la amplificación de *Giardia sp* son: 12,5 µl de GoTaq, 1,5 µl cada cebador, 4,0 µl de ADN. La denaturación inicial de 94°C por 5 minutos, seguido de 40 ciclos, una denaturación de 94°C por 1 minuto, un anillamiento de 61°C por 1 minuto, una extensión de 72°C por 1 minuto y una extensión final de 72°C por 10 minutos. Una segunda PCR con una denaturación inicial de 94°C por 5 minutos, seguido de 14 ciclos, una denaturación de 94°C por 1 minuto, un anillamiento de 56°C por 30 segundos, una extensión de 72°C por 30 segundos y una extensión final de 72°C por 10 minutos obteniendo un amplificado de 175 pb.

Conclusiones. Se establecieron las condiciones óptimas para la detección de quistes de *Giardia sp.* a partir de muestras vegetales lo que permitirá su aplicación en la evaluación de riesgo de transmisión a partir de estos alimentos. Financiado por Colciencias proyecto código 111372553376.

141. Caracterización de los procedimientos para la realización de hemocultivos en instituciones hospitalarias del Área Metropolitana del Valle de Aburrá.

Maldonado N, Robledo C, Múnera M, Capataz C, Roncancio G, Franco L, Nagles J, Paola J, Gaviria M, Figueroa M, Robledo J.
Laboratorio Médico Referencia - Grupo GERMEN. Hospital Pablo Tobón Uribe. Fundación Clínica del Norte. Clínica Cardio VID. Clínica las Américas. Laboratorio Gonzalo Aristizábal; Clínica Medellín. Clínica CES. Laboratorio UNLAB. Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Escuela de Ciencias de la Salud; Universidad Pontificia Bolivariana. natalia.maldonado@yahoo.com

Introducción. Los hemocultivos son una herramienta diagnóstica esencial para determinar la presencia de microorganismos en sangre. El objetivo de este estudio fue caracterizar los procedimientos de toma de muestra, análisis, reporte y aseguramiento de calidad en hemocultivos.

Materiales y métodos. Participaron 15 instituciones hospitalarias de Medellín y alrededores. Se empleó un instrumento de recolección de información semiestructurado y la información fue analizada en SPSS®.

Resultados. Todas las instituciones tienen protocolos basados en estándares internacionales, pero existen diferencias en los procesos preanalíticos y postanalíticos. Los productos empleados para antisepsia de piel son gluconato de clorhexidina 2-4% (66,7%) y alcohol isopropílico al 70% (20,0%), con diferencias en tiempos de acción del producto. El 73,3% de las instituciones emplea guantes estériles y la misma proporción usa sistema abierto para venopunción. En 46,6% se toman dos botellas aerobias y una anaerobia por episodio en pacientes adultos y en 33,3% dos botellas aerobias. La falta de estandarización en los procedimientos fue mayor en población pediátrica, así como para el diagnóstico de bacteriemia asociada a catéter y endocarditis infecciosa. El 66,6% de las instituciones llevan un indicador de contaminación, 53,3% de positividad y 26,6% de volumen de sangre. La tasa promedio de hemocultivos contaminados durante el semestre de seguimiento fue de 1,61%.

Conclusiones. Se observa una heterogeneidad notable en los procedimientos, especialmente en fases preanalítica y posanalítica. No es común la utilización del indicador de volumen de sangre, que es indispensable para definir la capacidad del laboratorio para identificar microorganismos para sangre. Acciones de mejoramiento y estandarización en hemocultivos son necesarias.

142. Comportamiento de la PCR y el galactomanano en el diagnóstico de aspergilosis en una cohorte prospectiva de pacientes hemato-oncológicos; estudio piloto.

De La Hoz A, Valderrama S, Parra C, Ceballos A, Arévalo M, Ardilla N, Salazar L, Garzón J, Cortés G, Ariza B, Linares M, Álvarez C, Le Pape, P. Grupo de investigación en enfermedades infecciosas Hospital Universitario San Ignacio. Semillero de investigación en enfermedades infecciosas división micosis humanas y proteómica, Facultad de Ciencias Básicas; Pontificia Universidad Javeriana. Semillero de Investigación en Enfermedades Infecciosas, Facultad de Medicina; Pontificia Universidad Javeriana. Laboratorio Clínico, Hospital Universitario San Ignacio, Laboratoire de parasitologie et mycologie médicale, Université de Nantes. adelahozg@gmail.com

Introducción. Este estudio busca validar una PCR para *Aspergillus spp* y describir su comportamiento en el diagnóstico de la aspergilosis en una cohorte de pacientes hematológicos.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo con seguimiento durante 10 meses a pacientes mayores de 18 años con patologías hematológicas malignas (LLA, LMA y LL) en quimioterapia durante los episodios de neutropenia en un hospital de tercer nivel. En cada episodio se tomaron muestras de suero y lavado broncoalveolar para procesamiento de galactomanano. Los casos de infección fúngica invasiva fueron clasificados según los criterios de la European Organization for Research and Treatment of Cancer/Mycoses Study Group. Se validó la PCR para *Aspergillus* 18S Ribosomal (Myconostica, Ltd) y se procesaron las muestras con esta técnica para comparar los resultados con el galactomano.

Resultados. Se hizo seguimiento a 32 pacientes y 39 episodios de neutropenia. La mediana de edad fue 38,5 años. Se diagnosticaron 4 casos de aspergilosis probable y 4 de aspergilosis posible. 2 pacientes fueron diagnosticados con fusariosis y 1 con criptococosis pulmonar. Ninguno presentó aspergilosis confirmada. 34 de 39 (87,2%) muestras de galactomanano y PCR fueron concordantes; 31 para resultados negativos y 3 para positivos. El 46,8% de los pacientes recibieron manejo con Voriconazol, por sospecha de IFI, pese a que sólo el 28% fue diagnosticado con micosis invasiva según criterios.

Conclusiones. La PCR para *Aspergillus spp* tuvo buena concordancia con el galactomanano. En pacientes hematológicos se podría utilizar como prueba complementaria en pacientes con terapia anticipada para mejorar el uso racional de antifúngicos, pero parece no reemplazar al galactomanano.

143. Evaluación de la calidad del proceso de identificación e interpretación de urocultivos y antibiogramas realizados por un laboratorio clínico de la región centro-occidental de Colombia.

Rodríguez C, Padilla L, Recalde D.
Corporación Universitaria Empresarial Alexander Von Humboldt. cRodriguez4@cue.edu.co

Introducción. Desde el campo del laboratorio clínico, los conceptos establecidos en pruebas de susceptibilidad microbiana han ido modificándose y tanto en el campo médico como del laboratorio, se ignoran las normas de interpretación que son vitales para el correcto manejo de microorganismos resistentes. Por esto se pretendió evaluar la calidad del proceso de identificación e interpretación de urocultivos y antibiogramas.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio descriptivo/retrospectivo, recolectando datos de urocultivos y antibiogramas entre abril de 2014 a junio de 2015, realizados por un laboratorio clínico de mediana complejidad de la región centro-occidental de Colombia. Se analizó el tipo de microorganismo aislado, resistencia y uso de los antibióticos, teniendo en cuenta el manual para la determinación de susceptibilidad antibiótica del Instituto Nacional de Salud, e Instituto de Estándares de Laboratorios Clínicos-(CLSI).

Resultados. Se recolectaron 1815 datos de urocultivos y antibiogramas. De estos, 85% fueron mujeres y 45% adultos mayores. Se reportó *Escherichia coli* como el más prevalente (57,3%) seguido de *Enterococcus faecalis* (15,2%), *Enterobacter cloacae* (14,7%) y el género *Citrobacter spp.*(4,13%). Se encontró mayor resistencia al ácido nalidíxico, Trimetoprima/sulfametoxazol, cefalotina, ampicilina y ciprofloxacina. Se evidenció el mal uso de algunos antibióticos que fueron evaluados sobre microorganismos con resistencia intrínseca, por lo cual no deberían ser reportados, además, de casos como *Enterococcus faecalis* donde se reportan antibióticos activos *in-vitro*, que clínicamente no son efectivos, por lo que, no deben ser reportados como susceptibles.

Conclusiones. Se evidenciaron errores en la evaluación de antibióticos, desconocimiento de la resistencia intrínseca de microorganismos y error en reporte. Financiación: Corporación-Universitaria-Empresarial-Alexander-Von-Humboldt.

INFECCIONES EN PEDIATRÍA

144. Costos de la otitis media aguda en una ciudad de la costa caribe colombiana.

Arteta-Acosta C, Coronell-Rodríguez W, Alvis-Zakzuk N, Alvis-Guzmán N.
Universidad de Cartagena. cindyarteta@gmail.com

Introducción. La Otitis Media Aguda (OMA) es la infección del tracto respiratorio superior más frecuente en pacientes pediátricos. Está asociada a una importante carga económica. Se estima un gasto anual entre \$ 3 y 5 billones de dólares en EEUU, costos estimados por episodio varían entre USD\$108 y USD\$1.330. Los costos indirectos no médicos de OMA, relevantes en esta patología, han sido subestimados. Objetivo: Estimar los costos de OMA en pacientes pediátricos en Cartagena, Colombia.

Materiales y métodos. Estudio prospectivo de microcosteo entre 2014-2015. Se determinaron los costos directos e indirectos de casos de OMA a través de formularios aplicados a padres/cuidadores. La pérdida de productividad se estimó con base al salario mínimo legal vigente mensual del 2014 (COP\$616.000) (USD\$308).

Resultados. Se presentaron un total de 62 episodios de OMA. Costos económicos totales atribuidos por episodio de OMA fueron COP\$358.954 ± DE \$254.903 (USD\$ 179). La carga económica total fue COP\$22'503.141 (USD\$11,250), costos indirectos por episodio fue COP\$101.402 (USD\$51) y el tiempo promedio gastado por los padres en el cuidado fue de 3.7 días.

Conclusiones. Nuestros resultados arrojaron que en promedio un caso de OMA cuesta \$358.954 pesos (US\$ 179), y puede oscilar entre \$295,504 - \$422.403. El 63% del costo promedio de un caso se atribuye a costos directos relacionados con el proceso de atención de la enfermedad; el 28% fueron costos relacionados con la pérdida de productividad, debido a la OMA, por último, el 9% fueron gastos de bolsillos de las familias de los pacientes atendidos. Financiación: Colciencias Código:11076541678.

145. Descripción de la infección y reinfección por virus Dengue en niños asintomáticos de 4 a 14 años en dos municipios de Cundinamarca.

Castro L, Coronel C, Beltran E, Camacho S, Parra S, Calderón M, Calvo E, Velandia M, Porras A, Castellanos J.
Universidad El Bosque. lorenacastro22@gmail.com

Introducción. El Dengue es la arbovirosis más importante a nivel mundial, afecta en su mayoría a la población infantil residente en zonas endémicas. Las estrategias para disminuir la incidencia y prevalencia de la enfermedad en Colombia han sido ineficientes. El objetivo del estudio fue establecer la asociación entre infección y reinfección por DENV y los Conocimientos, Actitudes y Prácticas (CAP) sobre la enfermedad.

Materiales y métodos. Estudio de corte transversal analítico realizado en el año 2014 en Anapoima y Apulo (Cundinamarca). Se incluyeron niños de 4 a 14 años de instituciones educativas a los que se les realizó un examen médico, la toma de una muestra de sangre para diagnóstico por ELISA (IgM, IgG captura e Indirecta y NS1) y detección de RNA viral por PCR. Adicionalmente se aplicó al padre o tutor del niño una encuesta CAP.

Resultados. De las 347 muestras analizadas, el porcentaje de muestras positivas fue: IgM (17%), IgG Captura (29,1%) e IgG Indirecta (88%). Ninguna muestra fue positiva para NS1. En el 30% de las muestras positivas por serología se identificó RNA de DENV: DENV 2 (75%), DENV3 (11.3%), DENV4 (4,5%), DENV1 (2,3%) y 3 coinfecciones por dos serotipos. El análisis mostró que 40,1% de los niños presentaban infección: activa primaria (0,9%), activa secundaria (11,8%), reciente primaria (7,2%), reciente secundaria (20,2%) y el 11% no presentaban antecedente de infección.

Conclusiones. La alta prevalencia de anticuerpos específicos detectada en la población y el porcentaje de infecciones asintomáticas identificado demuestran una alta transmisión del virus en la población, lo cual demuestra la susceptibilidad a desarrollar reinfección por el virus.

146. Distribución tipo específica de Rotavirus en niños menores de cinco años en la ciudad de Bogotá durante 2014 a 2016.

De La Rosa K, Gómez S, Moyano D, Nuñez J, Arce P, Peláez D, Vargas H, Laboratorio de Salud Pública; Secretaría de Salud de Bogotá. Instituto Nacional de Salud. *kdelarosa@unicolmayor.edu.co*

Introducción. La enfermedad diarreica aguda (EDA) es un cuadro clínico frecuente en la población menor de cinco años, dentro de los agentes etiológicos virales el más común es rotavirus el cual causa una de las mayores tasas de morbi-mortalidad. El presente estudio tiene como objetivo establecer la distribución de genotipos de rotavirus asociados a EDA en menores de cinco años provenientes de unidades centinelas del Distrito durante 2014 a 2016 en Bogotá.

Materiales y métodos. Estudio de tipo descriptivo-retrospectivo. Se analizaron 494 muestras de menores de cinco años que ingresaron por vigilancia centinela de EDA las cuales fueron captadas por el Laboratorio de Salud Pública donde se tamizaron por prueba rápida, las positivas para rotavirus más una fracción de negativas se remitieron al Instituto Nacional de Salud (INS), allí se analizaron por la técnica ELISA y se realizó identificación de genotipos por RT-PCR, algunos genotipos se confirmaron por secuenciación, los datos fueron remitidos a la Secretaría Distrital de Salud.

Resultados. Del 100% de muestras analizadas el 20% (n=99/494) mostraron resultados positivos para Rotavirus. De las muestras positivas en el año 2014 el 24% (n=6) predominó el genotipo G12P[8], para el 2015 el 30,6% (n=15) el genotipo G3G12P[8] y para el 2016 el 36% (n=9) genotipo G12P[8]. El grupo etario mayor de 1 año presentó mayor positividad para los años 2014 y 2016, en cambio para el año 2015 los menores de 1 año fueron los más afectados.

Conclusiones. Este estudio presenta la distribución de genotipos de rotavirus por RT-PCR permitiendo conocer la dinámica de circulación de éstos a nivel distrital, a su vez se genera información oportuna que se constituye como una herramienta de apoyo para toma de decisiones en la vigilancia de este evento en Bogotá.

147. Fiebre sin foco aparente en niños de 3 a 36 meses en un centro pediátrico colombiano.

Ramírez J, Suárez D, Martínez J, Mejía L.
Universidad Libre Seccional Cali. Hospital Infantil Los Angeles de Pasto. georgeluis117@hotmail.com

Introducción. El 76% de los niños entre 3 y 36 meses con un síndrome febril sin foco aparente presenta una infección viral autolimitada, que no requiere de tratamiento específico y mejora sin dejar secuelas. Entre el 10% y 25% de los pacientes pueden estar cursando con una infección bacteriana. (8, 9, 10, 11, 12). Estos datos son tomados de reportes donde tanto las tasas de cobertura vacunal y la epidemiología difieren al de nuestro país, por tanto desconocemos cuales son las características de los pacientes con este diagnóstico en nuestro medio.

Materiales y métodos. Estudio tipo observacional descriptivo de lactantes de 3 a 36 meses que acudieron al servicio de urgencias del Hospital Infantil los Ángeles de Pasto, Colombia.

Resultados. Los diagnósticos de egreso se describen en orden de frecuencia así: Infección viral 64,2%, Infección de vías urinarias 19,3%; uno de estos pacientes también cursaba con EDA bacteriana y otro además de Infección de Vías Urinarias (IVU) tenía neumonía, neumonía 10,2%, síndrome febril sin foco claro 5,1%, sinusitis maxilar.

Conclusiones. Realizar este estudio a nivel local permitió identificar que la causa más frecuente de fiebre sin foco aparente en pacientes entre 3 y 36 meses fueron las infecciones virales (64,3%). Es importante destacar que la cobertura de vacunación para el *S. pneumoniae* y el *H. Influenzae* tipo b que fue del 79,5% y 80% respectivamente. No se encontró bacteriemia oculta como causa de fiebre sin foco aparente.

148. Efecto de las gomas de mascar con polioles sobre la carga de ADN de Streptococcus mutans en niños escolares.

Rivera R, Villada I, Rodríguez P, Echeverry S, Cardona N, Murillo M.
Universidad Antonio Nariño. Universidad del Quindío. rriveraquirola@uan.edu.co

Introducción. El uso de azúcares no fermentables puede ser una alternativa para influenciar la disminución de la biopelícula dental y el adoptar la goma de mascar como un vehículo para su suministro podría generar una mayor adaptación por parte de la población infantil. El objetivo de este trabajo fue evaluar el uso de azúcares no fermentables en goma de mascar como una alternativa para la disminución del *Streptococcus mutans* en niños escolares.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio descriptivo con una muestra a conveniencia de niños entre 4 y 6 años de edad (n=30); divididos en tres grupos: Grupo A, se le suministró goma de mascar con sorbitol, grupo B goma de mascar con xilitol, sorbitol y maltitol y grupo C control, 3 veces al día durante la jornada estudiantil por 1 mes y se realizó extracción de ADN de saliva no estimulada antes y después del suministro de la goma de mascar, para cuan-

tificar *S. mutans* por PCR en tiempo real y se realizó una prueba de hipótesis Kruskal-Wallis para datos no paramétricos.

Resultados. Uno de los niños se retiró de la investigación, por tanto se estudiaron 29 niños de los cuales 28 fueron positivos para *S. mutans* y el grupo B presentó una disminución de *S. mutans* estadísticamente significativa (P-valor = 0,048).

Conclusiones. Se evidenció que hay una disminución sobre la cantidad de *Streptococcus mutans* cuando se combinan diferentes azúcares no fermentables como sorbitol, maltitol y xilitol en la goma de mascar en niños escolares entre 4-6 años.

149. Secuenciación completa del exoma identifica nuevas mutaciones con ganancia de función en STAT1 que confieren predisposición a candidiasis mucocutánea crónica y tuberculosis en pacientes colombianos.

Moncada-Vélez M, Arias A, Arango C, Okada S, Alzate J, González N, Arango C, Orrego J, Bustamante J, Puentes A, Franco J, Osorio S, Castro L, Tsumura M, Cabarcas F, Casanova J.

Grupo de Inmunodeficiencias Primarias; Universidad de Antioquia. Hiroshima University Graduate School of Biomedical & Health Sciences; Japan. Centro Nacional de Secuenciación Genómica-CNSG; Universidad de Antioquia. Fundación Universitaria Autónoma de las Américas. Departamento de Pediatría; Hospital San Vicente Fundación. Laboratory of Human Genetics of Infectious Diseases; INSERM; Paris; France. marcela.moncada@udea.edu.co

Introducción. Las inmunodeficiencias primarias (IDP) resultan de mutaciones en genes del sistema inmune y en muchos casos confieren susceptibilidad a enfermedades infecciosas. Específicamente, mutaciones en el factor de transcripción STAT1 autosómicas recesivas (AR) predisponen a infecciones por micobacterias y virus, mientras las heterocigotas autosómicas dominantes con pérdida de función (AD, loss of function-LOF) predisponen solo a infecciones por micobacterias, y las autosómicas dominantes con ganancia de función (AD, gain-of-function-GOF) a autoinmunidad e infecciones por hongos.

Materiales y métodos. Se realizó secuenciación completa del exoma (WES) y análisis bioinformático a 16 individuos de una cohorte de pacientes con infecciones por *M. tuberculosis*, *C. albicans*, *Histoplasma* y *P. brasiliensis*, entre otros. Las variantes identificadas en 3 pacientes se confirmaron mediante la técnica de Sanger y su impacto funcional se evaluó in vitro en respuesta al IFN- γ .

Resultados. El paciente P1 de 11 años tenía diagnóstico de candidiasis mucocutánea crónica (CMC) e histoplasmosis pulmonar, el paciente P2 de 11 años CMC y tuberculosis (TB) pulmonar y el paciente de 30 años P3 CMC. En los 3 se identificaron mutaciones previamente no reportadas en STAT1 (Q20R, L354R, E235G, respectivamente). El ensayo funcional de luciferasa in vitro mostró que las 3 mutaciones son AD y resultan en GOF.

Conclusiones. Estas mutaciones AD-GOF en STAT1 explican la predisposición a CMC, histoplasmosis y TB en los 3 pacientes, demostrando que la susceptibilidad a estas enfermedades infecciosas puede tener una base monogénica. COLCIENCIAS #111556934990, ECOS-NORD #619-2013.

150. Caracterización de la neumonía necrosante en un hospital pediátrico de Bogotá durante los años 2010 al 2016.

Guerrero M, Camacho G.
Universidad Nacional de Colombia. Fundación HOMI - Hospital de la Misericordia. mpguerrero@unal.edu.co

Introducción. Teniendo en cuenta el incremento de casos relacionados con complicaciones de la neumonía como la necrosis, se considero evaluar en un grupo de niños con este hallazgo las características demográficas, clínicas, paraclínicas y etiológicas.

Materiales y métodos. Estudio ambispectivo realizado en el Hospital de la Misericordia, desde enero de 2010 hasta junio de 2016.

Resultados. Se obtuvo una población de 17 niños en la corte prospectiva y 36 en la retrospectiva (54% niños y 46% niñas), predominio de población <5 años 66%, desnutrición en un 32%, vacunación para neumococo 41%, tres dosis aplicadas 28%. Al ingreso predominio >5 días de fiebre 32%, síntomas como tos 98% y dificultad para respirar 81%. Estancia hospitalaria entre 20-30 días 49%. Hallazgos de leucocitosis 81% y trombocitosis 79%. En imágenes hallazgos de consolidación 83%-derrame 64% en Rx de tórax y de neumotórax 86% en el TACAR. Requiriendo procedimientos quirúrgicos para manejo 86% de predominio toracostomía 75%. De los 53 casos 30% aislamientos microbiológicos de ellos, sangre 71% y líquido pleural 28%, con aislamiento de *S. pneumoniae* sensible 13% (serotipos 1 y 14), resistente 1.8% (serotipo 6A) y de *S. aureus* metilicino sensible 7% y resistente 13%.

Conclusiones. La sospecha diagnóstica se debe hacer en un paciente sin adecuada vacunación, bajo peso, evolución tórpida, reactivos elevados y trombocitosis, en el cual el manejo multidisciplinario es fundamental para su control y evitar mayor severidad.

151. Colonización por *Pneumocystis jirovecii* en niños inmunocompetentes con y sin Neumonía Adquirida en la Comunidad (NAC) en Medellín.

Cabrera R, Aguilar Y, Vélez L.
Universidad de Antioquia. ruthco12@gmail.com

Introducción. *P. jirovecii* (Pj) puede colonizar niños sanos asintomáticos o con NAC, pero la información al respecto es escasa en Colombia. Objetivo: Determinar la frecuencia de colonización por Pj y sus genotipos en niños inmunocompetentes hospitalizados con NAC y niños sanos entre 2011-2013.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo transversal retrospectivo. Se incluyeron 70 niños inmunocompetentes con NAC y 60 sin NAC, hospitalizados en 13 instituciones del Valle de Aburrá entre agosto/2011-octubre/2012. Se determinó la frecuencia de colonización por Pj con una PCR anidada para el gen mLSU rRNA en esputo inducido (niños con NAC) y aspirado traqueal (niños sin NAC). Se comparó la frecuencia según el grupo de edad, sexo, coinfección con otros patógenos respiratorios y algunas características clínicas de los niños con NAC, utilizando la prueba de χ^2 de independencia.

Resultados. El 26% de los niños incluidos estaban colonizados por Pj, 21% de los niños sin NAC y 30% con NAC. La frecuencia de colonización, según el grupo etario en los niños con y sin NAC fue, respectivamente: ≤ 6 meses: 5/8 y 2/5 (62.5% y 40%); 7-12 meses: 4/7 y 0/1 (57% y 0%); 13-24 meses: 3/14 y 1/5 (21% y 20%); y ≥ 25 meses: 8/37 y 8/41 (22% y 19.5%). Los menores de 12 meses con NAC estaban más frecuentemente colonizados ($p < 0.05$). No se encontraron diferencias significativas en las otras variables analizadas. Los genotipos identificados serán presentados en el Encuentro.

Conclusiones. La colonización por Pj es frecuente en niños inmunocompetentes de Medellín, en proporciones similares a las de otros países (32%).

RESISTENCIA BACTERIANA

152. Detección de *mcr-1* en aislamientos clínicos de *Salmonella enterica* serovar Typhimurium y *Escherichia coli* en Colombia.

Saavedra S, Arévalo S, Hidalgo A, Montaña L, Ovalle M, Wiesner M, Díaz P, Duarte C.
Instituto Nacional de Salud. ssaavedra@ins.gov.co

Introducción. Colistina es considerado la última opción de tratamiento para infecciones causadas por bacterias Gram negativas multiresistentes. Recientemente en China se describió el primer gen de resistencia a colistina transferible (*mcr-1*). El objetivo de este estudio fue detectar *mcr-1* en aislamientos de bacterias Gram negativas recibidas por los programas de vigilancia del Grupo de Microbiología del Instituto Nacional de Salud.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo, en el cual se revisaron los valores de concentración mínima inhibitoria a colistina en las bases de datos de sensibilidad de los programas de vigilancia, los datos fueron interpretados según el punto de corte establecido por EUCAST para Enterobacterias y CLSI para bacterias Gram negativas no fermentadoras. Todos los aislamientos resistentes a colistina fueron evaluados por PCR para *mcr-1* y los productos de amplificación fueron secuenciados. En los aislamientos positivos para *mcr-1* se evaluó la tipificación genética por electroforesis en gel de campo pulsado.

Resultados. Entre mayo de 2013 y julio de 2016 se identificaron 253 aislamientos resistentes a colistina, de los cuales *mcr-1* fue detectado en nueve aislamientos (tres de *Salmonella enterica* serovar Typhimurium y seis de *E. coli*), la secuenciación mostro 100% de homología con la secuencia *mcr-1*. Los aislamientos presentaron resistencia a por lo menos un antimicrobiano y dos aislamientos de *E. coli* fueron co-productores uno de BLEE (SHV-12) y otro de AmpC plasmídica (CMY-2). Los aislamientos de *Salmonella* fueron genéticamente relacionados mientras los de *E. coli* no.

Conclusiones. Es importante mantener la vigilancia para detectar nuevos casos de *mcr-1* en nuestro país.

153. Evaluación transcripcional de los genes *liaXYZ* de un aislamiento clínico de *Enterococcus faecium* R497 resistente a daptomicina.

Appel T, Rincón S, Reyes J, Díaz L, Paneso D, Arias C.
Laboratorio UGRA; Universidad El Bosque. CARMiG; University of Texas Health Science Center. tobiasm.appel@gmail.com

Introducción. El enterococo resistente a vancomicina ha emergido como un patógeno relevante a nivel hospitalario, el cual ha generado dificultades en el tratamiento clínico. La daptomicina, actúa en la membrana bacteriana es una de las últimas opciones terapéuticas de manejo de estas infecciones. La resistencia está asociada con mutaciones en genes relacionados en el metabolismo de fosfolípidos y en respuesta al estrés (liaFSR). El sistema LiaFSR, es uno de operones más estudiados en bacterias Gram-positivas. Está formado por liaF, codifica una proteína transmembranal, liaS una histidina quinasa y liaR un regulador de respuesta. En *E. faecalis*, se ha reportado que LiaR, controla la transcripción de los genes liaFSR y liaXYZ, sin embargo, en *E. faecium* su papel aún no ha sido determinado.

Materiales y métodos. Este trabajo evaluó el perfil transcripcional de los genes liaXYZ de un aislamiento clínico de *E. faecium* resistente a daptomicina utilizando RT-PCR (reverse transcriptase-polimerase chain reaction). Adicionalmente, se realizó un estudio in silico del medio ambiente genómico de los genes liaXYZ.

Resultados. Se encontró que los genes liaXYZ se co-transcriben junto con los genes corriente arriba (transportadores ABC y dos genes yibE) y corriente abajo (serina quinasa). Las predicciones bioinformáticas indicaron que liaX codifica para una proteína de 533 aminoácidos sin hélices transmembranales; mientras, liaY y liaZ presentan dominios transmembranales.

Conclusiones. El operon liaXYZ está formado por un grupo de 12 genes que codifican para proteínas de transporte de tipo ABC, proteínas transmembranales, proteína citoplasmática sin péptido señal y serina quinasa.

154. Actividad antibacteriana contra *Staphylococcus aureus* de aceites esenciales de tres plantas colombianas pertenecientes al género *Croton* (*Euphorbiaceae*).

Sánchez I, Ossa A, Cogollo A, Galeano E, Segura J, Alzate F.
Universidad Cooperativa de Colombia. Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia. Jardín Botánico de Medellín. Universidad de Antioquia. icsanchez@gmail.com

Introducción. Teniendo en cuenta el aumento de las tasas de resistencia bacteriana a agentes antimicrobianos, se hace indispensable la búsqueda de nuevos compuestos que tengan actividad biológica contra bacterias de importancia clínica e industrial. Los aceites esenciales producidos por plantas se convierten en una buena alternativa debido a la gran cantidad de propiedades conocidas, como la antimicrobiana. Por lo anterior, el objetivo de este estudio fue evaluar la actividad biológica contra *Staphylococcus aureus* de tres especies de plantas colombianas del género *Croton* (*Euphorbiaceae*).

Materiales y métodos. Evaluación de actividad biológica de aceites esenciales extraídos por hidrodestilación de las partes aéreas previamente secadas de las especies *Croton killipianus*, *Croton smithianus* y la corteza de *Croton sp.* colectadas en el oriente antioqueño. La actividad antibacteriana se evaluó mediante el método de microdilución en la cepa *S. aureus* ATCC 29213.

Resultados. Se observó actividad inhibitoria de los aceites esenciales obtenidos de las tres especies de *Croton*. *Croton sp.* fue la que mostró mayor actividad con una MIC de 0,156%, seguido de las especies *Croton killipianus* y *Croton smithianus* con una MIC menor de 0,25% y 0,5% respectivamente.

Conclusiones. Los aceites esenciales de las tres especies colombianas evaluadas mostraron actividad antibacteriana contra *S. aureus* ATCC 29213. Estos resultados previos nos permiten conocer la bioprospección de plantas colombianas como antimicrobianos y evidenciar el potencial industrial, tanto en clínica como en la industria alimentaria y cosmética, de nuestro recurso natural.

155. Detección de genes de resistencia bacteriana a partir de hemocultivos positivos por PCR en equipo Filmarray®.

Solarte M, Ramos R, Jaramillo L, Ortega R, Bacca J, Davila M, Solarte MA.
Hospital Universitario Departamental de Nariño. masolarte9@gmail.com

Introducción. Los genes inductores de resistencia son mecanismos que utilizan las bacterias para su supervivencia, el uso de la PCR anidada permite la detección de estos genes y establecer una terapia antibiótica efectiva. En el presente estudio se comparan los genes detectados con el equipo Filmarray® comparadas con métodos fenotípicos.

Materiales y métodos. Este estudio es de tipo descriptivo observacional, de corte transversal, retrospectivo. Realizado entre Julio de 2015 y Junio 2016, Se analizaron los resultados obtenidos de genes de resistencia KPC, mecA y Van A-B por FilmArray Biofire® de 137 aislamientos bacterianos de hemocultivos positivos y se comparó con resultados obtenidos en el equipo automatizado Microscan Walkaway® y pruebas de tamizaje externas como APB.

Resultados. En 69 gérmenes grampositivos detectados, el gen mecA se obtuvo en el 53.6% (n=37); de los cuales el 86.5% (n=32) correspondieron a *Staphylococcus coagulasa* negativo y 13.5% (n=5) a *Staphylococcus aureus*, en este último con concordancia del 100% con prueba de ceftioxitin. En Enterococo se detectó un caso de gen Van A/B en 1.4% (n=1). De 82 gérmenes gramnegativos, se obtuvo un 13.4% (n=11) de bacterias portadoras de gen KPC de las cuales el 63.6% (n=7) correspondieron a *Klebsiella Pneumoniae*, en estas, la concordancia fue del 71.4% con pruebas de APB (n=5).

Conclusiones. El instrumento Filmarray Biofire® ha permitido detectar en una hora genes de resistencia con mayor eficiencia en comparación con las pruebas fenotípicas.

156. Evaluación de la actividad in vitro de nuevos compuestos antibacteriales.

Crespo M, Ramírez J, Abonia R, Quiroga J, Insuasty B.
Universidad del Valle. Universidad Santiago de Cali.
maria.crespo.ortiz@correounivalle.edu.co

Introducción. La mortalidad estimada debida a infecciones por bacterias resistentes supera los 25.000 casos anuales en varios continentes lo que constituye una amenaza inminente para la salud humana. A nivel mundial iniciativas como la 10x20, han propuesto el desarrollo de 10 nuevos antibióticos para el 2020. Las propiedades antibacteriales, antifúngicas y antimálaricas conferidas por modificaciones de compuestos heterocíclicos se han estudiado como punto de partida para el diseño de nuevos agentes terapéuticos. El objetivo de este estudio fue sintetizar y evaluar la actividad in vitro de nuevos derivados heterocíclicos (quinolinas, piridinas, pirazolininas y sulfonamidas) contra bacterias sensibles y con resistencia de alto impacto.

Materiales y métodos. Un total de 75 compuestos fueron evaluados mediante la determinación de la concentración inhibitoria mínima (CIM) y la concentración bactericida mínima (CBM) para *E. coli* ATCC25922, *S. aureus* ATCC 25923 (metilino-sensible, MSSA), *S. aureus* ATCC43300 (metilino-resistente, MRSA), *S. aureus* (intermedio a vancomicina, VISA), *K. pneumoniae* BAA1705 (positiva para carbapenemasas), *K. pneumoniae* ATCC700603 (BLEE+), *P. aeruginosa* ATCC27853 y *N. gonorrhoeae* ATCC31426 (beta lactamasa +).

Resultados. Una quinolina y 3 piridinas mostraron actividad reproducible contra MSSA y MRSA, una piridina con MICs entre 1-4µg/ml. Dos de estos compuestos inhibieron el crecimiento de *E. coli* (62.5-500µg/ml) y *K. pneumoniae* BAA 1705 (250-500µg/ml). Se observó inhibición de *N. gonorrhoeae* por dos pirazolininas, dos piridinas y una sulfonamida (8- 31 µg/ml).

Conclusiones. Se identificó la farmacófora que confiere actividad contra *S. aureus* y un compuesto con actividad contra MSSA y MRSA comparable a la de otros antibióticos utilizados en la rutina. Los compuestos biológicamente más activos potencialmente pueden ser mejorados.

157. Estudio farmacocinético de meropenem en pacientes con neutropenia febril post quimioterapia en el Instituto Nacional de Cancerología.

Jimenez L, Cuervo S, Silva E, Díaz J, Alvarez C, Sánchez R, Gómez J, Cortez J.
Universidad Nacional de Colombia. Instituto Nacional de Cancerología.
ljjimenezb@una.edu.co

Introducción. Los pacientes con neoplasias hematológicas sometidos a quimioterapia frecuentemente presentan neutropenia febril y son tratados empíricamente con antibióticos anti Pseudomonas como meropenem para evitar complicaciones infecciosas. Los cambios fisiológicos en estos pacientes pueden llevar a concentraciones séricas inadecuadas de antibióticos, limitando la erradicación del microorganismo causante; por tanto es importante describir el comportamiento de los parámetros farmacocinéticos de meropenem en estos pacientes.

Materiales y métodos. Se realizó estudio abierto, no aleatorizado, observacional, descriptivo, prospectivo, en el Instituto Nacional de Cancerología de Bogotá D.C. durante el año 2015. En la primera fase de calibración incluyó 15 pacientes con neoplasia hematológica, sin neutropenia febril, sin administración de antibiótico. La segunda fase incluyó 15 pacientes con neoplasia hematológica y neutropenia febril post quimioterapia en tratamiento con meropenem, se realizaron 6 tomas de muestra dentro de un intervalo de dosificación. La determinación de concentraciones séricas de meropenem se realizó con ensayo microbiológico de difusión en agar, estimando así los parámetros farmacocinéticos por paciente.

Resultados. El modelo farmacocinético de mejor ajuste para meropenem fue el monocompartmental y se aplicaron las ecuaciones farmacocinéticas co-

respondientes. La concentración máxima fue: $645,41 \pm 252,82 \mu\text{g/mL}$, concentración mínima: $14,07 \pm 9,86 \mu\text{g/mL}$, Volumen de distribución: $4,29 \pm 1,68 \text{ L}$, Área Bajo la Curva: $853,62 \pm 394,03 \mu\text{g/h}$, Clearance: $3,11 \pm 1,81 \text{ L/h}$, Constante de eliminación: $0,70 \pm 0,19 \text{ h}^{-1}$ y tiempo de vida media: $1,08 \pm 0,32 \text{ h}$

Conclusiones. Conociendo las concentraciones séricas de meropenem durante la exposición al fármaco se puede aplicar el modelo farmacocinético que permita determinar un esquema de dosificación adecuado para cada paciente.

158. Cucarachas como vectores mecánicos de cepas bacterianas multi-resistentes a medicamentos en un centro hospitalario de Villavicencio: evidencia de IAAS.

Jaramillo G, Pavas N, Pérez N.
Corporación Clínica de la Universidad Cooperativa de Colombia.
gloria.jaramillor@campusucc.edu.co

Introducción. Las cucarachas son insectos de importancia en salud pública por ser reservorios y vectores mecánicos de microorganismos patógenos. El objetivo fue caracterizar las bacterias presentes en el cuerpo de cucarachas capturadas en un centro hospitalario de Villavicencio.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio descriptivo transversal durante julio de 2015 y abril de 2016, en donde se colectaron manualmente cucarachas en cocina de un centro hospitalario de Villavicencio. Se realizó identificación y antibiograma por método automatizado.

Resultados. Se colectaron 67 cucarachas de la especie *Blattella germanica*, 64,18% ninfas y 35,82% adultos. Los aislamientos demostraron *Klebsiella pneumoniae*, *Enterobacter aerogenes*, *Pseudomonas aeruginosa*, *Serratia marcescens*, *Proteus vulgaris*, *Staphylococcus saprophyticus* y *Enterococcus faecium*. En el primer caso se observó resistencia a cefalosporina de cuarta generación, resistencia intermedia a tigeclina y resistencia a tres de los carbapenem. No se hicieron pruebas con clavulanato. En el segundo caso se observó resistencia a cefalosporinas de tercera generación y cuarta generación, incluso ceftoxitin (Amp C) y resistencia a carbapenem. Algunas *Pseudomonas* fueron resistentes a carbapenem. No se hicieron pruebas con ácido borónico ni EDTA. *S. saprophyticus* fue resistente a oxacilina. En el último caso sensibilidad intermedia a linezolid.

Conclusiones. Existe la probabilidad de que las cucarachas sean vectores de bacterias resistentes a los antimicrobianos. Por lo cual se recomienda vigilancia y control integrado de la plaga dentro de instituciones prestadoras de servicios de salud.

159. Frecuencia de los genes *cfxA*, *cfxA2*, *blaTEM* en aislamientos orales de *Prevotella intermedia* y *Prevotella spp*

Castillo Y, Murillo M, Castillo D, Delgadillo N, Neuta Y, Lafaurie G.
Universidad El Bosque. castilloyormaris@unbosque.edu.co

Introducción. *Prevotella spp*, son flora normal de la cavidad oral y pueden comportarse como oportunistas en infecciones polimicrobianas; han cobrado importancia clínica debido a la producción de β -lactamasas como mecanismo de resistencia antibiótica más frecuente que en cualquier otro anaerobio oral. Los genes *cfxA*, *cfxA2* y *blaTEM* han sido reportados con mayor frecuencia como los responsables de la resistencia a los antibióticos β -lactámicos. Objetivo: determinar la frecuencia de los genes *cfxA*, *cfxA2* y *blaTEM* en aislamientos orales de *Prevotella intermedia* y *Prevotella spp*.

Materiales y métodos. Estudio experimental in vitro. Se evaluaron 441 aislamientos orales de *Prevotella spp*, del cepario del Instituto UIBO. Se realizó extracción de ADN por choque térmico, se confirmó la especie *P. intermedia* por PCR convencional; como control positivo se empleó ADN de *P. intermedia* ATCC 33561. La presencia de los genes *cfxA*, *cfxA2* y *blaTEM* fue determinada por PCR convencional. Como controles positivos se emplearon cepas de referencia productoras de β -lactamasas.

Resultados. En *P. intermedia* se encontró una frecuencia de 7,5% para *cfxA*; los genes *cfxA2* y *blaTEM* no fueron detectados en esta especie. En los aislamientos de *Prevotella spp* se observó una mayor frecuencia el gen *blaTEM* (15%); seguido de *cfxA* (11,6%) y *cfxA2* (5%).

Conclusiones. La presencia de genes de resistencia en los aislamientos evaluados, fue baja en comparación con lo reportado, sugiriendo que estos antibióticos podrían seguir siendo primera elección en el tratamiento de infecciones orales. Sin embargo, es posible encontrar casos de mala respuesta al tratamiento debido a resistencia antibiótica. Financiación: Universidad El Bosque.

MEDICINA TROPICAL

160. Evaluación de un método de extracción de ARN, detección por RT-qPCR a partir de ooquistes de *Toxoplasma gondii* y su aplicación en muestras de campo.

Triviño J, Lora F, Gómez J.
Centro de Investigaciones Biomedicas, Universidad del Quindío.
jeca1424@hotmail.com

Introducción. Las infecciones intestinales de origen hídrico por parásitos protozoos constituyen una de las causas más frecuentes de enfermedad en los seres humanos a nivel mundial. Los ooquistes de *Toxoplasma gondii* son resistentes a muchos desinfectantes químicos. Métodos utilizados para determinar la viabilidad de esta forma resistente es el bioensayo en ratón, gallinas o felinos, estos solo proporcionan evaluaciones cualitativas, siendo además dispendiosos y de alto costo. Por lo tanto es necesario nuevos métodos.

Materiales y métodos. Se evaluaron diversos protocolos para la extracción de ARN. El límite de detección de la RT-qPCR se determinó mediante diluciones seriadas de ARN del protozoo evaluado. La especificidad se determinó mediante el uso de ARN de diferentes protozoos. Finalmente 25 muestras tomadas antes, durante y después de la planta de tratamiento, se analizaron por PCR convencional con condiciones estandarizadas.

Resultados. El mejor método de extracción de ARN de ooquistes de *Toxoplasma gondii* en agua fue la lisis mecánica. El límite de detección por RT-qPCR fue de 2 formas parasitarias con un CT:35.4. La aplicabilidad fue evaluada en muestras de agua tomadas en una planta de tratamiento del Quindío y fueron inculcadas en 5 alícuotas con ooquistes viables de 500 a 2.

Conclusiones. Los ensayos de ARN fueron específicos y de bajo costo. El método evaluado demostró la habilidad de detectar ooquistes de *Toxoplasma gondii* viables y a bajas concentraciones. Los ensayos de RT-qPCR son útiles para evaluar y monitorear la viabilidad de ooquiste de *Toxoplasma gondii* en agua potable. Financiado por Colciencias código 111356934687.

161. Identificación *in silico* de péptidos candidatos vacunales de la proteína MIC2 de *Toxoplasma gondii*.

Monares S, Moncada D, Gómez, J.
Universidad del Quindío. sergiomonares@gmail.com

Introducción. La proteína MIC2 hace parte de las principales adhesinas presentes en *Toxoplasma gondii* y se caracteriza por ser de vital importancia en los procesos de adhesión e invasión del parásito. El objetivo del estudio fue realizar la identificación *in silico* de péptidos de unión al HLA-A*02:01 de la proteína MIC2 de *T. gondii* para el desarrollo futuro de una vacuna contra la toxoplasmosis.

Materiales y métodos. Se obtuvo la secuencia de la proteína MIC2 de *T. gondii* (TG11_201780) de la base de datos ToxoDB. Se usó el servidor Net-MHCcons 1.0 para la identificación de los péptidos de unión al HLA-A*02:01, con una longitud de 9 residuos, seleccionando los péptidos que presentaron una afinidad menor 50 nM. Adicionalmente se hizo la predicción en el servidor MAPP para seleccionar los péptidos con probabilidad de ser clivados por el complejo ubiquitina. Se consideraron como epítopos potenciales aquellas secuencias peptídicas con mayor afinidad al complejo HLA-A*02:01 y con mayor probabilidad de ser clivados por el proteosoma.

Resultados. Se encontraron 6 péptidos de la proteína MIC2 con alta afinidad por el HLA-A*02:01; de éstos, dos secuencias presentaron alta probabilidad de clivaje por el proteosoma (puntajes: 0.7 y 1). Las secuencias peptídicas correspondieron a los aminoácidos 9-16 (FGLMFACGM) y 70-78 (GCTNQLDIC).

Conclusiones. Se realizó la identificación *in silico* de dos péptidos de la proteína MIC2 de *T. gondii*, los cuales constituyen candidatos potenciales para el desarrollo futuro de una vacuna contra la toxoplasmosis basada en péptidos.

162. Proteínas similares a citocinas en *Toxoplasma gondii*: estrategias de evasión de la respuesta inmune del hospedero.

Celis D, Moncada D, Gómez, J.
Universidad del Quindío. dacegi@gmail.com

Introducción. Las células de mamíferos infectadas por *Toxoplasma gondii* son resistentes a la apoptosis, una estrategia utilizada para su supervivencia y permanencia en el hospedero. Varios mecanismos se han propuesto, incluyendo proteínas similares a citoquinas.

Materiales y métodos. Se realizó una búsqueda de ortólogos en OrthoMCL DB Versión 5 con el término "cytokine", posteriormente se agregó el grupo de genes con algún patrón filogenético en *T. gondii* y estas se alinearon con las secuencias de las citocinas humanas IL 1- IL 37 e INF γ obtenidas del GeneBank. Posteriormente se realizó un BLASTp en ToxoDB Release 28 y se seleccionaron las secuencias finales. Estas se analizaron mediante instrumentos bioinformáticos como PROTPARAM, NCBI CD, SMARTp, ITASSER, PROFUNC y finalmente se visualizaron en Chimera 1.11.1.

Resultados. Se identificaron dos proteínas de la cepa ME49 de *T. gondii*: TGME49_216900 y TGME49_290040. La primera perteneciente a la familia de las citocinas que inducen inhibición de la apoptosis, cuenta con 443 aminoácidos, un PM de 47,5 kD cuyos aminoácidos más frecuentes fueron la serina y la alanina respectivamente, y un PI de 6.48. Presenta 3 dominios de las superfamilias: CIAPIN1 (344-410), MTHFR (240-314) y P-loop_NTPase (136-200). La segunda un factor inhibidor de la migración de macrófagos (MIF) previamente cristalizada en el PDB y caracterizada bioquímica e inmunológicamente.

Conclusiones. Se obtuvieron dos proteínas similares a citocinas pertenecientes a la cepa ME49 de *T. gondii*, posiblemente involucradas en la modulación de la respuesta inmune del hospedero y que aportan en el conocimiento de la evasión de la misma y la cronicidad de la infección.

163. Detección de anticuerpos IgG anti *Anaplasma spp.*, *Ehrlichia spp.*, *Rickettsia spp.* y *Coxiella burnetii* y factores asociados con su presentación en bovinos y ganaderos de Norte y Magdalena Medio antioqueño.

Eraso M, Molina L, Cardona X, Giraldo L, Cardona J, Ríos L, Gutiérrez L. *Grupo Biología de Sistemas; Escuela de Ciencias de la Salud; Universidad Pontificia Bolivariana. Grupo de Investigación Salud y Sostenibilidad; Escuela de Microbiología; Universidad de Antioquia. Departamento de Asistencia Técnica, COLANTA. lina.gutierrezb@upb.edu.co*

Introducción. Las bacterias de los géneros *Anaplasma*, *Ehrlichia*, *Rickettsia* y *Coxiella* son considerados patógenos emergentes transmitidos por garrapatas. Se determinó la frecuencia de anticuerpos IgG anti *Anaplasma spp.*, *Ehrlichia spp.*, *Rickettsia spp.* y *Coxiella burnetii* y factores asociados en bovinos y personas con exposición ocupacional a la ganadería en el Norte y Magdalena Medio de Antioquia.

