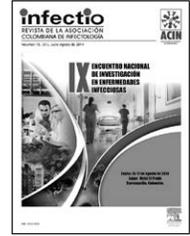


Infectio

Asociación Colombiana de Infectología

www.elsevier.es/infectio



RESUMENES DE TRABAJOS

RESISTENCIA BACTERIANA - PRESENTACIONES ORALES

1. Carbapenemasas en bacterias Gram negativas causantes de infecciones asociadas a la atención en Salud. Colombia septiembre 2012 - diciembre 2013

Sandra Yamile Saavedra Rojas, Carolina Duarte, María Nilse González de Arias.

Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia. ssaavedra@ins.gov.co

Introducción: Las carbapenemasas son el principal mecanismo de resistencia a carbapenémicos en bacterias Gram negativas. Nuestro objetivo es describir los resultados de vigilancia de carbapenemasas del programa de resistencia bacteriana en infecciones asociadas a la atención en salud del Grupo de Microbiología-INS, entre septiembre de 2012 y diciembre de 2013.

Materiales y métodos: Un total de 749 aislamientos (483 Enterobacterias; 211 *Pseudomonas* spp y 55 *Acinetobacter* spp) se recibieron para confirmación de carbapenemasas. La identificación se realizó por métodos automatizados y la sensibilidad antimicrobiana por difusión en disco. La detección fenotípica de carbapenemasas en Enterobacterias se realizó usando: test modificado de Hodge y pruebas de sinergia para carbapenemasas clase A (ácido borónico) y clase B (EDTA/SMA). En *Pseudomonas* spp., y *Acinetobacter* spp., se realizó únicamente sinergia con EDTA/SMA. La detección de genes codificantes de carbapenemasas KPC, GES, VIM, IMP y NDM se realizó por PCR en todos los aislamientos y adicionalmente en *Acinetobacter* spp., se evaluó OXA-23, OXA-24 y OXA-58.

Resultados: Del total de aislamientos, 102 se confirmaron como sensibles a carbapenémicos, 647 como resistentes y de estos en 529 (81,8%) se confirmó presencia de carbapenemasas. La carbapenemasa más frecuente en Enterobacterias fue KPC (90,1%), en *Pseudomonas* spp., VIM (77,9%) y en *Acinetobacter* spp OXA-23 (86%). Se determinó coproducción de carbapenemasas: KPC+VIM en 3 aislamientos de Enterobacterias y 7 *Pseudomonas* spp., KPC+NDM en 1 aislamiento de Enterobacterias y NDM+OXA-23 y KPC+OXA-23 en 1 aislamiento de *Acinetobacter* spp., para cada caso.

Conclusiones: Nuestros resultados confirman diseminación de una amplia variedad de carbapenemasas en el país e incremento de los y presencia casos de co-producción de carbapenemasas. En los aislamientos resistentes a carbapenémicos negativos para carbapenemasas esta resistencia se asocia con otros mecanismos.

2. Circulación de Carbapenemasas tipo New Delhi Metallo-B lactamasa (NDM) en Colombia detectadas por el programa de vigilancia de resistencia a los antimicrobianos en IAAS. Septiembre de 2012 a marzo de 2014.

Andrea Melissa Hidalgo Pinzón, María Nilse González de Arias, Sandra Yamile Saavedra Rojas, María Victoria Ovalle, Carolina Duarte Valderrama, Sandra Milena Rivera Vargas.

Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia. ahidalgo@ins.gov.co

Introducción: La circulación de enterobacterias y bacilos Gram negativos no fermentadores, productores de carbapenemasas tipo NDM, es un problema de impacto en salud pública a nivel mundial, debido a su efectiva diseminación y las complicaciones que conlleva en el manejo de la terapia antimicrobiana, por lo tanto es importante describir la circulación de carbapenemasas tipo NDM en Colombia.

Materiales y métodos: Se caracterizaron 34 aislamientos bacterianos con sospecha de NDM provenientes de Bogotá (19), Santander (9), Colombia (2) y Antioquia (2) Norte de Santander (1) y Cundinamarca (1). La identificación y perfil de susceptibilidad antimicrobiana se confirmó por métodos automatizados (Vitek2, Phoenix), técnica de difusión de disco (Kirby-Bauer) y concentración mínima inhibitoria por E-test de acuerdo a los parámetros del CLSI 2014. La detección y confirmación de carbapenemasas se realizó utilizando test modificado de Hodge, pruebas de sinergia con inhibidores EDTA/SMA y ácido fenil borónico (APB); y PCR para identificar los genes blaNDM, blaKPC, blaVIM, blaIMP y blaOXA-23, blaOXA-24, blaOXA-51 y blaOXA-58 para *Acinetobacter baumannii*.

Resultados: Las NDM se identificaron en aislamientos de *Providencia rettgeri* (25), *Klebsiella pneumoniae* (4), *A. haemolyticus* (1), *A. baumannii* (1), *Pseudomonas aeruginosa* (1), *Morganella morganii* (1) y *Escherichia coli* (1). Todos los aislamientos fueron negativos para la prueba de APB y positivos para EDTA/SMA excepto el aislamiento proveniente de Norte de Santander que presentó coproducción de carbapenemasas KPC y NDM.

Conclusiones: Estos resultados muestran la circulación de carbapenemasas tipo NDM, lo cual destaca la importancia de fortalecer la vigilancia por el laboratorio en el territorio Nacional a través de la detección de mecanismos de resistencia para establecer las medidas de prevención y control oportunas que eviten la diseminación de estos patógenos.

3. Aparición y diseminación de metalobetalactamasas tipo NDM-1 en Bogotá.

Yamile Adriana Celis Bustos, María del Socorro Chalá Palacios, Claudia Lilianna Guerrero Otero, Marley Andrea Avila Puentes, Johana Esther Hernández Toloza.