Materiales y métodos. Estudio transversal en 332 personas y 384 bovinos evaluados por inmunofluorescencia indirecta. Se estimó la frecuencia de seropositividad con su intervalo de confianza para identificar subgrupos con una magnitud estadísticamente diferente y OR crudas con sus intervalos de confianza, ajustadas mediante regresión logística binaria para controlar factores de confusión.

Resultados. En el Norte, la seropositividad en personas fue 58,7% (IC95%:45,8-71,7) para *Anaplasma*, 81,5% (IC95%:64,9-87,5) para *Ehrlichia*, 70,9% (IC95%: 59,5-83,4) para *Rickettsia* y 52,4% (IC95%:39,3-65,5) para *Coxiella burnetii*. En bovinos fue 31,3% (IC95%:19,1-43,4), 59,4% (IC95%:45,6-72,2), 50% (IC95%: 36,9-63,0) y 40,1% (IC95%:27,8-53,4), respectivamente. En personas del Magdalena Medio fue 16,2% (IC95%: 5,6-28,6) para *Anaplasma*, 45,7% (IC95%: 33,2-59,1) *Ehrlichia*, 34,1% (IC95%:19,9-48,5) *Rickettsia* y 16,3% (IC95%: 5,6-28,5) *Coxiella burnetii*. En bovinos fue 29,2% (IC95%:17,7-41,7), 64,6% (IC95%:51,5-76,6), 46,9% (IC95%:35,9-59,9) y 17,2% (IC95%:7,2-27,2), respectivamente. El factor asociado con la seropositividad anti *Rickettsia spp.* detectada en las personas fue la ubicación de la residencia en el área rural (OR:3,16; IC95%:1,6-6,2; p=0,000) y para la seropositividad anti *Coxiella burnetii* fue un tiempo de trabajo con bovinos de al menos 9 horas al día (OR:2,42; IC95%:1,28-4,59; p=0,000); No se encontraron asociaciones significativas para *Ehrlichia spp.* y *Anaplasma spp.*

Conclusiones. Se evidenció exposición a estas bacterias zoonóticas en el contexto ganadero estudiado y se identificaron subgrupos para direccionar medidas sanitarias e investigativas posteriores. Financiación: COLCIENCIAS-Código 121056934576.

164. Asociación entre niveles de vitamina D y la respuesta inmunológica inespecífica en sujetos con diagnóstico de Dengue.

Toro L, Cardona M, Urcuqui S, Castaño J. *Universidad del Quindío. Universidad de Antioquia. ltoros@hotmail.com*

Introducción. El Dengue es una enfermedad que presenta un reto para la salud pública a nivel mundial. En 2016, se han notificado 56.221 casos en Colombia. Nos propusimos, determinar si existe alguna asociación de los niveles de vitamina D y la respuesta inmunológica inespecífica en sujetos diagnosticados con Dengue.

Materiales y métodos. Se colectaron 150 muestras con síndrome febril agudo y con sospecha de Dengue; se clasificaron por rango de edad, clasificación clínica (sanos=S, Dengue grave=DG, Dengue con signos de alarma=DSCA, Dengue sin signos=DSSA) y género. Se midieron niveles de vitamina-D3 por ELFA, se cuantificó IL-6, IFN γ , TNF α por ELISA y miR-155 por RT-q-PCR. El análisis estadístico, se usó test de Kruskal-Wallis para datos no paramétricos y ANOVA para los paramétricos. Regresión simple para establecer la relación entre vitamina-D y miRNA155.

Resultados. El grupo DG y DCSA presentaron valores mayores de IL-6, INF γ , comparado con el grupo S y DSSA. Los niveles de TNF α presentaron diferencias con respecto al control. La Vitamina-D presentó diferencias significativas entre los grupos DG y DSSA en comparación con los grupos S y DCSA. Los niveles de miR155 presentaron diferencias entre el grupo S, DG y DCSA mientras que el grupo DSSA tuvo un ligero aumento en comparación con los sujetos sanos. Finalmente hubo una relación inversa entre los niveles de vitamina D y miR155.

Conclusiones. Se encontró relación entre los niveles elevados de interleuquinas pro-inflamatorias (IL-6,IFN- γ ,TNF- α) con los niveles bajos de vitamina D y la sobre-expresión de miRNA155 en casos de Dengue grave y con signos de alarma.

165. Identificación de potenciales áreas de riesgo de rickettsiosis en el noroeste de Colombia a través del uso de equinos como centinelas.

Acevedo L, Ramírez R, Labruna M, Rodas J. *Universidad de Antioquia. Universidad CES. Universidad de Sao Paulo. leidyjoana@gmail.com*

Introducción. Las rickettsiosis causadas por rickettsias del grupo de las fiebres manchadas (RGFM) son zoonosis desatendidas en el país a pesar de que se reconoce la presencia de especies patógenas como por ejemplo *Rickettsia rickettsii*. La circulación de estas bacterias se ha reportado limitada a ciertas zonas pero se sospecha que su distribución puede ser más amplia. Dado lo anterior nos propusimos identificar potenciales zonas de riesgo de rickettsiosis a través del uso de equinos como centinelas en el noroeste de Colombia.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo donde se realizó toma de muestras de equinos llevados a la planta de beneficio La Rinconada en Rio-negro, Antioquia durante los meses de abril de 2015 a junio de 2016. A los animales se les tomaron datos demográficos. La seroprevalencia se determinó por Inmunofluorescencia indirecta usando antígeno de *R. rickettsii*.

Resultados. Se muestrearon 653 animales de los cuales 54,4% eran caballos, 40,9% burros y 4,7% mulas. Los equinos provenían de 30 municipios de los departamentos de Antioquia (24,3%), Atlántico (1,5%), Bolívar (5,4%), Córdoba (56,7%), Magdalena (3,4%) y Sucre (8,8%). Se encontró una seroprevalencia general de 16,5% (108/653). El departamento con mayor positividad fue Sucre con un 25% (14/57), seguido de Antioquia con un 18% (29/158). Por municipios se presentó una mayor positividad (>25%) en Ovejas, Majagual y Toluviejo en Sucre, Sahagún y Lórica en Córdoba, y Urrao y Turbo en Antioquia.

Conclusiones. Las zonas con equinos positivos para rickettsias del GFM, se proponen como potenciales para circulación y transmisión zoonótica al hombre. CODI 2014-321.

VIROLOGÍA

166. Estandarización y evaluación de una prueba de ELISA IgG para hantavirus usando los antígenos del virus Necoclí previamente identificado en el Urabá antioqueño.

Montoya-Ruiz C, Flórez L, Acevedo-Gutiérrez L, Pérez-Pérez J, Muskus C, Levis S, Díaz F, Rodas J. *Grupo Centauro; Facultad de Ciencias Agrarias; Universidad de Antioquia. Grupo PECET; Corporación de Patologías Tropicales; Universidad de Antioquia. Instituto Nacional de Enfermedades Virales Humanas "Dr. Julio I. Maiztegui" (INEVH). Grupo Inmunovirología; Facultad de Medicina; Universidad de Antioquia.carolinamontoyaruiz@gmail.com*

Introducción. A pesar de que diferentes estudios han evidenciado que los hantavirus pueden ser agentes causales del síndrome febril en Colombia, no se cuenta con una prueba serológica nativa, siendo los estudios realizados, dependientes de donaciones extranjeras. Debido a esto se buscó producir antígenos del virus Necoclí y usarlos en la estandarización de pruebas serológicas.

Materiales y métodos. Se produjeron tres antígenos recombinantes de la nucleocápside (proteína completa, región seroespecífica e inmunodominante)

y se usaron para estandarizar tres pruebas de ELISA IgG. Éstas fueron evaluadas por medio de un estudio transversal en población sana (muestreados 2011-2012) y pacientes febriles (muestreados 2013-2014) de la zona de Urabá, y se compararon los resultados obtenidos con la ELISA IgG del virus Maciel (INEVH).

Resultados. Con la ELISA del virus Maciel se observó en la población sana una seropositividad de 8/609(1,3%) y de los pacientes febriles 4/89(4,5%) ninguno de los últimos fue positivo a IgM y PCR. La seropositividad con los antígenos del virus NECV fue para cada población: 64/609(10,5%) y 8/89 (9%) usando la proteína completa, 51/609 (8,4%) y 4/89 (4,5%) usando seroespecífico, 129/609 (21,18%) y 11/89 (12,4%) usando inmunodominante. El índice kappa y las concordancias de los tres antígenos de Necocli y Maciel fue: proteína completa (0,249 y 90,9%), seroespecífica (-0,032 y 90,5%) e inmunodominante (0,153 y 82,6%).

Conclusiones. La proteína completa y el fragmento inmunodominante prometen ser una buena herramienta para futuros estudios en el país y para hacer un diagnóstico presuntivo en el caso de presentación de un brote de hantavirus. (Colciencias 111554531578).

167. Modelo de distribución de reservorios de hantavirus, *Olygoryzomys delicatus* y *Zygodontomys brevicauda* en Colombia.

Barrera S, Chacón J, Mattar S.

Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico. Grupo de Biodiversidad Universidad de Córdoba. samy21_biol@hotmail.com

Introducción. Los hantavirus son causantes de enfermedades de alta mortalidad en Colombia y los reservorios son los roedores. Las cepas de hantavirus poseen un roedor hospedero específico y las infecciones humanas ocurren por la inhalación de aerosoles con partículas virales provenientes de excretas de roedores silvestres infectados. Los sigmodontinos *Olygoryzomys delicatus* y *Zygodontomys brevicauda* son reconocidos como reservorios de las variantes de hantavirus Choclo, Maporal y Calabazo.

Materiales y métodos. Se generaron modelos de distribución para las especies *Olygoryzomys delicatus* y *Zygodontomys brevicauda* y se analizaron los factores ambientales que influyen su ocurrencia, para comprender la distribución geográfica de los hantavirus en Colombia. El modelo de distribución se realizó utilizando el software MaxEnt 3.3.3k y fue evaluado por medio del método de validación cruzada expresada en datos de entrenamiento (75% de los datos) y los datos de prueba (25% de los datos), la salida se ajustó a diez réplicas Bootstrap y un error permisible del 5%.

Resultados. Los modelos obtenidos estiman la distribución para las regiones Andina, Caribe y Orinoquia, estas 2 últimas con reportes previos de anticuerpos y casos clínicos para hantavirus, además de un alto potencial de distribución en la Orinoquia para *Z. brevicauda*. La altitud fue la variable que más influyó en la distribución de las especies, la temperatura mínima del mes más frío para *O. delicatus* y la precipitación del trimestre más frío para *Z. brevicauda*.

Conclusiones. Los modelos generados estiman posibles áreas de riesgo para la transmisión de hantavirus en Colombia.

168. Evolución y seguimiento de gestantes con Zika en una clínica de Barranquilla.

Villanueva A, Parra M, Cuellar R, Barrios L.

Preventio Ltda. alvillan@gmail.com

Introducción. Los daños más graves de la infección por el virus Zika, son la microcefalia y el Guillain Barré. Las gestantes afectadas con Zika, deben recibir un manejo especial para reducir la aparición de niños afectados, se hace necesario implementar programas especiales para su manejo. OBJETIVOS: Conocer la evolución clínica de un grupo de gestantes atendidas en una Institución de Salud, durante la epidemia del Zika y sus repercusiones en los niños nacidos de madres afectadas con la enfermedad.

Materiales y métodos. Revisión de 40 formularios gestantes atendidas con Zika enviados al Instituto Nacional de Salud (INAS), y sus historias clínicas, con información de signos, síntomas, y resultados de laboratorio.

Resultados. Población: De 2386 gestantes atendidas, diciembre 2015 a Marzo 2016, Clínica Asunción de Barranquilla, 40 gestantes atendidas con Zika. De estas, 14 fueron informadas por el INAS. Manifestaciones clínicas más importantes para el diagnóstico clínico de Zika, fueron: brote 29, fiebre 24, cefalea 22, artralgias 15, mialgias 17, prurito 14. De 14 resultados recibidos, 4 fueron positivos y 10 negativos. 4 positivas para Chikungunya, y 3 para Zika. De 38 ecografías a gestantes: 4 anormales, 3 con retardo de crecimiento uterino y 1 con microcefalia, en un recién nacido de madre infectada con Zika, en el 1er trimestre.

Conclusiones. La infección por el virus del Zika en gestantes puede terminar en microcefalia. Se debería realizar la prueba de PCR. Zika, obligatoria en clínicas y centros de atención autorizados.

169. Reumatismo inflamatorio crónico Post-Chikungunya: resultados de un seguimiento retrospectivo de 12 meses en 171 casos de La Virginia, Risaralda, Colombia.

Rodríguez-Morales A, Restrepo-Posada V, Acevedo-Escalante N, Rodríguez-Muñoz E, Valencia-Marín M, Reyes-Guerrero S, Aroca-Gómez K, Narváez-Guinchin D, Imbacuan-Unigarro J, Castrillón-Spítia J, Londoño J, Bedoya-Rendón H, Cárdenas-Pérez J, Cardona-Ospina J, Lagos-Grisales G. GISPEI - Universidad Tecnológica de Pereira. ESE Hospital San Pedro y San Pablo; La Virginia-Risaralda. arodriguezsm@utp.edu.co

Introducción. Existen estudios limitados en Latinoamérica con respecto a cronicidad del virus Chikungunya (CHIK), tales como el Reumatismo inflamatorio crónico post-CHIK (pCHIK-CIR). El objetivo fue evaluar una cohorte de pacientes con pCHIK-CIR en el municipio de La Virginia, Risaralda, una nueva área endémica de CHIK en Colombia.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio retrospectivo de seguimiento de una cohorte de 171 pacientes con diagnóstico de CHIK que persistieron con pCHIK-CIR después de un mínimo de 9,1 meses y hasta un máximo de 12,6 meses (febrero 2015-marzo 2016). Se identificaron casos pCHIK-CIR de acuerdo con criterios validados, a través de entrevistas telefónicas. Aquellos con otra arbovirosis durante el seguimiento fueron excluidos.

Resultados. Del total de sujetos inicialmente infectados por CHIK, 78 (45,6%) reportaron síntomas persistentes reumatológicos (pCHIK-CIR). Todos estos pacientes presentaron artralgias (poliartralgia crónica, pCHIK-CPA), 43,9% rigidez matutina, 38,6% edema articular y 19,9% eritema periarticular. De todos los pacientes, 21,1% consultaron nuevamente (del total, 2,9% consultaron reumatólogos).

Conclusiones. De acuerdo con nuestros resultados, después de nueve meses, casi la mitad de los pacientes con CHIK persistieron con secuelas crónicas reumatológicas. En La Virginia, una evaluación inicial de seguimiento de hasta 6,5 meses mostró una persistencia de 53,7% en un grupo de 283 pacientes (ahora 45,6%). Estos resultados apoyan estimaciones previas obtenidas a partir de un meta-análisis que incluyó estudios en La Reunión (Francia) y la India, entre otros países, y son consistentes con otras investigaciones publicadas en Colombia (Risaralda, Tolima y Sucre).

170. Estabilidad de la tasa de ovoposición como herramienta para la vigilancia de infestación por *Aedes aegypti*.

Díaz F, Galvis F, Sanabria O, Parada H, Díaz R, Martínez R.

Universidade de Sao Paulo. Organización Latinoamericana para el Fomento de la Investigación en Salud. Universidad de La Guajira. Universidad de Santander. frediazq@msn.com

Introducción. Se ha propuesto el uso de ovitrampas para el monitoreo centinela de la infestación por *Aedes aegypti*. Objetivo: Estimar la estabilidad de la medición de densidad vectorial a través de ovitrampas en una ciudad del Caribe colombiano.

Materiales y métodos. En viviendas seleccionadas en Riohacha, mediante muestreo probabilístico, fueron instaladas y monitoreadas ovitrampas. El conteo de huevos durante cuatro semanas de seguimiento fue analizado en función de la temperatura y humedad inicial. Además, se estimó la correlación entre el primer conteo y los subsecuentes usando el coeficiente de Spearman (ρ). La predicción de los conteos fue evaluado con un modelo de efectos aleatorios de Poisson.

Resultados. Para el análisis se contó con información de 156 ovitrampas en la primera semana, 141 en la segunda, 136 en la tercera y 145 en la última. La cantidad de ovitrampas positivas fue respectivamente 84%, 86,5%, 91,2% y 85,5%. La temperatura y la humedad inicial no se asoció con los conteos de huevos ($p > 0,30$). El primer conteo estuvo significativamente correlacionado con los subsecuentes, con coeficientes progresivamente decrecientes (ρ : 0,52 con la segunda semana; 0,49 con la tercera; y, 0,36 con la última). En el modelo de regresión, cada 10 huevos en el conteo inicial predijo un aumento de 6,76% en la tasa de ovoposición de las semanas siguientes (IC95%: 6,56% - 6,97%; $p < 0,001$).

Conclusiones. El uso de ovitrampas podría ser una estrategia relativamente estable para la caracterización del riesgo entomológico. Financiación: Proyecto financiado por el departamento de La Guajira en convenio con OLFIS. Convenio 019 del 2014.

171. Interacciones moleculares entre péptidos antivirales derivados de bacteriocinas y defensinas y la proteína de cápside del virus de la Hepatitis E.

Quintero-Gil C, Parra-Suescún J, López A, Orduz S.
Grupo Biología Funcional; Lab Prospección y diseño de biomoléculas; Universidad Nacional sede Medellín. Grupo de Biodiversidad y Genética Molecular (BIOGEM); Universidad Nacional sede Medellín. dicquintero@unal.edu.co

Introducción. El virus de la Hepatitis E (HEV) se considera el principal agente etiológico causante de hepatitis aguda. Se estima que 20 millones de casos en todo el mundo ocurren cada año, alcanzando tasas de mortalidad del 28%. A la fecha, los tratamientos y las vacunas disponibles no han sido eficaces; por tanto, la búsqueda de nuevos y efectivos tratamientos sigue siendo una prioridad, por lo que el objetivo de este trabajo fue evaluar *in silico* la interacción de péptidos antivirales derivados de bacteriocinas y defensinas contra la proteína de cápside de HEV.

Materiales y métodos. La estructura de la proteína de cápside de HEV fue descargada de la base de Datos PDB (Código 3RKC). Posteriormente se modelaron seis péptidos de 12-15 residuos de longitud mediante I-TASSER, con base en secuencias reportadas de bacteriocinas defensinas y se determinó su potencial antiviral mediante AVPPred; la interacción entre la proteína de cápside y los péptidos candidatos se evaluó usando el software Autodock Vina, para elegir péptidos con mayor potencial antiviral, es decir, aquellos que superaran un umbral de -7.0 Kcal/mol.

Resultados. Se modelaron 6 péptidos que mostraron una probabilidad de ser antivirales mayor al 65%, y un péptido derivado de la Subtilisina presentó una energía de afinidad de -7.2 Kcal/mol mediada por 4 puentes de hidrógeno y un RMSD de 6.14 Å, siendo éste el mejor candidato antiviral.

Conclusiones. Se encontraron secuencias con potencial antiviral mediante búsqueda computacional contra un blanco de origen viral de gran importancia en Colombia; estos péptidos serán sintetizados y evaluados *in vitro*.

INFECCIONES EN PEDIATRÍA**172. Identificación de especies y subgenotipos de *Cryptosporidium* en niños en edad preescolar de la ciudad de Medellín, Antioquia, Colombia.**

Gómez J, Galvan A.
Universidad de Antioquia. johis412@hotmail.com

Introducción. *Cryptosporidium* es un protozoo emergente, asociado con diarrea acuosa, principalmente en personas inmunocomprometidas y niños en edad pre-escolar, su principal fuente de transmisión es hídrica. En Colombia, los datos sobre la presencia de *Cryptosporidium* son escasos, y hasta el momento se desconocen las especies que circulan en el país. Por lo anterior, se pretende caracterizar molecularmente las especies de *Cryptosporidium* en población infantil de la ciudad de Medellín durante el año 2015.

Materiales y métodos. Estudio observacional en niños con edades entre los 9 meses a 5 años de edad, inscritos en centros infantiles de Medellín. Se realizó una encuesta para describir la población estudiada. Se analizaron 290 muestras de materia fecal mediante tinción de Ziehl-Neelsen modificado (ZNM) para la detección de *Cryptosporidium spp.* Todas las muestras se procesaron mediante PCR convencional utilizando los marcadores del gen 18S y la glicoproteína GP60. La identificación de especies y genotipos se realizó mediante análisis de secuencia de los amplicones obtenidos, utilizando el programa MEGA versión 6.06.

Resultados. Mediante ZNM se determinó *Cryptosporidium spp.* en un 2,8% de los niños evaluados. Los datos preliminares de la caracterización molecular han definido 3 especies circulantes de *Cryptosporidium* en Medellín: *C. hominis*, *C. parvum* y *C. meleagridis* y del subgenotipo Iba10G2.

Conclusiones. Esta es la primera descripción de especies y subgenotipos de *Cryptosporidium* en población infantil colombiana. Los datos preliminares sobre la diversidad de especies encontrada en Medellín, sugieren al hombre y los animales como reservorios importantes para este protozoo.

173. Epidemiological, clinical, genotypic and phenotypic characterization of *Neisseria meningitidis* serogroup B isolates from Cartagena-Colombia, 2012-2015.

Arteta-Acosta C, Coronell-Rodríguez W, Alvis-Zakzuk N, Alvis-Guzman N.
Universidad de Cartagena. cindyarteta@gmail.com

Introducción. The meningococcal disease has a dynamic epidemiology. It generates 500.000 cases of invasive disease and 50.000 annual deaths and a high mortality rate.

Materiales y métodos. Cross-sectional study about serogroup B meningococcal isolates from February 2012 to May 2015. The Colombian National Health Institute determined the phenotypic and genotypic characteristics by serosubtyping, serotyping, antimicrobial susceptibility testing, repetitive sequence-based PCR (rep-PCR) and Multi Locus Sequence Typing (MLST). Aim: to determine the epidemiological, Clinical, genotypic and phenotypic of *Neisseria meningitidis* serogroup B in Cartagena city 2012-2015.

Resultados. 38 cases in 3 years were collected. Mean age 16.5 ± 18.5 years. Fifteen patients died (39.5%). Incidence rate 3.9 per 100.000 population, primary attack rate (neighborhood) 30 per 100.000 population. Signs and symptoms: fever 13 (35,1%), somnolence 27 (73%), rash 22 (59,5%), headache 19 (51,4%), vomiting 17 (45,9%), myalgia 13 (35,1%). 86,6% of deceased patients had meningitis and meningococemia. 10/15 patients died within 24 hours from admission. Three samples of cerebrospinal fluid with negative culture, PCR was performed for the gene *ctrA* and gene *synD* being reported positive for meningococcus serogroup B. The most prevalent serotype and serosubtype were B:10,15:nt (60,0%). Cluster A was the most common, and showed genetic relation with the clonal complex ST-41/44 in 64,3%.

Conclusiones. We report presence of meningococcal serogroup B with a mortality rate of 39,5%, B:10,15:nt was the prevalent serotype and serosubtype, different to those identified in Cuba (B:4:P1.15) and New Zealand (B:4:P1.7b,4), there were predominance of clonal complex ST-41/44. It is essential to use the new vaccine against serogroup B.

174. Sepsis en recién nacidos en un hospital nivel IV en cali, Colombia.

Cleves D, Pino J, Torres A, Pérez P, Rosso F, Ballesteros, A.
Fundacion Valle del Lili. Universidad ICESI. clevesdaniela@hotmail.com

Introducción. La infección neonatal es una de las principales causas de morbilidad en los recién nacidos, generando un gran número de muertes neonatales; principalmente en países en vía de desarrollo.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo observacional entre 2012 y 2015. Se revisaron 1100 historias clínicas, de las cuales 569 eran neonatos con diagnóstico de sepsis temprana o tardía. Se clasificaron según peso al nacimiento <1500g, entre 1500-2500g y ≥2500 gramos, y como sepsis temprana (72 horas de vida). Se cruzaron con variables sociodemográficas, clínicas y de desenlace. Se realizó un análisis exploratorio descriptivo de los datos.

Resultados. El 38,7% (220) de los neonatos tenían peso al nacimiento <1500g, 28,1% (160) entre 1500 y 2500g, y 33,2% (189) ≥2500g. Para un total de 396 (69,6%) pacientes con diagnóstico sepsis temprana, 308 (54,1%) con sepsis tardía y 135 (23,7%) con ambos diagnósticos. Se obtuvo aislamiento microbiológico en 32 (8%) pacientes de sepsis temprana y 247 (54,1%) de sepsis tardía. La mayoría de los pacientes con sepsis temprana presentó infección asociada al catéter (24,3%) y en sepsis tardía por bacteriemia (91,1%). El aislamiento más común para sepsis temprana fue *Streptococcus agalactiae* en el 18,8%, mientras que en sepsis tardía fue *Staphylococcus epidermidis* en el 22,6%. La mortalidad encontrada en sepsis temprana fue de 9,3% (37) y en tardía de 8,4% (26).

Conclusiones. La sepsis neonatal continúa siendo una patología frecuente con una importante morbilidad y alta carga económica para nuestro sistema de salud.

175. Epidemiología de la gastroenteritis aguda en niños hospitalizados de Cali, Colombia.

López-Medina E, Parra B, Dávalos D, López P, Villamarín E, Peláez M.
Universidad del Valle. Centro de Estudios en Infectología Pediátrica. Centro Médico Imbanaco. Universidad ICESI. eduardo.lopez@ceiponline.org

Introducción. La gastroenteritis aguda (GEA) es una importante causa de visitas médicas en niños. Existen pocos datos epidemiológicos posterior a la introducción de la vacuna contra rotavirus. Describimos la incidencia y etiología de GEA en niños <5 años hospitalizados por esta causa en Cali, Colombia.

Materiales y métodos. Entre 1/3/2015-28/2/2016, se mantuvo vigilancia activa de niños <5 años hospitalizados por GEA en 2 redes de salud subsidiadas en Cali, Colombia. Se recolectaron variables demográficas, clínicas y 1 muestra de materia fecal de los sujetos del estudio. Las muestras se evaluaron con un ensayo multiplex cualitativo de ácidos nucleicos (xTAG® GPP,

Luminex). El estudio recibió aprobación por comité de ética y los padres de los sujetos firmaron consentimiento informado.

Resultados. Hubo 36,070 niños bajo vigilancia durante el estudio; 659 requirieron hospitalización y 165 fueron incluidos. Hubo 95(59%) hombres y la mediana de edad fue 17 meses (RIQ=9-30). Las etiologías más frecuentes fueron rotavirus n=56 (34%), *Shigella* n=48 (29%), norovirus n=35 (21%) y *Campylobacter* n=25 (15%). La tasa de incidencia fue 6.7, 5.8, 4.2 y 3.0 por 1,000 niños-año, respectivamente. Hubo 78 (47%) co-infecciones. 54 (96%) de las infecciones asociadas al rotavirus se produjeron en niños con vacunación completa.

Conclusiones. La GEA continua como causa importante de morbilidad en niños <5 años. Existe una alta prevalencia de etiologías ya conocidas, patógenos emergentes y co-infecciones. Según estos datos, nuestra población necesita medidas preventivas contra estas infecciones, incluyendo nuevas y mejores estrategias de vacunación. Es necesario determinar la frecuencia de excreción asintomática de los patógenos detectados por la metodología diagnóstica utilizada en este estudio.

176. Mortalidad causada por la enfermedad neumocócica invasiva en población pediátrica de Bogotá-Colombia.

Camacho G, Rojas J, Leal A, Patiño J, Moreno V, Alvarez M, Beltran S, Barrero R, Mariño C, Ramos N, Montañez A. *Fundación Hospital de la Misericordia. Universidad El Bosque. Red Neumocolombia. Universidad Nacional de Colombia-5. Grupo para el Control de la Resistencia Bacteriana en Bogotá (GREBO). Fundación Cardioinfantil. Clínica Colombia. Hospital Santa Clara. Hospital el Tunal. Hospital Militar Central. Clínica El Bosque. Clínica Universitaria San Rafael. gercantitcmd@hotmail.com*

Introducción. La enfermedad neumocócica invasiva ENI, causa alta morbilidad y mortalidad en menores de 5 años. Describimos la mortalidad en población pediátrica de Bogotá, antes y después de la introducción de PCV10 en el PAI del país.

Materiales y métodos. Descripción observacional de series de casos de pacientes pediátricos que murieron por causa de ENI en 8 hospitales de Bogotá durante 2008 y 2015.

Resultados. 290 pacientes registrados con ENI, la mortalidad fue 8,2% (n=24). El promedio de edad fue de 42,9 meses, con un rango de 0 a 176 meses (14 años); 14(58,3%) fueron menores de 24 meses; 66% fueron hombres. 14 aislamientos fueron serotificados: dos casos con serotipos 3 y 6B, un caso con cada uno de los siguientes serotipos 6A, 10A, 14, 18C, 23B, 23F, 35B, 19A, 23A, 11A. Los diagnósticos fueron neumonía 14 casos (58,3%), bacteriemia 4 (16,6%), meningitis 4 (16,6%) y meningitis más neumonía 6 casos (8,3%). La tasa de mortalidad relacionada con cada diagnóstico fue: neumonía y meningitis 2/6(33%); meningitis 4/25 (16%); neumonía 14/184 (7,6%); y bacteriemia (5,6%). Solo 2 pacientes presentaron factores de riesgo para ENI.

Conclusiones. La mortalidad por ENI es particularmente alta en menores de dos años de sexo masculino, especialmente cuando presentan meningitis con o sin neumonía. En este estudio no se presentó ningún serotipo predominante. 9 de estos serotipos no se encuentran incluidos en la vacuna PCV10. Es importante mantener la vigilancia de la mortalidad causada por ENI para implementar estrategias de prevención en el país.

177. Infections in children receiving hematopoietic stem cell transplantation.

López-Medina E, Bravo A, Ramírez O, Arango J, López P, Portilla C, Universidad del Valle. Centro de Estudios en Infectología Pediátrica. Centro Médico Imbanaco. eduardo.lopez@ceiponline.org

Introducción. Infections in children receiving hematopoietic stem cell transplantation (HSCT) in developing countries are not well characterized. We aimed at describing their epidemiology in our institution.

Materiales y métodos. We included all patients younger than 18 years who received a HSCT at Centro Médico Imbanaco, in Cali, Colombia from January 1st, 2012 to February 28th, 2015. Microbiologic studies were performed according to Clinical indication and preemptive strategies were used for adenovirus and cytomegalovirus.

Resultados. Sixty-one patients received a HSCT. 50 of them presented 169 infectious episodes with microbiologic confirmation (2.8 infectious episodes per patient). During the first 30 days post HSCT, 68% of the 61 patients developed an infection. There were 37 microbiologically documented bacterial infections (0,6 bacterial infections/patient), including 16 (43%) multidrug resistant. There were 44 viral infections (0.7 infections per patient) and 1 invasive

pulmonary aspergillosis (IPA). Between days 31 and 100 post HSCT, data was collected for 54 patients. 32 (59%) had an infection. There were 23 bacterial infections (0,4 bacterial infections/patient), including 7 (30%) multidrug resistant. There were 39 viral infections (0.7 infections per patient) and 3 IPA. In the late post-HSCT period (>100 days), 14 of 47 patients (30%) had an infection. There were 12 bacterial infections in 47 patients (0,2 bacterial infections/patient), including 3 (25%) multidrug resistant. There were 8 viral infections (0.2 infections per patient) and 3 invasive fungal infections.

Conclusiones. In our series, most HSCT recipients developed infectious complications, especially in the first 100 days. Strategies to optimize prevention of viral and multi resistant bacterial infections are necessary.

MICOLOGÍA

178. Design and standardization of a conventional and a real time PCR assay based on unique genomic regions of *Paracoccidioides* spp.

Torres I, Gallo J, Mcewen J, Gómez B, Clay O. *Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia. Grupo de Biología Celular y Molecular; Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Doctoral Program in Biomedical Sciences; Universidad del Rosario. GenomaCES. Facultad de Medicina; Universidad de Antioquia. isaurap10@gmail.com*

Introducción. Molecular diagnosis of paracoccidioidomycosis (PCM) is outdated as genome sequencing efforts have improved previous genomes used in the design of current assays. Using updated assemblies, we designed and standardized four molecular diagnostic assays using conventional and real time PCR techniques to detect unique genomic regions from *Paracoccidioides* spp. (*Paracoccidioides brasiliensis* and *Paracoccidioides lutzii*).

Materiales y métodos. A novel bioinformatic method was used, combining various whole genome alignment algorithms, such as NUCmer and PROmer from the MUMMER package, Blast and OrthoMCL in order to find unique assembly scaffolds and unique genes. Species used to demonstrate uniqueness of the regions designed to *Paracoccidioides* spp. include the closely related *Blastomyces dermatitidis*, *Emmonsia crescens*, *Emmonsia parva*, *Histoplasma capsulatum* as well as outgroups from the order *Onygenales*, other pathogens, and human. We designed four PCR assays, whose primer sets can be used with conventional or real-time PCR.

Resultados. A unique PCR product was obtained for all four assays designed. The limit of detection was 1fg/ul in all cases. The analytical sensitivity test shows a 100% of specificity for the four primer sets in 92 *Paracoccidioides* spp DNA samples. Positive control plasmids were constructed for *Paracoccidioides* spp. using the primers designed from unique regions.

Conclusiones. We present four sensitive and specific molecular diagnostic assays with consistent result in the analytical phase. Further assays must be conducted using PCM Clinical samples in order to obtain the last validation to the test. Proyecto financiado por la Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia, Convocatoria 2015.

179. In silico prediction of specific immunogenic epitopes from the epidemiologically relevant fungus *Histoplasma capsulatum*.

Rubio M, Cano L, Ochoa R. *Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). PECET. Universidad de Antioquia. marcelaru@yahoo.com*

Introducción. The fungal pathogen *Histoplasma capsulatum* (Hc) is associated to various respiratory and systemic diseases. Assessing the immunogenicity of fungal proteins and their fragments will allow a better understanding of the host's immune defense against these pathogens and to propose possible molecular targets for diagnostic tests and vaccines. Recently, genomic data have been made available for several fungi species, which allows the use of bioinformatics approaches to predict immunogenic epitopes.

Materiales y métodos. Here we propose a pipeline that involves: i) searching for T-cell epitopes from experimentally-proven immunogenic proteins. ii) searching for unique (specific for Hc) epitopes in the complete set of annotated proteins; and iii) searching in particular for T-cell epitopes from secreted proteins. We included in the analysis the genomes of four Hc strains (G186AR, H88, H143 and WU24) and four other similar fungi (*Blastomyces dermatitidis*, *Emmonsia parva*, *Paracoccidioides brasiliensis* and *Paracoccidioides lutzii*).

Resultados. As result we identified 43 annotated, non-orthologous prote-

ins (found in all the Hc strains but not in the other four fungi), 12 of which were predicted as being secreted. The sequences of these proteins were used for T-cell epitope prediction, focusing on the HLA-0201 allotype, which is found in 18.6% of the Medellín population. From the set of predicted epitopes, we selected the 16 best-ranking peptides, which in addition were unique for Hc.

Conclusiones. Three of them are currently being experimentally assessed. They belong to three different proteins: betalactamase, aryl alcohol dehydrogenase and a component from the Golgi-associated retrograde protein complex. (Colciencias Grant-2213-569-33526).

180. Histoplasmosis diseminada y enfermedad por VIH en un hospital de referencia del eje cafetero.

Ordóñez K, Hoyos J, Alzate J, Salazar L.
Hospital Universitario San Jorge. karenmelissao@gmail.com

Introducción. La histoplasmosis es una infección fúngica endémica en América. La forma diseminada de la enfermedad es definitoria de Sida. El objetivo de este trabajo es describir las características de los pacientes con infección por VIH diagnosticados con histoplasmosis durante el año 2015 en un hospital de referencia en el eje cafetero.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo, retrospectivo.

Resultados. 13 de 135 (9.6%) pacientes hospitalizados con diagnóstico de VIH recibieron diagnóstico de histoplasmosis diseminada. El diagnóstico fue realizado mediante medición de antígeno urinario de *Histoplasma capsulatum*. 69% de los pacientes eran hombres, la media de edad fue 41 años. Las principales manifestaciones clínicas fueron: adenopatías (100%), pérdida no intencional de peso (86.6%), síntomas constitucionales (76.9%), fiebre (76.9%), diarrea (69.2%), tos (46.2%), disnea (23.1%), lesiones en piel (7.7%). 30.8% de los pacientes presentaron co-infección con tuberculosis, 30.8% con neumocistosis y 23.1% con toxoplasmosis cerebral. Las principales alteraciones en los paraclínicos fueron: anemia (100%), leucopenia (69.2%), trombocitopenia (46.2%). La media en el recuento de linfocitos CD4 fue 51 células/ul. Las mujeres presentaron recuentos de CD4 más bajos (18.5 células/mcl comparado con la media en hombres de 60 células/mcl). 92.3% de los pacientes recibió tratamiento antifúngico completo. Un paciente falleció secundario a la infección fúngica.

Conclusiones. La histoplasmosis diseminada es una infección frecuente en la región. El tratamiento oportuno es clave para un desenlace exitoso. La prueba de antigenuria es una herramienta útil para el diagnóstico. La co-infección con tuberculosis debe tenerse presente dada la prevalencia de esta patología en la región.

181. Prevalencia de *Aspergillus spp.* en pacientes con enfermedad pulmonar obstructiva crónica: descripción clínica, microbiológica e inmunológica.

Montañez A, Alvarez C, Cañas A, Ariza B, Hernández A, Caballero A, Robinson E, Martínez O, Iriarte J, Alvarado J, Le Pape P.
Asociación Colombiana de Infectología Capítulo Central. Clínica Universitaria Colombia; Colsanitas. Universidad Nacional de Colombia. Hospital Universitario San Ignacio. Centro Ilarco. Clínica Reina Sofía. CLINICOS Programas de atención Integral S.A.S IPS. Université de Nantes. ammontaneza@unal.edu.co

Introducción. La exposición a *Aspergillus spp.* puede causar infecciones invasivas en huéspedes inmunocomprometidos hasta enfermedades alérgicas pulmonares en inmunocompetentes. La sensibilización o colonización a este hongo se asocia con deterioro de la función pulmonar. Objetivo: describir la prevalencia de *Aspergillus spp.* y características clínicas, microbiológicas e inmunológicas de pacientes con Enfermedad Pulmonar Crónica (EPOC).

Materiales y métodos. Se incluyeron Pacientes mayores de 18 años, con confirmación clínica y de laboratorio para EPOC. Se realizó valoración clínica y se tomaron muestras de esputo para realizar cultivo de hongos y gérmenes comunes y de suero para determinación de pruebas inmunológicas (IgG, IgE-específica para *Aspergillus spp.* e IGE-total) a pacientes participantes.

Resultados. 139 pacientes fueron incluidos, de estos 51,1% son mujeres. Los antecedentes clínicos importantes se describe: 34,5% realizaban actividades de agricultura, 20,1% actividades de construcción, 25% reportaban asma y 8% Rinitis. Un 48,9% reportaron exacerbaciones en los últimos 12 meses y 15,8% exacerbaciones al ingreso del estudio. Para Primer aislamiento de gér-

menes comunes los más frecuentes: *Candida albicans* (18,71%), *Haemophilus Influenzae* (5,04%), *Staphylococcus aureus*(4,32%), *Haemophilus parainfluenzae* (2,16%) y *Klebsiella pneumoniae* (2,16). La frecuencia reportada para los Hongos fueron *Candida albicans*(23,02), *Aspergillus Spp* (10,79%) y *Penicillium spp*(5,76%). Los resultados de pruebas inmunológicas específicas para *Aspergillus spp* fueron positivas en 8,6% y 2,3% (IgE M3 e IgG, respectivamente). Así mismo 5% presentaron niveles de IgE-total superiores a 750 KU/l.

Conclusiones. En los pacientes de EPOC estudiados se observa no solo colonización sino sensibilización a *Aspergillus Spp*, sin embargo en esta primera fase no es posible correlacionar el impacto clínico de estos hallazgos.

182. Importancia del monitoreo terapéutico de los antimicóticos.

Zapata J, Granada S, Cano L, Naranjo T.
Universidad Pontificia Bolivariana. Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Universidad de Antioquia. tonny.naranjo@upb.edu.co

Introducción. En los últimos años ha aumentado notablemente los casos de infecciones fúngicas en nuestro país, siendo su tratamiento un reto debido a la farmacocinética variable, la posibilidad de interacciones medicamentosas y los márgenes terapéuticos estrechos de los antimicóticos utilizados. En este sentido el monitoreo terapéutico de antimicóticos es muy importante ya que promueve una mejor evolución del paciente, un manejo eficiente del medicamento y previene potencialmente el desarrollo de resistencia a los antimicóticos.

Materiales y métodos. Se estandarizaron y validaron cinco métodos bioanalíticos para la cuantificación de antimicóticos en suero mediante el uso de cromatografía líquida de alta eficiencia (HPLC) cumpliendo con parámetros recomendados por las guías FDA para la validación de métodos bioanalíticos en cuanto a selectividad, linealidad, precisión y exactitud, porcentaje de recuperación, estabilidad, límites de cuantificación y detección

Resultados. Contamos con cinco métodos validados para la determinación de niveles sanguíneos de Voriconazol, Posaconazol, Itraconazol, Hidroxi-Itraconazol y Fluconazol; se han evaluado 32 pacientes bajo tratamiento antimicótico a quienes se les ha realizado 53 mediciones de niveles terapéuticos encontrando que en la primera medición de monitoreo, solo 4 de los 32 (12,5%) pacientes han estado entre el rango de valores terapéuticos recomendados.

Conclusiones. Estos resultados preliminares evidencian la gran necesidad que existe de implementar el monitoreo terapéutico de antimicóticos en pacientes con infecciones fúngicas. El uso de esta herramienta permite mejorar los esquemas terapéuticos reduciendo no solo en una mejor respuesta del paciente sino también en la reducción de costos relacionados a este durante la atención clínica.

183. Identificación de *Aspergillus fumigatus* resistentes a azoles aislados de suelos de la Pontificia Universidad Javeriana

Parra C, Mantilla M, Aguirre K, Álvarez C, Le Pape P.
Unidad de investigación en Proteómica y Micosis Humanas, Facultad de Ciencias, Departamento de Microbiología, Pontificia Universidad Javeriana. Laboratoire de parasitologie et mycologie médicale, Université de Nantes-Francia. claudia.parra@javeriana.edu.co

Introducción. *Aspergillus fumigatus* es un hongo termotolerante que se encuentra en el medio ambiente, produce enfermedad fúngica invasiva. Se han aislado cepas de *A. fumigatus* resistente a azoles en Austria, Dinamarca, España, Francia y Colombia.

Materiales y métodos. Se recolectaron 30 muestras de suelo de diferentes partes de la Universidad, el suelo recolectado se sonico y se llevó a vortex, posteriormente, se sembraron en agar Sabouraud con cloranfenicol, la incubación se llevó a 50°C durante 3 días. La identificación se realizó por microscopía y MALDI/TOF/MS. Los conidios de los hongos fueron suspendidos en 0.85% NaCl con 0.01% Tween 20, llevándolo a una turbidez de 0.5 según la escala de McFarland; esta suspensión se añadió a placas que contenían agar Sabouraud con 4mg/L de itraconazol o voriconazol, y por último se llevó a incubación a una temperatura de 37 °C durante 48 horas

Resultados. De las 30 muestras recolectadas se lograron aislamientos de hongos filamentosos termotolerantes en 10 de ellas. De estos hongos identificados, se halló que en 2 de las muestras había *A. fumigatus* resistentes a los azoles.

Conclusiones. En esta investigación preliminar se puede establecer que en el campus de la Pontificia Universidad Javeriana hay presencia de *Aspergillus fumigatus* con un fenotipo resistente a los azoles. Se continuará con la investigación para establecer las mutaciones que generan esta resistencia.

VIH

184. Resistencias transmitidas del VIH en pacientes sin exposición previa a terapia antirretroviral (Naïve), Cali-Colombia 2015.

Coral M, Mueses H, Agudelo L, Galindo J.
Corporación de Lucha Contra el Sida. centroinvestigaciones@cls.org.co

Introducción. En Colombia aún no se recomienda el genotipo de resistencias del VIH previo a la primera exposición a terapia antirretroviral (TARV). Este estudio determinó la frecuencia de resistencias transmitidas en una muestra de pacientes VIH no expuestos a TARV, atendidos en Cali-Colombia.

Materiales y métodos. Estudio retrospectivo, entre 2008 y 2015 participaron 343 pacientes mayores de 18 años, con infección VIH confirmada, sin exposición a antirretrovirales, con genotipo de resistencias previo al inicio de TARV y consentimiento informado para uso de la información. Se incluyeron mutaciones de resistencias definidas por OMS-2009 e internacional AIDS Society-USA 2013 (IAS-USA). También se recolectaron características sociodemográficas y clínicas relacionadas con VIH.

Resultados. Edad promedio $32 \pm 10,5$ años; 74% hombres. Al momento del genotipo la mediana de carga viral fue 27038 copias/mL, y 343 células T-CD4/mm³. Según lista OMS-2009 la frecuencia de mutaciones de resistencia primaria fue 6.4%, sin embargo, considerando mutaciones de lista IAS-USA y de base de datos VIH Stanford, el porcentaje de resistencias transmitidas alcanzó el 16.6%. Según análisis por database Stanford, 12.2% presentó algún nivel de resistencia a medicamentos ARV. Según OMS-2009 e IAS-USA-2013, las mutaciones más comunes fueron V179D (2.6%), K103N/S (2.3%), Q58E (2.0%), V108I (1.7%), M46L (1.5%), D60E (1.5%), E138A/G (1.2%), y A71I (1.2%). Se encontraron mutaciones en transcriptasa reversa en 6.7% para inhibidores no nucleosídicos y en 2.6% para nucleosídicos; para inhibidores de proteasa en 3.5%.

Conclusiones. La frecuencia de mutaciones transmitidas, relevantes para afectar la eficacia de la TARV, supera el umbral (4-5%) sobre el cual sería costoso efectivo la inclusión del genotipo pretratamiento.

185. Genotipificación del VIH en pacientes con falla virológica a la terapia antirretroviral (TARV), Cali-Colombia 2002-2015.

Agudelo L, Galindo J, Coral M, Mueses H.
Corporación de Lucha Contra el Sida. centroinvestigaciones@cls.org.co

Introducción. El presente estudio describe mutaciones relevantes presentes en pacientes VIH+ con falla virológica entre 2002 y 2015.

Materiales y métodos. Subanálisis comparativo de grupos de genotipos realizados durante 2002-2015 dentro de un estudio de vigilancia de resistencias del VIH en 403 pacientes mayores de 18 años con falla virológica de una cohorte en un programa de atención integral especializada. Previo consentimiento informado de los participantes, se tuvo en cuenta períodos de tiempo (2002-2008 vs 2009-2015), momento del genotipo frente a la falla (temprano <6 meses vs tardío ≥ 6 meses) y presencia de mutaciones relevantes según lista IAS-USA (International AIDS Society)-2013/database Stanford (con ≥ 15 puntos a algún medicamento).

Resultados. Se conformaron cuatro grupos de genotipos: 1.- Tempranos 2002-2008 (n=110); 2.- Tardíos 2002-2008 (n=70); 3.- Tempranos 2009-2015 (n=162); 4. Tardíos 2009-2015 (n=61). Al comparar las mutaciones presentes de los grupos Tempranos (1+3) frente a los Tardíos (2+4), las principales diferencias se observaron en: D30N (1,8% vs 6,9%;p=0,010), M41L (4,4% vs 15,3%; p<0,001), D67N (6,2% vs 16,0%;p=0,002), K70R(7,7% vs 16,8%;p=0,006), V82A (0% vs 3,0%;p=0,004), N88D (0% vs 1,5%; p=0,041), L90M (0,74% vs 4,6%; p=0,010), Y181C (4,8% vs 0,8%;p=0,039), L210W (1,5% vs 9,2%;p<0,001), T215I (0% vs 1,5%;p=0,041), y T215Y (1,8% vs 9,2%; p=0,001) Por otra parte, al comparar los Tempranos entre sí según los períodos (grupos 1 vs 3), se observó mayor afectación a los Inhibidores-No-Nucleosídicos en 2009-2015 vs 2002-2008 (89% vs 70%; p<0,0001); y mayor afectación a Inhibidores-Proteasa en 2002-2008 vs 2009-2015 (19% vs 8%;p=0,007).

Conclusiones. Se ratifica que es mejor el genotipo temprano a la primera falla virológica que el tardío, pues permite preservar mayor número de medicamentos activos para el primer rescate.

186. Caracterización de la resistencia primaria a medicamentos antirretrovirales en el gen pool del Virus de Inmunodeficiencia Humana -1 (VIH-1) en pacientes de Medellín.

Vanegas-Otálvaro D, Acevedo-Sáenz L, Alzate J, Velilla-Hernández P, Díaz-Castrillón F, Velásquez C.
Universidad de Antioquia. Programa nacional VIH-Sida; EPS Sura; Medellín. danielavaneegas@gmail.com

Introducción. La alta tasa de mutaciones del VIH-1 favorece la aparición de cepas con resistencia a medicamentos antirretrovirales. Actualmente en Colombia existen pocos reportes acerca de la frecuencia de resistencia primaria. El objetivo de este estudio fue identificar mutaciones asociadas con resistencia a inhibidores de proteasa, transcriptasa reversa e integrasa en individuos sin terapia antirretroviral.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo, de corte transversal, en individuos VIH-1-positivos de la ciudad de Medellín, reclutados entre 2013 y 2015. Se incluyeron pacientes mayores de 18 años, sin exposición previa a antirretrovirales, con carga viral mayor a 5000 copias/ml. Se secuenciaron los genes de la transcriptasa reversa (TR), proteasa (PRO) e integrasa (INT).

Resultados. A partir de secuencias obtenidas del ARN viral circulante, se encontraron 2 mutaciones menores en PRO (K20M (2,9%) y L10I (2,9%)), 2 mutaciones en TR que comprometen inhibidores nucleosídicos análogos timidínicos (M41L (1,8%), T215D (2,8%)), 6 mutaciones en TR que comprometen inhibidores no nucleosídicos (V90I (5,3%), V106I/V (11,1%), E138A (6,2%), V179D/E (8,7%), K103N (3,5%)) y 4 mutaciones accesorias en INT (L74I (7,8%), A128T (1,2%), E157Q (3,9%) y E138K (2,0%)).

Conclusiones. Las mutaciones encontradas en la TR probablemente se desarrollaron en respuesta a la terapia en individuos infectados que se encontraban atrás en la cadena de transmisión de los sujetos, por lo cual consideraríamos que la realización de pruebas genotípicas antes del iniciar la terapia mejoraría las probabilidades de éxito. Además sugerimos que las mutaciones encontradas en la INT probablemente son polimorfismos presentes en las cepas virales circulantes en Medellín. Colciencias proyecto 111556933380.

187. Factores de riesgo para fracaso virológico en una cohorte de pacientes con VIH en Colombia.

Valderrama S, Lowenstein E, Alvarez C, Gualtero S, Tamara J, Quiroga C, Ardila N, Castro M, Morales E, Garzón J, Gil F, Feinstein M.
Hospital Universitario San Ignacio. Pontificia Universidad Javeriana. Cleveland University. sandra.valderrama@gmail.com

Introducción. Identificar los factores de riesgo relacionados con fracaso virológico en una cohorte de pacientes con VIH en Colombia.

Materiales y métodos. Estudio de cohorte que incluye pacientes adultos con diagnóstico de VIH en terapia antirretroviral (TAR) con un seguimiento mínimo de 6 meses entre los años 2004 a 2015. El fracaso virológico se definió como falta de supresión viral adecuada (<200 copias/ml) confirmada en pacientes con más de seis meses de TAR o después del inicio de TAR disminución de menos de un logaritmo por mes en dos mediciones consecutivas. La base de datos se analizó en Stata versión 11.

Resultados. Se incluyeron 1.109 pacientes, 90% sexo masculino, edad mediana de diagnóstico 38,7 años. 169 (15,2%) presentaron fracaso virológico. Los factores asociados a fracaso virológico en el análisis multivariado fueron: estadio 3 de la infección, odds ratio (OR) 2,98 (Intervalo de confianza 95% (IC 95%): 1,55 – 5,72), adherencia autoreportada >95% OR 0,47 (0,33 – 0,67), CD4 de 200 -500 células/mm³ OR 0,48 (0,31-0,73), o > 500 células/mm³ OR 0,26 (0,12-0,55) al ingreso al programa, uso de tenofovir/emtricitabine OR 0,1 (0,04-0,25), abacavir/lamivudina OR 0,26 (0,08-0,8), efavirenz OR 0,49 (0,37-0,65), lopinavir/ritonavir 0,32 (0,16-0,64), atazanavir/ritonavir 0,35 (0,16-0,77).

Conclusiones. En esta cohorte el fracaso virológico reportado es menor al reportado en la literatura en países en vía de desarrollo. Para evitar la aparición de fracasos virológicos es importante trabajar en el diagnóstico temprano de los pacientes. A pesar de las limitaciones del autoreporte de adherencia, esta medición fue útil para predecir fracaso virológico.

188. Papel de alelos HLA clase I en la selección de mutaciones potencialmente asociadas a escape inmune en el VIH-1.

Arcia D, Acevedo-Sáenz L, Rugeles M, Díaz F, Velilla P.
Universidad de Antioquia. eliuth.arcia@udea.edu.co

Introducción. Una de las principales características del VIH-1 es su alta diversidad genética. No obstante, la generación de cepas virales en el hospedero no es al azar, existiendo fuerzas que ejercen una presión selectiva sobre el virus, como la respuesta de linfocitos T CD8+. El objetivo fue identificar mutaciones de escape seleccionadas en epítopes T-CD8 y su asociación con alelos de HLA-I presentes en individuos crónicamente infectados con VIH-1.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo en 43 individuos VIH-1+ de Medellín. Se tipificaron los alelos HLA-A y -B mediante SSO, y se secuenció la región genética de gag a partir del ARN viral. El análisis de presión selectiva se hizo por métodos bayesianos (FUBAR) y de máxima verosimilitud (SLAC).

Resultados. De los 363 codones de gag, se encontró evidencia de selección positiva en los codones 62 (dN/dS = 6.08, p= 0.006), 84 (dN/dS = 8.11, p= 0.009), 173 (dN/dS = 4.46, p= 0.015) y 223 (dN/dS = 7.41, p= 0.009). Interesantemente, una de las mutaciones seleccionadas fue la sustitución de treonina por valina en el epítipo SLYNTVATL (codón 84), correspondiente a una mutación de escape inmune, y que es restringido al HLA-A*02, alelo que presenta una frecuencia del 40% en la población estudiada; además, este epítipo es reconocido por los alelos B*57 y B*58, que se han asociado con menor progresión de la infección.

Conclusiones. Uno de los alelos HLA-I más frecuentes en Medellín está favoreciendo la selección de variantes virales con mutaciones potencialmente asociadas a escape inmune. Financiación: CODI 2014-919. Colciencias Proyecto N°. 111556933380.

189. Tasa de coinfecciones en pacientes con infección por VIH en centros de atención integral en Colombia – Grupo VIHCOL

Delgado E, Álvarez C, Arévalo L, Cheque A, Echeverría L, Galindo J, García J, Gómez D, González C, Lenis W, Mantilla M, Martínez P, Orozco S, Pardo J, Posada M, Santamaría Y, Sussmann O, Uparela G, Valderrama S, Zuluaga I, Mueses H, Martínez E.

Grupo Colombiano VIH (VIHCOL). larevalom@unbosque.edu.co

Introducción. El grupo VIHCOL agrupa centros de atención integral de VIH (CAI) en Colombia que reúne información para caracterizar la epidemiología, establecer diagnósticos de atención y orientar políticas de salud. El objetivo de este trabajo es identificar las tasas de infección hepatitis B y C, sífilis y Tuberculosis en los pacientes atendidos en CAI en el Grupo VIHCOL.

Materiales y métodos. Se analizaron por edad, sexo y régimen de afiliación las tasas de positividad de los marcadores para hepatitis B (HBsAg, HBcAcs y HBsAcs), anticuerpos para hepatitis C (HepC), pruebas treponémicas (PTS) y no treponémicas (PNTS) para sífilis, PPD y la historia de Tuberculosis activa previa, en los pacientes del Grupo VIHCOL a diciembre del 2015.

Resultados. Los resultados globales de los marcadores de coinfecciones reportados por 17 centros en 10 ciudades fueron: HBsAg (n=11531): 10.2% (IC= 9.5-11%), HBsAcs (n=5304): 22.6% (IC=21.1-23%), HBcAcs (n=8763) 10% (IC=8.9-10%), HepC (n=9603): 0.8%, (IC=0.6-1.0%), PTS (n=10218): 18.2%, (IC=17.1-19%), PNTS (n=11380): 12.3%, (IC=11.6-13%) y PPD (n=7033): 12.4% (IC=12.2-14%). El antecedente de TBC activa previa fue 2.1% (n=8305). Hepatitis B activa (13% vs 2.5%) fue más frecuente en el régimen contributivo y sífilis (22.3 vs 11.1%) y TBC latente (15.9 vs 11.8%) en el subsidiado. No hubo diferencias por sexo y la falta de dato osciló entre el 22-51% para los diferentes marcadores.

Conclusiones. La tasa de coinfección con hepatitis B es inesperadamente alta, mientras que la de hepatitis C es más baja que la población general. Hay diferencias significativas entre los regímenes de afiliación para hepatitis B, sífilis y TBC latente.

190. Primer tratamiento en pacientes VIH positivos que ingresan a programas de atención integral en Colombia - Grupo VIHCOL

Arévalo L, Mantilla M, Delgado E, Lenis W, Martínez P, Mueses H, Pardo J, Posada M, Sussmann O, Zuluaga I, Martínez E, Álvarez C, Cheque A, Echeverría L, Galindo J, García J, Gomez D, Gonzales C, Orozco S, Santamaría Y, Uparela G, Valderrama S.

Grupo Colombiano VIH (VIHCOL). larevalom@unbosque.edu.co

Introducción. El grupo VIHCOL es integrado por 17 centros de atención integral (CAI) de VIH de Colombia. En el 2014, el Ministerio de Salud emitió Guías Prácticas que incluyeron recomendaciones sobre el primer tratamiento antirretroviral (TAR). Nuestro objetivo fue evaluar las tendencias de los años 2013 a 2015 en el primer TAR y el impacto de las guías en esta selección.

Materiales Y Métodos. Se registraron los tratamientos iniciados en los pacientes >15 años nuevos al sistema, descartando traslados y abandonos, que ingresaron a los CAI del Grupo VIHCOL en los años 2013, 2014 y 2015, analizándolos por sexo y edad.

Resultados. Se reportaron 905, 3880 y 7952 pacientes nuevos en los años 2013, 2014 y 2015, respectivamente. Las combinaciones de análogos más iniciadas fueron ZDV/3TC, 45.4%, tenofovir (TDF) con lamivudina o emtricitabina (xTC), 33.9%, y zidovudina con lamivudina (3TC), 43.1%, en cada año, respectivamente. ZDV/3TC tuvo un uso preponderante en mujeres en los 3 años. Efavirenz fue el tercer componente más formulado en primera línea en ambos sexos, 46.3%, 63.4% y 70%, respectivamente en cada año, con excepción del

2013 en el cual LPV/r fue el tercer componente preferido en mujeres. El uso de inhibidores de proteasa tendió a disminuir y el de inhibidores de integrasa no aumentó a través de los tres años.

Conclusiones. El mejor cumplimiento con la guía se observa principalmente en la formulación de efavirenz. El uso preferido de ZDV/3TC sugiere, en general, una política de minimización de costos y no una verdadera tendencia al cumplimiento con la Guía Colombiana.

191. Polimedición en adulto mayor como factor en adherencia a tratamiento antirretroviral en un programa de atención integral en VIH en Bogotá, Colombia.

Arévalo L, Moscoso S, Acosta A, Sánchez A, Mantilla M, Cantor L, Maciado O, Castañeda C.

Centro de Expertos para Atención Integral (CEPAIN) IPS.

larevalom79@hotmail.com

Introducción. Las causas de las fallas de adherencia en los adultos mayores se encuentran asociadas a la polimedición y la complejidad de la pauta posológica; de esta manera se incrementa los riesgos de interacciones medicamentosas, repercutiendo en una menor tolerancia a los medicamentos, y esto asociado al tratamiento antirretroviral (TAR) puede ocasionar que el paciente presente un mayor riesgo de inadherencia.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo de corte transversal, en el cual se estableció cual era la población adulta mayor (>50 años) a abril de 2016 del programa de atención integral en VIH del Centro de Expertos para Atención Integral (CEPAIN-IPS) de Bogotá, Colombia. Se registraron las diferentes variables clínicas, de laboratorio, y fueron valorados por los químicos-farmacéuticos del programa.

Resultados. Del total de pacientes en el programa (4152 pacientes), 650 personas tienen más de 50 años, 97% de ellas están en manejo antirretroviral; se presentan con fracaso virológico 52 personas (8%); con situación de polimedición por TAR y de comorbilidades son 17 pacientes (32.7% de la población en fracaso), 13 hombres y 4 mujeres. La adherencia al TAR estimada por SMAQ fue menor de 84% (12 personas). La mediana de fármacos consumidos fue de 6. Se detectaron interacciones potenciales de relevancia clínica elevada en 3 pacientes, y baja en 5.

Conclusiones. A pesar de lo descrito en la literatura, en este estudio se evidencia que la polifarmacia y el ser adulto mayor son cofactores que posiblemente no influyen en baja adherencia que conduzca a fracaso virológico.

INFECCIONES EN ADULTOS

192. Ingreso a UCI por causa infecciosa en pacientes embarazadas de la ciudad de Medellín.

Agudelo C, Villegas E, Tamayo M, Masmela L, Higueta A, Arango V, Echavarría A, González M, Molina F, Aristizábal J, Pérez C, Hidrón A.

Universidad Pontificia Bolivariana. Hospital General de Medellín. Hospital Universitario San Vicente de Paúl. Clínica El Prado.

carlosagudelo@yahoo.com

Introducción. A pesar de ser una causa importante de ingreso a la unidad de cuidados intensivos (UCI) y muerte en las mujeres embarazadas, existen pocas investigaciones que caractericen las causas de sepsis en pacientes embarazadas críticamente enfermas. Este trabajo fue realizado para describir las características epidemiológicas y clínicas de un grupo de maternas con sepsis en la ciudad de Medellín

Materiales y métodos. Estudio retrospectivo realizado en mujeres embarazadas hospitalizadas en 4 UCI de la ciudad de Medellín entre enero de 2003 y diciembre de 2014.

Resultados. Se incluyeron 173 pacientes, edad promedio de 24.6 (DS+7.1) años, 24.2% sufrían alguna comorbilidad previa al inicio del embarazo y 2.9% utilizaban algún tipo de inmunosupresor. Al momento del ingreso a UCI 16.2% pacientes sufrían de preclamsia, 4% de hipertensión gestacional, 4.6% de eclampsia, 5.2% de HELLP, 1.7% de diabetes gestacional y 5.2% ruptura prematura de membranas. 41.6% mujeres se encontraban en gestación, 42.2% en puerperio y 15.6% habían abortado antes de ingresar a UCI. 31.2% pacientes ingresaron por infección urinaria, 25.4% por endometritis, 15% por aborto séptico, 13.3% por corioamnionitis, 11% casos de neumonía y 11% peritonitis cada una. En 43.4% casos se obtuvo aislamiento, de estos 54.7% fueron *Escherichia coli*, 8% *Enterococcus faecalis* y 8% *Klebsiella pneumoniae*. Se obtuvo crecimiento de *Staphylococcus coagulasa* negativos y de *Enterobacter cloacae* en 5.3% pacientes cada uno.

Conclusiones. La infección urinaria es la causa más frecuente de ingreso a UCI en las mujeres embarazadas en nuestro medio. Los gérmenes aislados más frecuentemente se relacionan con este diagnóstico.

193. Caracterización de mastitis puerperal en una institución de alta complejidad obstétrica de 2011 a 2015.

Lozano M, Gómez C, Castillo L, Pardo C, Rubio M.
Clínica de la Mujer. Dinámica IPS.
epidemiologia@Clinicadelamujer.com.co

Introducción. La mastitis puerperal es una condición infecciosa que afecta a las mujeres en periodo de lactancia generando gran incapacidad materna.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio de casos y controles con el fin de caracterizar los factores de riesgo para mastitis puerperal que puedan ser intervenidos en la institución. Se consideró para este fin un diseño observacional analítico de casos y controles pareado por re consulta después del egreso de la paciente durante el período de enero de 2011 a diciembre de 2015.

Resultados. 266 casos de mastitis puerperal y 266 controles. El promedio de edad es de 31 años, edad gestacional al momento del parto 38 semanas, el 52% primigestantes, el 1% embarazos múltiples, 67% cesárea. El 24% de las pacientes con mastitis se hospitalizó entre 1 y 6 días, requiriendo drenaje de absceso en un 15%, siendo el único agente etiológico aislado en todos los casos *Staphylococcus aureus*, el 33% correspondió a SAMR y de estos último el 100% tenía un fenotipo comunitario. Como factores de riesgo el antecedente de cualquier cirugía de mama OR de 3,7 $p=0,009$ y mamoplastia de aumento OR de 3,4 $p=0,04$.

Conclusiones. El principal agente etiológico de mastitis corresponde a *Staphylococcus aureus* siendo el fenotipo comunitario el que explica todos los casos de metilino resistencia. El antecedente de cirugía mamaria se asocia con mayor riesgo de mastitis en nuestro estudio.

194. Asociación entre la presencia de microorganismos de origen oral y genito-urinario en placentas de mujeres con parto pre-término.

Montengro D, Borda F, Neuta Y, Gómez L, Castillo D, Lafaurie G.
Unidad de Investigación Básica Oral (UIBO), Facultad de Odontología - Universidad El Bosque. Posgrado de Ginecología; Universidad El Bosque. Servicio de ginecología y obstetricia; Hospital Simón Bolívar.
yneuta@unbosque.edu.co

Introducción. El parto pre-término (PPT) es considerada una complicación relacionada con la morbi-mortalidad perinatal, que puede presentarse por bacterias que llegan a la cavidad amniótica. El objetivo propuesto fue establecer la asociación entre la presencia de microorganismos de origen oral y genito-urinario en la membrana placentaria con PPT, RPM y signos clínicos de infección intra-amniótica.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio de casos y controles durante 24 meses, siendo casos las pacientes con PPT antes de 37 semanas y controles las pacientes con parto a término (PAT). Las pacientes fueron valoradas incluyendo RPM y signos clínicos de infección intra-amniótica; posterior al parto se tomaron muestras de tejido placentario y sangre de cordón umbilical para identificar los microorganismos por PCR anidada. Se realizaron comparaciones del perfil bacteriano entre los grupos, y según RPM y variables clínicas asociadas a infección intra-amniótica, utilizando la prueba de Chi2 y test exacto de Fisher con un nivel de significancia del 5%.

Resultados. La prevalencia de microorganismos en placenta fue del 9.47% (20/211) de la población, sin encontrar diferencias estadísticamente significativas. *P. gingivalis* fue el microorganismo aislado en mayor frecuencia en tejido placentario (5,68%). *M. hominis* y *Staphylococcus spp* fueron asociados con corioamnionitis ($p<0,05$). *Candida albicans* se encontró en mayor frecuencia en mujeres con parto pre-término, siendo el único microorganismo donde se observaron diferencias estadísticamente significativas ($p=0,027$).

Conclusiones. Aunque *P. gingivalis* fue el microorganismo aislado en mayor frecuencia no se pudo comprobar su asociación con PPT, RPM o signos clínicos de infección intra-amniótica. Las bacterias uro-vaginales mostraron mayores complicaciones perinatales.

195. Cuantificación de citoquinas y su relación con la presencia de bacteriemia en leucemias agudas y neutropenia febril post quimioterapia.

Madera A, Cuervo S, Gómez J, Londoño M, Bermúdez C, Sánchez R.
Universidad Nacional de Colombia. Instituto Nacional de Cancerología.
animaderar@gmail.com

Introducción. La neutropenia febril es una complicación frecuente en los pacientes con malignidades hematológicas que reciben quimioterapia, cons-

tuyéndose en un factor de riesgo para el desarrollo de infecciones graves, las cuales generan una alta morbimortalidad. En esta población se propuso describir el comportamiento de varias citoquinas y su relación con la presencia de bacteriemia.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo, donde se analizaron 44 episodios de neutropenia febril en 35 pacientes mayores de 18 años con leucemia aguda, en poli quimioterapia aplasante y neutropenia febril hospitalizados en el Instituto Nacional de Cancerología entre mayo de 2013 y mayo de 2014. Las muestras de plasma obtenidas al momento del diagnóstico de la neutropenia, al inicio de la fiebre y a las 24 y 48 horas posteriores, se conservaron a -70°C y luego se analizaron mediante citometría de flujo para la medición de los niveles de IL 1 beta, 6, 8, 10, 12p70 y factor de necrosis tumoral alfa.

Resultados. La tasa de hemocultivos positivos fue 25%, similar a lo reportado en la literatura, con predominio del aislamiento de gérmenes Gram negativos. Las IL 10 y 6 mostraron mayor porcentaje de variación durante el momento de la fiebre comparando el grupo de bacteriémicos con el de no bacteriémicos.

Conclusiones. Las citoquinas podrían cumplir un papel promisorio en el seguimiento de los pacientes neutropénicos febriles, dada la potencial asociación con presencia de bacteriemia, sin embargo, se requieren más estudios con mayor población para definir una recomendación en las guías de manejo de neutropenia febril post quimioterapia.

196. Caracterización genética y molecular de *Pseudomonas aeruginosa* causante de infecciones en UCI de cinco ciudades de Colombia.

Castro B, Abril D, Corredor Z, Moncada M, Márquez R, Olarte N, Tovar C, Guaca Y, Reyes N, Vanegas N, Escobar J.
Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana; Universidad El Bosque. Grupo de Vigilancia Epidemiológica; Hospital el Tunal. Grupo de enfermedades Tropicales y Resistencia Bacteriana; Universidad el Sinú. Centro de Biología Molecular y Biotecnología; Universidad Tecnológica de Pereira. Genética y Biología Molecular; Universidad de Cartagena. I3 institute; University of Technology of Sydney; Australia.
betsy2402@gmail.com

Introducción. *Pseudomonas aeruginosa* es el tercer patógeno más frecuente en UCI colombianas. En la última década ha incrementado su resistencia a carbapenémicos. El objetivo de este estudio fue caracterizar microbiológica y molecularmente aislamientos de *P. aeruginosa* causantes de UCI de cinco ciudades colombianas.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio prospectivo, de vigilancia activa de infecciones por *P. aeruginosa* en pacientes adultos de UCI en Bogotá, Cartagena, Montería, Pereira y Pasto entre oct-2014 a ene-2016. La caracterización microbiológica, genética y molecular incluyó: confirmación de especie, perfil de susceptibilidad (siete antibióticos), amplificación de 32 genes de resistencia incluyendo carbapenemasas (NDM, KPC, VIM, IMI, GES, variantes de OXA) y relación genética por PFGE y MLST.

Resultados. En los 58 aislamientos obtenidos, las fuentes más frecuentes fueron secreciones de tracto respiratorio (32,7%) y hemocultivos (27,6%). Se observó un perfil de multisensibilidad en 44(75,8%) aislamientos (resistencia ≤ 2 familias de antibióticos), siendo los perfiles predominantes STX-MER (31,8%) y STX (27,2%). Solo 14(24,1%) fueron multiresistentes (≥ 3 familias). De los 25(42,4%) aislamientos meropenem resistentes, 6(24,0%) presentaron blaVIM, y 4(16,0%) blaKPC-2, los 15(60,0%) restantes no amplificaron ninguna carbapenemasa. Los aislamientos fueron policlonales, aunque los blaKPC-2 positivos presentaron ST235 y en los blaVIM se encontraron linajes asociados a ST111, ST244 y ST1978.

Conclusiones. Los aislamientos de *P. aeruginosa*, circulando en UCI colombianas presentan un perfil policlonal y multisensible. Sin embargo, de los resistentes a carbapenémicos solo el 40% presentaron alguna carbapenemasa evaluada, lo que indica la diseminación de otros mecanismos de resistencia. Financiación contrato-Colciencias N°607-2014.

197. Genotipificación de aislamientos de *Clostridium difficile* provenientes de pacientes hospitalizados en tres instituciones de alta complejidad de Medellín, Colombia.

Salazar C, Reyes C, Atehortua S, Sierra P, Correa M, Fawley W, González Á.
Universidad de Antioquia. Hospital Universitario San Vicente Fundación. Clínica León XIII; IPS Universitaria. Leeds Teaching Hospitals NHS Trust; UK. clarlin27@gmail.com

Introducción. En Europa y Norte América *Clostridium difficile* causa frecuentes brotes hospitalarios de diarrea asociada a antibióticos, en los que se han asociado a genotipos hipervirulentos. En este estudio se caracterizó, a nivel molecular, aislamientos de *C. difficile* obtenidos de pacientes con sospecha de Enfermedad Asociada a *C. difficile* (EACD).

Materiales y métodos. A partir de materia fecal se evaluó la presencia de toxinas A/B por ensayo inmunoenzimático-EIA, se aisló *C. difficile* por cultivo y se extrajo DNA para la detección por PCR, de los genes tcdA, tcdB y toxina binaria (CDTa/CDTb). Se realizó PCR-ribotipificación utilizando un secuenciador basado en electroforesis capilar (ABI-3100).

Resultados. Un total de 913 muestras de materia fecal fueron evaluadas durante 2013-2014. La frecuencia de la toxina A/B en materia fecal fue 9,3% (85/913), y un total de 143 aislamientos de *C. difficile* fueron recuperados a partir de cultivo. De los 143 aislamientos, 100 (70%) fueron tcdA+/tcdB+, 11 (7,8%) tcdA-/tcdB+ y 32 (22,4%) tcdA-/tcdB-. El ribotipo más frecuente fue el 591 (20%), seguido del 106 (9%) y 002 (7,9%); cuatro aislamientos ribotipo 078, sólo un aislamiento ribotipo 027 (considerado hipervirulento) y cuatro nuevos ribotipos (794,795, 804,805) fueron identificados.

Conclusiones. Se observó una baja frecuencia de EACD al comparar con otros países. El perfil de genes tcdA+/tcdB+-CDTa/CDTb+ se correlacionó con los ribotipos epidémicos encontrados. Interesantemente, el ribotipo 027 común en otros países, se detectó en baja frecuencia y se observó alta frecuencia del ribotipo 591 (baja circulación en Europa); seguido de los ribotipos 106 y 002, considerados epidémicos en Europa en la década pasada.

198. Candidemia by *Candida auris* in a medical institution in Barranquilla, Colombia.

Berrio I, Cáceres D, Marín A, Salcedo S, Mora L, Maldonado N, Fernandez D, Berkow E, Vallabhaneni S, Chiller T, Lockhart S. Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM). ORISE fellow with the Mycotic Diseases Branch; Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Clínica General del Norte. Laboratorio Médico de Referencia; Grupo GERMEN. Mycotic Diseases Branch; Centers for Disease Control and Prevention (CDC). indiraberriom@hotmail.com

Introducción. *Candida auris* is an emerging multidrug-resistant associated with invasive infections with high mortality. The aim of this study was to describe the characteristics of patients with *C. auris* candidemia in a Colombian medical institution.

Materiales y métodos. A total of 24 cases of candidemia with *C. auris* from Clínica General de Norte, Barranquilla-Colombia were analyzed (December 2014 to April 2016). Isolates were identified using MALDI-TOF (Microflex®). Minimum Inhibitory Concentration (MIC) values to antifungals were generated by broth microdilution.

Resultados. The age range of patients was between 0-89 years, 63% were male. Eleven patients died (46%), all of the deceased patients presented with major underlying medical conditions, compared with only 5 of surviving patients (38%). Using conservative breakpoints, six of the isolates (25%) were resistant to amphotericin-B (MIC > 1 ug / ml), two (8%) were resistant to fluconazole (MIC ≥32), one (4%) was resistant to voriconazole (MIC ≥4 mg / ml) and one (4%) was resistant to all the echinocandins (MIC ≥8) and fluconazole. Antifungal treatment was initiated in 73% of patients who died (fluconazole 9%, voriconazole 18% and caspofungin 46%), compared with 100% of the surviving patients (fluconazole 23%, voriconazole 8%, caspofungin 31% and Amphotericin-B 38%).

Conclusiones. High mortality was observed in this study. It is important to note that all patients who died had serious underlying conditions. Some isolates tested had elevated MIC against amphotericin-B, fluconazole, voriconazole and echinocandins, and one isolate was multidrug resistant. Twenty seven percent of patients who died did not receive antifungal or only received treatment with amphotericin-B.

199. Factores asociados a nefrotoxicidad por polimixina B en un Hospital Universitario de Neiva, Colombia. 2011-2015.

Barreto J, Osorio J, Gómez C, Ramos J, Samboni C, Candelo L, Álvarez L, Benavides S, Santofimio D, Tellez R. Grupo InfectoControl. jbarretomora@yahoo.es

Introducción. El surgimiento de infecciones severas causadas por multidrogresistentes (MDROs), sumado a la carencia de nuevas opciones te-

rapéuticas efectivas, ha llevado a retomar el uso de polimixina B, a pesar de su perfil de nefrotoxicidad. El objetivo fue determinar la incidencia y factores relacionados con el desarrollo de nefrotoxicidad asociada al uso de polimixina B, en pacientes adultos con infecciones causadas por MDROs.

Materiales y métodos. Estudio observacional, analítico, tipo cohorte histórica, con un análisis de casos y controles anidado, realizado en un Hospital Universitario de tercer nivel de Colombia entre 2011-2015, en pacientes que recibieron polimixina B intravenosa en monoterapia o en terapia combinada con otros antibióticos activos por más de 48 horas. La variable desenlace fue falla renal definida por criterios AKIN, medido a los 7 días y a la finalizar el tratamiento.

Resultados. De 139 pacientes incluidos en el estudio, 61 (44%) desarrollaron falla renal aguda por criterios AKIN. Los factores de riesgo independientes para nefrotoxicidad fueron: dosis diaria de polimixina B (OR 2,19; IC 95% 1,04-4,64), días de estancia en UCI (OR 1,03; IC 95% 1,00-1,06), presencia de infección nosocomial (OR 6,43; IC 95% 2,12-19,47) y requerimiento vasopresor (OR 5,38; IC 95%: 2,40-12,07).

Conclusiones. La tasa de nefrotoxicidad observada en pacientes que recibieron polimixina B es considerable; su origen probablemente multifactorial y agravada por estado crítico de pacientes con infecciones nosocomiales por MDROs.

MICROBIOLOGÍA

200. Evaluación de la capacidad de formación de biopelícula en *Klebsiella pneumoniae* de circulación en cinco UCI colombianas.

Castro B, Guzmán D, Moncada M, Corredo Z, Márquez R, Vanegas N, Escobar J. Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana; Universidad El Bosque. i3 institute; University of Technology of Sydney; Australia. betsy2402@gmail.com

Introducción. *Klebsiella pneumoniae* es un patógeno hospitalario formador de biopelícula en diversas superficies como mecanismo de resistencia y virulencia. Por esta razón se desea caracterizar fenotípicamente la formación de biopelícula y determinar las características genéticas y moleculares de los aislamientos de *K. pneumoniae* de circulación en UCI.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio prospectivo, con seguimiento a infecciones causadas por *K. pneumoniae* en pacientes adultos de UCI en Bogotá, Pereira, Cartagena, Montería y Pasto entre oct-2014 y ene-2016. Se determinó la formación de biopelícula en tres condiciones (caldo LB, LB+2%-NaCl y LB+1%-glucosa). La caracterización genética y molecular incluyó: confirmación de especie, perfil de susceptibilidad a siete antibióticos, amplificación de 32 genes de resistencia y relación genética por PFGE y MLST.

Resultados. De 89 aislamientos analizados 82 (92,1%), 80 (89,8%) 63 (70,7%) fueron formadores de biopelícula en caldo LB, LB+1%-glucosa y LB+2%-NaCl respectivamente, Solo 5 (5,6%) fueron no formadores en ninguna condición evaluada. Presentaron un perfil de multisensibilidad 63 (70,7%) aislamientos de los cuales 39 (61,9%) fueron fuertes formadores de biopelícula. De los 26 aislamientos resistentes a ≤3 familias de antibióticos 11 (42%) fueron fuertes formadores y 13 (50%) moderados, los cuales corresponde al CC ST258-KPC3. Adicionalmente, tres aislamientos ST15-KPC-2 fueron fuertemente formadores.

Conclusiones. Los aislamientos de *K. pneumoniae* de circulación en UCI Colombianas son formadoras de biopelícula en más del 90%, siendo más fuertemente formadores los aislamientos multisensibles que los multiresistentes. Sin embargo, del 22% de resistentes a carbapenémicos el 95% presentaron KPC-2 o KPC-3 con modera capacidad de formar biopelícula, aumentando así la capacidad de virulencia y diseminación de estos clones. Financiado contrato-Colciencias:N°607-2014.

201. Determinación de cepas de *Staphylococcus aureus* formadoras de biopelícula obtenidas a partir de aislamientos clínicos.

Viuche L, Castillo C, Ricaurte C, Sierra A, Castro B, Segura M, Navarrete J, Pinilla G, Muñoz L. Grupo REMA-Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana; Universidad el Bosque. lviuche@unicolmayor.edu.co

Introducción. *Staphylococcus aureus* tiene la capacidad de adherirse y formar biopelícula en dispositivos médicos invasivos; confiriéndole resistencia a los antibióticos y evasión a la respuesta inmune. El objetivo del estudio es co-

relacionar la formación de biopelícula en tres condiciones y la biomasa viable en aislamientos clínicos de *S. aureus*.

Materiales y métodos. Estudio observacional descriptivo en 31 aislamientos de *S. aureus* causantes de infección con presencia del operon icaADBC, icaR, se confirmó género y especie por amplificación de gen nuc. La capacidad de formación de biopelícula fue evaluada en agar rojo congo, cristal violeta, caldo BHI, BHI+1%glucosa y BHI+2%NaCl. Seguimiento de curvas de crecimiento y conteo de masa celular en cultivo de 24h, las cuales fueron correlacionadas con la capacidad de adherencia. Determinación del perfil de resistencia a 12 antibióticos.

Resultados. Se determinaron puntos de corte para clasificar la adherencia en *S.aureus* por cristal violeta, 96.8% fueron fuertemente adherentes con BHI+Glucosa1% y 51.6% con NaCl2%. En rojo congo+5% de sacarosa fueron positivas 61.8%. Todos los aislamientos mostraron resistencia a oxacilina y fuertemente adherentes, al igual que el crecimiento celular a las 24h. El máximo crecimiento fue de 23.3UFC/mL a las 7h de incubación y 17.34UFC/mL eran viables a las 24h.

Conclusiones. Todos los *S. aureus* evaluados fueron formadores de biopelícula con glucosa1% y solo el 51% en NaCl2% presentando una viabilidad hasta más de 24h de crecimiento. El método cristal violeta es más sensible y específico para evaluar la formación de biopelícula que el rojo congo. La glucosa1% favorece la producción de biopelícula. Financiado proyecto-COL-CIENCIAS:651-2014.

202. Actividad anti-biopelícula de análogos sintéticos de catelicidina humana LL-37 en aislamientos clínicos de *Staphylococcus spp.*

Guevara A, Muñoz L, Salazar L, Navarrete J, Pinilla G.
Universidad Nacional de Colombia. Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. faguevaraa@unal.edu.co

Introducción. *Staphylococcus aureus* y *Staphylococcus epidermidis*, clínicamente causan infecciones asociadas a comunidades multicelulares, conocidas como biopelículas, promoviendo el incremento de la resistencia a los antibióticos convencionalmente empleados. Los péptidos sintéticos con actividad anti-biopelícula representan un enfoque novedoso para el tratamiento de infecciones relacionadas con la biopelícula. Por lo anterior, el objetivo de este trabajo fue, evaluar la actividad anti-biopelícula de péptidos sintéticos análogos a catelicidina humana LL-37 en aislamientos clínicos de *S. aureus* y *S. epidermidis*.

Materiales y métodos. 4 péptidos cortos derivados del LL-37 (LL37-1, LL37-2, LL37-3 y LL37-4) se diseñaron bioinformáticamente con el fin de aumentar y/o mantener la actividad anti-biopelícula, fueron sintetizados por la técnica F-MOC en fase sólida y caracterizados por cromatografía líquida de alta eficiencia (RP-HPLC) y espectrometría de masas (MALDI-TOF). Empleando cabina de flujo celular continuo por microscopía confocal y ensayo de adherencia, se determinó su capacidad anti-biopelícula en 5 aislamientos clínicos, caracterizados genéticamente y fenotípicamente para la formación de biopelícula por PCR y cristal violeta.

Resultados. Se identificó una concentración de erradicación de 5 uM mediante la técnica de cabina de flujo celular continuo tanto para LL37-1 como LL37-2; así mismo, se halló una concentración de erradicación entre 25-50 uM por cristal violeta ensayo de adherencia.

Conclusiones. Según los resultados, el diseño de péptidos sintéticos a partir de LL-37 representa una alternativa prometedora para el tratamiento de infecciones asociadas a la biopelícula. Este proyecto fue financiado por Colciencias con código de proyecto COL0041221 651-2014.

203. Optimización y validación de la PCR tiempo real para la identificación de virus entéricos en aguas de consumo humano como apoyo a la vigilancia sanitaria en Bogotá.

Quitíán M, Rojas B, Gómez S, Martínez N, Martínez A, Acero L, Peláez D, Vargas H.
Secretaría Distrital de Salud de Bogotá D.C. Instituto Nacional de Salud. mapaquiari@hotmail.com

Introducción. La Secretaría Distrital de Salud dentro de su programa de vigilancia es el encargado de monitorear el agua mediante el índice de riesgo de la calidad del agua (IRCA), el cual comprende análisis fisicoquímicos y microbiológicos. Actualmente el Laboratorio de referencia de Salud Pública no cuenta con una técnica molecular en aguas que permita detectar virus enté-

ricos. Por lo tanto el objetivo y la primera fase de este estudio fue optimizar y validar una técnica molecular que permita la detección de virus entéricos en aguas de consumo humano.

Materiales y métodos. El estudio realizado es de tipo descriptivo - punto de prevalencia, la investigación se desarrolló en la Secretaría Distrital de Salud entre septiembre de 2015 y junio de 2016. Para los ensayos de sensibilidad se realizaron diluciones del control positivo de norovirus, enterovirus, astrovirus, rotavirus y adenovirus en base 10, posteriormente se hizo extracción de ácidos nucleicos, se cuantificó por espectrofotometría, finalmente se realizó PCR en Tiempo Real. Adicionalmente se determinó la especificidad de la técnica utilizando controles positivos de *Giardia* y *Escherichia coli*.

Resultados. La sensibilidad de la técnica para identificar norovirus, enterovirus y astrovirus demostraron amplificación hasta la dilución 1/100, rotavirus hasta 1/1000 y adenovirus 1/10. La especificidad mostró resultados negativos para la amplificación.

Conclusiones. La implementación de esta técnica molecular en la matriz de agua permitirá la identificación de virus entéricos de importancia en salud pública, estimando la prevalencia en la ciudad de Bogotá, contribuyendo al fortalecimiento del parámetro IRCA como apoyo a la vigilancia sanitaria.

204. Percepción de la realización de pruebas rápidas para VIH y Sífilis, Cali-Colombia.

Mueses H, Martínez J, Alvarado B, Montaña D, Galindo J.
Corporación de Lucha Contra el Sida. Queen's University.
centroinvestigaciones@cls.org.co

Introducción. La accesibilidad a pruebas rápidas de VIH y Sífilis es muy limitada en poblaciones colombianas vulnerables al VIH. Se implementó una estrategia de base comunitaria de "pruebas diagnósticas en el punto de atención" (PPA) en Cali. Este trabajo resume la evaluación preliminar de la percepción de la estrategia por parte de los participantes.

Materiales y métodos. El reclutamiento del estudio se realizó a través de muestreo dirigido por entrevistados (MDE). Participaron 207 personas. Las asesorías y pruebas rápidas en sangre de VIH/Sífilis se llevaron a cabo por seis líderes de las comunidades objetivo y cuatro auxiliares de enfermería. La estrategia PPA incluyó: a) asesoramiento pre y post-test sobre VIH/its; b) cuestionario estructurado; c) pruebas rápidas VIH/Sífilis; d) Pruebas de confirmación y e) Derivación a la atención médica, si la(s) prueba(s) rápida(s) era(n) reactiva(s).

Resultados. 137 (66%) pruebas se hicieron en un lugar comunitario y 70 (34%) en la Corporación de Lucha Contra el Sida. 58% reportaron que se tomarían la prueba en el mismo lugar. Alto porcentaje (test VIH 97.5%; test Sífilis 98.4%) estaban seguros de que el resultado recibido era correcto. 99% afirmó que recomendaría a un amigo tomarse la prueba rápida si necesitara examinarse en el futuro. A una menor proporción (test VIH 17.1%; test Sífilis 18.0%) le pareció difícil decidir tomarse la prueba rápida. Entre 66% y 68% reportaron que la experiencia de las pruebas rápidas los hizo sentir ansiosos.

Conclusiones. Líderes de comunidades en alto riesgo de VIH pueden ser entrenados para proveer PPA con resultados satisfactorios en términos de percepción.

205. Comparación de pruebas de susceptibilidad antifúngica: E-test® y panel colorimétrico Sensititre Yeast One® con la técnica de microdilución en caldo en aislamientos de *Candida spp.*

Peñuela A, Ariza B, Linares M, Cortés G, Rincón C.
Pontificia Universidad Javeriana. Hospital Universitario San Ignacio.
Pontificia Universidad Javeriana. anapenuela@javeriana.edu.co

Introducción. Comparar las pruebas de susceptibilidad antifúngica E-test y panel colorimétrico Sensititre Yeast One con la técnica de microdilución en caldo en aislamientos de *Candida spp.* provenientes de hemocultivos.

Materiales y métodos. Estudio experimental in vitro en el que se comparó el desempeño de dos técnicas comerciales de susceptibilidad antifúngica E-test y Sensititre Yeast One con la metodología de referencia microdilución en caldo en un total de 47 aislamientos clínicos del cepario del Laboratorio Clínico del Hospital Universitario San Ignacio en Bogotá, Colombia, provenientes de hemocultivos de pacientes hospitalizados en diferentes áreas de la institución, que han sido previamente aislados y conservados a temperatura ambiente en el período comprendido entre 2013 y 2015. Estos aislamientos se obtuvieron de un total de 500 levaduras pertenecientes a la colección, representando los únicos provenientes de pacientes con infección sistémica.

Resultados. El acuerdo global con microdilución en caldo para E-test fue

del 96,4% y para SYO del 96,1%. Para caspofungina y anfotericina B fue del 100% en ambas metodologías comerciales, mientras que para fluconazol fue del 89,4% (E-test) y 87,2% (SYO); voriconazol 95,7% (E-test) y 97,1% (SYO). En cuanto a la sensibilidad a los azoles, las especies que mostraron discrepancias en ambas técnicas comerciales son *C. krusei* y *C. tropicalis*.

Conclusiones. E-test y Sensititre Yeast One son comparables con microdilución en caldo, por lo tanto aplicables en la rutina. La recomendación CLSI y EUCAST es que se deben establecer puntos de corte propios para estas técnicas, si existe algún resultado incompatible debe ser corroborado con la metodología de referencia.

206. Rendimiento de MALDI-TOF MS en la identificación de levaduras en pacientes hospitalizados, distribución de especies emergentes en un hospital de cuarto nivel en Bogotá, Colombia.

Ceballos C, Cortés G, Linares M, Valderrama S, Garzón J, Alvarez C, Le Pape P, Parra C.
Potifia Universidad Javeriana. Hospital Universitario San Ignacio. Universidad Nacional de Colombia. Universidad de Nantes.
c-ceballos@javeriana.edu.co

Introducción. El uso de MALDI-TOF MS en el laboratorio de microbiología clínica está cambiando los enfoques para la identificación de hongos. En el presente estudio, se evaluó la capacidad de diferentes tecnologías para identificar un amplio número de levaduras pertenecientes al género *Candida* y a levaduras emergentes en Colombia.

Materiales y métodos. Este estudio prospectivo se llevó a cabo entre marzo de 2014 y marzo de 2015 en el grupo de investigación de enfermedades infecciosas y el Laboratorio de Microbiología del Hospital San Ignacio, Bogotá, Colombia. Las levaduras fueron aisladas de 499 muestras, la identificación se llevó a cabo utilizando el sistema automatizado MicroScan WalkAway y en paralelo por el sistema MALDI-TOF-MS. Las cepas con resultados discrepantes fueron identificadas por MALDI MS Vitek y confirmadas por biología molecular en el Departamento de Micología Médica de la Universidad de Nantes- Francia.

Resultados. Durante el período de estudio, se identificaron 499 levaduras que incluyeron 8 géneros. La comparación de los resultados obtenidos con MicroScan y MALDI-TOF-MS Bruker reveló una alta concordancia (93,4%) y (98,9%) respectivamente. Encontramos discrepancias en 33 cepas, donde la mayor dificultad en identificación fue para las especies emergentes (*C. auris*, *C. intermedia*, *C. nivariensis*, *C. metapsilosis* y *C. orthopsilosis*).

Conclusiones. A pesar de que las especies de levaduras emergentes son poco comunes, la identificación correcta es clínicamente importante ya que estas especies pueden exhibir resistencia antimicótica. El uso del MALDI-TOF MS permite la identificación de microorganismos de forma rápida y precisa.

207. Evaluación del panel de identificación sanguíneo Filmarray® (PCR múltiple anidada) comparada con pruebas fenotípicas.

Solarte M, Ramos R, Jaramillo L, Ortega R, Bacca J, Davila M, Solarte MA.
Hospital Universitario Departamental de Nariño. masolarte9@gmail.com

Introducción. La sepsis continúa siendo la principal causa de morbimortalidad en los hospitales del mundo. Nuevos métodos diagnóstico como la PCR múltiple anidada pueden disminuir el tiempo de detección, la mortalidad y los costos en salud. Este estudio evalúa el rendimiento de esta técnica comparada con cultivos en la identificación de bacterias comúnmente productores de sepsis en el ambiente hospitalario.

Materiales y métodos. El presente estudio es de tipo descriptivo observacional, de corte transversal, retrospectivo, realizado entre Julio de 2015 a Junio de 2016. Se analizaron 137 muestras de sangre de pacientes hospitalizados, las cuales fueron sometidas al proceso de identificación de microorganismo Gram Positivos y Gram Negativos utilizando el método de PCR anidada Filmarray Biofire® (Panel sanguíneo, que detecta 24 patógenos) y se comparó con resultados obtenidos en el equipo automatizado Microscan Walkaway®.

Resultados. En 105 casos (76.6 %) hubo crecimiento monomicrobiano, en 24 casos (17.5%) fue crecimiento polimicrobiano, los restantes correspondieron a hongos. La concordancia entre la prueba genotípica y cultivo fue del 99,04% en monomicrobianos, porcentaje que disminuye al 80% cuando se incluyen crecimientos polimicrobianos. Para Gram Positivos monomicrobianos concordancia de 100% y para Gram Negativos monomicrobianos del 98,14%.

Conclusiones. La PCR múltiple anidada como prueba de detección temprana tiene una alta concordancia cuando se compara con hemocultivos automatizados, obteniendo resultados en una hora.

MICOLOGÍA

208. Genotipos de *Pneumocystis jirovecii* en pacientes inmunocomprometidos colonizados y con neumocistosis, hospitalizados en Medellín, Colombia.

Aguilar Y, Rueda Z, Maya M, Vera C, Rodiño J, Vélez L.
Universidad de Antioquia. Universidad Pontificia Bolivariana.
yudyaguai@yahoo.com

Introducción. Introducción: *P. jirovecii* (Pj) causa neumonía (PcP), en 20% de los pacientes inmunocomprometidos de nuestro medio, pero hay pocos reportes de genotipificación, lo cual permitiría profundizar en aspectos epidemiológicos del hongo. Objetivo: Comparar los genotipos de Pj en pacientes inmunocomprometidos colonizados y con PcP, hospitalizados en Medellín, 2008-2011.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo, trasversal. Se analizaron 68 pacientes inmunocomprometidos sospechosos de PcP; además de 12 inmunocompetentes (10 cáncer y 2 donantes de sangre). Se tomó Lavado orofaríngeo (LO) y/o broncoalveolar (LBA) y se diligenció un formulario con variables sociodemográficas y clínicas. Según el Ct de qPCR se definió PcP (Ct < 24.53) o colonización (24.53-36.99). La genotipificación se basó en la secuencia del gen mtLSU rRNA.