Secretaría de Salud de Bogotá. Bogotá, Colombia. yacelisb@gmail.com

Introducción: Describir la aparición y diseminación del gen blaNDM-1 en aislamientos obtenidos en muestras de pacientes que acuden a las instituciones prestadoras de Salud de Bogotá durante diciembre del 2011 a marzo del 2014

Materiales u métodos: El estudio incluyó 11 aislamientos de *K. pneumoniae*, 22 *Providencia rettgeri* multiresistentes y una *Morganella morganii*. Se realizaron pruebas fenotípicas para evaluar la presencia de carbapenemasas. El análisis de clonalidad se realizó mediante (NTSYS/coeficiente de DICE) a partir de productos de amplificación por rep-PCR y se evaluaron los genes que codifican para metalobetalactamasas. Asimismo, las relaciones epidemiológicas entre los pacientes infectados fueron analizadas por el sistema de vigilancia epidemiológica de la secretaria distrital de salud

Resultados: El análisis fenotípico de los aislamientos en estudio mostró resistencia a carbapenémicos y susceptibilidad a monobactams. Además las pruebas fenotípicas indicaron la presencia de metalo betalactamasas. Por otro lado, el análisis molecular mostró que 10/11 aislamientos de *K. pneumoniae* fueron genéticamente idénticos. 15/22 aislamientos de *Providencia rettgeri* son clonales y 7 estaban genéticamente relacionados con el grupo clonal identificado. Además se detectó por PCR el gen blaNDM-1 en todos los aislamientos analizados

Conclusiones: Nuestros resultados demostraron por primera vez la presencia del gen blaNDM-1 en aislamientos de *K. pneumoniae* en el 2011, dos años después confirmamos la presencia del mismo gen en aislamientos de *P. rettgeri* y en enero de 2014 se identificó el gen en un aislamiento de *Morganella morganii*, lo cual indica la diseminación del gen blaNDM-1 entre

diferentes especies de bacterias gram negativas, resultados de importancia en salud pública por la amplia diseminación de resistencia a carbapenémicos en Bogotá. Por esto la importancia de realizar una vigilancia activa, así como reforzar e implementar de forma adecuada las actividades básicas de prevención en las IPS.

4. Caracterización microbiológica y molecular de aislamientos de *Pseudomonas putida* causantes de un brote en una unidad neonatal en Bogotá.

Betsy Esperanza Castro Cardozo, Narda Olarte, María Victoria Moncada Guayazán, Alberto Valderrama, Martha Garzón, Alejandro Márquez, Zayda Lorena Corredor Rozo, Natasha Vanegas, Javier Escobar. *Universidad El Bosque, Hospital el Tunal, I3 Institute Infection, Immunity and Innovation Faculty of Science University of Technology, Sydney, Australia. Bogotá, Colombia.* moncadamariav@unbosque.edu.co

Introducción: Caracterización microbiológica y molecular de aislamientos de *Pseudomonas putida* causantes de un brote en una unidad neonatal en Bogotá. En Colombia hasta el momento no se han reportado casos de infecciones por agentes ambientales y poco frecuentes en el ambiente hospitalario como *Pseudomonas putida*. Por esta razón el objetivo de este estudio fue caracterizar microbiológica, molecular y epidemiológicamente aislamientos de este germen causantes de un brote hospitalario.

Materiales y métodos: Se analizaron 15 aislamientos, de los cuales 7 fueron aislados de muestras clínicas de los pacientes afectados y 8 obtenidas de los diferentes materiales empleados para la preparación de alimentos en el área de la Unidad de Cuidado Intensivo Neonatal (UCIN) del Hospital El Tunal en Bogotá, a los cuales se les realizó la confirmación de género y especie por medio de la secuenciación de una región del gen rRNA 16S. Se determinó el perfil de resistencia a 8 antibióticos, y la presencia de los genes blaCTX-M, blaSHV y blaTEM, blaNDM, blaKPC, blaOXA-48, blaVIM blaIMI, y blaGES por medio de PCR. La relación genética de los aislamientos se determinó por ERIC-PCR.

Resultados: Todos los aislamientos fueron confirmados por PCR como *Pseudomonas putida*, así mismo, presentaron susceptibilidad intermedia a tetraciclina y meropenem, aunque en ninguno fueron detectados genes para carbapenemasas. Un aislamiento fue resistente a ciprofloxacina y otro a cefotaxime. El análisis de la ERIC-PCR indicó que los aislamientos estaban estrechamente relacionados entre sí, lo cual sugiere una diseminación clonal. Se identificó como fuente primaria del brote contaminación de los equipos empleados para la preparación de la alimentación parenteral.

Conclusiones: Este es el primer reporte de un brote originado por *P. putida* causante de infección en pacientes neonatos de una UCIN en Colombia, lo cual evidencia la importancia y magnitud de la diseminación de microorganismos ambientales en ambientes hospitalarios.

5. Caracterización de la Oxysterlina (un péptido antimicrobiano -PAMs- de las cecropinas) del escarabajo coprofago *Oxysternon conspiciatum* (Weber 1801).

Jhon Carlos Castaño Osorio, Ligia Janeth Molina Rico, Lily Johanna Toro Segovia, Germán Alberto Telléz Ramírez, Delia Piedad Recalde. *Universidad del Quindío. Armenia, Colombia.* ljtoros@hotmail.com

Introducción: El problema creciente de la antibiótico-resistencia hace necesaria la búsqueda de nuevas sustancias, el escarabajo coprofago *O. conspiciatum* interactúa en la naturaleza con un complejo ambiente lleno de bacterias patógenas para el hombre y por eso presenta PAMs de gran interés. Nuestro objetivo fue determinar la actividad antibacteriana de la Oxysterlina, una nueva cecropina del escarabajo coprofago *O. conspiciatum*.

Materiales y métodos: Se identificó el gen putativo de la Oxysterlina en el transcriptoma del escarabajo y fue amplificado por PCR para confirmar la secuencia, se predijo una estructura de alfa hélice con un punto isoeléctrico de 11,04 para el péptido maduro, se diseñó un análogo sintético y se evaluó la actividad antimicrobiana contra *E. coli* ATCC 35218, *E. coli* ESBL, *Salmonella typhi*, *Enterobacter cloacae*, *Staphylococcus aureus* y *Candida albicans*, así como la actividad hemolítica sobre los eritrocitos humanos y citotóxica en células Vero (ATCC:CCL-81). Se realizó curva tiempo muerte contra *E. coli* ATCC 35218. Se amplificó el gen por PCR y se clonó en células *E. coli* DH10B.

Resultados: El gen fue amplificado por PCR y clonado en *E. coli* DH10B. La Oxysterlina sintética tubo una MIC de 6,25 µg/mL contra *E. coli* (ATCC 35218), *E. coli* ESBL, *Salmonella typhi* y 12,5 µg/mL para *Enterobacter clo-*

cae. No hubo actividad contra *S. aureus* ni *Candida albicans*. No hubo hemólisis total de los eritrocitos hasta 2000 µg/mL. Hubo una disminución del porcentaje de viabilidad mayor al 50% en células Vero a una concentración del 2000 µg/mL y se halló un índice terapéutico de 320 para *E. coli* ATCC. Según la curva tiempo muerte se encontró una actividad bactericida dependiente de la concentración.