Resultados. En los 68 inmunocomprometidos es mayor la proporción de genotipos mixtos que en los 12 inmunocompetentes (20% vs 35%). En LO predominan genotipos únicos con respecto al LBA (85% vs 65%). Entre los 40 colonizados, en LO predomina el genotipo 3 (42%) y el 1 (26%), similar a los 19 LO de los casos PCP (40% y 30%). En el LBA de los inmunocompetentes hay mayor diversidad: 2 (25%), 3 (13%), 1 (15%), 4(12%), 5 (3%), 6 (7%), 8 (6%), 9 (4%). No se encontró asociación estadística de genotipos con características clínicas o sociodemográficas.

Conclusiones. Circulan varios genotipos de Pj en nuestro medio sin estar asociados con alguna condición del paciente o de tiempo. Sin embargo, el genotipo 3 y 1 son muy frecuentes en LO y LBA, lo cual sugiere que estos se pueden transmitir más fácilmente.

209. Misidentificación of *Candida auris*: experience in a Colombian medical institution.

Caceres D, Berrio I, Marín A, Salcedo S, Escandon P, Bandea A, Vallabhaneni S, Chiller T, Lockhart S.
ORISE fellow with the Mycotic Diseases Branch; Centers for Disease Control and Prevention (CDC). Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM) Clínica General del Norte. Grupo de Microbiología; Instituto Nacional De Salud. Mycotic Diseases Branch; Centers for Disease Control and Prevention (CDC).
diegocaceres84@gmail.com

Introducción. *Candida auris* is emerging as a multidrug-resistant (MDR) pathogen. Its identification using conventional methods has several limitations, often being misclassified as *C. haemulonii*, *Candida spp*, *Sacharomyces spp* or *Rhodotorula glutinis*. The aim of this study was to describe the discrepancies in the identification of *C. auris* using the BD Phoenix Yeast-ID system, which does not have *C. auris* in its database.

Materiales y métodos. Using the Bruker MALDI-TOF (Microflex®), we analyzed a total of 35 isolates that were initially identified as *C. haemulonii* (n=21) and *Candida spp* (n=14) using the BD/Phoenix Yeast-ID system. These isolates were collected at Clínica General de Norte, Barranquilla-Colombia, from December 2014 to April 2016.

Resultados. Of the 21 isolates initially identified as *C. haemulonii*, MALDI-TOF identification classified 17 isolates as *C. auris* (81%), 3 as *C. haemulonii* (14%) and 1 as *C. albicans* (5%). Of the 14 isolates initially identified as *Candida spp*, MALDI-TOF classified 10 isolates as *C. auris* (72%), 3 as *C. tropicalis* (21%) and 1 as *C. haemulonii* (7%).

Conclusiones. The BD Phoenix Yeast-ID does not identify *C. auris* because it is not in the database. High discrepancies were observed in the isolates that were identified as *C. haemulonii*, 81% of which were actually *C. auris*. Because *C. auris* is an emerging MDR pathogen, it is necessary to have laboratory identification systems that can identify this species and distinguish it from other closely related species.

210. El trasplante de células madre mesenquimales derivadas de medula ósea exacerba la respuesta inflamatoria y la fibrosis pulmonar en ratones infectados con *Paracoccidioides brasiliensis*.

Arango J, Puerta J, Pino P, Arboleda D, González A.
Corporación para Investigaciones Biológica (CIB). Facultad de Odontología; Universidad de Antioquia. Grupo MICROBA; Escuela de Microbiología; Universidad de Antioquia. angel.gonzalez@udea.edu.co

Introducción. La paracoccidioidomycosis (PCM) es una micosis sistémica-endémica causada por *Paracoccidioides spp.*; caracterizada por presentar una respuesta inflamatoria granulomatosa y desarrollo de fibrosis pulmonar (FP) en el 50% de los pacientes. A la fecha no existe un tratamiento eficaz contra la FP por PCM. Recientemente, se ha reportado que el trasplante de células madre derivadas de medula ósea (BMMSCs) es benéfico en FP inducida por agentes químicos. El objetivo de este estudio fue evaluar el efecto del trasplante de BMMSCs en un modelo murino de FP inducida por *P. brasiliensis*.

Materiales y Métodos. Ratones BALB/c machos fueron inoculados i.n. con levaduras de *P. brasiliensis*, y trasplantados i.v. con 1×10^6 BMMSCs en la semana 4 y 8 post-infección. Los animales fueron sacrificados en la semana 12 post-infección para determinar subpoblaciones celulares, carga fúngica, niveles de citoquinas/quimioquinas, colágeno, y análisis histopatológico.

Resultados. Los animales infectados-trasplantados mostraron un incremento en: carga fúngica, neutrófilos, eosinófilos, fibrocitos, macrófagos-M2, colágeno, IFN- γ y MIG; mientras que las células Treg, macrófagos M1, LTh-17, IL-12p70, IL-1 α , IP-10, IL15, MCP-1 y RANTES estuvieron disminuidos en comparación con los animales control. El análisis histopatológico de los animales infectados-trasplantados mostraron una mayor área afectada, incremento en el número y tamaño de granulomas y fibras de colágeno.

Conclusiones. Estos resultados indican que el trasplante de BMMSCs exacerba la respuesta inflamatoria y la fibrosis en los animales infectados con *P. brasiliensis*. Al parecer las BMMSCs inducen un efecto inmunosupresor y no participan en la reparación del tejido dañado en la PCM. Proyecto financiado por Colciencias (No.358-2011).

211. De las diferencias genotípicas a las fenotípicas y patogénicas de la nueva especie: *Paracoccidioides lutzii*.

Uran M, Castro E, De Oliveira R, Travassos L, Calich V, Taborda C.
Universidad de Antioquia. Laboratory of Medical Mycology IMTSP-LIM53 USP-Brasil. Institute of Biomedical Sciences (ICB); USP - Brasil. Department of Microbiology; Immunology and Parasitology; Federal University of São Paulo (UNIFESP). meuj@hotmail.com

Introducción. *P. lutzii* nueva especie filogenética del género *Paracoccidioides spp.*, causante de la paracoccidioidomycosis, el mayor número de casos han sido reportados en Brasil, Colombia y Venezuela. Datos de incidencia de PCM causada por *P. lutzii* se encuentran subestimados en Brasil; país con mayor endemicidad; ya fue demostrada la importancia del diagnóstico serológico diferencial. Los reportes brasileños muestran diferencias clínicas como: peritonitis intensa y progresiva, rápida diseminación a bazo, hígado, nódulos linfoides y mesenterio en pacientes sin compromiso inmunológico, aunque con mejor respuesta al tratamiento con azoles. La mayoría de los estudios han sido de tipo genético, por tanto es necesario estudiar las características fenotípicas y patogénicas de esta.

Materiales y métodos. Se usaron tres cepas representativas de *Paracoccidioides spp.* Producción de proteínas, enzimas y melanina tanto en micelio como levadura; la fagocitosis de levaduras y conidias por macrófagos nativos y knock-out y el modelo experimental en ratón fueron evaluados.

Resultados. *P. lutzii* mostró ausencia o menor producción de algunas proteínas, enzimas o melanina. La fagocitosis no tuvo diferencias cuando es comparada con *P. brasiliensis*. Sin embargo el modelo animal mostro diferencias en el perfil de citosinas y la carga fúngica.

Conclusiones. Es la primera vez que se describe un modelo experimental con *P. lutzii*, se demostró una fase aguda de la enfermedad mucho más florida y una crónica acompañada de ausencia de UFC y mejora del infiltrado inflamatorio. En el futuro debe correlacionarse con cuadros clínicos de pacientes de PCM de las zonas endémicas diagnosticados con la especie *P. lutzii* y servir como herramienta de estudio de la enfermedad.

212. Primer reporte de aislamientos híbridos de *Cryptococcus neoformans* de origen clínico en Colombia.

Escandón P, Velez N.
Instituto Nacional de Salud. pescandon@ins.gov.co

Introducción. La criptococosis es causada por dos especies y tres híbridos: *Cryptococcus neoformans* var. *grubii* (serotipo A), var. *neoformans* (serotipo D), *Cryptococcus gattii* (serotipos B y C) y los híbridos AD, AB y BD, siendo éstos poco frecuentes. El objetivo del estudio es reportar la presencia de aislamientos híbridos AD, de origen clínico en Colombia.

Materiales y métodos. Estudio retrospectivo y prospectivo de aislamientos clínicos reportados a través de la vigilancia pasiva de la criptococosis en Colombia en el periodo 2007-2014; mediante RFLP del gen URA5 se identificaron los híbridos (AD), por cada aislamiento identificado se aislaron 5 colonias, sometidas a determinación de morfología, tamaño celular y capsular, PCR pareja sexual por y patrón molecular por PCR Huella digital (GTG)5.

Resultados. Se identificaron 4 casos de criptococosis AD y una recaída de éstos, procedentes de Atlántico, Casanare, Cundinamarca y Valle; 3 casos correspondieron a hombres y 3 casos con VIH/Sida+; el rango de edad fue de 23-56 años. Se observaron 3 aislamientos con morfologías diferentes en sus colonias (mucoide-no mucoide) y 2 cuyas colonias fueron lisa-no mucoide; el promedio de tamaño capsular fue 4.1 mm, pareja sexual alpha y patrón molecular VNIII.

Conclusiones. Este es el primer reporte de aislamientos híbridos serotipo AD, patrón molecular VNIII en Colombia, donde se creía que este serotipo no estaba circulando; esto sugiere que hay una hibridización entre aislamientos del patrón VNI, altamente circulante en Colombia y VNIV de poca circulación.

213. Efecto del hierro en la interacción de *Cryptococcus neoformans* con *Galleria mellonella*.

Sánchez Z, Acosta C, Paipilla D, Linares M, Escandón P, Castañeda E, Parra C.
Pontificia Universidad Javeriana. Instituto Nacional de Salud. adrbiology@gmail.com

Introducción. *Cryptococcus neoformans* incrementa la expresión de factores de virulencia en un ambiente con alta biodisponibilidad de hierro, por lo cual nos propusimos evaluar el efecto del hierro en la patogenicidad de *C. neoformans* empleando el modelo de *G. mellonella*.

Materiales y métodos. Las cepas empleadas fueron *C. neoformans* var *grubii* H99 (alta virulencia) y var *neoformans* JEC20 y JEC21 (baja virulencia), se realizaron curvas de crecimiento en medio mínimo y en caldo Sabouraud. Las cepas fueron incubadas con diferentes concentraciones de FeCl₂ o deferoxamina e inoculadas a las larvas, éstas fueron incubadas a 37°C en oscuridad con observación diaria. Cada experimento se realizó por triplicado. La probabilidad de supervivencia se determinó utilizando el método de Kaplan-Meier (Prisma 6.0).

Resultados. Las cepas JEC20 y JEC21 demostraron comportamiento similar por lo que seleccionamos a JEC21 para los experimentos posteriores. Se estableció una concentración de inóculo de $1,5 \times 10^6$ células/larva. En la cepa H99 se observó, en todas las condiciones, porcentajes de supervivencia cercanos a cero, estableciendo picos de mortalidad los días 2 y 3 pos infección. Para la cepa JEC21 el porcentaje de supervivencia fue de 36% y 30% en presencia de 500 μ M de FeCl₂, y deferoxamina respectivamente, en comparación a lo observado en el control sin hierro (75%).

Conclusiones. El FeCl₂ y la deferoxamina no presentaron efecto sobre la cepa virulenta H99, sin embargo, para JEC21 se evidenció un aumento en la virulencia, dado por disminución en la supervivencia de *G. mellonella*, lo que constituye una modulación en la patogenicidad debido a la adquisición de este microelemento.

214. Antifungal activity of the biposphinic cyclopalladate C7a Against Yeasts of *Candida albicans* in vitro and in vivo.

Muñoz J, Rossi D, Ishida K, Spadari C, Melhem M, Taborda C, Rodríguez E.
Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. Universidad Federal de São Paulo; Brasil. Instituto Adolfo Lutz. jestebanmunoz@unicolmayor.edu.co

Introducción. Vulvovaginal and disseminated candidiasis are a frequent condition in immunosuppressed individuals caused by *Candida albicans* and a few non-albicans *Candida* spp. Fluconazole and Amphotericin B are the main

drugs used to fight the infection. However, resistance to fluconazole and other azole antifungal drugs is an important clinical problem that encourage us to search for new therapeutic alternatives to treat candidiasis.

Materiales y métodos. In this work we study the antifungal activity of cyclopalladate C7a in the in vitro and in vivo model.

Resultados. Our results showed fungicidal activity with low values Minimal Inhibitory Concentrations (MIC) and Minimum fungicidal concentration (MFC). Fluorescence microscopy and confocal scanning laser microscopy revealed that the compound was able to inhibit the formation of hyphae/pseudohyphae, morphological alterations in some organelles and structures were also observed using transmission electron microscopy. C7a was able to decrease significantly the Biofilm formation when tested a virulent *C. albicans* strain. In vivo assays demonstrated a significant decrease of fungal border of intravaginal and intravenous infected mice. In addition, we observed a significant increase in the survival curve of the animals that were treated with C7a.

Conclusiones. Our results suggest that C7a is a promising antifungal compound even when antifungal resistant strains were tested. Therefore, the compound could be used as an alternative therapy against local and disseminated candidiasis.

215. Standardization and validation of a real time PCR for the diagnosis of histoplasmosis using three molecular targets in an animal model.

Lopez L, Muñoz C, Cáceres D, Tobón A, Loparev V, Clay O, Chiller T, Litvintseva A, González A, Gómez B.
Medical and Experimental Mycology Group; Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). ORISE Fellow with the Mycotic Diseases Branch; CDC. Biotechnology Core Facility Branch; Centers for Disease Control and Prevention. Universidad del Rosario. Cell and Molecular Biology Group; CIB. Mycotic Diseases Branch; Centers for Disease Control and Prevention. Basic and Applied Microbiology Research Group (MICROBA); Universidad de Antioquia. lufe114@yahoo.com.mx

Introducción. Histoplasmosis is considered one of the most important endemic and systemic mycoses worldwide. Currently, a few molecular techniques have been developed for its diagnosis. The aim of this study was to evaluate three real time protocols for different protein-coding genes (100-kDa, M and H antigens).

Materiales y métodos. Formalin-fixed and paraffin-embedded (FFPE) lung tissues, from BALB/c mice inoculated i.n. with 2.5x10⁶ *Histoplasma capsulatum* yeast or PBS control, were obtained at 1,2,3,4,8,12 and 16 weeks post-infection. Additionally, a collection of DNA from cultures of *H. capsulatum* (34 strains) and other medically relevant pathogens (35 strains of related fungi and one of *Mycobacterium tuberculosis*), were used.

Resultados. All the lung tissue samples from *H. capsulatum*-infected animals, in the first week post-infection, were positive for all protocols tested. Samples at the remaining periods were negative for all protocols, except for two samples that were positive for the 100-kDa protein and H antigen in the second week post-infection, and one sample also positive for the H antigen in the eighth week post-infection. All samples from uninfected mice (controls) were negative for all protocols evaluated. Sensitivity and specificity for the three targets were 100% when DNAs of the different cultures were used.

Conclusiones. Herein, we successfully standardized and validated three qPCR assays for detecting *H. capsulatum* DNA in FFPE tissues, suggesting that these molecular assays are promising tests for diagnosing this mycosis in clinical samples. Financial Support: Colciencias (244-2013), Universidad Rosario (DVG154), CIB and Mycotic Diseases Branch, CDC.

PRESENTACIONES EN POSTER

INFECCIONES EN PEDIATRÍA

216. Prevalencia e identificación de genotipos de rotavirus en una cohorte de niños menores de 5 años con diarrea aguda en Bucaramanga, Colombia.

Ruiz J, Arcila V, Trejos J, Martínez M.
Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA. Universidad Cooperativa de Colombia. Grupo de Investigación en Manejo Clínico - CLINIUIDES.; Universidad de Santander. marlen.Martínezg@campusucc.edu.co

Introducción. En Colombia, a pesar de los planes de vacunación para rotavirus, se siguen reportando infecciones de este tipo en menores de 5 años. Hasta la fecha no hay reporte en la región nororiental colombiana. El objetivo fue evaluar la prevalencia de rotavirus y sus genotipos circulantes en una cohorte de niños con diarrea aguda en Bucaramanga.

Materiales y métodos. Se desarrolló un estudio descriptivo transversal. Los padres firmaron un consentimiento informado y llenaron una encuesta sociodemográfica. Se tomaron 95 muestras de materia fecal las cuales fueron procesadas por Inmuno cromatografía (rotavirus y adenovirus) y confirmadas las positivas para rotavirus por ELISA. A las muestras positivas se les realizó extracción de RNA y genotipificación por Rt-PCR semianidadada.

Resultados. La prevalencia global de rotavirus fue de 30,53% (95% IC = 21,2 – 39,7%) y la de adenovirus fue 9,47% (IC 95% = 3,58% - 15,36%), con dos coinfecciones. El 86,2%, de los infectados habían recibido dos dosis de la vacuna; el 6,9% una dosis y otro 6,9% no tenían carnet de vacunación. La fiebre (86%), el vómito (79%) y la deshidratación (24%) fueron síntomas frecuentes. El 14% de los niños rotavirus positivos requirieron hospitalización. Entre los genotipos G, se encontraron cepas no tipificables (65,5%), cepas G3 (31%) y G5 (3,4%). Entre los genotipos [P], se identificaron cepas P[8] (69%) y P[9] (31%). La combinación más frecuente (27,6%) fue G3P[8].

Conclusiones. Con los planes de vacunación gubernamentales, se reporta una ligera disminución en la prevalencia de rotavirus en Bucaramanga; con la circulación de varios genotipos.

217. Factores de riesgo y desenlaces de bacteriemia por enterobacterias en niños con patologías oncológicas.

López-Medina E, Hurtado I, Díaz A, Bravo A, Ramírez O, Portilla C, López, P. Salcedo J, García V.
Universidad del Valle. Centro de Estudios en Infectología Pediátrica. Centro Médico Imbanaco. Hospital General de Medellín. eduardo.lopez@ceiponline.org

Introducción. No son claros los factores de riesgo y desenlaces de las infecciones por gérmenes resistentes a carbapenémicos en niños con patologías oncológicas. Evaluamos factores de riesgo y desenlaces de bacteriemias por enterobacterias productoras de carbapenemasas en esta población.

Materiales y métodos. Estudio de corte transversal analítico, realizado entre 01/01/2012-31/12/2015 en el Centro Médico Imbanaco de Cali y el Hospital General de Medellín "Luz Castro Gutiérrez". Se incluyeron los primeros episodios de bacteriemia por *Enterobacteriaceae*, en pacientes de 0-18 años con leucemia, trasplante de células hematopoyéticas o tumores sólidos asociados con neutropenia. Dichas infecciones se clasificaron según la producción de carbapenemasas (CARB), betalactamasas de espectro extendido o AMP-C (BLEES) o sensibles.

Resultados. Se encontraron 65 episodios de bacteriemia: 14(22%) CARB, 22(34%) BLEES y 29(45%) sensibles. En análisis univariado, se encontró asociación entre el uso de cualquier antibiótico por más de 72 horas en los 30 días previos a la bacteriemia y el desarrollo de bacterias resistentes (sensibles vs. BLEES vs. CARB) (X²=9.45,P=0.009). Ajustando por edad, sexo y duración de hospitalización y neutropenia, el riesgo de desarrollar CARB vs. bacterias sensibles a carbapenems (NoCARB) fue 6 veces mayor en pacientes expuestos a carbapenémicos (RR 6.08-IC95%1.39-26.6). Los pacientes con bacteriemia por CARB tuvieron mayor mortalidad que aquellos con bacteriemia NoCARB (RR 7.59-IC95%2.31-24.96).

Conclusiones. En niños con cáncer existe una alta incidencia de bacteriemias por enterobacterias resistentes, lo cual empeora su pronóstico. El riesgo de estas infecciones aumenta con la exposición previa a antibióticos, especialmente a carbapenémicos. Enfatizamos la importancia del uso racional de antibióticos en esta población.

218. Prevalencia hospitalaria de Virus respiratorios.

Pacheco R, Viola L, Villegas A, Rosso F.
Fundación Valle del Lili. investigacionescic@gmail.com

Introducción. Las Infecciones Respiratorias Agudas (IRA) son un grupo de enfermedades con sintomatología respiratoria similar, causadas por bacterias o virus, de transmisión aérea, que llegan a ser letales.

Materiales y métodos. Objetivo. Determinar la prevalencia (2013- 2014) de virus respiratorios identificados por RT-PCR múltiple y detección por microarreglos. Realizamos un estudio transversal. Evaluamos todos los pacientes hospitalizados a quienes se les identificaron virus respiratorios a través de RT-

PCR múltiple, detección por microarreglos (CLART[®] PneumoVir), y Xpert[®] Flu. Se aplicó estadística descriptiva.

Resultados. La prevalencia global de virus respiratorios fue de 60% (96/161). La UCI con 56% fue el servicio con la mayor proporción de muestras positivas, donde el 32% fueron mayores de 60 años. Rinovirus (30%), Influenza (H1N1/2009) (12%) y Bocavirus (12 %) fueron los más prevalentes. Influenza A (H1N1/2009) con 12%, fue el virus más identificado entre los agentes etiológicos de la gripe. El CLART[®] PneumoVir detectó un 8.6% más muestras positivas para Influenza A (H1N1/2009) que el Xpert[®] Flu. La conifección se reportó en el 11% (17 casos). No se identificó estacionalidad en ninguno de los virus.

Conclusiones. Este es el primer estudio en pacientes hospitalizados con IRA que evalúa paralelamente los 19 virus más frecuentes a través de técnicas moleculares. Los resultados difieren en la prevalencia, la población y el porcentaje de coinfección de otros estudios que utilizaron la misma técnica. La RT-PCR múltiple y detección por microarreglos es una herramienta útil, sensible y rápida para la identificación de los virus de mayor circulación en el mundo.

219. Prevalencia de virus entéricos en muestras de materia fecal de niños menores de cinco años en la ciudad de Bogotá durante 2014 a 2016.

De La Rosa K, Gómez S, Moyano D, Nuñez J, Arce P, Peláez D, Vargas H. Laboratorio de Salud Pública; Secretaría de Salud de Bogotá. Instituto Nacional de Salud. kdelarosa@unicolmayor.edu.co

Introducción. La enfermedad diarreica aguda (EDA) es una patología frecuente en la población menor de cinco años presentando altas tasas de morbi-mortalidad. Dentro de los agentes víricos están rotavirus, adenovirus, norovirus y astrovirus. El presente estudio tiene como objetivo presentar la prevalencia de infección por virus presentes en EDA de menores de cinco años provenientes de unidades centinelas del distrito entre el 2014 y el 2016 en Bogotá.

Materiales y métodos. Estudio de tipo descriptivo-retrospectivo donde se analizaron 430 muestras de menores de cinco años que ingresaron por vigilancia centinela de EDA las cuales fueron captadas por el laboratorio de salud pública donde se tamizaron por prueba rápida, las positivas para rotavirus y adenovirus más una fracción de negativas se remitieron al Instituto Nacional de Salud (INS), allí se analizaron por la técnica ELISA otros virus entéricos de interés, los datos fueron remitidos a la Secretaría Distrital de Salud.

Resultados. Los virus fueron identificados en un 45.84%(197/430), de los cuales el 47,73% (94/197) correspondían a rotavirus, el 15,73% (31/197) adenovirus, el 32,99% (65/197) norovirus, el 3,55% (7/197) astrovirus. El período analizado con mayor positividad fue 2015 encontrándose una mayoría de casos para rotavirus, seguido de norovirus, adenovirus y astrovirus respectivamente. El grupo etario con mayor positividad es de 0 a 1 año, exceptuando astrovirus quien infecta en su mayoría a niños entre 2 y 5 años.

Conclusiones. Este estudio presenta la distribución de rotavirus, adenovirus, norovirus y astrovirus por pruebas de ELISA, permitiendo evaluar la prevalencia de la EDA causada por agentes virales, generando información oportuna que contribuya a orientar las medidas de prevención y control de este evento a nivel Distrital.

220. Epidemiología clínica y molecular de las infecciones causadas por *Staphylococcus aureus* meticilino resistente en población pediátrica de la ciudad de Cartagena de Indias en el 2015.

Reyes N, Montes O, Pinzón H. Grupo de Genética y Biología Molecular, Universidad de Cartagena. nreyesr@unicartagena.edu.co

Introducción: *Staphylococcus aureus* meticilino resistente, conocido como SARM, es uno de los patógenos de mayor importancia en la etiología de infecciones asociadas al cuidado de la salud y adquiridas en la comunidad. Su incidencia global está en aumento y la ciudad de Cartagena de Indias no es la excepción. El objetivo del estudio fue describir la epidemiología clínica y molecular actual de las infecciones causadas por SARM en población pediátrica atendida en el principal hospital infantil de la ciudad de Cartagena (Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja) durante el año 2015.

Materiales y métodos: Se hicieron pruebas microbiológicas y moleculares basadas en PCR, se determinaron los perfiles de resistencia a los principales antibióticos de uso clínico, se realizó tipificación PFGE, determinación de complejos clonales y se evaluaron las variables clínicas y demográficas de los pacientes.

Resultados: De 72 pacientes con edades entre 15 días y 17 años, los cuales recibieron diagnóstico clínico y microbiológico de infección por *S. aureus*, 33

tuvieron infección por SARM. Las pruebas de susceptibilidad a antibióticos mostraron que 12 de los aislamientos SARM fueron resistentes a eritromicina, 1 a trimetoprim/sulfametoxazol, 1 a gentamicina, 2 a rifampicina, y 2 a clindamicina. Los genes *lukS/lukF-PV*, *bsaB*, *sem*, *seo*, *seq*, *tsst-1*, y *sek* se identificaron en 23, 14, 12, 9, 8, 7 y 0 aislamientos SARM respectivamente. Del total de infecciones SARM, 18 afectaron a individuos del sexo masculino y 15 del sexo femenino, 10 requirieron de UCI, 1 paciente falleció. Durante los 12 meses previos a la infección por SARM, 44% de estos pacientes habían presentado consumo de antibióticos y 38% habían tenido hospitalizaciones. La tipificación por PFGE mostró que 49% de los aislamientos SARM estuvieron genéticamente relacionados con el clon USA300-LV. La determinación de complejos clonales de los aislamientos SARM mostró que 73,5% pertenecieron al CC8 y 26,5% al CC5.

Conclusiones: Este estudio revela la diseminación de SARM en nuestra área geográfica, lo cual constituye una amenaza para la salud pública, haciendo necesario que se establezcan estrategias de monitoreo constante dirigidas al diseño de nuevas y mejores estrategias de tratamiento y manejo clínico de estas infecciones.

221. Procalcitonina para diferenciar la etiología de fiebre en niños receptores de trasplante alogénico de precursores hematopoyéticos.

López-Medina E, Peña E, Ramírez O, Portilla C, López P. Universidad del Valle. Centro de Estudios en Infectología Pediátrica. Centro Médico Imbanaco. eduardo.lopez@ceiponline.org

Introducción. Diferenciar la etiología de la fiebre por infección (FI) de aquella no asociada a infección (FNI) es crítico para el uso racional de antibióticos en niños receptores de TPH. Nuestro objetivo fue determinar si la procalcitonina (PCT) es útil para discriminar FI e infección por bacterias gram- de FNI en TPH.

Materiales y métodos. Estudio retrospectivo entre Diciembre, 2010 a Junio, 2016 en el Centro Médico Imbanaco de Cali, Colombia. Incluimos pacientes de 0-18 años receptores de TPH con fiebre entre el día -5 del trasplante y el día del injerto. Documentamos los niveles de PCT para el primer episodio febril. Cada episodio fue clasificado como FI o FNI. Construimos una curva ROC para evaluar el rendimiento de la prueba.

Resultados. 82 pacientes recibieron un TPH durante el periodo de estudio. 72 desarrollaron fiebre, 0 días post TPH (mediana). El promedio de edad fue 9,6 años (DE 5,0) y 54% fueron hombres. A 54 se les midió PCT al menos en una ocasión durante el episodio febril. No hubo diferencias significativas en la PCT entre FI y FNI. Para gram- vs FNI, el 1er valor de PCT tuvo un área bajo la curva de 0.7 en la curva ROC. Un punto de corte de PCT de 0.99 tuvo una sensibilidad del 88%, especificidad del 56%, coeficiente de probabilidad (LR)+ de 1.97 y LR- de 0.23.

Conclusiones. PCT puede ayudar para discriminar FI de FNI, especialmente en infecciones por gram-. Este biomarcador puede ser útil para desarrollar estrategias de uso racional de antibióticos en esta población.

222. Análisis de la población pediátrica con infección por VIH en los centros de atención integral en Colombia - Grupo VIHCOL.

Arévalo L, Posada M, Delgado E, Lenis W, Mantilla M, Martínez P, Mueses H, Pardo J, Sussmann O, Zuluaga I, Martínez E, Alvarez C, Cheque A, Echeverría L, Galindo J, García J, Gómez D, González C, Orozco S, Santamaría Y, Uparela G, Valderrama S. Grupo Colombiano VIH (VIHCOL). larevalom@unbosque.edu.co

Introducción. El grupo VIHCOL es integrado por 17 centros de atención integral de VIH (CAI) de Colombia. Poco es conocido en Colombia en la población <15 años con VIH. El objetivo de este trabajo es presentar las características demográficas, inmunológicas y tratamiento (TAR) iniciado esta población con infección por VIH confirmada atendidos en los CAI del Grupo.

Materiales y métodos. Se caracterizaron por edad, sexo y régimen de afiliación las variables en la población de pacientes <15 años, activos o no en TAR, estadio clínico según categoría CDC, recuento de linfocitos CD4+ (CD4) y primer TAR de los pacientes nuevos.

Resultados. A diciembre 31 del 2015, se reportaron 178 pacientes <15 a., 47% fueron hombres; 29% <18 meses de edad, 20% entre 19 m y 5 a., 18% entre 6 y 10 a. y 33% entre 11 y < 15 a. El 63% estaban activos en TAR (H: 62%, M:64%). En el 2014 y 2015 se reportaron 41 (H:18, 44%) y 63 (H:29, 46%) niños nuevos en los CAI del Grupo VIHCOL, respectivamente. En ambos años, el 56% ingresaron con edad <5 años y 29% fueron >10 a. El 48% (14/29 con dato) ingresaron en estadios B y C del CDC y 69% (20/29) ingresaron con CD4>500.

El 76% (48/63) de los niños fueron iniciados en TAR que incluyó 2 ITRN y LPV/r en ambos años.

Conclusiones. Se observa una tendencia a diagnósticos tardíos y ausencia de TAR en una proporción importante en la población <15 a en los CAI del Grupo VIHOL.

223. Caracterización molecular de un paciente con enfermedad granulomatosa crónica ligada al cromosoma X: reporte de una nueva mutación en el gen CYBB.

Arias A, Molina M, Arboleda D, Moncada M, Vélez G, Álvarez J, Alzate J, Cabarcas F, Orrego J, Franco J, López J, Marquez W, Grupo Inmunodeficiencias Primarias; Universidad de Antioquia. Centro Nacional de Secuenciación Genómica-CNSG; Universidad de Antioquia. Fundación Hospital de la Misericordia. aaugusto.arias@udea.edu.co

Introducción. La Enfermedad Granulomatosa Crónica (EGC) es una inmunodeficiencia primaria causada por mutaciones en los genes que codifican para alguna de las cinco proteínas (gp91phox, p22phox, p40phox, p47phox y p67phox) que conforman el sistema NADPH Oxidasa, encargado de destruir los microorganismos fagocitados mediante la producción de especies reactivas de oxígeno (ROS). El diagnóstico definitivo de la EGC se realiza mediante el secuenciamiento de los genes implicados, lo cual permite caracterizar el defecto molecular y genético.

Materiales y métodos. A un paciente con sospecha de EGC y su madre se les evaluó la explosión respiratoria a través de la prueba de dihidrorodamina 123 (DHR) y de Nitrobluetetrazolium (NBT). Además, se realizó secuenciación completa del exoma (WES) al paciente y finalmente, la variante encontrada se confirmó mediante secuenciación de Sanger.

Resultados. El paciente masculino de 16 años con abscesos y lesiones osteolíticas desde los 20 días de nacido de las cuales se aisló *Klebsiella azarae*. A los 2 años tuvo linfadenitis e infecciones recurrentes y obtuvo resultados anormales en las pruebas funcionales del sistema NADPH oxidasa. Mediante WES y la confirmación por Sanger, se encontró una mutación sin sentido (c.G809A:p.W270X) en el exón 8 del gen CYBB localizado en el cromosoma X que codifica para la proteína gp91phox.

Conclusiones. El paciente con EGC tiene una mutación ligada al cromosoma X en el gen CYBB, que no ha sido reportada previamente. La identificación de la mutación y su correlación con el fenotipo clínico es importante para proveer una apropiada consejería genética al paciente y su familia.

224. Descripción de resultados del protocolo de prevención de transmisión materno infantil por el Virus de Inmunodeficiencia Humana (VIH) en un hospital universitario de Bogotá.

Rodríguez Y, Ardila N, López J, Carranza G, Novoa M. Hospital Universitario San Ignacio. yRodriguezp@gmail.com

Introducción. La eliminación de la transmisión materno infantil por VIH es una meta de salud pública para el año 2030 de la Organización Mundial de la Salud.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo de cohorte retrospectiva de hijos de madres VIH positivo, incluidos en el protocolo de prevención de transmisión materno infantil del Hospital Universitario San Ignacio (HUSI) entre los años 2009 y 2016.

Resultados. 66 niños incluidos, 45 nacidos en HUSI, de 61 madres. 28 tenían diagnóstico previo y 38 fueron diagnosticadas durante la gestación, 11 en primer trimestre, 16 en el segundo y 6 en el tercero. El inicio de la terapia antirretroviral (TAR) y su éxito expresado en carga viral indetectable al tercer trimestre estuvo distribuido así; primer trimestre iniciaron 7 madres con éxito del 100%, segundo 21 con 71.4% y tercero 13 con 46.1%. 14(22.9%) madres requirieron cambio de TAR por intolerancia o falla virológica. Se realizaron 62 cesáreas (2 gemelares) y 2 partos vaginales. El 100% recibió profilaxis con Zidovudina periparto. Los 66 recién nacidos recibieron profilaxis, 1 suspendido por la madre, dos subdosificados extrainstitucionalmente. El 100% de los niños no recibió lactancia materna. En el 97% de los pacientes fue posible descartar o confirmar el diagnóstico de infección por retrovirus. Los 2 pacientes infectados son hijos de madres con mala adherencia a TAR.

Conclusiones. El cumplimiento al 100% de las estrategias de prevención es efectivo y requiere del concurso del Estado, las políticas institucionales, el conocimiento del personal de salud y la adecuada adherencia al protocolo por parte de las madres.

225. Transmisión y cambios en la colonización de *Pneumocystis jirovecii* en madres e hijos lactantes menores de 6 meses de edad.

Vera C, Aguilar Y, Vélez L, Rueda Z. Universidad de Antioquia. Universidad Pontificia Bolivariana. cristian.vera@udea.edu.co

Introducción. Se desconoce cuando entra *P. jirovecii* (Pj) por primera vez al hospedero. La madre puede jugar un papel importante durante los primeros meses de vida. Objetivo: Determinar el estadio de infección por Pj y sus genotipos en madres e hijos lactantes inmunocompetentes durante los primeros 6 meses de vida.

Materiales y métodos. Cohorte prospectiva. Se capturaron embarazadas en su tercer trimestre. Después del parto se hicieron 4 visitas (a la 1, 6, 12 y 24 semanas) por binomio para toma de hisopados nasofaríngeos (HNF) y recolección de datos clínico-epidemiológicos. Se consideraron colonizados cuando, mediante PCR anidada, el HNF fue positivo para el gen rRNA mtLSU de Pj, y se calculó la frecuencia de colonización y el cambio de estadio en el tiempo. El genotipo se determinó amplificando los genes mtLSU y mtSSU rRNA, ITS1 y 2 y DHPS.

Resultados. Se incluyeron 43 binomios y 301 HNF. Durante el último trimestre, 7/43 madres (16.3%) estaban colonizadas. Durante las visitas 1, 2, 3 y 4, la colonización en madres fue 16%(7/43), 6%(2/35), 16%(5/31) y 5%(1/20), y en sus hijos 28%(12/43), 43%(15/35), 42%(13/31) y 25%(5/20) respectivamente. Cinco binomios (11.6%) fueron positivos simultáneamente en alguna visita. El 23%(10/43) de los hijos tuvieron hasta dos muestras positivas consecutivas, lo que no se presentó en las madres. Los genotipos (en proceso) serán presentados en el Encuentro.

Conclusiones. Pj coloniza frecuente pero transitoriamente madres e hijos menores de 6 meses, más a niños sin importar la edad. La genotipificación servirá para esclarecer el papel de las madres en la colonización de los niños.

226. Genotipificación de citomegalovirus humano a partir de muestras de saliva de pacientes pediátricos receptores de trasplante de precursores hematopoyéticos.

Bohórquez S, Estupiñán M, Chaparro M, Castellanos J, Calvo E, Parra S. Universidad Nacional de Colombia. Fundación Hospital de la Misericordia. Universidad El Bosque. spbohorqueza@unal.edu.co

Introducción. El citomegalovirus humano (HCMV) es uno de los principales patógenos en pacientes con inmunosupresión severa, causando neumonitis colitis, retinitis y neutropenia, entre otras. La variabilidad del cuadro clínico puede depender de la capacidad de infectar distintos tipos de células y de modular la respuesta inmunológica. Se reconocen 5 genotipos de HCMV a partir de la glicoproteína de envoltura gB y se plantea que el cuadro clínico puede depender del genotipo infectante y que la infección en un mismo paciente puede ser mixta, es decir con más de un genotipo. Usualmente se identifica la infección por este virus pero no se genotipifica, por lo que se propuso llevar a cabo la genotipificación de hcmv presente en las muestras de saliva estimulada, obtenidas de tres pacientes receptores de trasplante alogénico de cordón umbilical y verificar la existencia de infecciones mixtas.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo realizado en el año 2015, sobre las muestras de saliva positivas para HCMV, obtenidas de 4 pacientes receptores de trasplante de precursores hematopoyéticos de la Fundación Hospital de la Misericordia. Se estandarizó una técnica de PCR anidada múltiple para la genotipificación.

Resultados. Se obtuvo DNA adecuado para genotipificación de 3 pacientes. Dos pacientes presentaron genotipo B2, el tercer paciente presentó infección mixta con gB1 y gB3.

Conclusiones. Citomegalovirus se puede detectar y genotipificar a partir de muestras de saliva; se confirma la infección mixta en un paciente pediátrico receptor de trasplante.

227. Incidencia de Otitis Media Aguda en pediatría: una revisión sistemática.

Arteta-Acosta C, Coronell-Rodríguez W, Alvis-Zakzuk N, Alvis-Guzmán N. Universidad de Cartagena. cindyarteta@gmail.com

Introducción. Otitis Media Aguda (OMA), es la infección bacteriana más común en infantes, principal causa de visitas médicas y antibioticoterapia (1-5). Aporta la mayor carga de enfermedad por neumococo. Objetivo, estimar la tasa de incidencia de OMA.

Materiales y métodos. Búsqueda bibliográfica en MEDLINE, EMBASE y LILACS, entre 1/01/1980-30/12/2014. Seleccionándose estudios de frecuencia de casos, incidencia de OMA. Dos autores buscaron independientemente, evaluaron los datos y la calidad basados en la guía SIGN. Se cotejaron datos, ante inconsistencias, un tercer investigador realizó las conclusiones.

Resultados. Se identificaron 7667 artículos, (MEDLINE 4838, LILACS 140 y 2689 de EMBASE), eliminándose 1082 duplicados, 6381 no tenían relación con OMA y 169 no eran de incidencia, total 35 publicaciones. Estudios realizados entre 1975 y 2013: 11 en Norteamérica, uno en Chile, 3 multicéntricos latinoamericanos, 8 en Europa (incluyendo un multicéntrico), uno en Japón y uno en Israel. No se obtuvieron 8/35. De 27 artículos finales, se rechazaron 15 por metodología inadecuada, sesgos o no estimar incidencia. 187.616 niños fueron incluidos. Edad promedio: 14.8 meses \pm 12.4. Mediana (Me) de duración: 36 meses [25.8-46.5], hombres con OMA: 50.8%. 4/12 estudios estimaron incidencia en episodios/persona/año: 0.86 \pm DE0.27, Me: 0.84 [0.72-0.98]. 3/12 en porcentaje: 25.0%, Me: 10.8 [8.5-42.0]. Tres en episodios-1000 personas-año: 215.5 \pm DE167.0, Me: 225.5 [167-274]. Un estudio en visitas-año: 1.73 para grupo intervenido y 1.86 grupo control. Uno reportó rango 1.171-36.000 episodios-100.000-niños.

Conclusiones. Existe gran variabilidad en la medición de tasa de incidencia de OMA, no se puede concluir una tasa general. Son necesarios estudios que estimen la verdadera incidencia en la era post vacunal.

228. Caracterización de la población pediátrica con diagnóstico de tuberculosis activa en un hospital universitario de Bogotá, Colombia.

Lopez J, Rodríguez Y, Panqueva O, Gil F, Idrobo C, Sanchez L, Carranza G, Novoa M, Aciego J.
Hospital Universitario San Ignacio. Pontificia Universidad Javeriana.
juanklo24@gmail.com

Introducción. El estudio describe el perfil de la población pediátrica con tuberculosis activa en el Hospital Universitario San Ignacio (HUSI).

Materiales y métodos. Estudio descriptivo de cohorte retrospectiva. Se analizaron datos demográficos, antecedentes epidemiológicos, clínicos, radiológicos y microbiológicos de 25 niños entre 0 y 17 años, valorados en el HUSI entre el 2010 y 2016 con diagnóstico de tuberculosis activa.

Resultados. El 80% de pacientes con tuberculosis (TB) activa se encuentran entre 1 y 12 años con edad promedio de 7.1 años. 60% procedentes de Bogotá. Las comorbilidades asociadas fueron: desnutrición (20%), VIH (12%), inmunodeficiencia primaria (8%). De todos los casos 56% tiene nexos epidemiológico intra domiciliario. Los síntomas más frecuentes fueron: fiebre (56%), tos (52%) y disnea (32%). El 56% de los niños presentan tuberculosis pulmonar, 1 (4%) congénita y 40% extrapulmonar, de éstas el 50% corresponde a TB ganglionar. La prueba de tuberculina (PPD) fue positiva en el 64%. Se realizan imágenes en todos los pacientes; en TB pulmonar dentro de los hallazgos se documenta: neumonía (45%), cavitaciones (18%) y adenomegalias mediastinales (18%), con baciloscopia (BK) positiva en 40% y cultivo para *Mycobacterium tuberculosis* positivo en el 25%. En TB extrapulmonar el 100% de las BK fueron negativas y solo un paciente con cultivo positivo. Todos recibieron tratamiento según protocolo nacional y finalizan 15. Los eventos adversos más frecuentes fueron: hepatotoxicidad (16%), uveítis (4%), vitreítis (4%) y edema macular (4%).

Conclusiones. El estudio diagnóstico de tuberculosis en niños es difícil y debe basarse en criterios clínicos, radiológicos, tuberculinicos, microbiológicos y epidemiológicos para tener el mejor rendimiento y brindar tratamiento oportuno. Se debe fortalecer el sistema de salud para garantizar seguimiento completo.

MEDICINA TROPICAL

229. Prevalencia de babesiosis bovina y humana en una región endémica para la malaria en Colombia.

González J.
Grupo Malaria; Universidad de Antioquia. julianaGonzález1@gmail.com

Introducción. La babesiosis es una enfermedad parasitaria causada por un complejo de especies del género *Babesia* que parasitan diversos hospederos como bovinos, bufalinos y otras especies animales; en el humano se considera una zoonosis derivada de la relación hombre-bovino. La mordedura de garrapata es la principal vía de transmisión. En países de zonas tropicales la babesiosis bovina tiene alta prevalencia y es de alto impacto económico; especialmente se han identificado *B. bovis* y *B. bigemina* como agentes causales.

Materiales y métodos. El estudio se realizó en dos municipios de la región de Urabá (Antioquia). Se seleccionaron predios con características productivas (predios ganaderos) y sanitarias homogéneas para el trabajo de laboratorio fue realizado análisis molecular, pruebas serológica y microscopía de bovinos y humanos. Además se indagó por variables asociadas a la presencia de *Babesia*. Se realizaron análisis descriptivos, bivariados y multivariados para analizar factores de riesgo.

Resultados. Se estudiaron 202 bovinos y 300 humanos. Los bovinos menores de 9 meses presentaron la mayor probabilidad de infección por *Babesia*. La regresión de Poisson para los humanos indica que la babesiosis se asoció con autoreporte de fiebre en los últimos 7 días. Prevalencia en humanos 2%, 1% por PCR y microscopía; en bovinos 14,4% por PCR y 55,4% serología, 4,5% por microscopía.

Conclusiones. La prevalencia de infección en bovinos fue del 14,4%, en garrapatas del 18,5% y en humanos del 2%. Los resultados son de impacto en la epidemiología de la babesiosis en el país y que por lo tanto puede dar pautas para la vigilancia epidemiológica del síndrome febril no malarico.

230. Caracterización biológica y epidemiológica de parásitos intestinales en caninos del centro de zoonosis de Bogotá.

Bustacara S, Morales I, Vargas H, Gómez S, Pinillos I, Páez R, Gómez M.
Laboratorio de Salud Pública de la Secretaría de Salud de Bogotá. Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. Centro de Zoonosis de Bogotá. santiago.bustacara18@gmail.com

Introducción. Los caninos son las mascotas más populares en todo el mundo y proporcionan información acerca de la distribución espacial y temporal de las enfermedades transmisibles entre humanos y animales, el estudio parasitológico permite identificar el riesgo al que se expone una comunidad, por tal motivo se determinó la prevalencia de los parásitos gastrointestinales presentes en la población canina callejera de la ciudad de Bogotá.

Materiales y métodos. El presente estudio se llevó a cabo en el Centro de Zoonosis de Bogotá desde Marzo hasta Junio de 2016, donde se recolectaron tres pools de materia fecal correspondientes a cada localidad muestreada, a estas se les realizó un análisis macroscópico, un examen directo y concentración de parásitos intestinales para determinar la presencia de huevos de helmintos u oocistos utilizando la técnica de McMaster.

Resultados. En total se recolectaron 189 muestras pertenecientes a 14 localidades de Bogotá, 141 muestras fueron positivas para parásitos intestinales (74,6%), de las cuales se identificaron tres especies de parásitos y se calculó su prevalencia: *Ancylostoma caninum* (57,4%), *Toxocara canis* (12,7%) e *Isospora canis* (6,38%) y co-infecciones entre: *A. caninum*, *T. canis* e *I. canis* (14,8%) y *T. canis* e *I. canis* (8,51%).

Conclusiones. La identificación de 3 especies de parásitos intestinales en las localidades de la ciudad, asociados a enfermedades zoonóticas y su alta prevalencia en los caninos callejeros de la ciudad brinda información importante acerca de la distribución espacial de los agentes infecciosos y el potencial riesgo que implicaría para la salud pública su transmisión a los seres humanos.

231. Frecuencia de anticuerpos para *Trypanosoma cruzi* en caninos de la zona rural y urbana del municipio de La Mesa, Cundinamarca.

Mesa L, Carrion A, Torres O, Bernal Y.
Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. Universidad Antonio Nariño. lorena.mesaa@gmail.com

Introducción. *Trypanosoma cruzi* es un parásito protozoario hemoflagelado, agente causal de la enfermedad de chagas, una zoonosis que afecta la cuarta parte de toda la población de América Latina. Se estima la frecuencia de caninos seropositivos para *T. cruzi* en la zona rural y urbana del municipio de La Mesa – Cundinamarca.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio descriptivo transversal con muestras de caninos, aplicando técnicas serológicas para detección de anticuerpos para *T. cruzi*, para el último y primer periodo del año 2015 y 2016 respectivamente, estimando la frecuencia de seropositividad para la zona rural y urbana en un municipio del departamento de Cundinamarca en Colombia.