Conclusiones: Este trabajo reporta por primer vez la actividad de la Oxysterlina, una cecropina del escarabajo coprofago *O. conspiciatum*, el cual puede ser un potencial antibiótico contra bacterias gram negativas por que presentó un índice terapéutico alto, actividad bactericida y baja toxicidad.

6. Infecciones del tracto urinario adquiridas en la comunidad por *Escherichia coli* productora de BLEE en adultos que consultan a la Clínica Universitaria Rafael Uribe Uribe 2012.

Lorena Matta Cortés. *Clínica Universitaria Rafael Uribe Uribe. Cali, Colombia.* lorenadilo28@gmail.com

Introducción: La infección del tracto urinario (ITU) es una infección común y en ocasiones puede ser severa asociándose a sepsis y muerte. Los objetivos fueron determinar prevalencia y factores asociados a ITU por *Escherichia coli* productora BLEE (betalactamasa de espectro extendido) con la construcción de una escala diagnóstica

Materiales y métodos: Para establecer la frecuencia de ITU por *E. coli* productora de BLEE se realizó un estudio de prevalencia. Los factores asociados con un estudio de casos y controles, los cuales cumplieron los siguientes criterios: Ambos géneros, > 18 años, con impresión diagnóstica de ITU por médico tratante y con infección única por *E. coli*. Se realizó un análisis exploratorio y descriptivo. Se modeló a través de una regresión logística. El modelo predictivo tomó el modelo final y el valor de OR inferior fue el denominador de los OR de las demás variables. El cociente de esta división fue el puntaje otorgado a la variable en la escala diagnóstica. Esta escala se aplicó a los datos del estudio y se estableció un punto de corte con base en curvas ROC.

Resultados: 247 sujetos elegibles con ITU, la media de la edad fue de 71 años (rango 57-80), 67% (n=164) fueron mujeres, 40% (n=98) tenían antecedente de ITU a repetición y 14% (n=35) antecedente de cirugía urológica. El 78% (n=210) tuvieron antecedentes de consumo de antibióticos en los últimos tres meses. La prevalencia de *E. coli* BLEE+ fue del 15%. El antecedente de ITU a repetición predijo el riesgo de tener ITU por *E. coli* BLEE+ (OR de 6,2 IC 95% [2,3-16] p<0,001). La escala clasificó correctamente al 77% de la población con ITU por *E. coli* BLEE+ con una sensibilidad de 67% y especificidad del 80%.

Conclusiones: La *E. coli* BLEE+ se encontró en un 15% de las ITU y el antecedente de ITU a repetición predijo de una manera independiente la presencia de *E. coli* BLEE+.

7. Microbiología y resistencia antibiótica de microorganismos responsables de peritonitis en pacientes críticos en Colombia.

Jorge Alberto Cortés Luna, Jaime Escobar, Jesús Jaimés, Fernando Escobar, Claudia Echeverry, Andrés Meneses, Aura Lucia Leal Castro. *Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia.* jaescobarsa@unal.edu.co

Introducción: El manejo antibiótico de las peritonitis en los pacientes críticamente enfermos complementa el manejo quirúrgico de estos pacientes. No existen datos sobre la frecuencia y perfiles de resistencia de este grupo de pacientes en Colombia. El objetivo del estudio es determinar los microorganismos más frecuentes responsables de las peritonitis y sus perfiles de resistencia a los diferentes antibióticos.

Materiales y métodos: En una red de vigilancia de hospitales en Colombia (33 instituciones en 5 ciudades) se identificaron los aislamientos de líquidos peritoneales de pacientes en Unidades de Cuidado Intensivo (UCI). Se estableció la frecuencia y perfil de resistencia a antibióticos marcadores utilizando el software Whonet (Organización Mundial de la Salud, 5.4) utilizando los criterios del Instituto de Estándares de Laboratorio de los Estados Unidos de 2009

Resultados: Se identificaron 4,120 aislamientos de peritonitis entre 2005 y 2009. El microorganismo más frecuente fue *Escherichia coli* (25,2%) seguido de *Klebsiella pneumoniae* (9,6%), *Pseudomonas aeruginosa* (7,2%), *Staphylococcus aureus* (7%) y *Enterococcus faecalis* (5,6%). La producción de beta lactamasas

de espectro extendido fue de (11%) y (21%) en *E. coli* y *Klebsiella*, respectivamente. Se ha observado un incremento en resistencia a carbapenems en *K. pneumoniae* (hasta 11,6%) durante el período de estudio. Se observó resistencia entre (25%) y (30%) en *P. aeruginosa* frente a carbapenémicos y resistencia a metilicina del (69%) en los aislamientos de *S. aureus*.

Resultados: El perfil microbiológico identificado en pacientes con peritonitis en las UCI colombianas sugiere peritonitis terciaria con una alta frecuencia de resistencia a los antibióticos más frecuentemente utilizados.

8. Desescalamiento antibiótico en unidades cuidados intensivos pediátrica y neonatal. Fundación Hospital de la Misericordia - Homi 2012 - 2013.

Luis Ernesto Ponce Bravo, Rodrigo Pérez Morales, Sandra Liliana Romero Torres, Germán Camacho Moreno.
Universidad Nacional de Colombia, Fundación Hospital de la Misericordia - HOMI. Bogotá, Colombia. leponceb@unal.edu.co

Introducción: Realizar la caracterización clínico - epidemiológica del programa de uso prudente de antibióticos, en pacientes de las unidades críticas de la institución, en quienes se desescaló la terapia durante su estancia según reportes de cultivos.

Materiales y métodos: Estudio descriptivo retrospectivo desde noviembre de 2012 hasta diciembre de 2013. Se evaluó en los pacientes admitidos a las unidades críticas, en quienes se inició terapia antimicrobiana empírica, los desenlaces del Desescalamiento antibiótico luego del reporte de los cultivos, tomando la base de datos del programa de uso prudente de antibióticos.

Resultados: Se obtuvo un total de 100 casos, 39 en UCIN y 61 en UCIP, 48 niños y 29 niñas. Mediana de estancia en UCIN 1 día (1-4 días), en UCIP de 2 días (1-28 días). Se utilizaron en terapia empírica: Cefepima 10,2%, Cefotaxima 2,5 %, Fluconazol 2,5%, Meropenem 28%, Piperacilina tazobactam 17,9%, Vancomicina 38,4%. En UCIP terapia empírica: Cefepima 4,9%, Ceftriaxona 8,1%, Fluconazol 1,6%, Linezolid 1,6%, Meropenem 18%, Piperacilina tazobactam 19,6%, Colistina 1,6%, TMS 1,6%, Vancomicina 42,6%. En UCIN se desescaló con 100% de cultivos positivos, y en UCIP con 91% de cultivos positivos. Una vez desescalado se evaluó el seguimiento clínico y paraclínico, evidenciando buena evolución a las 48 horas en todos, se desescaló en promedio a los 3,2 días de manejo empírico, con una duración promedio de 8,5 días en ventilación mecánica, con 75% de sobrevida al alta de UCIN/UCIP, y una tasa de reescalamiento después de 48 horas de tratamiento de 8,3% en total. La tasa de infección por SAMR en UCI disminuyó de 1,17 a 0 por 1000 días paciente y por *Klebsiella pneumoniae* BLEE disminuyó de 7,04 a 4,78 por 1000 días paciente entre 2012 - 2013.

Conclusiones: La estrategia de desescalamiento en el marco del uso los programas de uso prudente de antibióticos, es una herramienta útil como parte del tratamiento del paciente en unidades críticas, ya que permite disminuir la inducción de resistencias a largo plazo.

MICOBACTERIAS 1 - PRESENTACIONES ORALES

9. Utilidad de la técnica *Matrix - Assisted Laser Desorption Ionization - Time of Flight Mass Spectrometry* (MALDI-TOF MS) en la identificación de aislados clínicos de micobacterias.

Leonardo Favio Jurado Zambrano, Diana María Palacios Ortiz, Nidia Esperanza Barrera Hernandez, Aura Lucía Leal Castro, Ana Margarita Baldion Elorza.
Departamento de Patología y Laboratorios, Hospital Universitario Fundación Santa Fe de Bogotá, Departamento de Patología, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia. lfjuradoz@unal.edu.co

Introducción: La técnica MALDI - TOF MS ha sido recientemente descrita como un método rápido y económico para la identificación de microorganismos, entre estos micobacterias. Evaluar la utilidad de la metodología MALDI - TOF MS en la identificación de cepas ATCC® de micobacterias y aislados clínicos previamente identificados por pruebas fenotípicas y genotípicas.

Materiales y métodos: Se usaron 49 aislados clínicos de micobacterias preservadas en glicerol a -70°C (3 de *M. chelonae*, 2 de *M. abscessus*, 7 de *M. fortuitum*, 2 de *M. avium* y 35 de *M. tuberculosis*) y las cepas ATCC® de *M. fortuitum* 6841, *M. kansasii* 12478 y *M. tuberculosis* H37Rv. Después de 20 días de incubación en medio sólido Lowenstein Jensen se inactivaron en

agua estéril a 95°C durante 30 minutos, se procesaron mediante la técnica de extracción proteica Etanol - Acetonitrilo - Ácido Fórmico y se analizó por duplicado el sobrenadante en el equipo Bruker Daltonik MALDI Biotyper®. Según las recomendaciones del fabricante se consideró, un puntaje entre 2,3 y 3,0 identificación de especie altamente probable; 2,0 y 2,29 identificación de género segura, identificación de especie probable; 1,7 y 1,99 identificación de género probable; 0,0 y 1,69 identificación no fiable. Para el análisis de resultados tomamos el ensayo con mayor puntaje.

Resultados: Los puntajes obtenidos para *M. fortuitum* ATCC 6841, *M. kansasii* ATCC 12478, y *M. tuberculosis* H37Rv, fueron 2,17, 2,31 y 1,91, respectivamente. De los aislados clínicos, todas las micobacterias no tuberculosas fueron identificadas con un puntaje superior a 2,0; de los 35 aislados de *M. tuberculosis* 30 fueron identificados con un puntaje superior a 1,9, 3 con un puntaje superior a 1,7 y 2 no fueron identificadas. El tiempo promedio de la fase pre-analítica para cada aislado fue de 55 minutos.

Conclusiones: El método MALDI - TOF MS provee una plataforma rápida y eficiente para la identificación de aislados clínicos de micobacterias. Su implementación requiere un laboratorio de alta complejidad y personal calificado.

10. Rendimiento de XpertMTB/RIF® en muestras respiratorias en un escenario real de trabajo de un país en desarrollo.

Santiago Atehortúa Muñoz, Faiver Ramírez, Lina María Echeverri Toro, Adrian Peña, Sigifredo Ospina.
Hospital Universitario San Vicente Fundación. Medellín, Colombia. satehortuamd@hotmail.com

Introducción: Xpert MTB/RIF detecta el ADN del complejo *M. tuberculosis* y la susceptibilidad a rifampicina. Xpert MTB/RIF ha sido evaluado en condiciones "ideales" que incluyen centrifugación de esputo y lavado broncoalveolar, tinción Ziehl Neelsen (ZN) y auramina / rodamina y métodos de cultivo sólido y líquido automatizado. Estos resultados no puedan extrapolarse a países de bajos ingresos que no utilizan habitualmente todos estos procesos. El objetivo de este estudio fue evaluar el rendimiento de Xpert MTB/RIF en muestras respiratorias bajo condiciones "reales" de trabajo y su correlación con las pruebas fenotípicas de susceptibilidad.

Materiales y métodos: Estudio transversal para evaluar el rendimiento de Xpert MTB/RIF. Se incluyeron pacientes ≥12 años con sospecha de tuberculosis pulmonar. En el procesamiento rutinario de las muestras, no se utilizó centrifugación del esputo, tinción auramina/rodamina y cultivo líquido automatizado.

Resultados: 152 pacientes fueron considerados, 108 fueron elegidos y 103 son incluidos en el análisis. 34% de las muestras fueron positivas. La sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo (VPP) y valor predictivo negativo (VPN) global de la prueba fue del 91%, 92%, 83% y 96% respectivamente. En las muestras ZN negativas la sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo VPP y VPN fue del 87%, 91%, 68% y 97% respectivamente. Los resultados de sensibilidad o resistencia a rifampicina fueron concordantes con la prueba fenotípica de susceptibilidad, Kappa = 1 p <0.0001.

Conclusiones: El rendimiento global es similar al obtenido bajo condiciones "ideales". En muestras ZN negativas, existe un mejor rendimiento en condiciones "reales" de trabajo en un país de bajos ingresos.