Resultados. Para un total de 260 muestras analizadas, se determinó la frecuencia de anticuerpos para *T. cruzi* en caninos del municipio de La Mesa - Cundinamarca es del 28% en el área muestreada. La zona con mayor frecuencia de seropositividad es la zona rural del municipio con un porcentaje del 25% de muestras positivas. Solo el 7% de los extendidos sanguíneos observados por microscopía fueron positivos con tripomastigotes compatibles con *Trypanosoma spp.*

Conclusiones. En el área total de muestreo la frecuencia es del 21% lo que indica una probabilidad del aumento de casos en humanos puesto que los perros son los reservorios más cercanos.

232. Estandarización de un elona para la detección de la proteína rop18 de *Toxoplasma gondii* en suero de individuos con toxoplasmosis

Vargas M, Cardona N, Moncada D, Murillo M, Carmona M, Hernández A, Gómez J.
Universidad del Quindío. mvargasm@uqvirtual.edu.co

Introducción. La proteína ROP18 es un factor de virulencia que contribuye con el fenotipo virulento de *Toxoplasma gondii*. Hasta el momento no se ha identificado esta proteína en suero de personas con toxoplasmosis. El objetivo fue estandarizar un ELONA (ensayo de oligonucleótidos ligado a enzimas) para la detección de ROP18 en sueros humanos con toxoplasmosis aguda.

Materiales y métodos. Se realizó un ELONA directo usando los aptámeros de ADN 2039 y 2056 anti-ROP18. Se estandarizaron las condiciones: incubación de antígeno, buffer de lavado, solución de bloqueo, concentración de aptámero y dilución de estreptavidina. Como control positivo se incluyó antígeno total de *T. gondii* RH y la proteína recombinante ROP18. Como controles negativos se usaron lisados totales de diferentes tipos celulares. Se evaluaron 5 muestras de suero de individuos con toxoplasmosis aguda y 5 seronegativos. Además se evaluó la afinidad de los aptámeros a la proteína ROP18 a través de acoplamiento molecular en el software AutoDock-Vina.

Resultados. Las condiciones óptimas del ELONA incluyeron incubación del antígeno durante la noche a 4°C, buffer de lavado con PBS-Tween20, albúmina sérica bovina al 1% como bloqueo, concentración de aptámero 300 nM y una dilución de estreptavidina 1:10.000. Ambos aptámeros permitieron la detección de ROP18 en muestras de suero de pacientes con toxoplasmosis aguda. El acoplamiento molecular indicó que los aptámeros 2039 y 2056 presentaron afinidades de -9,1 y -8,8 kcal/mol respectivamente para la proteína ROP18.

Conclusiones. Se estandarizaron las condiciones de un ELONA directo que permitieron la detección de la proteína ROP18 en sueros de personas con toxoplasmosis aguda.

233. Identificación de especies de *Leishmania spp.* en el departamento de Córdoba mediante PCR-RFLP.

Ricardo D, Tovar C.
Universidad del Sinú. dinaricardoc@unisinu.edu.co

Introducción. En el departamento de Córdoba la leishmaniasis es endémica en su forma cutánea y visceral. El objetivo de este estudio fue identificar las especies de *Leishmania* circulantes en el departamento de Córdoba mediante PCR-RFLP.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal, en 15 pacientes con diagnóstico de leishmaniasis cutánea. De cada lesión se tomaron dos muestras mediante aspirado con jeringa de insulina, una de las muestras fue cultivada en medio Novy Nicoll McNeal (NNN) y la otra se procesó por PCR para la identificación de género y especie utilizando kDNA, ITS y HSP70 como marcadores moleculares. Las cepas aisladas por cultivo fueron procesadas por PCR-RFLP utilizando el marcador HSP70 para la identificación de especie, utilizando para la restricción las enzimas HaeIII y BclI.

Resultados. Participaron 15 individuos de sexo masculino con edades entre los 21 y 34 años, el 80 % de los pacientes presentaban lesiones en miembros superiores, con un tiempo de evoluciones de 15 días a 3 meses. La recuperación de los parásitos de *Leishmania* a partir de los cultivos en medio NNN fue del 40% equivalente a 6 cepas. De las 6 cepas aisladas 3 fueron identificadas como *Leishmania panamensis* y las restantes como *Leishmania guyanensis*. Las muestras directas procesadas por PCR solo amplificaron para el gen kDNA.

Conclusiones. La identificación de especie se realizó de las cepas obtenidas por cultivo, debido a que no fue posible a partir de muestras directas.

234. Identificación y descripción *in silico* de proteínas adhesinas de *Cryptosporidium hominis*, *Eimeria tenella*, *Sarcocystis neurona* y *Hammondia hammondi* utilizando ApiPredictor UniQE V2.0.

Arenas J, Moncada D, Gómez J, Arenas A, Villegas S, González K.
Universidad del Quindío. jcarenasg@uqvirtual.edu.co

Introducción. *Cryptosporidium hominis*, *Eimeria tenella*, *Sarcocystis neurona* y *Hammondia hammondi* son coccidios importantes en salud humana y

veterinaria. Las proteínas adhesinas permiten la adhesión a las células hospedadoras, constituyendo el paso inicial del proceso de infección, papel que las califica como candidatas vacunales y de inhibición para detener la infección en la etapa inicial. Nuestro objetivo fue identificar y describir *in silico* las adhesinas de éstos coccidios utilizando la máquina de aprendizaje ApiPredictor- UniQE-V2.0.

Materiales y métodos. Las secuencias de aminoácidos fueron obtenidas de la base de datos EuPathDB, y se predijo la función adhesina mediante la máquina de aprendizaje ApiPredictor- UniQE-V2.0. Se identificaron regiones funcionales en el instrumento NCBI-CDD, y se describieron las arquitecturas de dominios conservadas interespecie e intraespecie mediante el instrumento NCBI-CDART.

Resultados. Se encontraron 574 adhesinas: 137 para *C. hominis*, 190 para *E. tenella*, 166 para *H. hammondi* y 81 para *S. neurona*. Nuevas moléculas inhibitorias interespecíficas pueden diseñarse para limitar la infección de estos coccidios porque se identificaron cuatro familias de dominios conservadas entre los cuatro coccidios: PAN_APPLE, EGF_CA, TSP_1, LamG. Se identificaron dos familias conservadas en *E. tenella*, *S. neurona* y *H. hammondi*: MAR_sialic_bdg, AMA-1. Se identificó una familia de dominio vWFA conservada en *E. tenella* y *H. hammondi*, y la familia de dominio RING conservada en *E. tenella* y *S. neurona*.

Conclusiones. Las 574 adhesinas identificadas comparten características fisicoquímicas, aminoácidos comunes y dominios con las adhesinas experimentalmente conocidas de *Toxoplasma gondii* y *Neospora caninum*, demostrando ser candidatos vacunales y de inhibición en parásitos coccidios de importancia en salud humana y veterinaria. Financiado por Colciencias código 111356933664- Contrato 475 de 2013.

235. Optimización y validación del método de ultrafiltración tangencial para la identificación molecular de *Leptospira spp.* en aguas de consumo humano.

Bermúdez J, Gómez S, Castañeda S, Martínez N, Martínez A, Acero L, Peláez D, Vargas H,
Secretaría Distrital De Salud de Bogotá. Instituto nacional de Salud.
jdbermudez@unicolmayor.edu.co

Introducción. El laboratorio de referencia de la Secretaría de Salud de Bogotá es el encargado de garantizar la inocuidad del agua destinada al consumo humano a través del análisis del índice de riesgo de la calidad del agua. Sin embargo no se cuenta con un método que permita la identificación de *Leptospira spp.* en aguas de consumo. El objetivo del proyecto fue optimizar y validar el método de ultrafiltración tangencial para la identificación molecular de *Leptospira spp.* en aguas de consumo humano.

Materiales y métodos. Es un estudio descriptivo-punto de prevalencia, fue realizado en la Secretaría Distrital de Salud durante Septiembre de 2015 a Junio de 2016. En la fase uno se optimizó el método de ultrafiltración tangencial para la identificación de *Leptospira spp.* en aguas. Luego en la fase de validación los filtros obtenidos a partir de las 9 muestras ultrafiltradas se sumergieron en PBS, se hizo un raspado el cual fue centrifugado, se realizó extracción de ADN y se amplificó por PCR convencional. Adicional a esto se determinó la sensibilidad y especificidad de la técnica.

Resultados. La técnica de PCR demostró una alta sensibilidad y especificidad. Del 100% de las muestras analizadas (n=9) se evidenció que el 66,7% (n=6/9) fueron negativas para *Leptospira spp.* y el 33,3% (n=3/9) positivas. Del 100% de las muestra positivas para *Leptospira* el 33.3% (n=1/3) arrojó un resultado positivo para *Leptospira patógena*.

Conclusiones. Se validó una metodología que permitirá para la recuperación de *Leptospira spp.* en aguas de consumo, que contribuirá al mejoramiento de la vigilancia sanitaria en el Distrito.

236. Descripción de la infestación por mosquitos (*Diptera: Culicidae*) en la región de la alta Guajira.

Díaz F, Galvis F, Sanabria O, Parada H, Castro M, Díaz R, Martínez R.
Universidade de Sao Paulo. Organización Latinoamericana para el Fomento de la Investigación en Salud. Universidad de La Guajira. Universidad de Santander. frediazq@msn.com

Introducción. Los estudios entomológicos son básicos en la vigilancia epidemiológica de enfermedades de transmisión vectorial. Objetivo: Investigar la infestación por inmaduros de culicídeos en los municipios de la alta Guajira.

Materiales y métodos. Dos levantamientos entomológicos fueron realiza-

dos en noviembre (2015) y marzo (2016) en los municipios de la alta Guajira. Las muestras fueron colectadas en viviendas seleccionadas mediante muestreo probabilístico, totalizando 438 domicilios.

Resultados. En Uribia, de 126 domicilios evaluados, 31 estaban infestados en el primer levantamiento siendo colectadas 148 larvas: 96,6% de *Ae. aegypti* y 3,4% *Culex nigripalpus*. En el segundo levantamiento, 7 viviendas fueron positivas siendo colectadas 15 larvas de *Ae. aegypti*, una de *Ae. serratus* y una de *Cu. fatigans*. En Maicao, de 123 casas evaluadas, 56 y 7 casas presentaron infestación en el primer (*Ae. aegypti*=253, *Cu. nigripalpus*=4) y segundo levantamiento, respectivamente. En Manaure fueron visitadas 127 viviendas, de las cuales 40 presentaron infestación en noviembre siendo colectadas 217 larvas (215 *Ae. aegypti*, 2 *Cu. quinquefasciatus*, 3 *Cu. nigripalpus*), mientras que en marzo fueron 12 viviendas positivas obteniéndose 33 larvas de *Ae. aegypti*. En Albania fueron evaluadas 62 casas de las cuales 19 fueron positivas en el primer levantamiento (100 larvas de *Ae. aegypti*) y 11 en el segundo (27 larvas *Ae. aegypti*).

Conclusiones. Se evidencia la dominancia de *Ae. Aegypti* entre las especies que infestan esta región del Caribe Colombiano, implicando un elevado riesgo de transmisión de arbovirosis. Financiación: Proyecto financiado por el departamento de La Guajira en convenio con OLFIS. Convenio 019 del 2014.

237. Estandarización de un método para la recuperación de quistes de *Giardia sp.* a partir de muestras vegetales (repollo y lechuga)

Hernández N, Muñoz G, Lora F, Gómez J.
Universidad del Quindío. nataliahernandez1494@gmail.com

Introducción. La industria alimentaria es cada vez más consciente de la posibilidad de contaminación de los productos alimenticios con protozoos parásitos. Los vegetales frescos, en particular, son un vehículo potencial de transmisión, ya que se consumen con un mínimo de preparación. Se propone estandarizar un método de recuperación para formas quísticas de *Giardia sp.* a partir de productos de ensaladas (lechuga y repollo).

Materiales y métodos. Se evaluaron diferentes métodos (glicina 1 M, solución de lavado, detergentes, solución salina 0,9%) para la recuperación de quistes de *Giardia sp.* inoculados por triplicado (10 quistes), en muestras de 35 g de lechuga y repollo. Post inoculación se realizó la visualización de los quistes recuperados mediante microscopía óptica con lugol 1% en fresco.

Resultados. El método mediante el cual se obtuvo un mayor porcentaje de recuperación para las muestras de lechuga con glicina 1 M ($40 \pm 15,1$). Por su parte, el método con mayor porcentaje de recuperación para las muestras de repollo fue el de solución de lavado ($35 \pm 14,1$). Con el fin de probar las propiedades del método en muestras de repollo, éste se replicó mediante diferentes diluciones (10, 50 y 100 quistes).

Conclusiones. Se logró estandarizar un método de recuperación efectivo para quistes de *Giardia* en muestras de subproductos de ensaladas. Se propone éste método de detección para el seguimiento de productos alimenticios; el cual contribuirá a la prevención de los brotes de enfermedades parasitarias asociadas con alimentos contaminados. Financiado Colciencias proyecto código No. 111372553376.

238. Detección de protozoos en una planta de tratamiento de agua potable y eficacia de las medidas para su reducción.

Lora F, Triviño J, Gómez J.
Universidad del Quindío. fabisuarz6@hotmail.com

Introducción. La detección de los protozoarios en muestras de agua para consumo humano es de gran importancia con el fin de monitorear y prevenir las infecciones parasitarias adquiridas a través del agua. La EPA (Agencia de Protección Ambiental) de Estados Unidos, sugiere realizar evaluaciones periódicas a las fuentes de abastecimiento, los procesos de depuración en las plantas de tratamiento y la red de distribución por lo menos tres veces al año. Esto debe servir para la construcción de mapas de riesgos que permitan identificar las fuentes de infección.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio de detección de protozoos por inmunofluorescencia y métodos moleculares en una planta de tratamiento por un periodo de dos años. Se realizaron dos muestreos al año (de acuerdo a la precipitación de lluvias). En cada muestreo se realizó una evaluación de las posibles medidas a tomar según el punto crítico.

Resultados. De acuerdo con los resultados obtenidos en el estudio se logró disminuir el número de protozoos en un 33% para *Cryptosporidium* y en un 55% para *Giardia*, utilizando medidas como el cambio en el lavado de los tan-

ques con detergentes o con soluciones floculantes como carbonato de calcio y el lavado de los filtros utilizados en el proceso de filtración.

Conclusiones. Este estudio permite demostrar la necesidad de evaluar periódicamente las plantas con el fin de tomar medidas que reduzcan el riesgo de transmisión por agua de estos patógenos.

239. Detección de *Salmonella* y *E. coli* O157:H7 de muestras de alimentos del mercado de Sincelejo.

Mattar S, Aponte J, Contreras V, Contreras H, Barrera S, Arrieta G, Álvarez J, Gómezcaceres L, Algarín Y.
Universidad de Córdoba. Corporación Universitaria del Caribe; CECAR; Sincelejo; Sucre. mattarsalim@hotmail.com

Introducción. Las infecciones por *Salmonella* y *E.coli* O157 son enfermedades zoonóticas, que contaminan alimentos y son un problema de salud pública.

Materiales Y Métodos. Entre agosto del 2015 y mayo del 2016, se realizó un estudio descriptivo prospectivo, para detectar *Salmonella* spp., y *E. coli* O157:H7, de alimentos cárnicos y lácteos del mercado de Sincelejo. Las muestras se cultivaron en medios de cultivo convencionales para *Salmonella* y *E. coli* O157 y fueron identificados por pruebas serológicas y bioquímicas siguiendo protocolos de la FDA, de EEUU. A los aislados de *Salmonella* se les realizó PCR convencional para la detección del gen *invA*, usando los iniciadores 139 (5'-GTGAAATTATCGCCACGTTCCGGCAA-3') y 141 (5'-TCATCGCACCGTCAAAGGAACC-3').

Resultados. Se analizaron 150 muestras de alimentos entre carnes molida, carne de res, y de cerdo, pollo crudo, pescado y queso. *Salmonella* spp fue aislada en 11/150 (7.3%) del total de muestras, 5 de los aislados 5/11 (45.45%) se detectaron de carne molida, 2/11 (18.18%) de carne de cerdo y 1/11 (9.09%) en pollo crudo, pescado, queso y carne de res. El gen *invA* se detectó en 9/11 (82%) de los aislados. Se aislaron 3/150 (2%) cepas de *E. coli* O157:H7, 2/3 (66.7%) de pescado y 1/3 (33.3%) en carne molida.

Conclusiones. Existe un riesgo de infección por *Salmonella* spp. y *Escherichia coli* O157:H7 en carnes y derivados lácteos del mercado de Sincelejo. El aislamiento de *E. coli* O157 en pescados fue un hallazgo inusual.

240. Validación de una PCR dúplex para la detección de *Ehrlichia* spp. y *Rickettsia* spp. en ADN extraído de garrapatas

Pérez J, Montoya C, Arroyave E, Paternina L, Rodas J.
Universidad de Antioquia. juan.Pérez555@hotmail.com

Introducción. *Ehrlichia* spp. y *Rickettsia* spp. son bacterias gram negativas intracelulares obligadas que son transmitidas a los vertebrados por medio de garrapatas, causando respectivamente ehrlichiosis y rickettsiosis. El objetivo de este trabajo es validar analíticamente una PCR dúplex para detectar bacterias del género *Ehrlichia* y *Rickettsia* en ADN extraído de garrapatas.

Materiales y métodos. El tipo de estudio fue experimental – validación analítica. La validación conto con los ensayos de límite de detección, repetibilidad y reproducibilidad, robustez, e inclusividad y exclusividad relativas. Se usaron como controles positivos para las pruebas in vitro *Rickettsia sp.* *Atlantic rainfores* y *Ehrlichia canis*, y como control negativo agua libre de DNAs.

Resultados. El límite de detección fue de 100 copias de gen/ 50 µL de reacción. La reproducibilidad de la prueba fue de 96,67% para ambos agentes. La prueba fue robusta a los diferentes cambios de concentración de los reactivos con excepción de la DNA polimerasa. Los cebadores de la prueba solo amplifican in silico, los agentes bacterianos para las que fueron diseñados, con excepción de los cebadores de *Rickettsia* que también amplifica *Methylocystis sp.*

Conclusiones. La técnica validada analíticamente es una adecuada opción para detectar simultáneamente ambos géneros bacterianos y es una candidata para una validación diagnóstica posterior.

241. Vigilancia de agentes etiológicos en el síndrome febril agudo y detección de *Rickettsia sp.* cepa colombianensi en garrapatas *Amblyomma sp.* en el departamento del Meta, Colombia 2013-2014.

Sánchez L, Mattar S, Rodríguez I, Contreras V.
Universidad Cooperativa de Colombia, Sede Villavicencio. Instituto de investigaciones Biológicas del Trópico; Universidad de Córdoba. Instituto de Medicina Tropical "Pedro Kouri" La Habana, Cuba. lilitana1823@gmail.com

Introducción. Las rickettsiosis, hantaviriosis, Leptospirosis y Dengue son enfermedades cuya sintomatología inespecífica inicial dificulta el diagnóstico en humanos, constituyendo un problema de salud pública. El objetivo de este estudio fue realizar una vigilancia de etiología del síndrome febril agudo en pacientes del departamento del Meta y detectar *Rickettsia sp.* en garrapatas de la zona.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio prospectivo de corte transversal en pacientes pediátricos y adultos con síndrome febril agudo que ingresaron al Hospital Departamental de Villavicencio entre 2013 y 2014 y cumplirían con los criterios de inclusión de síndrome febril. Se analizaron muestras de suero pareadas por serología para detectar anticuerpos contra Dengue, hantavirus, *Leptospira* y *Rickettsia*. Se recolectaron garrapatas de animales domésticos y de ambiente de áreas rurales del Meta y fueron analizadas por PCR para detectar especies de *Rickettsia sp.*

Resultados. De 100 pacientes con síndrome febril estudiados, el 44% fue diagnosticado con Dengue, un 3% presentó infección por hantavirus y un 1% en rickettsiosis. A la fecha, 18 de 36 muestras (42%) presentaron seroconversión a *Leptospira*. Dos grupos (n=169) de larvas y ninfas de *Amblyomma sp.* de los municipios de Villavicencio y Puerto López presentaron secuencias nucleotídicas 99% idénticas a *Rickettsia sp.* cepa colombianensi.

Conclusiones. El Dengue destacó como la principal causa de síndromes febriles agudos, seguido de *Leptospira*. Sin embargo se demostró por primera vez la circulación de hantavirus y *Rickettsia* en el departamento del Meta.

MICROBIOLOGÍA

242. Frecuencia de histoplasmosis, neumocistosis, criptococosis y paracoccidiodomicosis, en pacientes con sospecha clínica de infección fúngica invasora (IFI) en Colombia; concordancia entre métodos de diagnóstico convencionales vs moleculares.

Gaviria M, Rivera V, Muñoz C, Rodríguez L, Cano L, Naranjo T.
Universidad Pontificia Bolivariana. Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Universidad de Antioquia. tonny.naranjo@upb.edu.co

Introducción. En nuestro país las infecciones fúngicas invasoras son pobremente diagnosticadas debido a las limitaciones en las técnicas de diagnóstico utilizadas en los laboratorios, así como a la baja sospecha clínica del personal médico; un agravante de esta situación es el aumento de estas infecciones debido al creciente número de pacientes inmunosuprimidos susceptibles de padecerlas. En Colombia no se conoce la frecuencia de infecciones tales como histoplasmosis, neumocistosis, criptococosis y paracoccidiodomicosis, es así entonces que el presente estudio multicéntrico pretendió determinar la frecuencia de estas micosis en pacientes con sospecha de IFI.

Materiales y métodos. Una primera fase consistió en la captación del paciente por parte del personal médico y la realización de pruebas microbiológicas convencionales en los laboratorios de las instituciones participantes. En la segunda fase se realizó un diagnóstico molecular, mediante la realización de PCR anidadas específicas para *Histoplasma capsulatum*, *Pneumocystis jirovecii*, el complejo *Cryptococcus neoformans/Cryptococcus gattii* y *Paracoccidiodomicosis brasiliensis*. La frecuencia se determinó teniendo en cuenta los resultados obtenidos tanto por métodos microbiológicos como moleculares.

Resultados. Se obtuvo una frecuencia del 7,8% para neumocistosis, 3,4% para criptococosis, 3,1% para histoplasmosis y 0,4% para paracoccidiodomicosis. Al tener en cuenta solo los pacientes inmunocomprometidos estas frecuencias aumentan al 11,1%; 6,2%; 5,8% para neumocistosis, criptococosis e histoplasmosis, respectivamente.

Conclusiones. Este estudio presenta información relevante sobre la situación actual del diagnóstico de estas micosis en nuestro país, además muestra la importancia de la implementación de técnicas moleculares como herramientas de diagnóstico. Financiación: Proyecto Colciencias: 221351928916.

243. Importancia clínica del sistema Bactec FX®: comparación entre la medición manual del volumen de sangre y la automatizada.

Montaño A, Maldonado N, Arroyave B, Robledo C, Robledo J,
Laboratorio Médico Referencia - Grupo GERMEN. Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Escuela de Ciencias de la Salud; Universidad Pontificia Bolivariana. aleyda.montano@gmail.com

Introducción. El volumen de sangre es una variable importante que afecta la detección de microorganismos en sangre. Objetivo: Comparar la medición

del volumen de sangre analizado por botella de hemocultivo mediante el sistema Bactec FX® y el sistema manual de medición utilizado por el laboratorio y la relación de éste con resultados positivos.

Materiales y métodos. Estudio analítico retrospectivo realizado entre octubre del 2014 y marzo del 2015 en el Laboratorio Médico de Referencia. Se estableció y comparó el promedio de hemocultivos aerobios y anaerobios de adultos y el volumen por botella, tanto por registro manual, como el generado por el sistema BACTEC FX® y la relación entre el volumen de sangre y un resultado positivo para aislamiento de bacterias.

Resultados. El volumen de sangre de 2018 botellas de hemocultivos fue monitoreado de forma automatizada y 1681 de forma manual; de estas últimas 86,07% presentaron un volumen de 10 mL y de este total el 10,71% tuvieron un aislamiento positivo, existiendo una asociación significativa entre el mayor volumen de muestra de las botellas con los resultados positivos (p<0,05). La medición del volumen promedio a través del método automatizado fue de 6,59(±0,59) y de 9,53(±0,25) mediante el método manual, existiendo una diferencia significativa entre los volúmenes medidos por ambos métodos (p<0,05).

Conclusiones. No es clara la utilidad de la medición de los volúmenes de sangre ofrecido por el sistema BACTEC FX® limitando su aplicación y utilidad clínica. La utilización de volúmenes adecuados (8-10mL) de sangre aumenta de manera significativa el aislamiento de microorganismos a partir de hemocultivos.

244. Comparación del MALDI-TOF-MS y los métodos convencionales de identificación bioquímica Vitek2 y MicroScan para la identificación de bacterias y levaduras en la Fundación Valle del Lili (FVL).

Toala A, Guarín N, Castañeda C.
Clínica Valle del Lili. atolar2@hotmail.com

Introducción. Los métodos rápidos y fiables para la identificación de microorganismos son esenciales para el tratamiento de infecciones. El objetivo del estudio es medir la concordancia entre Vitek® MS y los sistemas Vitek® 2 y MicroScan Walk-Away® en la identificación de microorganismos en la Fundación Valle del Lili.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio de concordancia. A un total 939 aislamientos de bacterias y hongos procesados entre julio y diciembre de 2014, provenientes de muestras clínicas se les realizó identificación fenotípica a través de Vitek® 2 (bioMérieux) y MicroScan Walk-Away® (Siemens), e identificación proteómica utilizando Vitek® MS 1.42 B (bioMérieux). Algunas de las discrepancias entre los sistemas se confirmaron con secuenciación de rRNA 16S. Se realizó estadística descriptiva y la concordancia se realizó a través del kappa de cohen, se realizaron análisis por los grupos taxonómicos enterobacterias, bacilos Gram negativos no fermentadores, *Staphylococcus*, *Streptococcus*, levaduras y otros (cocos Gram negativos, anaerobios y bacilos Gram positivos).

Resultados. Se identificaron 931 (99,1%) aislamientos por Vitek® 2 y MicroScan® y 937 (99,7%) por Vitek MS. La concordancia entre ambos fue de 99,53% siendo de 95,2% en enterobacterias y de 88,24% en el grupo "otros". Según la confirmación de las discrepancias, los métodos convencionales tuvieron 11 errores menores y 8 errores mayores, mientras que Vitek® MS tuvo 4 errores menores y 3 mayores.

Conclusiones. El Vitek® MS es un método rápido y preciso para identificar microorganismos de interés clínico que puede utilizarse de rutina diaria del laboratorio y que no requiere procesos complejos y largos.

VIROLOGÍA

245. Predicción de estructuras secundarias de las proteínas NS5A del Pegivirus humano y el Virus de la Hepatitis C.

Arroyave J, Velásquez E, Cortés-Mancera F, Pedroza J.
Grupo GPB. Facultad de Ciencias Exactas y Aplicadas. Instituto Tecnológico Metropolitano (ITM). johanaarroyave@itm.edu.co

Introducción. El Virus de la hepatitis C (HCV) y el Pegivirus humano (HPgV; también llamado GBV-C o HGV) pertenecen a la familia Flaviviridae y están estrechamente relacionados; aunque se sabe que el HCV es un virus con potencial oncogénico en parte a través de la proteína NS5A, se desconoce la capacidad patogénica del HPgV y el grado de homología de estructural entre las proteínas NS5A de ambos virus, lo cual es analizado en este estudio.

Materiales y métodos. Para la predicción de las estructuras secundarias se generó una base de datos con secuencias del segmento NS5A de diferentes

genotipos del HCV y HPgV disponibles en GenBank, las cuales fueron alineadas y editadas en el software MEGA 7.0 para obtener el segmento que codifica para NS5A. A partir de la secuencia de aminoácidos, se realizó la predicción de la estructura secundaria de las proteínas en PSIPRED y APSSP2 y la búsqueda de motivos de unión en RaptorX.

Resultados. Al comparar la predicción de estructuras secundarias de las proteínas NS5A de los virus HCV y HPgV realizada con los diferentes programas, se encontraron motivos estructurales conservados como el alfa-hélice en la región N-terminal y el motivo de zinc en el dominio I. Otros motivos estructurales no reportados fueron predichos en el dominio II y III en la proteína NS5A del HPgV.

Conclusiones. Los análisis de predicción sugieren homología estructural entre las proteínas NS5A de los virus HCV y HPgV que podría estar asociada a la existencia de funciones conservadas. Financiación Instituto Tecnológico Metropolitano Grant P14225.

246. Estudio de una cohorte de gestantes infectadas por el virus Zika en Corozal y Sincelejo (Sucre), no todos los embarazos conducen a afectaciones neurológicas en los neonatos.

Mattar S, Méndez N, Oviedo M, Ojeda C, Arboleda J, Arrieta G, Bosch I, Gehrke L, Botia I, Menco R, Alvis N, Pérez C, Montero G.
Universidad de Córdoba. Clínica Salud Social; Sincelejo. Corporación Universitaria del Caribe; CECAR; Sincelejo. MIT; Boston; USA. Universidad de Cartagena. Clínica Casa del niño; Montería. Clínica Crecer; Cartagena. mattarsalim@hotmail.com

Introducción. El Zika es un virus neuroinvasivo que durante el embarazo puede causar microcefalia, anomalías oculares, pérdidas auditivas y trastornos del crecimiento. No se sabe la verdadera tasa de ataque del virus en las gestantes. El estudio estableció una vigilancia epidemiológica en mujeres gestantes presumiblemente infectadas por el virus Zika durante el embarazo en Corozal y Sincelejo.

Materiales y métodos. En 2016 se inició un estudio de una cohorte de 31 mujeres que vivían en zonas endémicas de Zika y que describieron síntomas compatibles de infección por el virus Zika durante la gestación. El diagnóstico fue realizado por RT-PCR en el INS.

Resultados. Las 31 gestantes tuvieron una media de 25,8 años, rango 15-41. La infección por Zika en las gestantes sucedió así: 13/31 (42%) primer trimestre, 16/31 (52%) segundo trimestre y 2/31 (6%) tercer trimestre. 74,2% (23/31) fueron casos sospechosos por clínica, 19,3% (6/31) positivos por qRT-PCR y 6,4% (2/31) negativos por qRT-PCR ZIKV. El 90,3% (28/31) de las embarazadas (incluyendo PCR positivas y negativas) tuvieron sus bebés normales sin signos de microcefalia u otras afectaciones.

Conclusiones. Los efectos adversos del Zika en neonatos provenientes de madres infectadas, no siempre se evidencian. El 52% de las gestantes se infectó en el 2 trimestre del embarazo, lo que podría explicar que en ninguno de los casos se observaron anomalías del SNC. Se requieren estudios con un mayor número de gestantes y grupos controles para establecer la verdadera frecuencia de asociación de infección y malformaciones debidas a la infección por el virus Zika.

247. Evaluación de cinco protocolos de PCR en tiempo real para la detección del segmento NS5A de Pegivirus humano.

Cortés-Mancera F, Arroyave J.
Facultad de Ciencias Exactas y Aplicadas. Grupo GI2B. Instituto Tecnológico Metropolitano (ITM). fabiancortesm@gmail.com

Introducción. El Pegivirus humano (HPgV) o Virus GB tipo C pertenece a la familia Flaviviridae, el cual causa una infección persistente en humanos con una estimación de 750 millones de infectados globalmente, sin embargo su asociación con el desarrollo de enfermedad no ha sido completamente esclarecida, por lo que es importante realizar estudios que permitan desarrollar pruebas moleculares sensibles para su detección.

Materiales y métodos. Diferentes sets de primers fueron diseñados a partir de regiones conservadas en el segmento NS5A de secuencias de HPgV disponibles en GenBank. Luego de la evaluación bioinformática, cinco combinaciones de primers fueron seleccionadas para la implementación de los ensayos de PCR en tiempo real (qPCR) usando el kit QuantiTect SYBR GREEN (QIAGEN). Con el fin de evaluar el desempeño de los protocolos se generó y cuantificó un plásmido que incluía el segmento completo de la región NS5A a partir de un aislado previamente caracterizado en Colombia (pJET-NS5A).

Resultados. Para la implementación inicial, ARN total de una muestra previamente positiva para el HPgV fue utilizado. Aunque se usó la misma concentración de ADN complementario, se observaron diferencias en ciclo de detección de NS5A según el protocolo utilizado. Al analizar las curvas de melting, se encontraron picos inespecíficos en dos de los protocolos, los cuales fueron confirmados mediante electroforesis. El límite de detección de los tres protocolos restantes fue estudiado con diluciones seriadas del constructo pJET-NS5A.

Conclusiones. Estos análisis permitieron estandarizar tres protocolos altamente sensibles para la detección del HPgV en muestras de suero. Financiación Instituto Tecnológico Metropolitano Grant/P14225.

248. Producción científica en Oropouche: implicaciones en el contexto de la vigilancia de arbovirosis emergentes en América Latina.

Rodríguez-Morales, Cardona-Ospina J, Patiño-Barbosa A, Culquichicon-Sánchez C.
GISPEI - Universidad Tecnológica de Pereira. Facultad de Ciencias de la Salud; Universidad Nacional de Piura; Piura; Perú. aRodriguezm@utp.edu.co

Introducción. La infección por virus Oropouche (OROV) es una condición emergente en Latinoamérica, descrita en Trinidad y Tobago, Brasil, Perú, Ecuador, Venezuela, Panamá, donde se han presentado >30 brotes. Empero, ha sido muy poco investigada. Es importante caracterizar la producción científica en dicha arbovirosis especialmente en el contexto de la vigilancia de enfermedades emergentes.

Materiales y métodos. Estudio bibliométrico en 3 bases de datos: PubMed, Scopus y Science Citation Index, caracterizando la producción científica en OROV en la región. Se determinó la cantidad, calidad (número de citas) y tipos de estudios elaborados por cada país, caracterizándolos por años, cooperación internacional, ciudad e institución de origen de la publicación, revista de publicación y autores (con su H-index) y grupos con mayor contribución.

Resultados. En Medline (N=83) la mayor producción científica la aportó Brasil (36[43%]), luego EUA (15[18%]) y Perú (5[6%]). En Scopus (N=97), Brasil (53[55%]), luego EUA (27[28%]) y Perú (11[11%]). Los países con mayor H index: Brasil (H-index=12, 431 citas), EUA (H-index=10, 339 citas) y Perú (H-index=9, 234 citas). La Universidade de Sao Paulo fue la que más artículos aportó (23). Siendo LTM-Figueiredo el autor con mayor número de contribuciones (12). En ScienceCitationIndex (N=80), también Brasil ocupó el 1° lugar (49[61%]), luego EUA (28[35%]) y Perú (12[15%]).

Conclusiones. OROV se ha convertido en la Amazonía brasilera en la segunda arbovirosis después del Dengue. Su amplia presencia en países de la región aunada a su diversidad genética (3 genotipos) genera preocupación. Este estudio bibliométrico refleja un número relativamente bajo de publicaciones, lo cual debería incrementarse en la región.

249. Índices de infestación de *Aedes aegypti* en 11 municipios del Caribe colombiano y su relación con la tasa de arbovirosis notificada al sistema de vigilancia en 2015.

Díaz F, Galvis F, Vesga A, Castro M, Bracho Y, Díaz R, Martínez R, Universidade de Sao Paulo.
Organización Latinoamericana para el Fomento de la Investigación en Salud. Universidad de Santander. frediazq@msn.com

Introducción. Los índices entomológicos son frecuentemente utilizados para definir el riesgo de transmisión de arbovirosis. Objetivo: estimar los índices aélicos y analizar su relación con los casos sospechosos de arbovirosis notificados al sistema de vigilancia, en once municipios del Caribe colombiano.

Materiales y métodos. Se realizó una encuesta entomológica entre noviembre y diciembre de 2015. Para cada uno de los municipios se obtuvo el índice de Breteau (IB), de vivienda (IV) y de recipiente (IR). Estos indicadores fueron estandarizados para analizar su asociación con las tasas de arbovirosis notificadas durante el año 2015. Usando la regresión de Poisson fueron calculadas las razones de tasas (RT) con sus intervalos de confianza 95% (IC95%).

Resultados. De 1043 viviendas incluidas, 323 (31%) estaban infestadas con larvas o pupas de *Aedes aegypti*. El IB osciló entre 6,8 y 77,4; el IV entre 7,8 y 59,6; y, el IR entre 0,39 y 4,4. En los municipios incluidos, fueron notificados 4882 casos de Chikungunya, 1237 casos de Dengue y 79 casos de Zika. El IB se asoció con la tasa de Chikungunya (RT: 1,35; IC95%: 1,3-1,4). Esta asociación se extendió al conteo total de arbovirosis (RT: 1,12; IC95%: 1,07-1,16). No se observaron otras asociaciones positivas entre los índices y las tasas de arbovirosis.

Conclusiones. Se documentaron niveles elevados de infestación en una región con cocirculación de arbovirus. Adicionalmente, el IB estuvo asociado con los casos notificados de Chikungunya, virosis que causó una epidemia en 2015. Financiamiento: Departamento de La Guajira en convenio con OLFIS. Convenio 019 de 2014.

250. Análisis bibliométrico de producción en Usutu: implicaciones en salud pública y Medicina del Viajero en América Latina

Rodríguez-Morales A, Sabogal-Roman J, Patiño-Barbosa A, Cardona-Ospina J, Thahir-Silva S, Villamil-Gómez W.

GISPEI - Universidad Tecnológica de Pereira. Infectious Diseases Research Group; Hospital Universitario de Sincelajo; Sincelajo; Sucre; Colombia. aRodriguezm@utp.edu.co

Introducción. La infección por virus Usutu (USUV) es una condición emergente en Europa (múltiples países, incluido España) proveniente de África, con riesgo de seguir expandiéndose. Empero, ha sido muy poco investigada. Es importante caracterizar la producción científica en dicha arbovirosis especialmente en el contexto de la vigilancia de enfermedades emergentes.

Materiales y métodos. Estudio bibliométrico en 3 bases de datos: PubMed, Scopus y GoogleScholar, caracterizando la producción científica en USUV. Se determinó la cantidad, calidad (número de citaciones) y tipos de estudios elaborados por cada país, caracterizándolos por años, cooperación internacional, ciudad e institución de origen de la publicación, revista de publicación y autores (con su H-index) y grupos con mayor contribución.

Resultados. En Medline (N=145) la mayor producción científica la aportó Italia (43[30%]), luego Austria (38[26%]) y España (31[21%]). En Scopus (N=200), Italia (43[22%]), luego Austria (34[17%]) y España (29[15%]). Los países con mayor H index: Austria (H-index=16, 333 citas), Italia (H-index=16, 276 citas) y España (H-index=12, 268 citas). La Veterinarmedizinische Universitat Wien fue la que más artículos aportó (27). Siendo N-Nowotny el autor con mayor número de contribuciones (25). En GoogleScholar (N=224), Austria ocupó el 1° lugar (24[11%]), luego Italia (22[10%]) y Alemania (14[6%]).

Conclusiones. USUV es una arbovirosis no solo transmitida por especies de Aedes, también de Culex, lo cual tiene múltiples implicaciones y el riesgo de llegada y transmisión autóctona en Latinoamérica. Empero, este estudio bibliométrico refleja un número relativamente bajo de publicaciones, lo cual debería incrementarse.

251. Dermatological compromise of Chikungunya virus in children: a systematic review and meta-analysis of observational studies.

Ramírez-Jaramillo V, Rico-Gallego J, Bedoya-Arias J, Montoya-Arias C, Quintero-Herrera L, Ponce-Bravo L, Rodríguez-Morales A.

GISPEI - Universidad Tecnológica de Pereira. Hospital Universitario San Jorge; Risaralda; Colombia. arodriguez@utp.edu.co

Introducción. There is high variability of proportion of pediatric patients that would develop dermatologic manifestations of Chikungunya infection. Recently, systematic reviews of literature and meta-analysis of observational studies have highlighted to provide relevant information regard the expect prevalence of disease occurrence and Clinical manifestations.

Materiales y métodos. We conducted a systemic review of the literature in two databases (PubMed and Scopus) in order to identify studies assessing the proportion of pediatric patients that present dermatologic manifestations during Chikungunya virus infection. We performed a random-effects model meta-analysis to calculate the pooled prevalence and 95% CI. Measures of heterogeneity, including Cochran's Q statistic, the I2 index, and the tau-squared test, were estimated and reported.

Resultados. Up to October 12, 2015, our literature search yielded 122 citations. The pooled prevalence of pediatric dermatologic manifestations in nine selected studies among 498 patients was 72.6% IC95%, (45.0–100.0%).

Conclusiones. According with our results in the most conservative scenario about 72% of CHIK cases would develop cutaneous manifestations with varying severity that could compromise children life. In addition, further clinical studies would be of interest in order to carefully assess related variables in the context of this newly endemic arboviral disease in Latin America with stable transmission in 2016 and significant proportion of patients in childhood

252. Marcadores serológicos y estatus de vacunación para hepatitis B en 2 centros de atención Bogotá, Colombia.

Sánchez S, Prieto J, Prieto R, Rodríguez R.

Universidad Industrial de Santander. Clínica Universitaria Colombia. sasanchez21@hotmail.com

Introducción. En el mundo la infección por el virus de la hepatitis B es un problema de salud pública, más de 350 millones presentan infección crónica. Se carece de caracterización epidemiológica de la población con hepatitis B en Colombia. Se busca determinar el porcentaje de individuos infectados por el virus de la hepatitis B, así como el estado de vacunación y susceptibilidad por grupo de edad, para pacientes que asisten a una consulta especializada de hepatología.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo retrospectivo y observacional con revisión de historias clínicas de los pacientes con disponibilidad de marcadores para hepatitis B, que asistieron a consulta de hepatología en la Clínica Universitaria Colombia, y a un servicio de hepatología de uno de los autores entre 2010 y 2013.

Resultados. 947 historias clínicas analizadas con edad promedio de 54 años, el 66% mayor de 50 años. El 54,7% fueron mujeres y 45,3% hombres. En el 58% se logra un diagnóstico adecuado; no protegidos o susceptibles al virus B 67%, vacunados el 23%, hepatitis B crónica 3% y curados 7%. La positividad del antígeno de superficie muestra una prevalencia del 3,1%.

Conclusiones. La prevalencia del antígeno de superficie positivo en esta serie fue del 3,1%. La susceptibilidad a la adquisición de la infección es del 67% en el grupo general. El porcentaje de pacientes vacunados menores de 30 años en nuestra serie fue del 56%. Dicho porcentaje disminuye a mayor edad de los pacientes a la inversa de lo ocurrido con el porcentaje de pacientes no protegido.

253. Identificación de arbovirus circulantes y coinfecciones en una cohorte de pacientes con síndrome febril en el municipio de Villa del Rosario, Norte de Santander.

Carrillo M, Jaimes L, Gómez S, Ruiz J, Martínez M.

Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GRICA. Universidad Cooperativa de Colombia. ESE-Hospital Local Jorge Cristo Sahium; Villa del Rosario. Grupo de Investigación en manejo clínico- CLINIUIDES. Universidad de Santander. marlen. Martinezg@campusucc.edu.co

Introducción. El Virus del Chikungunya (CHIKV), Dengue(DENV) y Zika (ZIKV) son transmitidos por el mismo vector, lo que resulta en su co-circulación. El objetivo fue identificar las cepas circulantes y calcular la prevalencia de coinfecciones en el municipio Villa del Rosario.

Materiales y métodos. Posterior a firma del consentimiento informado, se realizó evaluación molecular a muestras de suero recolectadas de pacientes que presentaban fiebre menor a 7 días y cuyo diagnóstico clínico fuera sospechoso de alguna de estas tres enfermedades. Se hizo extracción de RNA a partir de los sueros, posteriormente se realizó retrotranscripción y con el cDNA utilizado como molde, se realizó PCR convencional (para DENV y CHIKV) y PCR en tiempo real (para ZIKV).

Resultados. De agosto de 2015 a abril de 2016 se recolectaron 157 muestras. La edad media de los pacientes fue de 26,81 años (DE ± 14,54 años). En relación al género, el 65,6% fueron mujeres. DENV se detectó en 33 (21,01%) muestras, CHIKV se detectó en 38 (24,20 %) muestras y 8 (5,09%) muestras fueron positivas para ambos virus (CHIKV/DENV). La edad media de los pacientes positivos para Dengue fue 21,09 años (DE ± 11,69 años), mientras que la de los pacientes positivos para CHIKV era 15,66 años (DE ± 16,70 años).

Conclusiones. Este estudio describe la presencia de DENV, CHIKV y ZIKV en la región nororiente de Colombia, así como la presencia de coinfecciones en esta región del país.

254. Modelamiento de la polimerasa del virus de la hepatitis E y evaluación in silico del potencial antiviral de derivados de orégano.

Quintero-Gil C, Gómez E, Vallejo D, Parra-Suescún J, López A, Orduz S. *Grupo Biología Funcional –Lab Prospección y diseño de biomoléculas; Universidad Nacional; Medellín. Grupo de Biodiversidad y Genética Molecular (BIOGEM); Universidad Nacional sede Medellín. dicquinterogi@unal.edu.co*

Introducción. El uso de sustancias de origen natural como alternativa terapéutica ha crecido en los últimos años. Los compuestos derivados de orégano (Lippia origanoides) han sido catalogados como especies con alto potencial terapéutico y puesto que aún no existe una vacuna, ni tratamientos específicos

cos, contra el virus de la hepatitis E (HEV), el objetivo de este trabajo fue modelar la RNA polimerasa dependiente de RNA (RdRp) de HEV y evaluar, mediante docking molecular, su interacción con compuestos derivados de orégano.

Materiales y métodos. La secuencia de aminoácidos de la RdRp de HEV se obtuvo de GenBank y se analizó mediante alineamiento múltiple de la proteína con otras polimerasas virales relacionadas. Se realizó un modelo de la RdRp de HEV utilizando el software I-TASSER y, para determinar la interacción entre la RdRp y dos compuestos derivados de orégano (carvacrol y timol), se usó Autodock Vina. Finalmente, se evaluó la citotoxicidad de los compuestos en dos líneas celulares de origen humano.

Resultados. El modelo validado de la RdRp mostró un RMSD de $4,2 \pm 2,8$ Å con una confianza del 99,8%. Ambos compuestos mostraron energías de afinidad mayores a $-7,2$ Kcal/mol y fueron tóxicos a concentraciones mayores de $62,5$ μ M en células Caco-2 y 125 μ M en A549.

Conclusiones. Se modeló la polimerasa de HEV para usarla como blanco terapéutico y se logró determinar in silico el potencial antiviral de dos compuestos derivados de orégano (carvacrol y timol) que mostraron baja toxicidad in vitro.

255. Análisis de secuencias del segmento NSSA de Pegivirus humano detectado en Colombia.

Arroyave J, Velásquez E, Cortés-Mancera F, Ospina M.
Grupo GFB. Facultad de Ciencias Exactas y Aplicadas. Instituto Tecnológico Metropolitano (ITM). Laboratorio Departamental Salud Pública Antioquia. johanaarroyave@itm.edu.co

Introducción. El Pegivirus humano (HPgV; también llamado GBV-C o HGV) pertenece a la familia Flaviviridae, causa infección persistente y se estiman alrededor de 750 millones de infectados; sin embargo, hasta la fecha la capacidad patogénica del HPgV no ha sido esclarecida y existen pocos estudios acerca de las implicaciones de los polimorfismos presentes en la región NSSA, lo cual se analiza en el presente estudio.

Materiales y métodos. Un total de 5 secuencias de la región que codifica para NSSA (1240nt) fueron previamente obtenidas a partir de muestras de suero con prueba confirmatoria para VIH, provenientes del Laboratorio Departamental de Salud Pública de Antioquia (LDSP). Para el análisis se generó una base de datos con 59 secuencias de los diferentes genotipos del HPgV disponibles en GenBank, y se realizó el alineamiento, análisis de polimorfismos y sustituciones y la predicción de estructuras secundarias y sitios de unión utilizando herramientas bioinformáticas (BLAST; Mega 7.0; PSIPRED; APSSP2; RaptorX).