11. Vigilancia y estudio de casos reportados como recidiva de lepra en Colombia 2010-2011.

Nora María Cardona-Castro.
Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Universidad CES. Medellín, Antioquia. ncardona@ces.edu.co

Introducción: La recidiva en lepra se diagnostica por la aparición de nuevas lesiones de piel y/o un aumento en el índice bacilar (IB) de dos o más cruces en algún sitio de la baciloscopia. En pacientes paucibacilares (PB) se ve un incremento del número de lesiones. Debe diferenciarse de una reacción leprosa. En Colombia se reportaron en 2010-2011, 69 casos de recidivas, factor que impacta en el control y tratamiento de esta enfermedad. El objetivo de este trabajo fue confirmar o reclasificar los casos reportados como recidivas con respecto a la condición clínica y microbiológica del paciente que llevó a dicha notificación.

Materiales y métodos: Evaluación clínica de los pacientes, revisión de la historia clínica. Cuestionario al paciente. Inclusión de convivientes: HC detallada y examen físico. Muestras: linfa, moco nasal, sangre. PCR: para de-

tección de Resistencia a antibióticos usando metodología sugerida por WHO (Secuenciación de ADN: DNA Sequencing Service, GenScript USA Inc., 860 Centennial Ave., Piscataway, NJ 08854). La IgM anti-PGL-1 se realizó según lo reportado por Cho et al (1983).

Resultados: Se pudieron contactar 38/69 (55%) de pacientes reportados como recidiva y se examinaron 95 convivientes. De estos 38 pacientes 11 (29%) se confirmaron como recidiva. Los demás pacientes se reclasificaron con los siguientes diagnósticos: error diagnóstico por secuelas previas de lepra (n=7), persistencia bacilar 3, tratamiento irregular 5, reacción leprosa 4, resistencia a rifampicina 1.

Conclusiones: Existen errores en el diagnóstico y la clasificación de los pacientes. Hay falta de directrices y criterios diagnósticos (IB) y una administración inadecuada del tratamiento, así como falta de adherencia al tratamiento. Las reacciones leprosas son de difícil diagnóstico y tratamiento y se encuentra resistencia a rifampicina y dapsona.

12. Evaluación y seguimiento de la transmisión de *Mycobacterium leprae* en pacientes y convivientes en 4 departamentos de Colombia.

Irma Marcela Romero, Juan Camilo Beltrán, Nora María Cardona-Castro.

Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Universidad CES. Medellín, Colombia. ncardona@ces.edu.co

Introducción: El seguimiento del paciente con lepra y sus convivientes es fundamental para alcanzar la erradicación de la enfermedad. El uso de herramientas moleculares, bacteriológicas e inmunológicas se presenta como alternativa para conocer la dinámica de transmisión. El objetivo fue determinar la evolución clínica, inmunológica, bacteriológica y la tipificación genética bacteriana en un grupo de pacientes y la transmisión de la infección a sus convivientes en los departamentos de Antioquia, Bolívar Córdoba y Sucre.

Materiales y métodos: Estudio de corte. Se evaluaron 170 pacientes (135 multibacilares y 35 paucibacilares) y 543 convivientes, con examen clínico, baciloscopia, PCR y tipificación molecular para *M. leprae*, ELISA (IgM anti PGL1). De estos participantes, 46 pacientes y 180 convivientes ya habían sido evaluados en estudios anteriores.

Resultados: El estudio permitió detectar 2 pacientes nuevos entre los convivientes. Se encontró una relación estadísticamente significativa entre no tener la cicatriz de BCG y presentar la enfermedad de Hansen (p: 0,000), OR: 0,131, IC (95%): 0,083 - 0,207. Se encontró una relación significativa entre la clasificación clínica del paciente y el resultado positivo del ELISA. Del seguimiento de convivientes se encontró seroconversión del 10% y una PCR positiva para *M. leprae* en moco nasal del 16%. La genotipificación de *M. leprae* mostró que los marcadores VNTR23-3 y GyrA presentan diferente distribución geográfica.

Conclusiones: La detección precoz de dos casos nuevos entre convivientes sugiere la necesidad de realizar búsqueda activa en población de riesgo. La vacunación BCG puede interpretarse como protectora. La IgM anti PGL1 es un marcador que detecta convivientes infectados y se correlaciona con el tipo de lepra. La PCR en moco nasal de convivientes y el conocimiento de la distribución geográfica de los genotipos de *M. leprae* visualiza el patrón de transmisión de la enfermedad en áreas endémicas y es útil para el diseño de programas de control.

13. Detección de mutaciones relacionadas con resistencia a los antibióticos en *Mycobacterium leprae* de pacientes con lepra en Colombia.

Juan Camilo Beltrán, Varalakshmi Vissa, Patrick Brennan, Nora María Cardona-Castro.

Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Universidad CES. Colorado State University. Medellín, Colombia. ncardona@ces.edu.co

Introducción: El uso de dapsona como monoterapia para lepra favorece la aparición de resistencia. La poliquimioterapia (PQT) se inició en 1980-1981 con la combinación de rifampicina, dapsona y clofazimina. Con el uso de la PQT, existen reportes de diferentes regiones del mundo de casos de recaída asociados a resistencia. El objetivo fue buscar la presencia de mutaciones en los genes de *Mycobacterium leprae* relacionados con resistencia a antibióticos en pacientes con lepra.

Materiales y métodos: Estudio prospectivo período 2004-2013. Se tomaron muestras de linfa y/o biopsias de piel de 347 casos multibacilares de lepra (casos nuevos, recaídas y en tratamiento) procedentes de 14 regiones de Colombia. Se realizó PCR de regiones específicas relacionadas con re-

sistencia de los genes rpoB, folP1, gyrA y gyrB de *M. leprae* utilizando los métodos recomendados por la OMS.

Resultados: Entre los casos con PCR positiva (rpoB =123, folP1 =108, gyrA =164, gyrB =103), se observaron mutaciones relacionadas con la resistencia en diez aislamientos de *M. leprae*, siete de ellos de pacientes con recaída. Cinco aislamientos mostraron mutaciones en rpoB: Ala426Thr, Asp441Tyr, Ser456Leu, Ser458Met y Arg505Trp, todos ellos dentro o cerca de la región determinante de resistencia a rifampicina. Para folP1 cinco aislamientos mostraron mutaciones en el codón Thr53Ala, Pro55Leu, Asp91His, Arg94Trp, un aislamiento con doble mutación en codones Thr53Ala y Thr88Pro, tres de estas mutaciones dentro de la región determinante de resistencia a dapsona. Para gyrA se observó una cepa con una mutación en el codón Ala107Leu. El aislado de un paciente con recaída presentó mutaciones en rpoB y folP1, lo que sugiere multi-resistencia.