Resultados. El análisis de la secuencia de aminoácidos permitió la identificación sustituciones y polimorfismos previamente reportados en las secuencias colombianas en la región de sensibilidad a interferón (ISDR, 203-237 aa); lo cual estuvo correlacionado con cambios en la estructura secundaria. Finalmente, en el análisis de sitios de unión se encontraron motivos conservados entre las diferentes secuencias.

Conclusiones. Se identificaron polimorfismos de resistencia a interferón en las secuencias colombianas, así como sustituciones que podrían afectar la estructura secundaria de la proteína y tener una implicación en la patogénesis del HPgV. Financiación Instituto Tecnológico Metropolitano Grant P14225.

256. Producción del dominio polimerasa recombinante de la proteína ns5 del virus Dengueserotipo 2 en un sistema procarionota.

Bedoya J, García L, Padilla L, Castaño J.
Universidad del Quindío. jpbbedoya@gmail.com

Introducción. La proteína NS5 del virus Dengue posee un dominio ARN polimerasa dependiente de ARN (RdRp) que le permite la replicación en células infectadas. El objetivo de este trabajo fue producir el dominio polimerasa de la proteína NS5 del virus Dengueserotipo 2 en un sistema procarionota.

Materiales y métodos. La proteína recombinante se expresó en 3 cepas de *Escherichia coli*: BL21, BL21 CodonPlus (DE3)-RIL y BL21 Rosetta, las cuales se encontraban transformadas con el plásmido pGEX-5X-DominioPolimerasa; como inductor de la expresión se utilizó el IPTG, las condiciones de incubación fueron 37°C , 250 rpm. Se optimizaron las condiciones de expresión y se purificó la proteína directamente de las bandas obtenidas de una electroforesis SDS-PAGE. Para verificar la expresión y purificación se utilizaron técnicas como: ELISA, SDS-PAGE y Western Blot.

Resultados. En todas las condiciones evaluadas en *E. coli* BL21 CodonPlus hubo expresión proteínica, obteniendo menores tiempos de expresión respecto a las otras dos cepas; se eligió 4 horas post inducción con $0,5$ mM de IPTG

para la expresión de la proteína. Se encontró que la proteína se expresaba mayoritariamente como cuerpos de inclusión. Se obtuvo un rendimiento aproximado de 59 mg/L de proteína en la purificación.

Conclusiones. Se logró expresar y purificar el dominio polimerasa de la proteína NS5 del virus Dengueserotipo 2 en *E. coli* BL21 CodonPlus. La obtención de un modelo in vitro del dominio proteínico permitirá el desarrollo de estudios posteriores sobre esta proteína recombinante. Colciencias, Proyecto 1113-56933424 Convocatoria 569 de 2012.

257. Detección y aislamiento del virus Zika en pacientes febriles durante el brote en Córdoba.

Mattar S, Aponte J, Villero Y, Arrieta G, Bosch I, Gehrke L.
Universidad de Córdoba. Corporación Universitaria del Caribe; CECAR; Sincelejo. MIT; Boston; USA. mattarsalim@hotmail.com

Introducción. El virus Zika es un flavivirus transmitido por mosquitos, su vector es *Ae. aegypti*, y produce una enfermedad caracterizada por fiebre, erupción cutánea, conjuntivitis, cefalea, artralgias y mialgias, en un periodo de incubación de 3 a 12 días. El objetivo de este trabajo fue detectar y aislar el virus Zika en pacientes febriles de Montería, Cereté y Ciénaga de Oro, durante el brote en Córdoba.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo de cohorte transversal. Se obtuvieron muestras de 21 sueros de pacientes febriles entre 2-5 días de evolución (noviembre de 2015-junio de 2016) de Montería, Cereté y Ciénaga de Oro, (Córdoba). La detección del virus Zika se realizó por qRT-PCR mediante el OasisTM, One step qRT-PCR master mix y Zika Virus genesig advancedTM. 3 sueros con baja carga viral fueron concentrados con Lenti-xTM, los 3 se cultivaron en C6/36 y se adicionaron 20 μ l del suero concentrado con lenti-XTM. Posteriormente se realizaron qRT-PCR entre los días 1-12 post infección.

Resultados. Solamente 7 (33%) de los sueros resultaron positivos por qRT-PCR; las cargas virales estuvieron entre $1,7 \times 10^{-1}$ y $1,01 \times 10^1$, 3 sueros concentrados con Lenti-xTM y cultivados resultaron positivos en promedio en el día 6 los sueros no concentrados no pudieron ser cultivados.

Conclusiones. En los pacientes con 2 a 5 días de evolución se detectó el virus por qRT-PCR. La concentración con Lenti-xTM permitió en sueros con cargas virales bajas cultivar el virus del Zika. Proyecto financiado por Colciencias, Código-4303126.

258. Lipoproteínas de alta densidad (HDL) como inmunomoduladores endógenos durante la infección por el virus Dengue.

Marín L, Urcuquí S, Hernández J.
Universidad Cooperativa de Colombia. Universidad de Antioquia. Infettare; Facultad de Medicina; Universidad Cooperativa de Colombia. bleidy1122@gmail.com

Introducción. La infección por el virus Dengue tiene un componente inflamatorio importante, con una alta producción de citoquinas como IL- 1β e IL-18, las cuales son activadas principalmente a través de los inflammasomas. Las lipoproteínas de alta densidad (HDL) se han descrito recientemente como inmunomoduladores endógenos importantes de la regulación de estos complejos. El objetivo del presente trabajo fue evaluar los niveles de HDL y los componentes de los inflammasomas en pacientes con Dengue.

Materiales y métodos. Estudio transversal que incluyó 20 pacientes diagnosticados con Dengue entre 18 y 60 años de edad y 22 controles sanos pareados por edad y sexo. Se cuantificaron los niveles séricos de las siguientes moléculas: HDL por un método colorimétrico; proteína C reactiva (PCR) por turbidimetría; e IL-1 β , IL-6 e IL-18 por ELISA. Adicionalmente, en células mononucleares de sangre periférica se evaluó la expresión transcripcional de los componentes de los inflammasomas por RT-PCR en tiempo real.

Resultados. Comparados con los controles sanos, los pacientes con Dengue presentaron alteraciones en el perfil lipídico, con una marcada disminución de las HDL. Asimismo, se observó un aumento de los niveles séricos de PCR y una disminución en la expresión transcripcional de los componentes de los inflammasomas NLRP1, NLR4, Caspasa-1 e IL-18. Por último, se encontró una correlación positiva entre los niveles de HDL y el recuento de plaquetas.

Conclusiones. La disminución en los niveles de HDL observado en los pacientes con Dengue, podría estar asociada con el desbalance inflamatorio observado en los pacientes, en especial en aquellos con Dengue grave. COLCIENCIAS 141565741029.

259. Implementación de un método basado en biología computacional para la predicción de interacciones entre la proteína NS5A de Pegivirus humano y proteínas relacionadas con la proliferación celular.

Arango J, Jaramillo J, Cortés-Mancera F.
Facultad de Ciencias Exactas y Aplicadas. Grupo GI2B. Instituto Tecnológico Metropolitano (ITM). Facultad de Ingeniería. Instituto Tecnológico Metropolitano (ITM). fabiancortesm@gmail.com

Introducción. El Pegivirus humano o virus GB tipo C está clasificado dentro de la familia Flaviviridae. Aunque está relacionado filogenéticamente con el virus de la hepatitis C, no se ha asociado directamente con patologías en humanos. Sin embargo, existen estudios epidemiológicos que indican que es factor de riesgo para el desarrollo de enfermedades linfoproliferativas. Es importante entonces desarrollar herramientas capaces de determinar si NS5A tiene interacciones con proteínas relacionadas con proliferación celular, a fin de caracterizar si tiene propiedades oncogénicas.

Materiales y métodos. Se usó la base de datos Database of Interacting Proteins para obtener una lista de 20.000 interacciones entre proteínas que se caracterizaron usando AAindex. Posteriormente se entrenó un clasificador basado en Máquinas de Vectores de Soporte para predecir las interacciones.

Resultados. Se obtuvo una media geométrica alrededor del 74% con una validación cruzada de 5 particiones. Se contrastó con otros trabajos en el estado del arte que no superan el 42% de acierto.

Conclusiones. La estrategia desarrollada es eficiente en la predicción de interacciones proteína-proteína, lo cual demuestra que puede ser implementada en el análisis de proteínas que afectan la proliferación celular bajo esta estrategia de interacción. Financiación Instituto Tecnológico Metropolitano Grant P14225.

260. Seguimiento de la vigilancia ambiental de poliovirus en el municipio de Armenia, Quindío y detección de posible circulación de poliovirus.

González M, Castaño J, Padilla L, Sarmiento L, Giraldo A, Vila J, Rodríguez C.
*Universidad del Quindío. Universidad de Lund/Suecia
 mmGonzález@uniQuindío.edu.co*

Introducción. La retirada de la vacuna trivalente oral contra la poliomielitis, por una bivalente de oral de polio; para finalmente llegar a la utilización de la vacuna inactivada, implica la necesidad de vigilancia ambiental con el fin de detectar circulación silenciosa de poliovirus. Objetivo: continuar el seguimiento vigilante a la circulación ambiental de poliovirus en el municipio de Armenia; proceso que se inició en el año 2005.

Materiales y métodos. Se realizó una encuesta exploratoria en aguas residuales del municipio de Armenia; se tomaron tres muestra en cada vertimiento (n=24). La presencia de poliovirus se detectó mediante aislamiento viral por cultivo celular, (RT-PCR) y PCR en tiempo real.

Resultados. Caracterización de los tipos de poliovirus como tipo SABIN 1 y 3. No se encontraron SABIN tipo 2.

Conclusiones. Se encontraron poliovirus (tipo Sabin) circulando en el ambiente lo que hace necesario fortalecer la vigilancia ambiental.

261. Evaluación de la interacción *in silico* de la curcumina y la demetoxicurcumina sobre las proteínas no estructurales ns3 y ns5 de los 4 serotipos del virus Dengue.

Osorio N, Moncada D, García L, Rivera J, Tellez G, Castaño J, Padilla L.
Universidad del Quindío. nosorion_1@uqvirtual.edu.co

Introducción. Las proteínas no estructurales 3 y 5 del virus Dengue son de vital importancia en el proceso de replicación, por esto se pretende realizar una evaluación de la interacción *in silico* de estas dos proteínas con los ligandos curcumina y demetoxicurcumina los cuales han presentado excelentes actividades antivirales.

Materiales y métodos. Las secuencias aminoácidas de las proteínas que se obtuvieron de la base de datos NCBI y la modelación por homología de estas, se realizó utilizando las herramientas virtuales Swiss Model y I-TASSER. La optimización de los ligandos se llevó a cabo con el software Gaussian 09 teniendo como base de cálculo DFT B3LYP 6-311+(d,p). La interacción *in silico* se realizó a través de Autodock vina 1.1.2 y el análisis de los resultados con Autodock tools 1.5.6.

Resultados. Se optimizaron los ligandos curcumina y demetoxicurcumina

obteniendo unas energías de -1263 y -1149 u.a respectivamente, luego se sometieron a un acoplamiento molecular frente a las proteínas no estructurales 3 y 5 de los 4 serotipos del virus Dengue. Finalmente se obtuvieron energías de acoplamiento frente a NS5 de -8,1 y -7,9Kcal/mol teniendo como centroide el aminoácido T261.

Conclusiones. Se realizó una serie de acoplamientos moleculares de los ligandos curcumina y demetoxicurcumina frente a las proteínas NS3 y NS5 mostrando fuertes interacciones con el aminoácido treonina 261 de la NS5 que es de vital importancia en el enlazamiento de los dos dominios de esta proteína. Colciencias, Proyecto 1113-56933424 Convocatoria 569 de 2012.

262. Análisis proteómico de células con expresión de la proteína NS5A de Pegivirus humano.

Pedroza J, Velásquez E, Cortés-Mancera F, Arroyave J,
Grupo GPB. Facultad de Ciencias Exactas y Aplicadas. Instituto Tecnológico Metropolitano (ITM). ninipedroza@itm.edu.co

Introducción. El Pegivirus humano (HPgV) o Virus GB tipo C está relacionado filogenéticamente con el virus de la hepatitis C (HCV), presentando homología a nivel de la región codificante, incluyendo a NS5A; esta proteína en HCV ha sido implicada en la alteración de la expresión de péptidos involucrados en proliferación y apoptosis. En este contexto el presente estudio evalúa el efecto de NS5A de HPgV en el proteoma de células HeLa.

Materiales y métodos. Células HeLa fueron transfectadas con el constructo pTRE-Tight NS5A/HPgV; como control se utilizó el vector vacío. Posteriormente, proteína total fue extraída, cuantificada y fraccionada (núcleo y citoplasma). Perfiles proteicos a través de electroforesis bidimensional fueron obtenidos utilizando el sistema Zoom IPG Invitrogen®, y posteriormente analizados usando el software PDQuestTM.

Resultados. Aproximadamente 300 spots fueron detectados por perfil proteico, el análisis comparativo de imágenes mostró proteínas con expresión diferencial, en términos de presencia/ausencia y aumento/disminución entre células transfectadas con pTRE-Tight NS5A/HPgV y los productos del fraccionamiento con respecto a los controles.

Conclusiones. Proteínas con expresión diferencial identificadas pueden ser asociadas a procesos celulares de interés. Financiación Instituto Tecnológico Metropolitano (ITM). Grant P14225.

263. Conocimientos, actitudes y prácticas en relación al Dengue: una encuesta poblacional en municipios del Caribe colombiano.

Díaz R, Martínez R, Bracho Y, Luna M, Rojas R, Díaz F.
*Organización Latinoamericana para el Fomento de la Investigación en Salud. Universidad de Santander. Universidade de Sao Paulo.
 ronaldiq@gmail.com*

Introducción. La participación de la comunidad es esencial en la implementación de medidas para controlar arbovirosis. Objetivo: Describir los conocimientos actitudes y prácticas (CAP) en relación al Dengue.

Materiales y métodos. Encuesta poblacional realizada en 11 municipios del Caribe colombiano, durante octubre a diciembre de 2015, usando un formulario estructurado para describir CAP. Se incluyeron 1055 familias seleccionadas mediante muestreo probabilístico. Se exploraron factores asociados a las respuestas estimando razones de prevalencia (RP).

Resultados. La edad de los entrevistados osciló entre 16 y 88 años (81,4% de sexo femenino). Síntomas frecuentemente identificados como característicos del Dengue fueron fiebre (96,3%), cefalea (44,9%) y vómito (44,6%). 568 participantes tenían una alberca o pila en casa, la mayoría de ellos manifestaron lavarla con una frecuencia inferior a la semanal (67,8%). Del total, 87,4% de los entrevistados manifestaron saber cómo se transmite el Dengue. Sin embargo, sólo 37,6% conocía las características del mosquito. Adicionalmente, sólo 41,7% (439/1054) sabía que el mosquito se reproduce en agua limpia. En un modelo de regresión múltiple (Poisson robusta), la prevalencia de esta respuesta correcta fue más frecuente en mujeres (RP: 1,23; IC95%: 1,01-1,5), aumentó con la edad (RP por año: 1,02; IC95%: 1,01-1,02) y fue más frecuente en entrevistados con estudios de bachillerato (RP: 1,45; IC95%: 1,2-1,76) o superiores (RP: 1,61; IC95%: 1,31-1,97), comparados con aquellos de menor nivel de educación.

Conclusiones. Factores demográficos y educacionales podrían condicionar la integración de la comunidad en las intervenciones de control para el Dengue y otras arbovirosis. Financiamiento: Departamento de La Guajira - OL-FIS. Convenio 019 de 2014.

264. Vigilancia epidemiológica de gestantes y sus hijos en un periodo de riesgo de infección con los arbovirus Chikungunya y Zika.

Mattar S, Villero Y, Méndez N, Oviedo M, Aponte J, Arrieta G, Contreras V, Contreras H, Miranda J, Tique V, Barrera S, Berrocal J. *Universidad de Córdoba. Corporación Universitaria del Caribe; CECAR; Sincelejo. IPS-San Pablo; Cereté. mattarsalim@hotmail.com*

Introducción. Durante el primer trimestre del embarazo, la infección con arbovirus Chikungunya o Zika pueden ocasionar complicaciones en los neonatos. El objetivo del estudio fue el de realizar una vigilancia epidemiológica en gestantes y sus niños.

Materiales y métodos. Se llevo a cabo un estudio con una cohorte el 25 de mayo de 2016. Fueron seleccionadas 92 mujeres gestantes de Cereté (Córdoba). Se tomaron muestras de sangre para diagnóstico de Chikungunya y Zika; además se les aplicó un cuestionario epidemiológico. El seguimiento fue establecido hasta el nacimiento de todos los bebés.

Resultados. 66% (61/92) de las gestantes tuvieron Chikungunya o Zika; 15% fueron menores de edad. 55% (51/92) y 33% (30/92) presentaron síntomas compatibles con Chikungunya y Zika, respectivamente. 30% (9/30) de las afectadas con Zika no tuvieron Chikungunya. 12% (6/51) y 17% (5/30) manifestaron tener diagnóstico positivo por laboratorio para Chikungunya y Zika, respectivamente. 16% (8/51) tuvieron Chikungunya durante el embarazo, aproximadamente en el primer trimestre. Con respecto a Zika, el porcentaje fue de 43% (13/30); 69% (9/13) de ellas durante el primer trimestre. Actualmente 4 infectadas con Chikungunya y una infectada con Zika, durante el primer trimestre, han tenido bebés normales.

Conclusiones. La infección con virus Chikungunya y Zika fue alta en el grupo de gestantes incluidas en el estudio. De forma preliminar, la evolución del embarazo entre las que desarrollaron la enfermedad en el primer trimestre ha sido favorable. Se continuara la vigilancia de la cohorte para establecer la posible frecuencia de anomalías producto de las infecciones por Zika o Chikungunya.

265. Evaluación de la activación plaquetaria en pacientes con Dengue, Colombia.

Marin K, Piedrahita L, Hamzeh H, Cognasse F, Restrepo B. *Instituto Colombiano de Medicina Tropical- CES. GIMAP-EA3064; Université de Lyon; Saint-Etienne; France. Etablissement Français du Sang Auvergne-Loire; Saint-Etienne; France. kmarin@ces.edu.co*

Introducción. La activación plaquetaria durante la infección por Dengue ha sido reportada en la literatura. El objetivo del estudio fue evaluar la activación de las plaquetas en los pacientes con Dengue determinar su relación con la presentación clínica y las manifestaciones severas de la enfermedad.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio de corte con comparación de grupos en Medellín entre 2013-2016. La población de estudio constituida por 28 pacientes con infección confirmada de Dengue 10 controles sanos. La activación de las plaquetas se determinó por citometría de flujo mediante la evaluación del porcentaje de expresión y la intensidad media de fluorescencia (IMF) de los marcadores CD62p, CD63 y CD41. La comparación entre grupos se hizo mediante la prueba U de Mann-Whitney.

Resultados. Se evidenció que la mediana del porcentaje de expresión de plaquetas CD62 y CD63 positivas, fue mayor en los casos que en los controles. En los pacientes con Dengue la mediana del porcentaje de expresión de estos marcadores fue mayor en pacientes con infección secundaria [1,8 (0,5-6,7) vs. 0,9 (0,6-2,5)]. Así mismo, pacientes con trombocitopenia [1,1 (0,7-2,5) vs. 0,7 (0,4-7,6)], leucopenia [1,4 (0,6-2,7) vs. 0,8 (0,4-8,5)] y con manifestaciones de extravasación plasmática como hemoconcentración, derrame pleural y edemas [2,4 (1,1-4,2) vs. 0,8 (0,6-3,1)], demostraron una mayor activación plaquetaria en comparación con quienes no presentaron estos síntomas. Sin embargo, estas diferencias no fueron estadísticamente significativas.

Conclusiones. Durante la infección por el virus Dengue la activación y disfunción plaquetaria aumenta y puede estar asociada a manifestaciones severas de la enfermedad, tales como extravasación plasmática.

266. Efecto antiviral de cumarinas derivadas de la planta Mamea americana sobre la infección por Virus Chikungunya y Virus Dengue.

Gómez C, Robledo S, Díaz F, Mesa C, Martínez M. *Grupo de Investigación en Ciencias Animales-GR/CA. Universidad Cooperativa de Colombia. Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET. Universidad de Antioquia. Laboratorio de Investigaciones Fitoquímicas y Farmacológicas de la Universidad de Cartagena-LIFFUC. marlen.Martínezg@campusucc.edu.co*

Introducción. La transmisión del Virus Dengue (DENV) y del Virus Chikungunya (CHIKV) se ha incrementado mundialmente, debido en parte a la falta de un tratamiento antiviral específico. **Teniendo en cuenta esto, el objetivo de este estudio fue evaluar el efecto antiviral de cuatro moléculas derivadas de las plantas Mamea americana (Cumarina 1 y cumarina 2) y Tabernaemontana cymosa (acetato de lupeol y voacangina) sobre la infección por DENV y CHIKV en células VERO.**

Materiales y métodos. Se evaluó la citotoxicidad de cada molécula por el método **MTT (400 µg/ml a 6,25 12,5 µg/ml)**. Se realizaron los ensayos antivirales con dos estrategias experimentales (Pre y Post-Tratamiento) y se evaluó la inhibición mediante el método de plaqueo y PCR en Tiempo Real. Los resultados fueron analizados por medio de una prueba t-Student.

Resultados. Las moléculas mostraron baja toxicidad en concentraciones <200µg/ml. En los cultivos post-tratados con cada molécula, se encontró un efecto antiviral dosis-dependiente de la molécula **cumarina 1 (porcentajes de inhibición desde 92,9% hasta 58,6%) y de la molécula cumarina 2 (100% a 74,3%). En los cultivos pre-tratados, el efecto antiviral también fue significativo, pero con porcentajes de inhibición menores, en los dos modelos virales.**

Conclusiones. Los resultados de este estudio demuestran que in vitro, las cumarinas derivadas de la planta Mamea americana son capaces de inhibir la infección del DENV y el CHIKV (con porcentajes de inhibición superiores al 50% en diferentes estrategias experimentales) lo que podría convertir a estas dos moléculas, en potenciales antivirales para el tratamiento del Dengue y el Chikungunya. COLCIENCIAS Proyecto No. 123171249665.

267. Enfermedad del bosque de Kyananur: ¿Otra Flavivirus del Viejo Mundo que puede expandirse y sobre la cual se ha investigado poco? – Evaluación bibliométrica.

Rodríguez-Morales A, Cardona-Ospina J, Gil-Restrepo A, Ramírez-Jaramillo V, Sánchez-Carmona D. *GISPEI - Universidad Tecnológica de Pereira. aRodríguezm@utp.edu.co*

Introducción. La infección por virus del bosque Kyananur (KFDV) es una condición emergente en Asia (múltiples países) que ha sido señalada de pre-ocupación potencial por el CDC. Empero, ha sido muy poco investigada. Es importante caracterizar la producción científica en dicha enfermedad transmitida por garrapatas, especialmente en el contexto de la vigilancia global de enfermedades emergentes.

Materiales y métodos. Estudio bibliométrico en 3 bases de datos: Pub-Med, Scopus y GoogleScholar, caracterizando la producción científica en KFDV. Se determinó la cantidad, calidad (número de citas) y tipos de estudios elaborados por cada país, caracterizándolos por años, cooperación internacional, ciudad e institución de origen de la publicación, revista de publicación y autores (con su H-index) y grupos con mayor contribución.

Resultados. En Medline (N=173) la mayor producción científica la aportó India (106[61%]), luego EUA (29[16%]) y Francia (6[3%]). En Scopus (N=218), India (132[61%]), luego EUA (58[27%]) y Arabia Saudita (41[19%]). Los países con mayor H index: India (H-index=20, 1561 citas), EUA (H-index=19, 1597 citas) y Arabia Saudita (H-index=17, 1219 citas). PK Rajagopalan, fue el autor con mayor número de contribuciones (20). En GoogleScholar (N=122), India ocupó el 1° lugar (101[83%]), luego EUA (7[6%]) y Canadá (3[3%]).

Conclusiones. KFDV, otro flavivirus emergente (como Zika), podría llegar y transmitirse por especies de *Haemaphysalis*, garrapata dura, presente en zonas del Nuevo Mundo, por ejemplo, en EUA, Panamá, Brasil. Empero, este estudio bibliométrico refleja un número relativamente bajo de publicaciones, lo cual debería incrementarse.

268. Nuevo escenario epidemiológico en el Caribe colombiano con los arbovirus Zika, Dengue y Chikungunya.

Mattar S, Oviedo M, Oviedo T, Méndez N, Arrieta G, Tique V, Miranda J, González M. *Universidad de Córdoba. Corporación Universitaria del Caribe; CECAR; Sincelejo. mattarsalim@hotmail.com*

Introducción. Entre 2015 y 2016 la región Caribe de Colombia fue gravemente impactada por los arbovirus Dengue, Chikungunya y Zika. Este estudio analiza el impacto de estas enfermedades y relaciona el efecto asociativo de los virus.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio descriptivo utilizando los datos confirmados y/o sospechosos del SIVIGILA de Zika, Dengue y Chikungunya correspondientes al acumulado del 2016 hasta la semana epidemiológica 28, Julio 18. Se utilizaron análisis descriptivos estadísticos y pruebas de correlación.

Resultados. La distribución de casos de las 3 arbovirosis a nivel nacional fue: Zika 84.965, Dengue 74.986 y Chikungunya 17.898; de estos, 13,2%, 6,1%, 9,2% respectivamente se presentaron en el Caribe. A nivel regional las áreas más afectadas con Zika fueron: Barranquilla (21,2%), Córdoba (20,1%), Atlántico (12,8%) y Cesar (11,7%); con Dengue: Bolívar (17,3%), Cesar (16,6%), Sucre (13,2%) y Atlántico (12,9%) y con Chikungunya: Barranquilla (41,8%) y Córdoba (24,5%). De las 4.169 mujeres gestantes infectadas con Zika, su distribución se concentró en Barranquilla (22,9%), Córdoba (19,3%) y Atlántico (15,2%). La prueba de correlación de Spearman no determinó asociación estadística entre Chikungunya-Dengue, pero sí entre Chikungunya-Zika ($\rho = 0.7$; p -valor = 0.021); tampoco se encontró asociación Zika-Dengue.

Conclusiones. Fue observada una fuerte asociación positiva entre Chikungunya y Zika. Se observa un transitorio desplazamiento del Dengue por el Zika, a futuro dada la inmunidad que confieren Zika y Chikungunya, el Dengue retornará con mayor virulencia. La presencia de arbovirus es compleja en el Caribe; Barraquilla y Córdoba se constituyen en un grave problema de salud pública.

269. Seroprevalencia para virus Dengue en municipios del departamento de La Guajira.

Martínez R, Rey-Caro L, Bracho-Churio Y, Vesga-Varela A, Ramos-Castañeda J, Díaz-Quijano F.

Organización Latinoamericana para el Fomento de la Investigación en Salud. Instituto Nacional de Salud Pública de México. Universidade de São Paulo. rutharam@yahoo.com

Introducción. La inmunidad es uno de los factores más importantes en la epidemiología del Dengue. El objetivo fue determinar la prevalencia de anticuerpos contra virus Dengue en la población de La Guajira.

Materiales y métodos. Estudio de corte transversal, con muestreo probabilístico polietápico por conglomerados en 8 municipios de La Guajira. Fueron invitados a participar personas mayores de 1 año de edad de las casas seleccionadas. Se tomó una muestra de sangre para la medición de anticuerpos IgG contra virus Dengue utilizando la prueba ELISA indirecta (Panbio E-DEN 01G). Se estimó la seroprevalencia global, por grupos de edad y por municipio, y se calcularon intervalos de confianza de 95% (IC95%) utilizando el programa EpiDat 3.1.

Resultados. Entre enero y febrero de 2016 fueron estudiados 1.695 participantes, 1.641 resultaron IgG positivo, indicando una seroprevalencia de 96,81% (IC95%: 95,95%-97,68%). En niños (<15 años) la seroprevalencia fue de 88,74% (IC95%: 85,69%-91,79%), en participantes de 15 a 29 años fue de 99,56% (IC95%: 98,47%-99,95%), similar a la observada en ≥ 30 años (99,74%; IC95%: 99,08%-99,97%). Los municipios estudiados presentaron seroprevalencia superior a 90%, oscilando entre 92,97% (Uribia) y 99,62% (Maicao).

Conclusiones. La seroprevalencia para virus Dengue en La Guajira es superior a la reportada en otras zonas endémicas Latinoamericanas (México, Venezuela y Brasil). Los resultados revelan la intensa fuerza de infección a la que están expuestas estas comunidades colombianas. Financiamiento: Departamento de La Guajira en convenio con OLFIS. Convenio 019 de 2014.

270. Confirmación molecular de la co-circulación y co-infección con Arbovirus: Dengue-Chikungunya-Zika.

Calvo E, Castellanos J, Sánchez F.

Universidad el Bosque. Universidad Nacional de Colombia. calvoeliana@unbosque.edu.co

Introducción. La introducción al continente americano de dos nuevos arbovirus transmitidos por el mismo mosquito vector y que producen manifestaciones clínicas similares al Dengue (DENV) durante la fase aguda; ha puesto en evidencia la necesidad y urgencia de un método de detección rápido, eficiente y específico que permita hacer un diagnóstico diferencial. En Colombia, sólo se hacen pruebas de diagnóstico para DENV, por tanto un alto número de casos tanto de Chikungunya (CHIKV) como de Zika (ZIKV) quedan sin confirmar, otros sin reportar y las co infecciones son pasadas por alto. Objetivo: Evaluar la utilidad de un protocolo de PCR anidado para la detección de co infecciones, en muestras de pacientes con síndrome febril sospechoso de infección por arbovirus.

Materiales y métodos. A partir de sueros de pacientes febriles, se realizó extracción de RNA y una primera ronda de Transcripción reversa y Amplificación (RT-PCR) con tres parejas de oligos externos que reconocen regiones de los genes C-preM, E1 y E de DENV, CHIKV y ZIKV respectivamente, seguido por una segunda ronda de amplificación con oligos internos específicos para cada virus.

Resultados. En las 20 muestras analizadas se detectaron siete casos de infección por un único virus, siete co-infecciones con 2 virus (DENV-ZIKV; CHIKV-ZIKV y DENV-CHIKV) y un caso de infección con los tres arbovirus. En 5 muestras no se detectó virus.

Conclusiones. Se confirmó la co-circulación de estos tres virus en áreas definidas y una alta probabilidad de co-infección (8 de 15 muestras positivas para virus).

271. Detección de infecciones asintomáticas por arbovirus en niños de 5-14 años de colegios de los municipios de Anapoima y La Mesa, Cundinamarca.

Coronel-Ruiz C, Velandia-Romero M, Calvo E, Parra-Álvarez S, Camacho-Ortega S, Castro-Bonilla L, Sánchez-Quete F, Pérez-Castro R, Giraldo-Parra P, Sarmiento-Senior D, Cabezas-Pinzón L, Vargas S, Matiz M, Castellanos J, Olano V.

Universidad El Bosque. Grupo de Virología; Universidad El Bosque. Instituto de Salud y Ambiente; Universidad El Bosque. caritocruz@hotmail.com

Introducción. Las infecciones por arbovirus constituyen uno de los principales problemas de salud pública en el país, las cuales se caracterizan por una presentación clínica diversa, desde infecciones asintomáticas hasta cuadros graves, afectando a un gran porcentaje de la población residente en zonas endémicas. El objetivo del estudio fue determinar la presencia de infecciones asintomáticas por arbovirus en niños entre 5 -14 años de edad de instituciones educativas rurales y urbanas en septiembre de 2015 y marzo de 2016.

Materiales y métodos. Estudio transversal analítico, realizado en dos muestreos en los cuales se realizó un examen médico y la toma de una muestra de sangre a los niños para evaluar la presencia de anticuerpos contra DENV por ELISA IgM, IgG de Captura, e identificar RNA de DENV, CHIKV y ZIKV por PCR anidada.

Resultados. Se analizaron 501 muestras. En la primera toma, se identificó el 15.5% de infecciones activas (4.8%) y recientes (10.7%) por DENV. La segunda muestra mostró un aumento en el porcentaje de infecciones por DENV (51.6%) y se identificó RNA de CHIKV en 31 muestras. No se identificó RNA de ZIKV.

Conclusiones. Los resultados demuestran la presencia de infecciones activas y recientes sin reporte de signos o síntomas por estos arbovirus, lo cual puede explicar la alta transmisión de los virus en estos municipios. Agradecimientos: Vicerrectoría de Investigaciones Universidad el Bosque (PCI 2014-073).

272. Evaluación del impacto de la vacunación antirrábica masiva en perros y gatos del departamento de Santander, 2015-2016.

Trujillo-Rojas L, Larrota L, Rojas D, Ruiz-Saenz J.

Grupo de Investigación en Ciencias Animales GRICA; Universidad Cooperativa de Colombia. Semillero de Enfermedades Infecciosas Infekto. Universidad Cooperativa de Colombia. julian.ruizs@campusucc.edu.co

Introducción. La Rabia es una de las principales enfermedades que afectan la salud pública nacional. Aunque en el departamento de Santander no se presentan casos de Rabia Canina desde 2004, la llegada de la Rabia Silvestre a poblaciones urbanas es una amenaza tanto para personas como animales. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la seroconversión post-vacunación antirrábica en perros y gatos vacunados contra el virus de la Rabia como un mecanismo de evaluación de la eficiencia de los programas de prevención y control de Rabia urbana.

Materiales y métodos. Se desarrolló un estudio descriptivo serológico transversal en el cual se tomaron 384 muestras de animales que habían sido vacunados contra la Rabia en los últimos 9 meses. Dichas muestras correspondieron en un 77% a sueros de caninos y un 23% a sueros de felinos (296 y 88 respectivamente). Se realizó titulación de anticuerpos antirrábicos neutralizantes en suero mediante una prueba de ELISA cuantitativa.

Resultados. La mayoría de los pacientes muestreados tanto en caninos como en felinos mostraron una respuesta inmune humoral adecuada. Sin embargo, existe una franja poblacional en la cual se evidenció una producción insuficiente o nula de anticuerpos posterior a la vacunación. Los niveles de respuesta serológica inducidos mediante la vacunación antirrábica son diferentes entre caninos y felinos.

Conclusiones. Es necesario realizar evaluaciones periódicas de seroconversión en respuesta a la vacunación antirrábica masiva para confirmar la adecuada inmunización de los animales vacunados, lo cual servirá como un mecanismo de evaluación de la eficiencia de los programas de prevención y control de Rabia urbana.

273. Cuando el conocimiento y las prácticas son buenas pero aún hay mosquito: lecciones sobre Dengue y su control en Colombia.

Pacheco A, Quintero J, Kett M. UCL.
Fundación Santa fe de Bogotá. a.pacheco-coral.11@alumni.ucl.ac.uk

Introducción. La Organización Mundial de la Salud ha promovido estrategias de educación y participación comunitaria para controlar el Dengue su vector, intentando mejorar el conocimiento y las prácticas en poblaciones afectadas. Este estudio evaluó el nivel de conocimientos y prácticas entre dos poblaciones afectadas (una local y otra desplazada forzada).

Materiales y métodos. Estudio de corte transversal que hizo parte de una investigación de métodos mixtos, realizado en Armenia durante noviembre de 2013 a enero de 2014. Incluyó 430 hogares (radio 3:1 locales respecto a desplazados). Los locales fueron seleccionados por muestreo por conglomerados y los desplazados por muestreo de bola de nieve. Se aplicó una encuesta de conocimientos y prácticas y se realizaron mediciones entomológicas. Se realizó análisis bi-variado de los datos obtenidos.

Resultados. Los participantes conocían acerca del Dengue aunque con inexactitudes respecto a su severidad y transmisión sin diferencias significativas. Más del 50% de los hogares desplazados vaciaban tanques de agua con mayor frecuencia con respecto a los locales ($p < 0,05$). No ocurría lo mismo con los depósitos de agua pequeños en los que se encontraron pupas del vector en mayor proporción ($p < 0,005$).

Conclusiones. A pesar de aceptable nivel de conocimiento y buenas prácticas, continúan existiendo criaderos del vector en hogares vulnerables a transmisión de Dengue.

274. Acute Clinical manifestations of patients with Chikungunya from La Virginia, Colombia, 2015.

Castrillón-Spítia J, Londoño-Montes J, Jaramillo-Patiño J, Londoño J, Bedoya-Rendón H, Cárdenas-Pérez J, Lagos-Grisales G, Rodríguez-Morales A.
ESE Hospital San Pedro y San Pablo, La Virginia, Risaralda, Colombia.
GISPEI-Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Risaralda, Colombia. arodriguez@utp.edu.co

Introducción. Chikungunya fever is caused by Chikungunya virus (CHIKV) and spread by *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. The median incubation period is 2 to 4 days. Clinical manifestations are very variable, from asymptomatic illness to severe debilitating disease. Colombia has been severely affected by CHIKV particularly in 2015.

Materiales y métodos. The study was carried out on 120 patients during a fever outbreak from January to April 2015, attended at the Hospital San Pedro y San Pablo of La Virginia, Risaralda, Colombia. Serological assays (IgG/IgM) were performed on acute patient sera were collected after five days of the appearance of symptoms.

Resultados. From the total 27% corresponded to children <18 y-old (3% to those >60 y-old); 58% were female. Regard the number of days with symptoms before consultation, in 74% this was <5 days. The main signs or symptoms were fever (96%), arthralgias (87%) (65% knees, 64% hands, 63% elbows), headache (54%), maculopapular rash (47%) and myalgias (18%). Of them 15% were hospitalized. No severe/atypical cases were recorded. None deaths. Treatment was symptomatic (96% acetaminophen).

Conclusiones. With severe epidemics of CHIKV spreading to Latin America, including Colombia, we must consider CHIKV as a differential diagnosis in cases with fever and rash, particularly maculopapular. Beginning in September, the differential diagnosis in Colombia, as well in other countries, such as Brazil, Guatemala, El Salvador and Mexico, include also Zika fever, which overlap in many Clinical findings with Dengue and CHIKV.

RESISTENCIA BACTERIANA**275. Evaluación de la resistencia a carbapenémicos usando técnicas fenotípicas y genotípicas en aislamientos de *Klebsiella spp.***

Ariza B, Trespalacios A, Núñez I, Valenzuela V, Cortés G, Arroyo P, Quiroga C, Gualteros S, Arévalo A, Rincón C.
Hospital San Ignacio. Pontificia Universidad Javeriana.
deariza@husi.org.co

Introducción. La resistencia de *Klebsiella spp.* a los carbapenémicos es un problema en aumento en el ambiente hospitalario y constituye un problema de

gran importancia clínica, para caracterizar la resistencia de este microorganismo a carbapenems, en este estudio se determinó la resistencia a carbapenémicos usando técnicas fenotípicas y genotípicas en aislamientos de *Klebsiella spp.*

Materiales y métodos. Estudio descriptivo tipo serie de casos. Se estudiaron aislamientos de *Klebsiella spp.*, desde septiembre de 2013 a octubre de 2015, en un Hospital Universitario de Cuarto nivel de complejidad. Las pruebas de susceptibilidad se realizaron por microdilución (MicroScan Walkaway-96). Test de Hodge y Prueba de sinergismo APB y EDTA fueron usadas para confirmar los aislamientos resistentes. MDROXpert (Kit Xpert® Carba-R (Cepheid®)), fue utilizado para la evaluación genotípica de los aislamientos.

Resultados. Se incluyeron 90 aislamientos resistentes a carbapenémicos, la resistencia a este grupo de antibióticos fue: Ertapenem: 100%; Meropenem: 84,4% y Doripenem: 78,9%. El test de Hodge fue positivo en todos los aislamientos y las pruebas de sinergismo APB en 97,7%, y EDTA en 1,1% de los aislamientos resistentes a carbapenems. Xpert® Carba-R detectó los genes blaKPC: 93,3% y blaVIM - blaKPC: 5,6%.

Conclusiones. Las pruebas fenotípicas como el test de Hodge y el test de sinergismo con APB confirmaron la presencia de resistencia a carbapenems, la prueba molecular identificó que los genes responsables de esta resistencia fueron blaKPC seguido por blaVIM - blaKPC. La prueba de sinergismo con EDTA no fue útil para confirmar la resistencia.

276. Prevalencia de microorganismos presentes en cultivos de líquido de diálisis peritoneal en un laboratorio clínico ambulatorio.

Henao D, Madrid C, Manotas L, Ruiz A, Restrepo M,
Laboratorio Médico Echavarría. diana.8703@hotmail.com

Introducción. Los pacientes tratados con diálisis peritoneal están expuestos a una posible infección de la cavidad peritoneal, debido a la comunicación no natural de la misma con el exterior a través del catéter peritoneal y por la introducción reiterativa de las soluciones de diálisis. Con este estudio se determinó la prevalencia de microorganismos presentes en cultivos de líquido de diálisis peritoneal enviados al Laboratorio Médico Echavarría (LME).

Materiales y métodos. Estudio descriptivo retrospectivo de corte transversal, en el que se realizó el análisis de los cultivos de líquido de diálisis peritoneal enviados al LME en el período comprendido entre enero de 2015 y mayo de 2016, para determinar la frecuencia de los microorganismos aislados y su perfil de susceptibilidad.

Resultados. Se analizó un total de 661 cultivos de líquidos peritoneales, de los cuales 356 (53,9%) fueron positivos; el grupo de microorganismos aislados con mayor frecuencia fueron los cocos gram positivos, siendo el de mayor prevalencia *Staphylococcus epidermidis* (22,5%); además, el 100% de *Staphylococcus aureus* y *Staphylococcus epidermidis* fue sensible a vancomicina. Por su parte, de los bacilos gram negativos, *Escherichia coli* presentó la segunda frecuencia más alta (14,8%) y el 24% fue productor de betalactamasas de espectro extendido.

Conclusiones. La vancomicina y las cefalosporinas de tercera y cuarta generación se constituyen como una buena opción de tratamiento para las peritonitis infecciosas causadas por cocos gram positivos y bacilos gram negativos, respectivamente, en pacientes de unidades renales atendidas en el LME.

EPIDEMIOLOGÍA HOSPITALARIA**277. Descripción de brotes de *Enterobacterias* resistentes a carbapenémicos en un periodo de 3 años (2013 a 2015) en un Hospital Universitario de tercer nivel.**

Rodríguez G, Cuervo S, Leal A, Gómez J, Sánchez R, Solarte M, Ortega R, Jaramillo L.
Universidad Nacional de Colombia. Hospital Universitario Nacional de Colombia. gabo.Rodriguez85@gmail.com

Introducción. La resistencia a los antibióticos es un fenómeno mundial. Las *Enterobacteriaceae* resistentes a carbapenémicos (ERC) constituyen un problema de salud pública. Se ha descrito brotes por estos microorganismos en las instituciones sanitarias. Objetivo: Evaluar la presencia de brotes por ERC en un hospital universitario de tercer nivel durante 3 años (2013-2015) y su eventual relación con medidas de control de infecciones

Materiales y métodos. Diseño del estudio: Estudio observacional descriptivo ecológico de tendencias de tiempo. Lugar: Hospital Universitario Departamental de Nariño. Población: Casos de infección por ERC. Período de observación: 36 meses. Intervenciones: identificación de casos, aplicación del

instrumento de recolección de datos, aplicación de métodos de control estadístico, gráficos u de Shewhart, gráficos EWMA y estadística descriptiva.

Resultados. Se identificaron 109 casos de infección por ERC, 92,7% por *Klebsiella pneumoniae*, 6,4% por *Enterobacter aerogenes* y 0,9% por *Enterobacter cloacae*. Se realizó biología molecular en 19,3% de casos. Se identificó 3 brotes institucionales por ERC, todos por *K. pneumoniae*. Posteriormente el comportamiento de los casos se tornó endémico. Al evaluar las medidas de control de infecciones, no se identificó relación con la disponibilidad de insumos para lavado e higienización de manos.

Conclusiones. La infección por ERC es un problema emergente en la actualidad y los brotes por estos microorganismos constituyen un riesgo para los centros asistenciales. La no contención de brotes constituye un riesgo para el desarrollo de endemias. Es necesario fortalecer las medidas de control de infecciones en aras de disminuir el riesgo de infecciones nosocomiales por estos microorganismos.

VIH

279. Toxoplasmosis cerebral en pacientes VIH-positivos hospitalizados en un centro de referencia de Cali, Colombia 2009-2013.

Escandón-Vargas K, Clavijo-Martínez T, Grijalva S, Zorrilla-Vaca A, Martínez E.

Universidad del Valle. Hospital Universitario del Valle.
tania.clavijo@correounivalle.edu.co

Introducción. La toxoplasmosis cerebral (TC) es causa importante de morbimortalidad en los pacientes con VIH/SIDA. El objetivo del estudio fue determinar las características clínicas de los pacientes VIH-positivos con TC en una institución de referencia de Cali, Colombia.

Materiales Y Métodos. Estudio retrospectivo de pacientes VIH-positivos con TC hospitalizados en el Hospital Universitario del Valle durante el periodo 2009-2013.

Resultados. Se reportan 72 pacientes con edad promedio de 38 años y una razón hombre: mujer de 3,8. Al ingreso, 47 pacientes (65,3%) tenían antecedente diagnóstico de VIH (mediana 2 años). La TC fue la enfermedad definitoria de SIDA en 52 pacientes (72%). Seis pacientes (8%) recibían profilaxis primaria con trimetoprim/sulfametoxazol. Las manifestaciones clínicas más frecuentes fueron signos neurológicos focales (76%) y cefalea (61%). La serología IgG fue positiva en 49/53 pacientes. La imagen diagnóstica de ingreso reveló lesiones hipodensas/hipointensas (82%) y lesiones múltiples (71%), predominantemente en los núcleos de la base (60%) y lóbulo frontal (30, 42%). El tratamiento más frecuente fue trimetoprim/sulfametoxazol+clindamicina (80%) durante 18 días (mediana). El 86% de los pacientes presentaron respuesta clínica o radiológica confirmando el diagnóstico de TC; en ningún caso se realizó biopsia cerebral o PCR. La mortalidad fue 13% (9/72).

Conclusiones. La TC es la primera enfermedad trazadora de SIDA en los pacientes VIH-positivos admitidos en nuestro hospital por este diagnóstico, aun cuando 2/3 de los pacientes tenían diagnóstico previo de VIH. En la era de acceso universal a terapia antirretroviral nuestros hallazgos reflejan las fallas programáticas del sistema en cuanto a diagnóstico precoz, retención y tratamiento oportuno.

MEDICINA TROPICAL

280. Estudio preliminar de casos de neonatos con afectaciones del SNC provenientes de mujeres expuestas al virus Zika del Caribe Colombiano.

Mattar S, Berrocal J, Villero Y, Arrieta G, González M, Aponte J, Miranda J, Tique V, Contreras H, Oviedo M, Berrera S.

Universidad de Córdoba. IPS; San Pablo; Cerete; Córdoba. Corporación Universitaria del Caribe; CECAR; Sincelejo. mattarsalim@hotmail.com

Introducción. Entre abril-julio, 2016 se analizaron 11 casos de microcefalia de clínicas de Cartagena, Sincelejo y Montería, áreas endémicas de Zika.

Materiales y métodos. Métodos. A las gestantes (rango, 15-34, media 25.5 años) se les tomaron datos clínico-epidemiológicos, un caso sospechoso de Zika se definió como: fiebre y uno o varios de los síntomas: artralgia, mialgia, conjuntivitis, hiperemia, dolor de cabeza y malestar. Las gestantes se sometieron a controles de ultrasonografía fetal, en las semanas 20, 30 y >30. Los neonatos fueron analizados por TAC.

Resultados. 9/11 (82%) de las madres informaron haber tenido síntomas compatibles con Zika durante el embarazo (rash, cefalea, vómito, fiebre, 2 fueron asintomáticas), las 9 gestantes mostraron síntomas de Zika entre 8-10 semanas. Los 11 niños nacieron vivos a término y con afectación del SNC. La ultrasonografía entre 25-35 semanas mostro: ventriculomegalia, microcefalia, calcificación talámica, hipoplasia de cerebelo, hidrocefalia, disgenesia del cuerpo calloso, holoprosencefalia, hemorragias intraventriculares y un caso de síndrome de Dandy Walker. El TAC en los neonatos mostro: microcefalia, ventriculomegalia, calcificaciones, hidrocefalia y un caso del síndrome Dandy Walker. Los perímetros cefálicos estuvieron entre 25-30.5cm, media 28.5, se observaron anomalías oculares en 2 neonatos. Todos los recién nacidos fueron seronegativos a TORCHS-VIH. Todas las madres tenían anticuerpos IgG contra Chikungunya y dengue. Los resultados de Zika-PCR siguen en estudio en el INS.