Conclusiones: Este estudio demuestra la presencia de resistencia en pacientes con recaída (70%), 5 de ellos recibieron monoterapia con dapsona. Las mutaciones en rpoB Ala411Thr y Arg505Trp, así como las encontradas en folP1 Thr88Pro y Asp91His y en gyrA, requieren ser validadas en cojinete plantar de ratón.

14. Asociación de la composición genética ancestral y los genotipos de *Mycobacterium leprae* en pacientes con lepra de dos zonas endémicas de Colombia.

Nora Cardona-Castro, Juan Camilo Beltrán, Edwin Cortés, Gabriel Bedoya.

Instituto Colombiano de Medicina Tropical - Universidad CES, Grupo GENMOL Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. ncardona@ces.edu.co

Introducción: La población colombiana es mezcla de tres ancestrías, amerindia, africana y europea. Se conoce que existe susceptibilidad genética a desarrollar enfermedades, la cual difiere de acuerdo a la raza. No conocemos cómo la mezcla de ancestrías influya en la susceptibilidad a la lepra en Colombia.

Materiales y métodos: Casos y controles. 112 pacientes con lepra multibacilar y 95 controles sin relación de consanguinidad. 40 marcadores informativos de ancestría para determinar el componente ancestral. El ADN de *M. leprae* de los pacientes se tipificó con SNP7614, VNTR 27-5 y12-5. Se calculó el componente ancestral individual (CAIs) Amerindio, Europeo y Africano y los promedios de los componentes ancestrales usando el programa ADMIXMAP.

Resultados: Se identificaron 2 genotipos de *M. leprae*, uno de origen europeo y otro africano. Los de origen europeo son más frecuentes en la región andina y las de origen africano en la región del Atlántico (p <0,05), lo que está asociado con la composición ancestral de cada una de estas regiones. La población de la región Atlántica tiene un componente ancestral africano mayor y la Andina un componente Europeo más alto. No se encontró asociación entre el componente ancestral y sufrir lepra. Este hallazgo está relacionado con la casuística de la lepra tanto en las poblaciones ancestrales europeas como africanas.

Conclusiones: El origen africano y europeo de *M. leprae* es coherente con la composición genética ancestral de la población donde se encuentra la cepa. Ambos genomas, el de la población afectada y el de *M. leprae* están enlazados, se han transmitido desde sus orígenes primeros, África y Europa, se han dispersado con las migraciones humanas y ahora se encuentran en la población colombiana, resultado de la mezcla.

15. Sistemas de transporte cassette de unión a ATP (ABC) involucrados en la resistencia de *Mycobacterium tuberculosis* a levofloxacina.

Verónica Jhajaira Gómez Tangarife, Nataly Álvarez Zuluaga, Anderson Arrieta, Jaime Alberto Robledo Restrepo, Francois Rouzard.

Corporación para Investigaciones Biológicas-CIB. Medellín, Colombia. verogomez@cib.org.co

Introducción: La levofloxacina (LVX) es una fluoroquinolona (FQ) utilizada para el tratamiento de la tuberculosis multirresistente (TB-MDR). Su blanco de acción es la ADN girasa, codificada por los genes gyrA y gyrB. Mutaciones en estos genes se asocian con resistencia a FQ. Sin embargo, entre 15-60% de los aislamientos no presentan mutaciones en estos genes, sugiriendo que otros mecanismos, como las bombas de flujo pueden estar implicados en la

resistencia a este tipo de medicamentos. **Objetivo:** Determinar polimorfismos en genes que codifican bombas de flujo ABC en aislamientos de MTB con resistencia extendida (MTB-XDR) y su asociación con resistencia a LVX.

Materiales y métodos: Se seleccionaron tres aislamientos de MTB-MDR y tres XDR con resistencia a LVX. Se determinó la Concentración Inhibitoria Mínima (CIM) a LVX por el sistema BACTEC™ MGIT™ 960® y se evaluó la presencia de mutaciones en gyrA-gyrB y en 29 genes que codifican bombas de flujo ABC.

Resultados: Dos de 3 aislamientos XDR, presentaron mutaciones en el gen gyrA. Adicionalmente se detectaron polimorfismos no sinónimos (nsSNPs) en tres genes que codifican bombas de flujo ABC cuando se compararon con aislamientos de MTB-MDR. Los nsSNPs identificados en estos dos aislamientos se asociaron con altos y bajos niveles de resistencia a LVX. Un aislamiento XDR presentó nsSNPs en cinco genes que codifican bombas de flujo ABC, y estos se correlacionaron con altos niveles de resistencia a LVX. Ninguno de los aislamientos XDR presentaron mutación en el gen gyrB.

Conclusiones: Los datos sugieren que nsSNPs en genes que codifican bombas de flujo ABC impiden el acceso de la LVX a la ADN girasa. Otros estudios son necesarios para comprender si solo los polimorfismos en dichos genes son responsables de la resistencia a LVX y/o si actúan de forma sinérgica con mutaciones en el gen gyrA para aumentar la CIM a LVX.

16. Identificación, evaluación y seguimiento de niños menores de 5 años contacto de pacientes con tuberculosis, en 30 municipios del Chocó.

Jose Mauricio Hernandez, Helfer Andrade, Loselinio Velásquez, Luz Eneida Murillo, Luz Cadavid, Gloria Mejía, Alex Gómez, Jaime Robledo.

Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín, Colombia.
jhernandez@cib.org.co

Introducción: Describir las actividades que se realizan para el estudio de niños menores de 5 años, contacto de pacientes con tuberculosis, en Chocó durante el 2.012

Materiales y métodos: Se seleccionaron al azar 159 casos de TB en adultos y se estudiaron los registros del estudio, diagnóstico y tratamiento de niños contacto menores de cinco años. Se realizó un análisis descriptivo de las diferentes variables y un análisis multivariado para determinar la asociación de ser diagnosticado y tratado para tuberculosis latente y activa.

Resultados: Se identificaron 103 niños contacto de un caso de TB. Solo 61 (59,2%) de ellos tuvieron algún tipo de evaluación clínica y/o microbiológica. Los signos y síntomas se evaluaron en un 63,3% de los niños; la tuberculina en 25,2%; los rayos X de tórax en 22,2%, examen directo en 14,5% y cultivos en 1,9% de los pacientes. Se diagnosticaron 13 (21,3%) casos de TB latente y 8 (13,1%) de tuberculosis activa. La administración de tuberculina estuvo más asociada con el tratamiento para TB latente (OR: 11,4 IC: 2,1-60) y la evaluación de linfadenopatías con el tratamiento para TB activa (OR: 9 IC: 1,7-46,7).

Conclusiones: El estudio de niños menores de cinco años contacto de un caso de tuberculosis presenta debilidades en el departamento del Chocó. El programa debe fortalecer sus capacidades de registro y estudio de contactos dados la alta prevalencia de enfermedad encontrada en este grupo de edad. Es primordial aumentar los esfuerzos para registrar y estudiar adecuadamente los niños contacto de un caso de TB en el Chocó.

PEDIATRÍA 1 - PRESENTACIONES ORALES

17. Características de pacientes hospitalizados por *Bordetella pertussis* en la Fundación Hospital de la Misericordia (HOMI), 2009-2013.

María Del Pilar Montilla Velásquez, Germán Camacho Moreno, Karen Susana Gómez Castañeda, Sandra Liliana Romero Torres.
Universidad Nacional de Colombia, Fundación Hospital de la Misericordia. Bogotá, Colombia. mpmontillav@unal.edu.co

Introducción: La morbimortalidad asociada a tos ferina constituye un problema de salud pública, con costos humanos y financieros importantes. Las características de los pacientes hospitalizados son de vital importancia para definir las políticas internas de mejoramiento de la atención de estos pacientes. **Objetivo:** Caracterizar los pacientes que requieren hospitalización por infección por *Bordetella pertussis* en HOMI 2009-2013

Materiales y métodos: Estudio descriptivo, en el que se caracterizó los pacientes confirmados con *B.pertussis* por PCR a través del análisis Univariado

Resultados: Se caracterizó a 96 pacientes. 76% fue menor a 6 meses, promedio 4,56 meses (+/-6,8meses), 58,3% niños y 41,5% niñas. 30% fue prematuro, 15,6% cardiópata y 55,2% tuvo nacimiento genital. 20,8% tuvo contacto con fumadores y 56,3% noción de contagio. 43,8% se diagnosticó en urgencias, 16,7% en hospitalización, 15,6% en cuidado crítico, 11,5% en observación y 9,4% en reanimación. 64,6% no tenían dosis de vacuna de anti-pertusis, 28,1% una, 3,1% dos o tres dosis, y solo el 1% tuvo el primer refuerzo. Ninguno tuvo segundo refuerzo. 71,9% se definió en fase espasmódica, 27,1% fase catarral y 1% fase convaleciente.

99% tuvo tos al ingreso, 92,7% paroxística, 72,9% cianozante y 62,5% emetizante. 16,7% tuvo estridor, 30,2% apnea, 63,5% dificultad respiratoria, y 17,7% deshidratación. 75% taquicardia, 28,1% taquipnea, 55,2% desaturación, 85% tuvo leucocitosis, 8,3% neutropenia, 39,6% neutrofilia, 72,9 linfocitosis, 32,3 anemia, 2,1% trombocitopenia y 38,5% trombocitosis, 86% radiografía de tórax anormal. 51% tuvo alguna complicación, 26% coinfección viral y 8% bacteriana. 58% se hospitalizó en cuidado crítico, 9,4% tuvo sepsis y 14,6% requirió ventilación asistida. 12% requirió inotrópicos y 32,3% corticoides. 4,2% fallecieron. La media de estancia en cuidado crítico fue de 8,75 días (+/- 85) y hospitalaria de 13,92d (+/- 12,81).

Conclusiones: La caracterización de los pacientes con esta patología define la probabilidad de la presentación clínica.

18. Factores de riesgo asociados a complicaciones crítico por *Bordetella pertussis* en el Hospital de la Misericordia, 2009-2013.

María del Pilar Montilla Velásquez, Germán Camacho Moreno, Karen Susana Gómez Castañeda, Sandra Liliana Romero Torres.

Universidad Nacional de Colombia, Fundación Hospital de la Misericordia. Bogotá, Colombia. mpmontillav@unal.edu.co

Introducción: La necesidad de ingreso en Unidades de Cuidados Intensivos y de ventilación mecánica es más frecuente en la población lactante pediátrica, secundaria a complicaciones por tos ferina. Los factores de riesgo asociados a complicación, no están completamente identificados en los pacientes con esta patología en la institución. **Objetivo:** Identificar los factores de riesgo asociados a complicaciones que requieren cuidado crítico en los pacientes infectados con *Bordetella pertussis* en la Fundación Hospital de la Misericordia, 2009-2013.

Materiales y métodos: Diseño del estudio: estudio de Casos y Controles. **Pacientes:** Todos los confirmados con infección por *B.pertussis* por PCR manejados en el hospital de 2009 a 2013. **Mediciones:** análisis bivariado con cálculo de OR.

Resultados: Se obtuvieron 96 historias clínicas. Se realizó el apareamiento en dos grupos según o no la presencia de complicación. Los factores de riesgo asociados a manejo en cuidado crítico fueron: Antecedentes: Noción de contagio positivo, con un OR 2,2 IC95% (0,9-5,1) p=0,07, no estadísticamente significativa y ausencia de vacunación anti-pertusis OR 3,3 IC95% (1,3-7,9) p=0,007 Clínica: cianosis OR 4,0 IC95% (1,5-10,9) p=0,004, deshidratación OR 2,7 IC95%(0,87-8,4) p=0,076, taquicardia OR 2,6 IC 95%(1,0-6,9) p=0,045, taquipnea OR 3,9 IC95% (1,4-10,5) p=0,005 y desaturación OR 3,340 IC 95% (1,4-7,7) p=0,004 Paraclínica: confección bacteriana OR 7,667 IC95% (0,9-64,9) p=0,059, linfocitosis OR 3,1 IC95% (1,2-8,3) p=0,015, trombocitosis OR 3,0 IC95% (1,2-7,1) p= 0,01.

Conclusiones: Los factores de antecedentes, la clínica y los paraclínicos pueden definir los pacientes en riesgo de complicaciones e ingreso a la unidad de cuidado crítico.

19. Caracterización geográfica de la sífilis gestacional y congénita en el eje cafetero colombiano, 2007-2011.

Fabrizio Bastidas Rivera, Álvaro Mondragón Cardona, Verónica Alzate Carvajal, Guillermo J. Lagos-Grisales, Soraya Villegas, Alfonso J. Rodríguez-Morales.