Conclusiones. Este es el primer trabajo en Colombia que describe la asociación del virus del Zika con afectación del SNC y ocular. A partir de esta emergencia será necesario incluir el tamizaje TORCHS + Zika.

281. Desarrollo y evaluación de un inmunoblot para diagnóstico de *Leptospira sp.*

Uribe L, Romero M, Arboleda M, Sánchez M.

ICMT-CES. miryan.sanchez@gmail.com

Introducción. La leptospirosis es una enfermedad zoonótica causada por el género *Leptospira*. La incidencia en Colombia es de 1 caso por 200.000 habitantes, un sub-registro debido a la falta de diagnósticos oportuno. El objetivo de este trabajo fue desarrollar un inmunoblot para diagnosticar de leptospira.

Materiales y Métodos. Los pacientes del estudio se captaron en las sedes del ICMT-CES en Sabaneta y Apartadó-Antioquia entre agosto de 2015 y abril de 2016. Se utilizó como antígeno para el inmunoblot una proteína recombinante de *Leptospira sp.* (antigenicidad in silico células B: 95%), producida para este trabajo. El anticuerpo primario fue el suero de cada paciente y el secundario anti IgG M humano marcado con peróxidasa de rábano. Simultáneamente a cada paciente se le realizó la técnica de Microaglutinación (MAT), para comparar los resultados del Inmunoblot y se determinó la sensibilidad (S) y especificidad (E).

Resultados. Se estandarizó el protocolo en el laboratorio para llevar a cabo el inmunoblot y se realizó la prueba de campo. Se evaluaron 263 muestras, 17 (6,46%) fueron positivas para leptospirosis por ambas pruebas. La S y E del Inmunoblot comparado con el MAT, fueron 100 y 94.7% respectivamente.

Conclusiones. El Inmunoblot tiene una muy buena especificidad y sensibilidad, es una prueba que se puede realizar en un laboratorio clínico de segundo nivel, la interpretación es visual y no requiere entrenamiento y equipos especiales como si sucede con el MAT y los resultados se pueden entregar en menos de 24 horas y se puede realizar para IgG e Ig.

INFECCIONES EN ADULTOS

282. Caracterización del diagnóstico microbiológico de osteomielitis en el Hospital Militar Central, Bogotá – Colombia, 2013 - 2015.

Bravo J, Mantilla B, Gómez C, Cardona C, Pescador L, Botero C, Pérez J, Gómez J, Espinal A, Morena C, Cáceres L, González M.

Grupo de Investigación en Enfermedades Infecciosas - Hospital Militar Central "GREINMIL". jbravojeda@gmail.com

Introducción. La osteomielitis constituye uno de los principales diagnósticos en un Hospital centro de referencia en trauma de guerra. De esta manera, se quiere evaluar el perfil microbiológico y etiológico de Osteomielitis en un Hospital Militar de cuarto nivel, centro de referencia en trauma de guerra en un periodo de 2013 a 2015 durante el conflicto armado en Colombia.

Materiales y métodos. Se realizó estudio descriptivo, realizado en la ciudad de Bogotá, mediante la revisión de perfil microbiológico de la institución proveniente de biopsia y cultivo óseo, durante el periodo comprendido entre 2013 y 2015.

Resultados. De un total de 206 eventos de osteomielitis que se correlacionaron con 331 aislamientos óseos, se encontró como agente etiológico en orden de frecuencia *Enterococcus faecalis* (13,60%), *Pseudomonas aeruginosa* (11,18%), *Staphylococcus aureus* (10,88 %), *Escherichia coli* (9,37%) y *Enterobacter cloacae* (6,65%). El 18,4% de los aislamientos correspondieron a gérmenes

de presentación inusual, siendo *Acinetobacter* spp el más frecuente con 5,3%. En un 53,88% se documentó infección polimicrobiana. La fuente de infección más frecuente fue trauma de guerra y por continuidad (59,71% y 15,5%, respectivamente). El 5% de los eventos fueron recuperados en hemocultivos.

Conclusiones. El perfil epidemiológico y aislamientos microbiológicos cumplen unas características propias de la población militar, en el escenario del conflicto armado. El germen más aislado en nuestra población fue *Enterococcus faecalis*. Es importante conocer esta epidemiología para establecer pautas y guías en terapia de uso empírico. Nuestra cohorte constituye la mayor estudiada en nuestro país y en Latinoamérica.

PRESENTACIONES ORALES

INFECCIONES EN PEDIATRÍA

283. Genetic and Clinical evaluation in 12 patients from 8 kindreds with GATA2 deficiency.

Oleaga C, Borges E, Guerin A, Deswarte C, Condino A, Casanova J, Rodríguez C, Martínez M, Bustamante J. Human Genetic of Infectious Diseases. Department of Immunology. carmen.oleaga@inserm.fr

Introducción. GATA2 (GATA binding protein 2) is a transcription factor containing a "zinc finder" domain promoting DNA binding and regulation of gene transcription. Heterozygous mutations in GATA2 gene have been associated with different Clinical phenotypes, such as myelodysplastic syndrome, chronic and acute myeloid leukemia, Emberger syndrome, and monocytopenia associated with mycobacterial infections.

Materiales y métodos. We enrolled and investigated patients with recurrent or unusual infectious disease and/or hematological disorders (peripheral cytopenia or disorder in bone marrow). We investigated the Clinical, immunological and cellular phenotypes of GATA2 patients and their families.

Resultados. We studied 12 patients from eight kindred from five countries. The patients are heterozygous for seven different GATA2 alleles. All alleles were loss-of-function and dominant-negative suggesting haploinsufficiency. All patients had bacterial infections including mycobacteria infections. Seven patients presented also viral infections and three fungal infections. All patients had disorders in B lymphocytes and monocytes (absence or decreased numbers). Manifestations in bone marrow were hypoplasia and/or myelodysplasia.

Conclusiones. This work shows that the spectrum of genetic variations and Clinical phenotypes of GATA2 is diverse. A diagnosis of GATA2 deficiency should be considered in patients with multiple infections and hematological disorders. Future studies including cohorts from several geographic cohorts will keep revealing novel genotypes and phenotypes, advancing the knowledge about GATA2 biology in humans.

284. Uso de profilaxis con Ciprofloxacina en niños receptores de trasplante de precursores hematopoyéticos.

López-Medina E, Vinasco G, Ramírez W, López P, Portilla C. Universidad del Valle/Centro Médico Imbanaco. Universidad del Valle/Centro de Estudios en Infectología Pediátrica/Centro Médico Imbanaco. Universidad del Valle. eduardo.lopez@ceiponline.org

Introducción. El uso de profilaxis con ciprofloxacina (pCipro) es controversial en niños receptores de trasplante de precursores hematopoyéticos (rTPH). Evaluamos si su uso altera el riesgo de desarrollar fiebre o infecciones bacterianas en esta población.

Materiales y métodos. Estudio retrospectivo en pacientes <18 años rTPH en el Centro Médico Imbanaco en Cali, Colombia. Se compararon dos cohortes de pacientes. La cohorte 1 (2012-2014) recibió pCipro, desde el día -3 del TPH hasta el día del injerto. La cohorte 2 (2015-Mayo, 2016) no recibió pCipro. Se documentaron los episodios de fiebre e infecciones entre el día -3 y el injerto del TPH y se ajustaron los resultados de acuerdo al tiempo de neutropenia.

Resultados. Se incluyeron 37 niños en la cohorte 1 y 26 en la cohorte 2. La edad promedio fue 10.1 años (0.7-18), el 67% fueron hombres. La razón de riesgo de incidencia (RRI) de episodios febriles e infecciones bacterianas en la cohorte 1 vs. cohorte 2 fue 0,66(IC 95%0,44;0,99),P=0,043 y 1,34(IC 95%0,84;2,16),P=0,216 respectivamente. Se documentaron 22 infecciones microbiológicamente confirmadas en la cohorte 1 y 18 en la cohorte 2

(RRI=0,81(IC 95%0,43;1,54),P=0,53). Once (50%) de las infecciones de la cohorte 1 y 5 (28%) de las infecciones de la cohorte 2 fueron causadas por gérmenes gram- multiresistentes (P=0,15).

Conclusiones. Si bien la pCipro redujo el riesgo de fiebre, no afectó el riesgo de infecciones bacterianas. Utilizar pCipro se asoció con un aumento no estadísticamente significativo de infecciones por gérmenes gram- multiresistentes. Conocer los riesgos y beneficios de pCipro mejorará el uso racional de antibióticos en esta población.

285. Infecciones por bacilos gram negativos resistentes a carbapenémicos en población pediátrica, un problema creciente.

Vanegas J, Parra O, Jiménez J. Universidad de Antioquia. jmv0819@gmail.com

Introducción. En población pediátrica, la resistencia a carbapenémicos reduce las opciones terapéuticas efectivas y complica el pronóstico de infecciones causadas por bacterias multiresistentes. El objetivo de este estudio fue describir las características clínicas y moleculares de las infecciones causadas por bacterias resistentes a carbapenémicos en población pediátrica provenientes de 5 hospitales de Medellín.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo transversal, que incluyó todos los niños con infección por bacilos resistentes a carbapenémicos entre junio/2012 y junio/2014. La información clínica y epidemiológica se obtuvo de la historia clínica y la identificación y susceptibilidad bacteriana se realizaron empleando el sistema automatizado Vitek-2. La detección de carbapenemasas se llevó a cabo empleando PCR y secuenciación. La tipificación de los aislamientos se realizó por PFGE y MLST.

Resultados. Se incluyeron 59 pacientes, la mayoría menores de 1 año (40,7%, n=24), con uso frecuente de antibióticos (94,9%, n=56) e infecciones del tracto urinario (31%, n=18). *Klebsiella pneumoniae* fue la bacteria más frecuente (47,4%), seguida por *Enterobacter cloacae* (40,7%) y *Pseudomonas aeruginosa* (11,9%). Para *K. pneumoniae*, la carbapenemasa KPC- y el clon ST14 fueron los más comunes (85,7%, n=24 y 39,3%, n=11; respectivamente), además se encontraron aislados genéticamente relacionados por PFGE. En contraste, la mayoría de los aislados de *E. cloacae* y *P. aeruginosa* no portaban carbapenemasas y presentaron una alta diversidad genética por PFGE y MLST.

Conclusiones. El aumento de las infecciones por bacilos resistentes a carbapenémicos en población pediátrica es un problema de gran preocupación. Es importante fortalecer la vigilancia epidemiológica e implementar estrategias que eviten su diseminación. Financiación: Colciencias-111565741641.

286. Caracterización de la infección respiratoria aguda de tipo viral a partir de los datos obtenidos de vigilancia epidemiológica de IRA en Bogotá D.C durante el periodo 2005 al 2015.

Romero Y, Navarro E, Mojica M, Gómez S, Díaz L, Borda P, Vargas H. Laboratorio de Salud Pública. Secretaría Distrital de Salud de Bogotá D.C. ynachelyromero@unicolmayor.edu.co

Introducción. La IRA se ha convertido en una problemática de salud pública siendo una de las principales causas de morbilidad y mortalidad a nivel capital y nacional. El objetivo de este estudio es caracterizar la infección respiratoria aguda según su comportamiento en los últimos 11 años en Bogotá D.C (2005- 2015).

Materiales y métodos. A través de un estudio descriptivo retrospectivo de corte transversal, donde se analizan los resultados de muestras que ingresaron por el sistema de vigilancia de IRA, 65.469 pacientes de todos los grupos etarios que cumplieron con criterio de enfermedad respiratoria definido para cada uno de los años incluidos en este estudio.

Resultados. De 65.469 casos analizados el 16,4% (n=10796) fueron positivos para alguno de los virus de notificación obligatoria a través de ensayos como IFI y técnicas de biología molecular. En el año 2005 VSR fue la principal causa de infección respiratoria con un 61% (n=206) seguido de PIV tipo 3 con 21% (n=70), Adv con un 8% (n=28) de positividad, comportamiento que se mantuvo en los años 2006, 2007 y 2008. Para el año 2009 el virus pandémico Influenza A H1N1 58%(n=1866) desplaza la circulación de VSR 7%(n=214), en el 2010 Influenza A H1N1 37% (n=439) disminuye su frecuencia pero sigue siendo el predominante.

Conclusiones. La IRA en Bogotá durante los últimos 11 años presentó una alta prevalencia siendo el VSR, Adv y PIV 3, los principales agentes virales causantes de IRA en la primera infancia en la ciudad; la circulación viral presenta su pico máximo en los meses de lluvias.

287. Shigelosis: infección antigua, resistencia emergente.

Patiño T, Riaño S, Saldaña L, Márquez K, Rojas E, Camacho G.
Universidad Nacional de Colombia. Fundación Hospital de la Misericordia. tatianapatino@hotmail.com

Introducción. A pesar de la transición epidemiológica hacia enfermedades crónicas a nivel mundial, en Colombia, las patologías infecciosas siguen representando una alta carga de morbimortalidad, entre ellas, la diarrea aguda cobra especial importancia, por la resistencia bacteriana creciente y la posibilidad de complicaciones. Se realizó la caracterización clínica, paraclínica y microbiológica de pacientes pediátricos con infección por *Shigella spp.*

Materiales y métodos. Estudio descriptivo, transversal, retrospectivo. Pacientes de 0-18 años, con aislamiento de *Shigella spp.* en coprocultivo, atendidos en la Fundación Hospital de la Misericordia entre 2010-2015.

Resultados. De 43282 pacientes con diarrea aguda, 105 tuvieron aislamiento de *Shigella spp.*, 8 pacientes fueron excluidos y 97 incluidos. El 51.5% pertenecían al sexo masculino, con promedio de edad 64±47 meses, 64,9% < 5 años, 26,8% asistían a colegio-guardería. Presentaban: fiebre 88,7%, emesis 72,2%, deshidratación 69,1%, disentería 47,4%, convulsiones 29,9%; hiponatremia 20,6%, anemia 33%. El principal aislamiento fue *S. sonnei* 64,9%, seguido por *S. group* 23,7%, *S. boydii* 9,3%, *S. dysenteriae* 2%, sin detección de *S. flexneri*. Se documentó resistencia a ampicilina en 81,4% (51% *S. sonnei*); a trimetoprim sulfametoxazol en 75,2% (56% *S. sonnei*), a ceftriaxona en 2 casos (*S. sonnei*); todos los aislamientos fueron sensibles a ácido nalidíxico.

Conclusiones. La diarrea es un motivo de consulta frecuente en pediatría, se debe sospechar etiología bacteriana por las características clínicas. En el estudio *S. sonnei* fue el aislamiento más común, es preocupante el aumento de resistencia bacteriana debido al uso indiscriminado de antibióticos; actualmente el tratamiento de elección es el ácido nalidíxico.

288. Seroprevalencia de anticuerpos anti *Taenia solium* en niños menores de diez años del área metropolitana de Barranquilla.

Filott M, Gómez L, Sarmiento L.
Universidad Metropolitana. mafilott@unimetro.edu.co

Introducción. El binomio teniosis/cisticercosis, son patologías priorizadas por la OMS por ser consideradas enfermedades reemergentes con un importante impacto negativo en el desarrollo de las comunidades. Son insuficientes las investigaciones sobre contacto temprano al parásito en niños. Objetivo: determinar la seroprevalencia de anticuerpos anti *T. solium* en niños menores de 10 años de edad del Área Metropolitana de Barranquilla (AMB).

Materiales y métodos. Estudio descriptivo transversal en 269 niños eutróficos y aparente buen estado de salud menores de 10 años del AMB (95% de confiabilidad y 6% de margen de error, en relación a un universo de 648.041 niños), en los que se estudiaron, muestras séricas para la determinación de anticuerpos tipo IgG anti *Taenia solium* utilizando el kit Anti-*Taenia solium* IgG de la empresa Abcam con una sensibilidad del 93,8% y especificidad superior al 95%. Previa aprobación del comité de ética institucional y firma de consentimiento informado del representante legal.

Resultados. De los 269 niños evaluados el 2,97% (8) tuvieron resultados positivos en la prueba, de los cuales 6 pertenecían a un colegio del Municipio de Soledad, 1 del Distrito de Barranquilla y 1 de Galapa.

Conclusiones. La seroprevalencia de Anticuerpos anti *T. solium* fue cercana al 3%, demostrando contacto temprano de la población con este parásito, con las consecuencias para la salud que ello implica y su impacto en la salud pública. El hallazgo de la mayoría de los casos positivos en una sola área, podría indicar la ubicación de un foco epidémico que debe ser investigado y controlado.

289. Factores de riesgo para bacteriemia asociada a catéter en población pediátrica de la Fundación Hospital de la Misericordia.

Correa J, Camacho G, Godoy J.
Universidad Nacional de Colombia. Fundación Hospital de la Misericordia. jumcorreago@unal.edu.co

Introducción. La bacteriemia asociada a catéter es un evento que aumenta la estancia hospitalaria e incrementa la mortalidad, es considerada una infección asociada al cuidado de la salud prevenible, por lo que conocer los factores de riesgo en fundamental para diseñar paquetes de prevención. El objetivo era determinar los factores de riesgo para bacteriemia asociada a

catéter en pacientes de 1 mes a 18 años de edad en la Fundación Hospital de la Misericordia.

Materiales y métodos. Pacientes entre 1 mes y 18 años con catéter venoso central y síntomas relacionados con bacteriemia asociada a catéter. Los casos son pacientes que cumplían con los criterios para bacteriemia asociada a dispositivos. Los controles son aquellos pacientes con síntomas clínicos de infección y que tenían catéter central, sin aislamiento microbiológico. Estudio analítico de casos y controles anidados en una cohorte prospectiva. Análisis bivariado y regresión logística binomial para variables de confusión.

Resultados. Se analizaron 147 pacientes (49 casos y 98 controles). Predominio del sexo masculino, con edad promedio de 60 meses. Con análisis bivariado se identificaron como factores de riesgo la estancia en UCI neonatal OR 6,6 (IC 95% 1,299-34,535), nutrición parenteral OR de 3,8 (IC 95% 1,824-8,000), desnutrición OR 2,6 (IC 95% 1,291-5,276), comorbilidad quirúrgica OR 2,6 (IC 95% 1,279-5,303) y el uso previo de catéter con OR 3,8 (IC 1,290- 9,557), este último (según análisis multivariable) se identifica como el factor de riesgo más representativo.

Conclusiones. El uso previo de catéter se identificó como factor de riesgo significativo para bacteriemia asociada a catéter.

290. Terapia intratecal con levofloxacina en dos pacientes pediátricos con derivación ventricular externa y ventriculitis por *Stenotrophomonas maltophilia*.

Valderrama M, Rojas J, Valencia G, Mejía L, Castillo G.
Universidad Libre Seccional Cali. Fundación Clínica Infantil Club Noel. marialuciv@hotmail.com

Introducción. Para optimizar la distribución a SNC de ciertos antimicrobianos se ha llevado a nuevas vías de administración, tales como la infusión intratecal que ha demostrado buenos resultados en pacientes con infecciones en SNC por gérmenes multi-resistentes con previo fracaso al tratamiento convencional.

Materiales y métodos. Se tomaron dos paciente con antecedente de hidrocefalia con ventriculostomía externa, con cultivo positivo en LCR para *Stenotrophomonas maltophilia* manejadas previamente con antibiótico endovenoso con trimetropin sulfa sin una buena respuesta al tratamiento inicial, y se les administro levofloxacina 1mg/kg/día vía intratecal durante 20 días.

Resultados. Las dos pacientes después de recibir 20 días de tratamiento antibiótico, los análisis posteriores del LCR evidenciaron normalización del citoquímico y los cultivos enriquecidos eran negativos. Se hace DVP a ambas sin complicaciones, posteriormente egreso.

Conclusiones. Hasta el momento no se ha descrito el uso de levofloxacina intratecal en pacientes con neuroinfección, y mucho menos en pacientes en edad pediátrica. En ésta ocasión, reportamos dos casos de ventriculitis por *S. maltophilia* que recibieron Levofloxacina intratecal logrando mejoría clínica y cura microbiológica.

MICOBACTERIAS**291. Evaluación costo efectividad de Xpert MTB / RIF en el diagnóstico de la tuberculosis en Colombia.**

Taborda A, Correa N, Londoño D.
Fundación Santa Fe de Bogotá. alejandra.taborda@fsfb.org.co

Introducción. La Tuberculosis es un problema de salud pública en el mundo y su diagnóstico es muy relevante, en tanto permite un manejo certero y disminuye la posibilidad de transmisión de la enfermedad. La OMS recomienda diferentes métodos diagnósticos básicos (cultivo sólido y líquido) y biología molecular de alto costo (método Xpert MTB/RIF). El objetivo del estudio es evaluar la costo-efectividad en Colombia de dichas pruebas diagnósticas, desde la perspectiva del sistema de salud.

Materiales y métodos. Evaluación económica completa de tipo costo-efectividad. Se usó un árbol de decisiones comparando tres pruebas disponibles para diagnosticar Tuberculosis en pacientes sintomáticos respiratorios con esputo negativo. Los parámetros del modelo se tomaron de la mejor evidencia disponible, fuentes oficiales y tarifas locales. Se determinó la relación de costo-efectividad incremental y se realizó un análisis de sensibilidad determinístico para controlar la incertidumbre.

Resultados. El costo del cultivo sólido fue de COP 83.100 y su efectividad de 0,94. El método Xpert MTB/RIF permite detectar correctamente 3% más casos que el cultivo sólido, 2% más que el cultivo líquido. En términos de costos

el método Xpert MTB/RIF cuesta COP 200 mil más que el cultivo sólido y 102 mil más que el cultivo líquido. La relación de costo-efectividad incremental (ICER) fue de COP 6.650.000 para Xpert, es decir si se quiere aumentar en 1% los casos correctamente diagnosticados, tendrá que invertirse dicha cantidad. La variable más sensible al modelo fue la especificidad para las pruebas y la prevalencia de la enfermedad.

Conclusiones. Xpert MTB/RIF es una estrategia costo-efectiva en Colombia.

292. Variabilidad de los sistemas Toxina-Antitoxina en *Mycobacterium tuberculosis*.

Solano J, Pino C, Robledo J.

Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Universidad Nacional de Colombia. Universidad Pontificia Bolivariana. juanssolano2@gmail.com

Introducción. Los sistemas Toxina-Antitoxina (TA) son módulos genéticos asociados con la persistencia de *Mycobacterium Tuberculosis* (MTB). Los TA son ampliamente difundidos, relacionados con la regulación del metabolismo en MTB. El objetivo del presente estudio fue determinar la variabilidad en las secuencias de los sistemas TA en 7 linajes principales de MTB.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo, se secuenciaron 20 aislamientos de la colección de la Corporación para Investigaciones Biológicas. Las lecturas fueron corregidas con Trimmomatic y ensambladas con SOAPdenovo. Las proteínas fueron predichas con Prodigal. Se creó un perfil de modelo oculto de Markov (HMM) por cada toxina y antitoxina de referencia. Se anotaron las secuencias predichas basados en las coincidencias con los HMM creados (menor e-value) con la herramienta Hammer. Por último, se agruparon los genes ortólogos y se realizó un alineamiento múltiple con Muscle para la comparación de sus secuencias.

Resultados. Se identificaron 14 toxinas y 19 Antitoxinas completamente conservadas en los 7 linajes de MTB. El linaje 5 (Africa-1) presentó la mayor cantidad de mutaciones con siete, lo siguieron el linaje 7 (Etiopia) y linaje 6 (Africa-2), cada uno con 6 mutaciones. Los linajes 2 (Beijing) y 3 (CAS) presentaron una mutación cada uno. El linaje predominante en Colombia (Linaje 4) presentó 4 mutaciones.

Conclusiones. La mayoría de genes asociados a los sistemas TA son conservados en MTB, sin embargo, se observó una mayor cantidad de genes mutados en los linajes antiguos en comparación a los linajes modernos.

293. Diagnóstico de tuberculosis pulmonar por baciloscopia y cultivo en siete ciudades de Colombia. Análisis de costo-efectividad.

Gómez V, Hernández J, Alvis N, Llerena C, Rodríguez D, Universidad Pontificia Bolivariana. Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Instituto Nacional de Salud. Organización Internacional para las Migraciones. jHernandez@cib.org.co

Introducción. En Colombia, durante el 2014 se estudiaron 359.773 sintomáticos respiratorios y se diagnosticaron 12.824 casos de TB, de los cuales 9.626 (75%) fueron confirmados microbiológicamente; el objetivo fue evaluar en términos de costos y efectividad el diagnóstico de Tuberculosis en siete ciudades de Colombia.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo-retrospectivo. Evaluación económica de tipo costo-efectividad que permite comparar costos y efectividad de la baciloscopia (BK) y el cultivo para hacer diagnóstico de TB en Medellín, Barranquilla, Bogotá, Bucaramanga, Pereira, Cúcuta y Villavicencio. Se revisaron las bases de datos de los sintomáticos respiratorios captados y el diagnóstico de los pacientes con TB en las ciudades objeto del estudio durante todo el 2014 y el primer semestre del año 2015.

Resultados. En las siete ciudades se detectaron 175.411 sintomáticos respiratorios. Se realizaron 416.394 BK (2,4 BK por paciente sintomático); positividad de 3,1% (1,7-4,7%); los costos estuvieron entre \$ 7.669 (Bogotá) y \$15.250 (Medellín). Se realizaron 90.544 cultivos (51% de los pacientes); positividad de 3,4% (1,9-5,1); los costos estuvieron entre \$44.300 (Cúcuta) y \$86.250 (Medellín).

Conclusiones. Los datos sugieren que para identificar un caso de TB en estas ciudades es necesario investigar a 28 pacientes. De los pacientes con diagnóstico microbiológico, el 65% tiene BK positivo y el 35% cultivo positivo. Hasta el primer semestre de 2015 no se estaba cumpliendo la normatividad que indica que todo sintomático respiratorio cuente con sus tres BK y un cultivo. El costo estimado que invierte el país para encontrar un caso positivo de TB es \$1.150.201.

294. Evaluación de costo-efectividad del Xpert® TB/RIF para el diagnóstico de tuberculosis, en comunidades afrodescendientes del Pacífico colombiano.

Cadavid C, Hernández J, Rodríguez D, Llerena C, Perea L, Mejía G, Zapata E, Robledo J. Universidad Pontificia Bolivariana. Organización Internacional para las Migraciones. Instituto Nacional de Salud. Secretaría Departamental de Salud del Choco. Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). jHernandez@cib.org.co

Introducción. Los recursos económicos que destina un país para diagnosticar la Tuberculosis (TB) son altos y deben estar justificados en una evidencia sólida. El objetivo fue comparar los costos y efectividad del Xpert® MTB/RIF con la baciloscopia (BK) y cultivo para el diagnóstico de TB en el Pacífico Colombiano.

Materiales y métodos. Estudio transversal, se analizaron costo y efectividad del Xpert® MTB/RIF, BK y métodos de cultivo MGITM y Ogawa. Se ingresaron adultos y niños sintomáticos respiratorios que asistieron al sistema público de salud en Choco, entre julio-diciembre 2015.

Resultados. Ingresaron 175 pacientes, 137 adultos y 38 menores de 15 años. El desempeño de las pruebas en relación al cultivo en Ogawa y/o MGITM fue: BK sensibilidad 84,62% (IC 61,2-100), especificidad 99,31% (IC 97,6-100), Xpert® MTB/RIF sensibilidad 92,31% (IC 73,9-100) y especificidad 97,92% (IC 95,24-100). Los costos variaron entre \$7.498 y \$77.136.

Conclusiones. El Xpert® MTB/RIF fue más sensible que la BK, pero menos que el cultivo, y puede ser fácilmente introducido en un escenario con recursos limitados como el Pacífico colombiano. Aunque el Xpert® MTB/RIF generó resultados más sensibles que la BK y más rápidos que el cultivo, con el costo de esta tecnología en Colombia no resulta costo-efectiva su implementación en un escenario como el Choco. Se sugiere a las autoridades nacionales generar una estrategia que permita un acuerdo comercial que disminuya el costo de la prueba molecular de acuerdo con lo establecido en las políticas de la Organización Mundial de la Salud, para que su implementación sea costo-efectiva.

295. Tuberculosis extrapulmonar en población pediátrica en un hospital de referencia de la ciudad de Bogotá.

Fonseca E, Imbachi L, Marquez K, Camacho G, Universidad Nacional de Colombia. Fundación Hospital de la Misericordia. evfonsecas@unal.edu.co

Introducción. La población pediátrica presenta mayor riesgo de Tuberculosis diseminada y extrapulmonar, existe poca información en nuestro medio respecto a niños afectados con esta entidad. Se describen las características demográficas y clínicas de niños con Tuberculosis extra-pulmonar atendidos en la Fundación Hospital de la Misericordia entre enero 2008 y junio 2016.

Materiales y métodos. Estudio observacional retrospectivo. Se identifican los casos de tuberculosis extrapulmonar y se hace la revisión de los criterios usados para el diagnóstico. Se realiza el análisis descriptivo de las variables recolectadas.

Resultados. Se identificaron un total de 81 casos, de los cuales 32 (39,5%) presentan Tuberculosis extrapulmonar. La edad promedio fue de 10,2 años (rango 0,8-17 años). Las formas más frecuentes fueron ganglionar 40,6%, meníngea 21,9% y ocular 18,8%. Se logra confirmación bacteriológica en 8 casos (25%), los restantes 24 casos (75%) fueron clasificados como casos de TB clínicamente diagnosticado. Dos pacientes (6,2%) fallecieron durante el tratamiento: ninguna mortalidad fue atribuible a la Tuberculosis.

Conclusiones. La Tuberculosis extrapulmonar en pediatría es una entidad de difícil diagnóstico, no hay características clínicas propias de la entidad, el uso de estudios histopatológicos y el advenimiento de los estudios moleculares son esenciales en la identificación, sin embargo los rendimientos para lograr el aislamiento del *M. tuberculosis* es baja, por lo que el tratamiento se instaura con base en la definición de TB clínicamente diagnosticada. La detección y manejo de casos en población adulta es esencial en el control y transmisión de la enfermedad.

296. Caracterización de la población pediátrica con tuberculosis pulmonar en un hospital de referencia en la ciudad de Bogotá.

Imbachi L, Fonseca E, Márquez K, Camacho G. Universidad Nacional de Colombia. Fundación Hospital de la Misericordia. lfbachiy@unal.edu.co

Introducción. La información epidemiológica y clínica sobre la tuberculosis pediátrica es limitada. Es una enfermedad de diagnóstico difícil en niños. Se propone describir las características demográficas, clínicas y paraclínicas de pacientes pediátricos con diagnóstico de Tuberculosis pulmonar.

Materiales y métodos. Estudio observacional retrospectivo. Se incluyeron pacientes menores de 18 años con tuberculosis pulmonar, miliar y con compromiso pulmonar y extrapulmonar atendidos en la Fundación Hospital de la Misericordia en el período enero 2008 - junio 2016. Se realizó un análisis descriptivo de las variables.

Resultados. Se identificaron un total de 81 casos con diagnóstico de Tuberculosis, de éstos 49 (60,5%) se clasificaron como pulmonar, 41 (83,7%) pacientes tenían localización única en pulmón, 3 (6,1%) casos se clasificaron como miliar y 5 casos (10,2%) tenían compromiso pulmonar y extrapulmonar. La edad promedio fue 7 años (rango 0,5 - 19 años). Entre los criterios utilizados para el diagnóstico, el clínico se presentó en todos los casos, radiológico en 89,8% y la prueba de tuberculina fue positiva en 48,9% de los pacientes. Los síntomas más frecuentes fueron tos (89,8%), fiebre (63,3%) y pérdida de peso (28,6%). La positividad de la baciloscopia fue del 15,4% y de los cultivos del 18,3%. La coinfección con VIH se presentó en 3 casos (6,1%). Durante el tratamiento se registran 4 casos de mortalidad, los cuales no fueron atribuibles a la tuberculosis.

Conclusiones. Es importante mejorar las actividades de vigilancia y seguimiento de los niños con TB pulmonar y promover acciones para su prevención y tratamiento adecuados.

297. Efectividad profiláctica de isoniacida por periodo superior a nueve meses ante ausencia de confirmación de infección latente tuberculosa en pacientes con Sida.

Martínez R, Jiménez C, Valencia A, Rivera W, Cardona M.
GRUPO VIHDA. ricardoMartinezg@hotmail.com

Introducción. Al ser la tuberculosis (TB) la enfermedad oportunista más prevalente en pacientes portadores del VIH y su principal causa de morbimortalidad es fundamental instaurar medidas preventivas para su aparición al establecer diagnóstico de infección latente tuberculosa (ILT). Guías actuales señalan como una de las condiciones para justificar profilaxis anti TB en portadores del VIH confirmar presencia de ILTB. Sin embargo la pobre sensibilidad de pruebas (PPD e IGRA) limita la terapia profiláctica ante depleción inmunológica, situación preocupante considerando que hasta 75% de casos de TB en esta población se presenta con recuentos inferiores a 200 CD4.

Materiales y métodos. Estudio de cohortes prospectivo entre pacientes atendidos entre años 2010 y 2012 en institución del occidente de Colombia. Cohorte expuesta (n: 264) pacientes con isoniacida profiláctica por periodo superior a 9 meses, conteo de CD4 menor a 200 y ausencia de test diagnósticos para ILTB. La cohorte no expuesta (n: 198) no recibió profilaxis. Seguimiento por 3 años. Variable desenlace TB activa.

Resultados. La duración de la terapia profiláctica tuvo promedio de 15 meses con valores extremos de 9,5 y 27 meses. Tiempo promedio para alcanzar valores de CD4 superiores a 200 fue 16,3 meses. Isoniacida profiláctica fue factor protector en contra de desarrollo de TB RR 0.29 IC 0.16 - 0.54 p 0.000.

Conclusiones. La baja sensibilidad de test diagnósticos para ILTB asociada a recuentos de CD4 inferiores a 200 justifica profilaxis farmacológica a pesar de su ausencia o negatividad. La dilación en tiempo de recuperación inmunológica hace replantear duración profiláctica por periodo superior al protocolo.

298. Causas y desenlaces de hospitalización en VIH.

Álvarez M, Villa J, Agudelo C, Hidron A, Echeverri L, Ramírez J, Ocampo A, Porras G, Trompa I, Eusse A, Restrepo L, Restrepo C.
Clínica Bolivariana. Universidad Pontificia Bolivariana. Hospital Pablo Tobon Uribe. Hospital San Vicente Fundación. Hospital General de Medellín. Centros Especializados San Vicente Fundación. IPS Universitaria; Clínica Leon XIII. mariafda_12@hotmail.com

Introducción. La esperanza de vida para los pacientes infectados con el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) ha mejorado significativamente en la era de la terapia antirretroviral de gran actividad (TARGA), esto en gran parte debido a la reducción de la mortalidad atribuible a las enfermedades relacionadas con el síndrome de inmunodeficiencia adquirida (Sida).

Materiales y métodos. Estudio descriptivo prospectivo de pacientes ingresados con diagnóstico de VIH en seis hospitales durante un año entre agosto de 2014 y julio de 2015.

Resultados. 553 pacientes fueron admitidos, el 76% eran hombres y la edad media fue de 39,4 años. Se hizo diagnóstico de novo en un 21,8% de los pacientes, 63,2% recibían antirretrovirales antes de la admisión, pero sólo el 54,1% eran adherentes; más de la mitad tenía una carga viral mayor a 100 000 copias/mL y menos de 200 CD4 células/uL. Los principales motivos de ingreso

hospitalario fueron las infecciones oportunistas, siendo la Tuberculosis más común. Ingresaron a unidad de terapia intensiva el 10,3% de los pacientes; el 14,3% fue readmitido y la mortalidad fue del 5,4%.

Conclusiones. Las infecciones oportunistas continúan siendo la principal causa de hospitalización en pacientes adultos con VIH en nuestro medio, sin embargo, la mortalidad por esta causa ha disminuido. Se requiere mejorar la habilidad de los programas de VIH para lograr las metas de cuidado y mejorar la adherencia al tratamiento.

TRABAJOS COMPLETOS

299. Prevalencia de *Toxoplasma gondii* por microscopía y PCR convencional en heces de gatos domésticos (*Felis silvestris catus*) de la ciudad de Armenia, Quindío, Colombia.

Zamora O, Triviño J, Moncada D, Lora F, Gómez J.
GEPAMOL Universidad del Quindío. oazamorav@uqvirtual.edu.co

Introducción. *Toxoplasma gondii* es un protozoo parásito con distribución cosmopolita causante de la Toxoplasmosis. Los gatos domésticos (*Felis silvestris catus*) y otros felinos son los únicos hospederos definitivos, hasta ahora conocidos, con la capacidad de excretar ooquistes en el ambiente. El objetivo de este trabajo fue determinar la prevalencia de ooquistes de *T. gondii* en gatos domésticos en la ciudad de Armenia, Quindío, mediante microscopía y PCR convencional.

Materiales y métodos. Se recolectaron 140 muestras fecales de gatos domésticos en las 10 comunas de la ciudad de Armenia desde el mes de Noviembre de 2014 al mes de Agosto de 2015. Las muestras de heces fueron concentradas con el método de Ritchie y luego analizadas a través de microscopía óptica. A los concentrados se les realizó proceso de extracción de ADN y luego amplificación por PCR anidada para la secuencia B1 de *Toxoplasma gondii*. Se realizó una prueba Chi-cuadrada para evaluar variables encuestadas con los productos amplificados.

Resultados. A través de microscopía óptica no se encontró presencia de ooquistes. Sin embargo, se obtuvo PCR positivo para *T. gondii* en 17,85% (25/140) de la población estudiada. La prueba Chi-cuadrada no mostró que existiera relación entre las variables encuestadas y los productos amplificados ($p < 0,05$).

Conclusiones. A través de la técnica de PCR anidada se logró identificar la presencia de ADN de *T. gondii* en 17,85% de la población estudiada y 9 se las 10 comunas, lo que podría indicar la presencia de ooquistes en las muestras fecales de gatos domésticos.

300. Estudio de la relación entre variables epidemiológicas, clínicas y paraclínicas de pacientes con Leishmaniasis cutánea tratados, respuesta terapéutica, presentación de efectos adversos en Tolemaida, enero 2012 a agosto 2013.

Delgado E.
Savia Salud EPS. ericnany@hotmail.com

Introducción. La Leishmaniasis es una enfermedad infecciosa, causadas por distintas especies de un protozoo intracelular obligado del orden Kinetoplastida, que causa una variedad de presentaciones clínicas algunas fatales. Tradicionalmente el personal de servicio militar en las áreas selváticas en Colombia es afectado por cuadros de Leishmaniasis cutánea. El programa de atención de Leishmaniasis del Hospital de Tolemaida es un programa estructurado y que de manera eficiente diagnóstica y trata los pacientes que son remitidos a esa institución.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo retrospectivo de 485 casos de Leishmaniasis cutánea tratados en la unidad militar de Tolemaida de enero de 2012 a agosto de 2013. Se construyó una base de datos a partir de las historias clínicas y a través de ACCESS y del posterior análisis estadístico (EPIINFO 7.0) de manera individual y colectivo de los datos se determinó la posible relación entre las variables clínicas, paraclínicas y epidemiológicas y la respuesta al tratamiento médico y presentación de efectos adversos.

Resultados. El 87% de los pacientes recibieron Glucantime, el 6,8% de estos pacientes no presentó una completa resolución de la lesión. La presencia del parásito fue evidenciada en toda la serie. Los principales efectos adversos fueron Cefalea (48%), Mialgias (47%) y Artralgias (45%). El 9,27% de los casos presentó alteraciones electrocardiográficas al inicio del tratamiento, sin em-

bargo a 19 se les suministró tratamiento las alteraciones en EKG se mantienen durante el seguimiento del tratamiento y ningún caso tuvo un desenlace fatal.

Conclusiones. Se sugiere una posible relación de resistencia de los casos provenientes de Solano.

301. Uso adecuado de antibióticos en pacientes con sepsis grave y choque séptico: estudio de cohorte prospectivo.

Jaimes F, Castaño P, Plaza M, Molina F, Hincapié C, Maya W, Cataño J, González J, León A.

Universidad de Antioquia. Hospital Universitario San Vicente Fundación. Hospital Pablo Tobón Uribe. fabian.jaimes@udea.edu.co

Introducción. Se espera que el uso adecuado de antibióticos lleve a un pronóstico favorable para los pacientes con sepsis. Objetivo: determinar la asociación entre la prescripción adecuada de antibióticos y la mortalidad hospitalaria.

Materiales y métodos. Estudio de cohorte prospectivo en 3 hospitales de tercer nivel de atención en pacientes adultos con sepsis grave o choque séptico admitidos por urgencias. Se determinó si la prescripción empírica de antibióticos fue adecuada o inadecuada. Para muerte hospitalaria se hicieron comparaciones, de acuerdo con las diferentes medidas de uso adecuado o no de antibióticos, por medio de Chi cuadrado. Además, se ajustaron dos modelos de regresión logística para mortalidad.

Resultados. Se tamizaron 822 pacientes. En pacientes con cultivos positivos (n=545, 77%) no se encontraron diferencias en el riesgo de muerte hospitalaria con el uso de antibióticos de espectro insuficiente (OR=0,86; IC 95%=0,37-1,98), en comparación con los pacientes que recibieron un espectro adecuado. La mortalidad de los pacientes con cultivo negativo y espectro adecuado fue del 21% (n=30) y la de los pacientes con espectro inadecuado del 75% (n=12). El retardo en el tiempo de inicio del tratamiento, por cada hora, tampoco se asoció con el riesgo de muerte en los pacientes con cultivos positivos y antibióticos de espectro adecuado (OR=1,03; IC 95%=0,98-1,08) ni en los pacientes con cultivo negativo y prescripción adecuada.

Conclusiones. No se encontró asociación entre la prescripción adecuada o el tiempo de inicio de antibióticos y la mortalidad. En pacientes con cultivos negativos, escoger un antibiótico inadecuado aumenta mortalidad.

302. La bacteriuria no se asocia con infección del sitio operatorio en pacientes de cirugía cardiovascular.

Duarte J, Cortés J, Reyes P, Alzate J, Bermúdez D.

Universidad Nacional de Colombia. Fundación Sanitas Internacional. jcdguitar@msn.com

Introducción. La infección del sitio operatorio (ISO) en cirugía cardiovascular es una complicación que aumenta los costos en salud y se asocia a alta morbilidad y mortalidad. La identificación e intervención de factores de riesgo modificables puede disminuir su incidencia. Aunque no se ha encontrado relación consistente entre bacteriuria asintomática e ISO en cirugía cardiovascular, en la práctica se percibe como deletérea, realizándose búsqueda y tratamiento de la misma de forma indiscriminada. Nuestro objetivo es identificar si existe asociación entre la presencia de bacteriuria asintomática o infección de vía urinaria (IVU) prequirúrgica, con ISO de mediastino o vaso donante en pacientes llevados a cirugía cardiovascular en un centro de referencia en Colombia.

Materiales y métodos. Estudio analítico con una cohorte retrospectiva de pacientes llevados a cirugía de revascularización coronaria o cambio valvular.

Resultados. Se incluyeron 840 pacientes en el estudio, de los cuales 33 (3,9%) presentaron bacteriuria asintomática y 13 (1,5%) IVU, la exposición a antibióticos prequirúrgicos fue del 7%. La incidencia de ISO fue 9,5% (80 pacientes) con 2,3% de casos de mediastinitis. En el análisis multivariado la bacteriuria asintomática (RR 0,83; IC 95%: 0,26-2,56, p= 0,74) y la infección de vía urinaria (RR 2,54; IC 95%: 0,60-10,69, p= 0,20) no fueron factores de riesgo para ISO.

Conclusiones. La bacteriuria no es factor de riesgo para presentar ISO en cirugía cardiovascular. No se recomienda realizar tamización a los pacientes con uroanálisis o urocultivo, a menos que existan síntomas urinarios y sospecha de infección de vía urinaria que amerite tratamiento.

303. Costo-efectividad de dos esquemas de prevención de infección por citomegalovirus en pacientes con trasplante renal y riesgo intermedio en Colombia.

Contreras K, Vargas M, García P, González C, Rodríguez M, Castañeda-Cardona, C. Otálora-Esteban M, Rosselli D.

Hospital Universitario San Ignacio. Pontificia Universidad Javeriana. kamacovi@gmail.com

Introducción. Citomegalovirus (CMV) es la causa más frecuente de infección en pacientes con trasplante renal. Existen dos estrategias para prevenirlo: profilaxis universal con valganciclovir 90 días, o terapia anticipada, con carga viral semanal y tratamiento solo si es positiva. Su efectividad es muy similar. El objetivo del estudio fue determinar cuál estrategia es más costo-efectiva en pacientes de riesgo intermedio en Colombia.

Materiales y métodos. Se diseñó un árbol de decisión bajo la perspectiva del tercero pagador, considerando únicamente costos médicos directos, en pesos colombianos (COP) 2014, horizonte temporal de un año, y población conformada por pacientes con riesgo intermedio para CMV (donante+/receptor+, o donante-/receptor+). Las probabilidades de transición se extrajeron de estudios clínicos y el uso del método Delphi para validación por expertos. Para costos de procedimientos se empleó el manual tarifario ISS 2001 con un incremento de 33% a partir del IPC en salud del año 2014 y para medicamentos se utilizaron circulares del Ministerio de Salud y el sistema de información de medicamentos Sismed.

Resultados. La profilaxis universal con valganciclovir es dominante (menos costosa y asociada a una menor probabilidad de infección). El costo promedio del primer año del paciente en terapia anticipada sería de COP 30'961.290, mientras que en terapia universal sería de COP 29'967.834 (costo incremental COP 993.456).

Conclusiones. Para paciente con trasplante renal y riesgo intermedio para CMV en Colombia, la profilaxis universal es la mejor estrategia por tener menos costos y un menor riesgo de infección.

304. Valores de líquido cefalorraquídeo en pacientes con derivación ventricular.

Duarte M, Camacho G, Mancilla N.

Universidad Nacional de Colombia. Fundación HOMI - Hospital de la Misericordia. msduartem@unal.edu.co

Introducción. El objetivo del estudio es describir las características bioquímicas y celularidad del líquido cefalorraquídeo de pacientes con hidrocefalia en manejo con derivación ventricular sin patología infecciosa en población pediátrica en Bogotá, Colombia.

Materiales y métodos. Estudio de tipo observacional descriptivo de serie de casos de temporalidad ambispectivo, desarrollado en la Fundación Hospital de la Misericordia en Bogotá, Colombia, entre el 2008 y el 2016. Se revisaron los registros de procedimientos de derivación ventriculoperitoneal y relacionados realizados. Se incluyeron pacientes entre 2 meses y 18 años usuarios del sistema de derivación. Se realizó la recolección de datos y se analizaron usando SPSS v22.

Resultados. Se revisaron 285 registros de los cuales se ingresaron 31 muestras de 25 pacientes al estudio. Los valores de LCR fueron: leucocitos totales: mediana de 0 cél/mm³ y percentil 90% de 7 cél/mm³; neutrófilos: mediana de 0 cél/mm³, y percentil 90% de 6,8 cél/mm³; y, linfocitos: mediana de 0 cél/mm³ y percentil 90% de 2 cél/mm³. Para las proteínas: mediana de 13,4 mg/dL y percentil 90% de 67,2 mg/dL. Para la glucosa: mediana de 59 mg/dL y percentil 10% de 27,4 mg/dL.

Conclusiones. Se evidencia que los valores de glucosa presentan un rango normal hacia el extremo inferior más amplio, con valores de proteínas mayores a los valores esperados en población normal. El rango de celularidad es la variable que presenta menor variación. Estos hallazgos evidencian diferencias importantes para una adecuada interpretación del LCR ventricular en pacientes usuarios de derivación ventricular con respecto a la población sana.

MEDICINA TROPICAL

305. Determinación de la seroprevalencia de cisticercosis porcina e identificación de teniasis humana en personas criadoras de cerdos en el área urbana del municipio de Coyaima, Tolima.

Riaño M, Giraldo J, Vásquez L.

Universidad Incca de Colombia. Universidad Del Cauca. milena9154@hotmail.com

Introducción. La cisticercosis porcina causada por la etapa larval de *Taenia solium*, ocasiona pérdidas económicas para sus teneedores y un riesgo a la salud pública en Colombia y el mundo. Esta se propaga en zonas con precarias condiciones higiénicas-sanitarias, ambientales y socio-económicas. Este estudio determinó la seroprevalencia de cisticercosis porcina empleando la prueba ELISA y detección de teniasis humana por examen coproparásitológico en criadores de cerdos del área urbana.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio descriptivo de corte-transversal en 102 porcinos y en 159 personas criadoras de cerdos del municipio de Coyaima, Tolima, quienes diligenciaron una encuesta epidemiológica y firmaron un consentimiento. Se tomó una muestra de sangre en 102 porcinos por punción en el pabellón auricular e impregnado en discos de papel-filtro para detectar anticuerpos por prueba ELISA con fracción proteica de 53kDa. En cuanto a los tenedores de porcinos se les solicitó una muestra coprológica, conservada en reactivo de (MIF) al 5%, preservada 4°C, analizada por la técnica de Ritchie y observación microscópica.

Resultados. De los 102 porcinos, el 17% (17/102) son seropositivos y la prevalencia general de parasitismo intestinal en criadores fue de 43,3%, en el 11,1% (3/159) se hallaron huevos de *Taenia spp.* En las variables sociodemográficas estadísticamente significativas, se observó que el parasitismo intestinal presentó asociación con las fuentes de agua, $p < 0,05$, y un OR de 2,0 la tenencia de porcinos.

Conclusiones. La seroprevalencia de cisticercosis porcina presenta significancia en el área de estudio indicando un incremento al sistema en la salud pública, a los criadores de cerdos de la comunidad coyaimuna.

306. Identificación de proteínas inmunorreactivas de *Leishmania (Viania) panamensis*.

Caraballo A, Sánchez-Jiménez M.
ICMT-CES. miryan.sanchez@gmail.com

Introducción. Alrededor de 98 países en todo el mundo reportan casos de leishmaniasis, y se estima que hay 1,2 millones de nuevos casos cada año, de los cuales 1 millón corresponde a leishmaniasis cutánea o mucocutánea, y 20.000 a 30.000 muertos. Además, hay 310 millones en riesgo. El estudio del proteoma de *Leishmania* abre la posibilidad de adelantar estrategias para identificación de nuevos blancos terapéuticos, vacunas, y el desarrollo de mejores metodologías diagnósticas. El objetivo fue identificar proteínas inmunorreactivas de promastigotes de *L. (V) panamensis*.

Materiales y métodos. A partir de un cultivo de promastigote de *L. (V) panamensis* aislada de un paciente, se realizó extracción de proteínas totales y separación mediante SDS-PAGE al 12%. Se realizaron inmunoblots a 60 sueros de pacientes, clasificados en 5 grupos. 1: 30 pacientes con diagnóstico de leishmaniosis cutánea. 2: 5 pacientes con leishmaniosis mucosa. 3: 5 pacientes con sospecha clínica de leishmaniosis. 4: 10 sueros de personas negativas y 5: 10 pacientes con diagnóstico de enfermedad de Chagas. Las proteínas inmunorreactivas para los pacientes con leishmaniasis se identificaron por espectrometría de masas a través de LC MS/MS y los resultados fueron sometidos a análisis bioinformático.

Resultados. Se identificó una banda inmunorreactiva de 27 kDa en el 100% de los pacientes con leishmaniasis mucosa. El análisis de masas permitió identificar 15 proteínas de *L. (V) panamensis* en este tamaño de banda.

Conclusiones. Las proteínas identificadas podrían ser candidatas para el diseño de pruebas diagnósticas de leishmaniasis mucosa.

307. Leishmaniasis cutánea: biomarcadores de respuesta al tratamiento con antimoniales.

Vargas D, Martínez A, Burgess K, Burchmore R, Alexander N, Gómez M.
Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM). University of Glasgow. davargas@cideim.org.co

Introducción. El tratamiento de la leishmaniasis cutánea (LC) en las Américas se centra en el uso de compuestos antimoniales. Su toxicidad y una frecuencia de falla del 20-30% limitan su utilidad. El objetivo de este estudio fue identificar biomarcadores de respuesta terapéutica en pacientes con LC, a fin de predecir poblaciones en riesgo de falla terapéutica y establecer esquemas terapéuticos personalizados.

Materiales y métodos. Estudio exploratorio que incluyó 39 participantes con LC activa quienes recibieron tratamiento estándar con Glucantime®. La respuesta terapéutica fue determinada a la semana 13 después de finalizado el tratamiento, y los pacientes clasificados como 25 curas y 14 fallas. Se tomaron muestras de plasma pre y post tratamiento analizadas por LC-MS para perfilamiento de metabolitos. Orthogonal-Partial-Least-Squares-Discriminant-Analysis (OPLS-DA) fue utilizado como modelo de análisis multivariado.

Resultados. Se excluyeron datos de 4 participantes (3 curas y 1 falla) por presentar valores atípicos. El OPLS-DA generado permitió la separación de los grupos (curas y fallas pre y post-tratamiento) con un R²_Y: 0,966 y una prueba

de validación cruzada Q²: 0,534. Se realizaron 1000 permutaciones aleatorias de las muestras confirmando que el modelo es mejor que el azar (R²_Y: $p < 0,01$ (0/1000) y Q²: $p < 0,01$ (0/1000). Se identificaron metabolitos asociados al control del estrés oxidativo diferencialmente expresados entre los grupos.

Conclusiones. Presentamos un modelo multivariado para la clasificación de perfiles metabólicos de pacientes con LC de acuerdo a su desenlace terapéutico. Postulamos metabolitos implicados en el balance redox y metabolismo hepático para su validación como biomarcadores del desenlace terapéutico.

308. Identificación *in silico* de epítopes T restringidos al supertipo HLA-A*02 para búsqueda de candidatos a vacuna para *Leishmania major*.

Villegas S, Gómez J, Cardona N, Arenas A, Vargas M, Moncada D, Arenas J, Restrepo K.
Universidad del Quindío. svillegas@uqvirtual.edu.co

Introducción. El uso de herramientas computacionales, así como el acceso a genomas completos de parásitos, permiten el desarrollo de estrategias de búsqueda y selección de nuevos candidatos vacunales. El objetivo de este trabajo fue identificar epítopes T restringidos al Supertipo HLA A*02 utilizando una estrategia racional de selección para el parásito *Leishmania major*.

Materiales y métodos. Se realizó una estrategia de selección de péptidos en la base de datos TritypDB, seleccionando: 1-proteínas de alto nivel de expresión 2-proteínas con péptido señal y 3-Proteínas con dominio transmembrana. Sobre las proteínas seleccionadas se condicionó el algoritmo de búsqueda protein-motif-pattern con la secuencia FL...[VL] y se usó el algoritmo NetMHCCons para predecir la afinidad con el complejo mayor de histocompatibilidad humano clase I supertipo HLA A*02. Luego se evaluó la probabilidad de corte del proteosoma con la herramienta en línea MAPP, para finalmente seleccionar los péptidos con mayor afinidad al HLA A*02 y alta probabilidad de corte por el proteosoma.

Resultados. Se encontraron 1.286 proteínas con niveles altos de expresión, de estas 172 tenían péptido señal y 94 tenían dominios transmembrana. Entre estas se identificó una proteína conservada en todas las cepas de *L. major* con secuencias disponibles: Friedlin, LV39c5 y SD 75.1. De esta proteína se seleccionaron 5 péptidos con alta afinidad al HLA A*02, y finalmente se encontraron tres que tenían una probabilidad de corte por el proteosoma de 0,99, 1 y 0,96 respectivamente.

Conclusiones. Nuestra estrategia identificó 3 péptidos nuevos como potenciales candidatos en ensayos de inmunogenicidad para *Leishmania major*.

309. Estandarización de una prueba de microaglutinación en látex para la detección de antígenos de excreción – secreción (age/s) de *Fasciola sp.* en heces de ganado bovino.

Orejarena L, Padilla L, Inguilan E, Castaño J, Rodríguez C, Recalde D.
Universidad del Quindío. tacuara.paolaorejarena@gmail.com

Introducción. La fasciolosis es una enfermedad zoonótica, que afecta a humanos y animales, su diagnóstico se realiza a través de pruebas de inmunoensayo no comerciales y que no pueden ser utilizadas en campo. Por ello establecer condiciones óptimas para el desarrollo de una técnica de microaglutinación en látex empleando anticuerpos IgG e IgM contra los antígenos de excreción/secreción (AgE/S) de *Fasciola sp.*, son una prioridad.

Materiales y métodos. Se sensibilizaron partículas de látex con anticuerpos IgG e IgM contra AgE/S de *Fasciola sp.* Se determinó la especificidad de los anticuerpos frente a antígenos de diferentes helmintos y protozoos, se evaluó la sensibilidad y especificidad de la prueba frente a un ELISA directo estandarizado previamente.

Resultados. El porcentaje de acoplamiento del anticuerpo IgG e IgM fue de 85,77% y 100% respectivamente. La concentración mínima detectable del AgE/S de *Fasciola sp.*, fue de 1,589mg/mL (IgG) y 158 µg/mL (IgM), para el antígeno incorporado en heces de ganado bovino fue de 3,178mg/mL (IgG) y 1,589 mg/mL (IgM). Se presentó reacción cruzada frente a antígenos de *Giardia lamblia*. La concordancia del látex IgG e IgM frente a la prueba ELISA fue de 78,78% y 96,96% respectivamente, la especificidad fue de 100% para ambas pruebas y la sensibilidad fue de 78,79%(IgG) y 96,97%(IgM).

Conclusiones. Se logró estandarizar la técnica de microaglutinación en látex para la detección de los AgE/S de *Fasciola sp.*, en heces de ganado bovino. Proyecto financiado por Colciencias código 1113 545 31418 * Autor para correspondencia: Grupo Inmunología Molecular (GYMOL). gymol@uniQuindio.edu.co

310. Perfil epidemiológico de adolescentes y adultos con leishmaniasis tegumentaria del suroccidente colombiano 2004 - 2014: consideraciones para terapias locales.

Uribe A, Cossio A, Castro M.
Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM). Universidad Icesi. afur34@live.com

Introducción. Las terapias locales son una alternativa ante las limitaciones de los tratamientos sistémicos en leishmaniasis cutánea, sin embargo, la factibilidad de su implementación es poco conocida. En este estudio evaluamos el perfil epidemiológico de pacientes con leishmaniasis tegumentaria que asistieron a CIDEIM (2004 – 2014) y su elegibilidad para el uso de terapias locales.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo retrospectivo, basado en registros clínicos de adolescentes (≥ 12 años) y adultos (≥ 18 años) con diagnóstico parasitológico de leishmaniasis tegumentaria. Registros incompletos o sin confirmación diagnóstica fueron excluidos. Aplicamos los criterios de OMS (< 5 cm, sin potencial desfigurante/incapacitante, ausencia de inmunosupresión) y OPS (Lesión única, diámetro ≤ 3 cm, cualquier localización excepto cabeza y articulaciones, ausencia de inmunodepresión) para evaluar elegibilidad de tratamiento local.

Resultados. De 3.694 registros, 1.834 fueron elegibles para análisis. El 14% corresponde a adolescentes y el 86% a adultos, procedentes del Pacífico colombiano (91,1%). Respecto a la presentación clínica, 57,3% con lesión única y 86,2% con ≤ 3 lesiones, tamaño (Me: 2cm; RIQ 1 - 2), ubicadas principalmente en brazos (40,9%) y piernas (23,2%). El 18% de pacientes es elegible para tratamiento local según OPS (adolescentes 12,3% vs. adultos 19,3%, $p=0,007$) y 44,4% según OMS (adolescentes 42% vs. adultos 43%, $p=0,451$).

Conclusiones. Los tratamientos locales tienen un potencial uso en esta población con presentación clínica leve y no complicada, sin embargo, su aplicabilidad es limitada bajo los criterios de manejo actuales. Esto evidencia la necesidad de reconsiderarlos y continuar la búsqueda de alternativas de manejo seguras para esta población.

311. Aspectos clínicos y epidemiológicos del brote de Chikungunya en los municipios de Ovejas y Corozal (Sucre).

Mattar S, Méndez N, Oviedo M, Arrieta G, González M, Aponte J, Miranda J, Gómezcaceres L.
Universidad de Córdoba. Corporación Universitaria del Caribe; CECAR. mattarsalim@hotmail.com

Introducción. Las variaciones socioeconómicas y ambientales contribuyen a la diseminación de las ETVs. El objetivo de este estudio fue describir los aspectos clínicos y epidemiológicos de la fiebre chikungunya en dos municipios del departamento de Sucre.

Materiales y métodos. En 2015 se realizó un estudio transversal en los municipios de Ovejas y Corozal. A través de un cuestionario clínico y epidemiológico se identificaron los casos compatibles con chikungunya.

Resultados. De 2.187 afectados, 61% fueron mujeres, la media de edad fue 38 años. 81% tuvieron gastos ocasionados por la enfermedad; 51% no fueron valorados medicamente, sin embargo, el 12% (126/1077) de los que recibieron atención médica requirieron hospitalización. Las manifestaciones clínicas fueron: fiebre (91%), artralgia (88%), rash (73%), cefalea (58%), escalofrío (42%), poliartalgia (28%), vomito (26%), inapetencia (26%), lumbalgia (24%), conjuntivitis (18%), diarrea (9%); 28,3% presentaron secuelas. Los síntomas permanecieron en promedio 27 días (1-330). La tasa de ataque fue de 10.621 y 1.794 casos/100.000/hab. en Ovejas y Corozal, respectivamente. Ovejas presentó peores condiciones socioeconómicas con baja cobertura en servicios públicos, malas condiciones en las viviendas y poco acceso a medicamentos. La ausencia de valoración médica, menor prevención contra picaduras de mosquitos y poca utilización de medicamentos demuestra un problema epidemiológico.

Conclusiones. Las deficientes condiciones administrativas y socioeconómicas de la salud en los municipios estudiados, generaron situaciones epidemiológicas críticas que agravaron la presentación clínica del brote. La manifestación clínica del chikungunya acompañada de elevada subnotificación constituye un evidente problema en la salud pública y una alerta para los tomadores de decisiones.

312. Evaluación del efecto de la curcumina sobre la actividad polimerasa de la proteína ns5 del virus dengue2, en un sistema in vitro.

García L, Bedoya J, Rivera J, Téllez G, González M, Padilla L, Castaño J.
Grupo de Inmunología Molecular; Universidad del Quindío. llgarcia@uqvirtual.edu.co

Introducción. El dengue es una enfermedad viral que afecta principalmente a países tropicales y subtropicales, y hasta el momento no cuenta con un tratamiento específico. La proteína NS5 del virus es un blanco terapéutico de gran interés y se ha encontrado que la curcumina (polifenol de *Curcuma longa* L.) posee la capacidad de alterar la infección de diferentes virus, como el dengue. En este trabajo se ha considerado importante evaluar el efecto de la curcumina sobre la actividad ARN polimerasa de la proteína NS5 de DENV2 in vitro.

Materiales y métodos. Se clonó el plásmido pGEX5X-Domino polimerasa *E. coli* BL21 CodonPlus (DE3)-RIL. La expresión se llevó a cabo utilizando IPTG a 0,5 mM, 37 °C y 250 rpm, evaluando tiempos durante 24 horas, confirmando la expresión mediante ELISA y western-blot. La purificación se realizó por corte de banda desde el gel de poliacrilamida. La actividad polimerasa se evaluó mediante el método colorimétrico modificado y finalmente se evaluó el efecto de la curcumina a 5 μ M sobre la función de la enzima.

Resultados. Se obtuvo la proteína recombinante a partir de las 4 horas post-inducción, obteniendo aproximadamente 1 mg/mL de proteína pura. Se evidenció que la proteína presentaba actividad enzimática, hallando diferencia con su respectivo control (p -valor=0,037). Finalmente se encontró que la curcumina a 5 μ M no afecta la actividad del dominio polimerasa recombinante de la proteína NS5 de del virus dengue2.

Conclusiones. Se obtuvo un modelo experimental que permite continuar evaluando posibles compuestos inhibidores de la actividad ARN polimerasa de DENV, e incluso otros Flavivirus.

TRABAJOS COMPLETOS

313. Depletion of neutrophils promotes the resolution of pulmonary inflammation and fibrosis in mice infected with *Paracoccidioides brasiliensis* through down-regulation of IL-17, TGF- β 1, TNF- α , MMP-8 and TIMP-2.

Puerta J, Pino P, Arango J, González A.
Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Grupo MICROBA; Escuela de Microbiología; Universidad de Antioquia. angel.gonzalez@udea.edu.co

Introducción. Chronic stages of paracoccidioidomycosis are characterized by granulomatous lesions which promote the development of pulmonary fibrosis leading to the loss of respiratory function in 50% of patients; additionally, it has been observed that neutrophils predominate during these chronic stages of *P. brasiliensis* infection. The goal of this study was to evaluate the role of the neutrophil during the chronic stages of experimental pulmonary paracoccidioidomycosis and during the fibrosis development and tissue repair using a monoclonal specific to this phagocytic cell.

Materiales y métodos. Male BALB/c mice were inoculated intranasally with 1.5x10⁶ *P. brasiliensis* yeast cells. A monoclonal antibody specific to neutrophils was administered at 4 weeks post-inoculation followed by doses every 48h during two weeks. Mice were sacrificed at 8 and 12 weeks post-inoculation to assess cellularity, immunological profiles, fungal load, cytokine/chemokine levels, histopathological analysis, collagen and expression of genes related to fibrosis development.

Resultados. Depletion of neutrophils was associated with a significant decrease in the number of eosinophils, dendritic cells, B cells, CD4-T cells, MDSCs and Treg cells, fungal load and levels of most of the pro-inflammatory cytokines/chemokines evaluated, including IL-17, TNF- α and TGF- β 1. Recovery of lung architecture was also associated with reduced levels of collagen, high expression of TGF- β 3, matrix metalloproteinase (MMP)-12 and -14, and decreased expression of tissue inhibitor metalloproteinase (TIMP)-2, and MMP-8.

Conclusiones. Depletion of neutrophils might attenuate lung fibrosis and inflammation through down-regulating IL-17, TGF- β 1, TNF- α , MMP-8 and TIMP-2. These results suggest that neutrophil could be considered as a therapeutic target in pulmonary fibrosis induced by *P. brasiliensis*.

314. High expression of antiviral, anti-inflammatory and vitamin D pathway genes seems to be an intrinsic characteristic of HIV-1-Exposed Seronegative Individuals, potentiated by the antiviral effect of vitamin D.

Aguilar-Jiménez W, Saullé I, Vichi F, Lo S, Mazzotta F, Rugeles M, Clerici M, Biasin M.
Universidad de Antioquia. Universidad de Milan. Ospedale S. Maria Annunziata. aguilar.wb@gmail.com

Introducción. Natural resistance to HIV-1 infection, identified in HIV-1-exposed but seronegative individuals (HESNs), is a multifactorial phenomenon influenced by genetic characteristics, viral exposure and endogenous immuno-

modulators such as vitamin D (VitD). Therefore, we aimed to determine resistance factors in HESNs expressed naturally, or in response to viral exposure or to VitD, as well as to determine the effect of VitD in the HIV-1 infection in vitro.

Materiales y métodos. It was quantified by qRT-PCR the expression of 10 antivirals, 9 immunoregulators, and 3 VitD pathway genes in cells of HESNs, healthy controls (HCs) or seropositives (SPs) at baseline conditions, in response to calcidiol (VitD precursor) and/or Aldithriol-2-(AT2)-inactivated HIV-1, as well as in cells of HCs treated with calcidiol and infected with competent HIV-1 virus. P24 levels were quantified by ELISA.

Resultados. Compared to HCs, HESNs expresses higher mRNA levels of VDR (VitD receptor), of antiviral peptides PI3 (elafin) and CAMP (cathelicidin), and of IL10 at baseline conditions. Likewise, HESNs had higher levels of CYP27B1 (activating VitD enzyme) and of SLPI (proteases inhibitor) after AT2-HIV-1 stimulus and of HAVCR2 (TIM-3; Th1 cells inhibitor) after AT2-VIH-1/calcidiol stimuli compared to HCs. Calcidiol reduced p24 and CCR5 levels while increase those of APOBEC3G and PI3 post-infection.

Conclusiones. These results suggest that high mRNA expression of IL10, antiviral and VitD pathway genes could be genetically determined in HESNs. Moreover, the virus could potencie VitD bio-activation and VitD indeed reduce infection more likely by decreasing CCR5 co-receptor while increasing antiviral genes. Funding: Colciencias-111565740508. Universidad de Antioquia (Sostenibilidad y CODI-2014-938).

315. Identificación y caracterización de nuevos péptidos antimicrobianos en el escarabajo coprófago *Oxysternon conspiciatum*.

Téllez G, Toro L, Henao D, Rivera J, Bedoya J, Zamora J, Castaño J.
Universidad del Quindío. gatellez@uniQuindio.edu.co

Introducción. La antibiótico resistencia es un problema a nivel global que requiere la búsqueda de nuevos compuestos con actividad antimicrobiana. Los escarabajos coprófagos en su ciclo de vida están constantemente expuestos a microorganismos, lo que los convierte en una fuente de nuevas sustancias con propiedades antibacterianas como los péptidos antimicrobianos. Por lo tanto, pretendemos identificar y caracterizar nuevos péptidos antimicrobianos a partir del escarabajo coprófago *Oxysternon conspiciatum*.

Materiales y métodos. Se buscaron por herramientas bioinformáticas péptidos antimicrobianos en el transcriptoma de *O. conspiciatum*. Con análogos sintéticos de estos péptidos se evaluó la actividad y cinética antimicrobiana; capacidad hemolítica en eritrocitos, citotóxica en células Vero.

Resultados. Se identificó el gen putativo de cuatro cecropinas (OXYS-TERLINAS 1-4) en el transcriptoma de *O. conspiciatum*, se construyeron sus modelos estructurales y se compararon sus secuencias con otras cecropinas de insectos. Las Oxysterlinas-1, 2 y 3 presentaron actividad antimicrobiana diversa (MIC 11,2 - 0,7µM) frente a diferentes microorganismos como *E. coli* ESBL, *Pseudomonas aeruginosa*, *Klebsiella pneumoniae* y *Staphylococcus saprofiticus*. Las cinéticas mostraron una actividad bactericida dependiente de la concentración de las oxysterlinas 1, 2 y 3 frente a *E. coli*. La Oxysterlina3 presentó una hemólisis y viabilidad celular del 50% a 500µg/mL y la oxysterlina1 presentó una citotoxicidad del 20% a 500µg/mL.

Conclusiones. Las oxysterlinas 1, 2 y 3 se identificaron como nuevos péptidos antimicrobianos de la familia de las cecropinas activos principalmente contra bacterias Gram negativas, poco tóxicos y con potencial para desarrollar nuevos compuestos antimicrobianos.

316. Caracterización de la actividad del péptido Lucilina a nivel antibacteriano en suero humano, antitumoral, migración celular y neutralizante de LPS in vitro.

Téllez G, Toro L, Henao D, Rivera J, Castaño J, Bedoya J, Rivas B.
Universidad del Quindío. Instituto Mexicano de Seguros Sociales.
gatellez@uniQuindio.edu.co

Introducción. Lucilina es un péptido antimicrobiano de la familia de cecropinas, identificado en *Lucilia sericata*, cuyas larvas han sido usadas como terapia para el desbridamiento de heridas necróticas e infectadas. Previamente se produjo un análogo recombinante de éste y se caracterizó su actividad antimicrobiana. Para desarrollar este péptido como candidato terapéutico se pretende: caracterizar la actividad antibacteriana en presencia de suero, antitumoral, migración celular y neutralizante de LPS del péptido lucilina.

Materiales y métodos. Se evaluó actividad antibacteriana en presencia de suero humano (concentraciones de 5% y 40% v/v) *E. coli*; la actividad antitumoral fue evaluada en células MCF7, CaCo2 y THP-1. La migración celular se

determinó en queratinocitos humanos HaCaT y la neutralización del LPS por la producción de TNF alpha en PBMCs estimulados con LPS. Se realizó inmunofluorescencia sobre *E. coli* multidrogaresistente (aislado clínico).

Resultados. La actividad antibacteriana de lucilina en contra de *E. coli* no se vio afectada en presencia de suero humano a las concentraciones evaluadas, además no tuvo un efecto antitumoral en células MCF7, CaCo2 y THP-1. Lucilina induce migración celular a 5 y 50µg/mL. Inhibe la producción de TNF alpha en PBMCs estimulados con LPS a 17µg/mL. El péptido se localizó a nivel intracelular y en la membrana de la bacteria.

Conclusiones. Lucilina es un péptido candidato para desarrollar nuevos medicamentos, dado que su actividad antimicrobiana no se ve interferida por el suero humano, tiene capacidad de neutralizar el efecto del LPS a nivel inmunológico e induce migración celular en procesos de cicatrización in vitro.

317. Desarrollo de un método de diagnóstico e identificación, para leishmaniasis cutánea basado en PCR-HRM.

Villarreal R, Muskus C.
Universidad CES. Universidad de Antioquia. rajuvi77@yahoo.com

Introducción. Implementar una metodología basada en PCR en tiempo real que permita la detección e identificación simultánea de parásitos del género *Leishmania* en muestras clínicas de pacientes y en cultivos *in vitro*.

Materiales y métodos. Se desarrolló un trabajo de tipo experimental, realizado en el año 2015 en el grupo PECET de la facultad de medicina de la Universidad de Antioquia, se validó una prueba diagnóstica de PCR-HRM, mediante la cual se evaluaron 237 muestras clínicas, las cuales fueron diagnosticadas por directo y cultivo y tipificadas por PCR RFLP.

Resultados. Se logró implementar una PCR-HRM para el diagnóstico e identificación de especies de *Leishmania*, obteniendo un 100% de concordancia con las tipificaciones obtenidas por PCR-RFLP. Se logró detectar e identificar el parásito en muestras diagnosticadas como negativas por los métodos convencionales. Se encontró que, con un porcentaje de confiabilidad superior al 95%, el 80,5% de los casos correspondían a *L. panamensis*, el 10,2% a *L. braziliensis* y el 9,3% fueron indeterminadas.

Conclusiones. La PCR-HRM es un método sensible, específico y rápido que permite la identificación de las especies más prevalentes en Colombia, comparando temperaturas medias de desnaturalización específicas según la especie de *Leishmania* involucrada.

318. Detección de *Histoplasma capsulatum* en abonos orgánicos por medio de PCR anidada-Hc100 y su correlación con las características fisicoquímicas y microbiológicas de las muestras.

Gómez L, Torres I, Jiménez M, Peláez C, Acevedo J, McEwen J, Taylor M, Arango M.
Universidad de Antioquia. Universidad Nacional Autónoma de México.
luisa.Gómez@udea.edu.co

Introducción. La histoplasmosis es causada por el hongo *Histoplasma capsulatum*, que habita suelos enriquecidos con excretas de aves y murciélagos. En el trópico, el uso de abonos orgánicos ha aumentado y dado que se han reportado casos y brotes por la presencia *H. capsulatum* en estos componentes, numerosas personas están expuestas a infectarse. En Colombia, el ICA regula las características físico-químicas y microbiológicas (FQ-M) de los abonos, pero no reglamenta la búsqueda de *H. capsulatum*. Objetivo: demostrar la presencia de *H. capsulatum* en abonos orgánicos por medio de PCR anidada Hc100.

Materiales y métodos. i) Se estudiaron 239 muestras de las cuales, 201 (84,1%) correspondían a abonos orgánicos, 30 (12,5%) a deposiciones de aves y 8 (3,4%) a suelos de cuevas. ii) Se estandarizaron 3 ensayos de PCR: SCAR, Antígeno M y Hc100 se estableció el límite de detección, la especificidad y se seleccionó la técnica con mejor desempeño iii) los resultados positivos por PCR anidada se validaron por secuenciación.

Resultados. La PCR anidada Hc100 tuvo un mejor rendimiento, con un límite de detección de 0,1 pg/µl y una especificidad del 100%. De las 239 muestras de abonos orgánicos 25 (10,5%) fueron positivas, este resultado se validó por secuenciación. Se observó la persistencia del hongo lugares donde previamente se había detectado. No hubo diferencias en los parámetros FQ-M entre las muestras positivas y negativas por PCR Hc100.

Conclusiones. La búsqueda de *H. capsulatum* con la PCR anidada Hc100 mejorara la evaluación de los abonos orgánicos, y así prevenir brotes y casos, por su manipulación.

TRABAJOS COMPLETOS

319. Profilaxis en mediastinitis. Evaluación de 2 esquemas.

Pérez O, Pérez S, Arango A, Castañeda A.
Fundación Cardioinfantil. Hospital Universitario Mayor Mederi.
ompf@msn.com

Introducción. La mediastinitis post-revascularización miocárdica es una infección infrecuente, pero potencialmente fatal. En los últimos años, se observó una tendencia al aumento de esta infección en la Fundación Cardioinfantil. Por esta razón se realizó un cambio empírico de terapia profiláctica antimicrobiana inicialmente basado en cefalosporinas por un esquema que incluyó vancomicina más gentamicina. Sin embargo el impacto de esta medida no se conoce. El objetivo de este estudio fue determinar si el cambio de profilaxis antibiótica en pacientes llevados a revascularización miocárdica impactó en disminución de la incidencia de mediastinitis entre 2012 y 2013 en esta institución.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio de cohortes retrospectivo, comparando las tasas de incidencia de mediastinitis después de revascularización miocárdica aislada en pacientes sometidos a 2 diferentes tipos de profilaxis antimicrobiana (cefalosporinas vs vancomicina-gentamicina). Se describieron también los patrones de susceptibilidad y resistencia de los patógenos aislados en mediastinitis y la tasa de mortalidad por ésta infección.

Resultados. La incidencia de mediastinitis fue de 1,5% (2.012) y 2,18% (2.013). Los patógenos más frecuentemente aislados fueron *Staphylococcus aureus* y *Klebsiella pneumoniae*. Se encontraron patógenos con patrones de resistencia a betalactamasas de espectro extendido en gram negativos y resistencia a la metilina en gram positivos. El riesgo relativo para desarrollo de mediastinitis de la cohorte expuesta a vancomicina-gentamicina comparado con cefalosporinas fue de 0,9 (IC 95% 0,28 – 3,28).

Conclusiones. El presente estudio sugiere que el tratamiento profiláctico con vancomicina-gentamicina no es superior al uso de cefalosporinas para la prevención de la mediastinitis luego de cirugía de revascularización miocárdica.

320. Factores de riesgo asociados a Infecciones de piel y tejidos blandos causadas por *Staphylococcus aureus* meticilino resistente (SAMR) en 13 instituciones en Colombia.

Valderrama S, Gualtero S, Álvarez C, Gil F, Ruiz Á, Rodríguez J, Osorio J, Tenorio I, Gómez C, Caro M, Mackenzie S, Arias G, Berrío I, Martínez E.
Hospital Universitario San Ignacio. Fundación Clínica Shaio. Pontificia Universidad Javeriana. FACP. PUJ-HUSI. Clínica Médicos LTDA. Clínica Laura Daniela. Hospital Universitario Hernando Moncaleano Perdomo. Clínica Universitaria San Juan de Dios. Clínica de la Mujer. Hospital Santa Clara. Clínica el Rosario. Hospital Universitario del Valle.
sandra.valderrama@gmail.com

Introducción. El propósito del presente estudio es evaluar los factores de riesgo asociados a las IPTB complicadas causadas por SAMR en Colombia.

Materiales y métodos. Estudio de casos y controles anidado en una cohorte en 13 hospitales de Colombia entre 2009 y 2015. Se incluyeron pacientes mayores de 18 años con IPTB complicada (IPTBc) que requirieron más de 48 horas de manejo hospitalario. Los pacientes con infecciones osteo-articulares, quemaduras o infecciones virales fueron excluidos. Los casos fueron definidos como aquellos pacientes cursando con IPTBc por SAMR y los controles como aquellos con IPTBc sin aislamiento de SAMR.

Resultados. Se incluyeron 1134 pacientes, 117 pacientes (15,6%) tenían aislamientos de *Staphylococcus aureus*. Luego del análisis de regresión multivariado se identificaron como factores de riesgo asociados a la infección por SAMR: Abscesos OR: 2,54, IC 95 %: 1,79 – 3,61; forunculosis OR 3,79, IC 95%: 1,04-13,85; edad entre 18 - 44 años, OR 2,46, IC 95%: 1,55-3,93; manejo ambulatorio previo OR 1,76, IC 95%: 1,14 – 2,71; e historia de picadura OR 1,8, IC 95%: 1,08-3,62. 57% de los pacientes con aislamiento de SAMR recibieron una terapia inapropiada.

Conclusiones. Las IPTBc causadas por SAMR en Colombia, afectan principalmente a pacientes jóvenes y frecuentemente se asocian con abscesos. El manejo ambulatorio previo es un factor de riesgo importante para la adquisición de SAMR. A pesar de que se debe considerar el cubrimiento de SAMR en el manejo empírico de IPTB purulentas, parece que existe poca conciencia de este hecho en los hospitales colombianos.

321. Anticuerpos IgG TP contra tosferina en gestantes y cordón umbilical, Valle de Aburrá, Antioquia 2015-2016.

Hincapie-Palacio D, Hoyos C, Ochoa J y Equipo "Salvacuna" Seminario taller de epidemiología teórica.
Grupo de epidemiología Universidad de Antioquia. Ministerio de Salud y Protección Social de Colombia, Secretaria Seccional de Salud y Protección Social de Antioquia, Secretaria de Salud de Medellín, Hospital General de Medellín. doracely@gmail.com

Introducción. Objetivo: se estableció la relación de los títulos de anticuerpos IgG TP para tosferina en las gestantes y el cordón umbilical de acuerdo con el estado de vacunación con DPaT, como reflejo de la transferencia de anticuerpos, en gestantes residentes en el Valle de Aburrá, Antioquia en 2015-2016.

Materiales y métodos. Se condujo un estudio de cohorte en ocho hospitales seleccionados al azar. Se reporta el análisis de corte de los títulos de anticuerpos IgG TP obtenidos de muestras de sangre de 505 gestantes vacunadas con DPaT y 545 gestantes no vacunadas en el momento del parto y del cordón umbilical del recién nacido. Se procesaron las muestras mediante la prueba ELISA (SERION ELISA classic Bordetella pertussis Toxin IgG, Virion Serion).

Resultados. La correlación de anticuerpos de la gestante fue positiva con los anticuerpos del cordón. Fue consistentemente mayor la razón de IgG TP de las gestantes y el cordón, en las vacunadas entre la semana 26 a la 30 con respecto a las que se vacunaron en semanas posteriores. Solo 78 (7,4%) gestantes fueron vacunadas de forma tardía con menos de 30 días entre la vacunación y el trabajo de parto.

Conclusiones. Se tiene evidencia de una mayor razón de anticuerpos entre la gestante y el cordón de la semana 26 a 30, acorde con lo esperado, sin embargo es necesario mejorar la oportunidad de la vacunación en el control prenatal.

322. Genotipificación y resistencia a macrólidos de *Mycoplasma pneumoniae* identificado en niños con NAC en Medellín.

Copete A, Aguilar Y, Rueda Z, Vélez L.
Grupo GRIPE; Universidad de Antioquia. aarycopete@gmail.com

Introducción. *Mycoplasma pneumoniae* es una causa importante de neumonía adquirida en la comunidad (NAC), tanto en niños como en adultos. Además de casos aislados, genera brotes y epidemias asociadas con cambios de su genotipo P1. También se han descrito cepas resistentes a los macrólidos con mutaciones en el gen 23S rRNA. En Latinoamérica es escasa la información al respecto. Nuestro objetivo fue describir los genotipos y las principales características de los casos de NAC causados por *M. pneumoniae* en niños hospitalizados en Medellín y municipios vecinos durante 2011-2012.

Materiales y métodos. Se determinó el genotipo de *M. pneumoniae* a través de PCR y secuenciación de los genes P1 y 23S rRNA, en muestras de esputo inducido e hisopado nasofaríngeo de niños con NAC hospitalizados en 13 centros de atención. Adicionalmente, se realizó un análisis espacio-temporal para identificar posibles zonas de riesgo y agrupamiento de los casos en el tiempo.

Resultados. La variante V2a de *M. pneumoniae* fue el genotipo dominante en los esputos inducidos (96,1%) e hisopados nasofaríngeos (89,3%), mientras que el Tipo 1 de la bacteria se identificó en 3,9% y 10,7% de dichas muestras respectivamente. No se encontraron cepas con mutaciones en el gen 23S rRNA asociadas con resistencia a macrólidos. Los casos en Medellín se concentraron principalmente en la zona nororiental y las comunas occidentales, pero no hubo relación temporal entre ellos.

Conclusiones. La variante V2a de *M. pneumoniae* predominó entre los niños con NAC durante el período de estudio. No se detectaron cepas con mutaciones asociadas con resistencia a los macrólidos.

323. Caracterización radiológica de pacientes pediátricos con infección pulmonar por Citomegalovirus.

Restrepo S, Villamil M, González M, Jaramillo L, Rodríguez C, Niño G.
Fundación Hospital de la Misericordia. Universidad Nacional de Colombia. Children's National Medical Center.
mile_villamil1002@hotmail.com

Introducción. Se ha descrito que el citomegalovirus (CMV) no presenta enfermedad clínica en la mayoría de personas inmunocompetentes, la mayoría son estudios en pacientes con infección por virus de la inmunodeficiencia humana (VIH). Nuestro objetivo es caracterizar los hallazgos radiológicos en

pacientes manejados por infección pulmonar por CMV en un Hospital pediátrico de cuarto nivel.

Materiales y métodos. Estudio descriptivo retrospectivo.

Resultados. Se evalúan 36 pacientes con infección confirmada mediante estudio de reacción en cadena de la polimerasa o biopsia pulmonar. El 61% de los pacientes son masculinos. Del total de los pacientes las imágenes evidenciaron: Vidrio esmerilado 69%, consolidación 69%, atelectasia 47%, nódulo 11%, micronódulo 8%, árbol en gemación 2,8%. En el 75% de los pacientes se realiza lavado broncoalveolar (LBA) con media de copias de CMV: 12955/UL. Estos patrones concuerdan con lo previamente descrito, sin embargo se consideraba que la consolidación es más común en pacientes con VIH, no incluidos en nuestra serie.

Conclusiones. La infección pulmonar por CMV se ha descrito en pacientes inmunocompetentes e inmunosuprimidos con un espectro variable de presentación clínica. Los patrones radiológicos encontrados en este estudio se correlacionan con los previamente reportados en niños, sin permitir distinguir entre infección por Citomegalovirus y otros virus. Si bien es importante considerar que existen otros patrones menos frecuentes que pueden hacer sospechar enfermedad pulmonar por CMV, en el contexto del estudio radiológico sumado a historia clínica, imágenes en vidrio esmerilado y consolidación deben hacer sospechar compromiso pulmonar por CMV.

324. Características operativas de prueba HB&L-CARBAPENEMASE para la detección de resistencia a carbapenémicos a partir de hisopado rectal: experiencia en Hospital de cuarto nivel de complejidad.

Ayala R, Ariza, B. Cortés G. Trespalacios A, Valderrama S.
Hospital San Ignacio. Pontificia Universidad Javeriana.
robertoayalad@gmail.com

Introducción. El tamizaje de colonización por microorganismos resistentes a carbapenémicos (MRC) ha resultado ser una importante estrategia de control y prevención de infecciones asociadas a estos microorganismos.

Materiales y métodos. Se llevó a cabo un estudio descriptivo prospectivo en el que se evaluaron hisopados rectales de pacientes del Hospital Universitario San Ignacio con la prueba turbidimétrica laser HB&L CARBAPENEMASE, la técnica de microdilución en caldo y el método cromogénico para la detección de microorganismos resistentes a carbapenémicos.

Resultados. De 224 hisopados rectales recolectados, los resultados de la prueba de tamizaje por microdilución en caldo, correspondieron a 5 casos resistentes a carbapenémicos de 5 pacientes diferentes. De los 5 aislamientos positivos solo 4 fueron detectados por el método HB&L CARBAPENEMASE. El caso que no fue detectado por este método, tampoco fue detectado utilizando agar cromogénico y correspondió a *Klebsiella pneumoniae* por cultivo. El método de agar cromogénico solo detectó dos de cinco aislamientos resistentes. HB&L CARBAPENEMASE demostró buena especificidad (96%) y valor predictivo negativo (96%) mientras que su sensibilidad fue de un 80%. En cuanto al método cromogénico, este presentó menor sensibilidad que el test estudiado (40%). Por último, teniendo en cuenta las posibles fuerzas de concordancia que se pueden obtener, el método en estudio tiene una concordancia casi perfecta con respecto a la metodología estándar.

Conclusiones. Las características operativas observadas con la prueba HB&L CARBAPENEMASE, muestran que esta técnica de tamizaje de colonización de microorganismos resistentes a carbapenémicos puede ser implementada en la rutina del Laboratorio Clínico.

TRABAJOS COMPLETOS

325. Características clínicas y microbiológicas de las infecciones de piel y tejidos blandos por *S. aureus* en niños en un hospital de Medellín durante los años 2013 a 2015.

Beltrán C, Castaño L, Santander L, Vélez A, Garcés C, Trujillo M.
Universidad de Antioquia. Universidad CES. Hospital Pablo Tobon Uribe.
claumd77@hotmail.com

Introducción. Las infecciones de piel y tejidos blandos (IPTB) son muy frecuentes en niños. El principal germen implicado es *S. aureus*, con un aumento progresivo en el aislamiento de las cepas resistentes a meticilina. El objetivo de este estudio fue identificar la frecuencia de SAMR en IPTB no complicadas en niños que consultaron a un hospital de cuarto nivel.

Materiales y métodos. Es un estudio descriptivo, retrospectivo, a partir

de revisión de historias clínicas de pacientes con infección por *S. aureus*, identificados a través de la base de datos proporcionada por el laboratorio de microbiología del Hospital Pablo Tobón Uribe. Se incluyeron todos los pacientes con aislamiento que no cumplieran con los criterios de enfermedad invasora.

Resultados. El principal diagnóstico fue absceso cutáneo en 68% de los pacientes, seguido por infección de sitio operatorio en 15 % y celulitis no purulenta en 6%. La prevalencia de SAMR en esta población fue del 31%. Todos los aislamientos fueron sensibles a trimetoprim sulfametoxazol y 8% fueron resistentes a clindamicina.

Conclusiones. Dada la alta prevalencia de SAMR en esta serie de niños con IPTB atendidos en un hospital de cuarto nivel, se recomienda incluir medicamentos con buena actividad contra estas cepas en el tratamiento empírico de estas infecciones.

326. Incidencia, frecuencia, etiología y factores de riesgo para la infección en pacientes adultos con trasplante renal de un programa de trasplante de Bogotá.

López M, Cortés J, Yomayusa N, Montero C, Torres R, Ibañez M, Martínez O.
INC/FHCS. Universidad Nacional de Colombia. Clínica Colsanitas. Unisanitas. Laboratorio Colsanitas. mjlopezun@hotmail.com

Introducción. Los trasplantados renales tienen una alta incidencia de infecciones, aumentando la mortalidad y el rechazo del injerto. Nuestro objetivo es describir la epidemiología de las infecciones en el primer año de seguimiento de pacientes con trasplante renal y determinar los factores de riesgo asociados.

Materiales y métodos. Estudio retrospectivo observacional realizado en dos instituciones de un programa de trasplante renal de Bogotá, se incluyeron adultos trasplantados entre 2007 y 2012, con seguimiento durante el primer año post-trasplante. Describimos la incidencia de infecciones y la etiología, además de los factores de riesgo con un análisis de regresión logística multivariado.

Resultados. 208 pacientes, con una prevalencia de infecciones totales de 71,2% (1,43 infecciones/paciente) y 48,6% de infecciones clínicamente significativas. La densidad de incidencia fue de 1,48 casos por año-paciente. Las infecciones más frecuentes fueron la urinaria (25%), por CMV (18,5%) y del sitio operatorio (8,8%). La mortalidad fue de 4,8% (60% de las muertes atribuibles a infección), sin casos de pérdida del injerto. Los factores de riesgo asociados a cualquier infección fueron ser mayor de 50 años y la exposición a micofenolato sódico, el sexo masculino fue factor protector. Los factores asociados a infecciones clínicamente significativas fueron ser mayor de 50 años y las infecciones previas por CMV, el sexo masculino fue factor protector.

Conclusiones. La prevalencia de infecciones totales y clínicamente significativas en pacientes con trasplante renal es alta, siendo la principal causa de mortalidad en el primer año post-trasplante. Encontramos como factores de riesgo modificables el esquema de inmunosupresión y las infecciones previas por citomegalovirus.

327. Diseño y validación de una escala basada en el concepto PIRO, una aproximación empírica a un modelo de pronóstico de los pacientes con sepsis.

Nino M.
Unisanitas. maye00@hotmail.com

Introducción. La sepsis es un síndrome de respuesta inflamatoria sistémica secundaria a la infección, la cual ocasiona entre un 40%-50% de los casos de muerte en unidades de cuidado intensivo, el concepto PIRO fue propuesto como un nuevo elemento de clasificación de la sepsis. El objetivo del presente estudio fue analizar algunos elementos correspondientes a esta clasificación en relación con la supervivencia de los participantes en los siguientes 28 días posteriores al egreso.

Materiales y métodos. Se analizaron 559 pacientes con diagnóstico de sepsis, sepsis severa y choque séptico, a los cuales se les realizó una evaluación basal de las escalas apache II, charlson, SOFA, edad, leucocitos y niveles de PCR durante el primer día del ingreso, adicionalmente se realizaron evaluaciones a los 28 días del egreso. Se realizó un análisis log binomial de estos predictores y se asignó un puntaje a aquellos que presentaron una asociación estadísticamente significativa. Esta escala fue comparada mediante una curva ROC con la mortalidad a los 28 días del egreso hospitalario.

Resultados. La edad, la raza, el género fueron incluidas en el análisis como variables índices de predisposición (P), el sitio de infección (I) los niveles de leucocitos y PCR (R) como variable de respuesta y la clasificación de sepsis, sepsis severa y choque séptico como variable de resultado (O).

Conclusiones. La escala PIRO aplicada a población colombiana, presenta puntajes relacionados con un área bajo la curva ROC de 0.75 es una escala aceptable para evaluar a los pacientes con riesgo de mortalidad.

328. Evaluación del panel de identificación sanguíneo Filmarray® comparada con pruebas fenotípicas.

Solarte M, Solarte MA, Jaramillo L, Ramos R, Ortega R, Bacca J, Davila M.
Hospital Universitario Departamental de Nariño
ale.solarte@hotmail.com

Introducción. La sepsis es la principal causa de morbimortalidad en los hospitales del mundo. Nuevos métodos diagnóstico como la PCR múltiple anidada pueden disminuir el tiempo de detección, la mortalidad y los costos en salud. Este estudio evalúa el rendimiento de esta técnica comparada con cultivos en la identificación de microorganismos comúnmente productores de sepsis en el ambiente hospitalario.

Materiales y métodos. Estudio de tipo descriptivo observacional, corte

transversal, retrospectivo, realizado entre Julio de 2015 a Junio de 2016. Se analizaron 137 muestras de sangre de pacientes hospitalizados, las cuales fueron sometidas al proceso de identificación de microorganismos y de genes de resistencia KPC, mecA y Van A-B utilizando el método de PCR anidada FilmArray Biofire®; y se comparó con resultados obtenidos en el equipo automatizado Microscan Walkaway® y pruebas de tamizaje externas como APB.

Resultados. En 114 casos (83,2%) hubo crecimiento monomicrobiano, en 23 casos (16,8%) fue crecimiento polimicrobiano. La concordancia entre la prueba genotípica y cultivo fue del 99,04% en monomicrobianos. Para Gram Positivos y candida monomicrobianos la concordancia fue de 100% y para Gram Negativos monomicrobianos del 98.14%. El gen mecA se obtuvo en el 53.6% (n=37), con concordancia del 100% con prueba de cefoxitin para *Staphylococcus aureus*; en un 13.4% (n=11) se identificó el gen KPC con concordancia del 71,4% con pruebas de APB para *Klebsiella Pneumoniae*.

Conclusiones. La PCR múltiple anidada como prueba de detección temprana tiene una alta concordancia cuando se compara con hemocultivos automatizados, obteniendo resultados en una hora.