Grupo de Investigación Salud Pública e Infección (antes SIDA y Otras Enfermedades Infecciosas), Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia. arodriguez@utp.edu.co

Introducción: La sífilis continúa siendo un problema de salud pública, de gran impacto especialmente cuando se trata de sífilis gestacional (SG) y congénita (SC), ya que la prevalencia de estas se convierte en un indicador del funcionamiento de los programas que buscan mejorar la salud materna e infantil. Se estiman 12 millones anuales de infectados, globalmente, con 2 millones en embarazadas asociado a 25% de infección congénita.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio caracterizando geográficamente incidencias anuales (estimadas como casos/100.000 hab) de sífilis gestacional y congénita, en los 53 municipios del eje cafetero (Caldas, Quindío, Risaralda), de 2007-2011. Las fuentes de datos fueron SIVIGILA y DANE. Las tasas fueron procesadas con el programa Kosmo®3.1 como sistema de información geográfica, lo que permitió la elaboración de 10 mapas epidemiológicos para el eje cafetero por municipios y años.

Resultados: En este período se reportaron 1139 casos de sífilis gestacional (tasa acumulada de 46,6 casos/100.000 hab). Las tasas más altas de SG fueron en Montenegro (Quindío), para el año 2007 con 64,7 casos/100.000 hab. Para sífilis congénita se reportó un total de 432 casos, tasa acumulada de 52,5 casos/100.000 hab. En el período evaluado las tasas más altas de SC fueron en Norcasia (Caldas) con 14,7 casos/100.000 hab (2007).

Conclusiones: A pesar de las políticas públicas implementadas en Colombia, la sífilis gestacional y congénita continúan teniendo un gran impacto. Si se relaciona el total de casos gestacionales con los congénitos, hay una razón de un caso congénito por cada 2,6 gestacionales. El uso de sistemas de información geográfica y mapas epidemiológicos permite valorar de forma precisa el comportamiento de estas entidades así como los territorios que requieren mejorar las políticas dirigidas a garantizar la salud materna.

20. Distribución geográfica de la tos ferina en los 3 departamentos del Eje Cafetero colombiano.

Manuela Jimenez-Rincón, Miguel Angel Atehortua Otero, Guillermo J. Lagos-Grisales, Alfonso J. Rodríguez-Morales.

Grupo de Investigación Salud Pública e Infección (antes SIDA y Otras Enfermedades Infecciosas), Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia. arodriguez@utp.edu.co

Introducción: A pesar de la distribución mundial de las vacunas triple y pentavalente que incluyen antígenos de *Bordetella pertussis*, se ha observado un resurgimiento de los casos de tos ferina. Herramientas como los sistemas de información geográfica (SIG) permiten visualizar el comportamiento de las enfermedades infecciosas y ofrecen posibilidades de control y prevención de las mismas.

Materiales y métodos: Se caracterizó geográficamente la incidencia anual (como casos/1.000.000hab) de tos ferina en los 53 municipios del eje cafetero Colombiano en el período 2007-2011. Las fuentes de datos fueron SIVIGILA y DANE. Las tasas fueron procesadas con el programa Kosmo® 3.1 como sistema de información geográfica (SIG), que permitió la elaboración de 25 mapas epidemiológicos de esta patología para el eje cafetero, incluyendo por grupos de edad.

Resultados: Fueron reportados 129 casos de tosferina en el período 2007-2011 para el eje cafetero. Esto correspondió a una tasa acumulada de 52,81 casos/1.000.000 hab. La tasa acumulada más alta fue presentada por el municipio de Manizales con 206,81 casos/1.000.000 hab, el cual además presentó las tasas más altas para los años 2011, 2010 y 2007 con 156,37 casos/1.000.000hab, 7,72 casos/1000000 hab y 23,47 casos/1.000.000 hab, respectivamente. El municipio de Aguadas, Caldas, presentó las tasas más altas para los años 2009 (85,53 casos/1.000.000 hab) y 2008 (84,72 casos/1.000.000 hab). El municipio de Armenia no presentó casos en entre los años 2007-2010 y solo un caso en el año 2011.

Conclusiones: Se han incrementado las tasas de incidencia de tos ferina durante los últimos años del estudio. No obstante, no se cuentan con estudios similares que denoten el comportamiento de esta en la región.

21. Caracterización de la neumonía por citomegalovirus en niños inmunosuprimidos no infectados por VIH.

Mónica Patricia González Santos, Sonia María Restrepo Gualteros, Germán Camacho Moreno, Lina Eugenia Jaramillo Barberi, Carlos Rodríguez.

Universidad Nacional de Colombia, Fundación Hospital de la Misericordia. Bogotá, Colombia. mopgonzalezsa@unal.edu.co

Introducción: El citomegalovirus (CMV) es una de las causas más importantes de neumonía oportunista en la población pediátrica inmunosuprimida, siendo la neumonía por este germen una complicación potencialmente fatal. El objetivo de este trabajo es caracterizar la presentación de NCMV en niños inmunosuprimidos de cualquier índole no infectados por el VIH.

Materiales y métodos: Se estudiaron 15 niños VIH negativos que tenían cuadro de neumonía por CMV, atendidos en el Hospital de La Misericordia

(Bogotá), entre enero/2010 a noviembre/2013. El único criterio de exclusión fue la infección por VIH. Se definió como caso de neumonía por CMV aquel paciente que en el estudio de una de infección pulmonar documentada clínica y radiológicamente se encontró PCR positiva para CMV en lavado broncoalveolar o en sangre y/o con cambio citopático viral en la biopsia de pulmón confirmado por Inmunohistoquímica para CMV.

Resultados: Caracterizamos 15 niños no infectados por el VIH (mediana 3 años; IQR 0,2-4,9 años). Los más importantes hallazgos clínicos incluyen tos (100%), hipoxemia (100%), agregados pulmonares difusos (100%) y aumento del esfuerzo respiratorio (93%). Los hallazgos en las imágenes pulmonares más prominentes fueron opacidad en vidrio esmerilado y consolidación en el 80%. El diagnóstico se hizo por PCR CMV en lavado broncoalveolar (82% detección) o por histología/inmunohistoquímica en biopsias de pulmón (100% detección). La infección llevó a falla respiratoria al 47% de los niños infectados y la tasa de mortalidad global fue del 13,3%.

Conclusiones: La neumonía por CMV en los niños inmunosuprimidos requiere un alto índice de sospecha para su diagnóstico. Patrones clínicos como la hipoxemia y anomalías radiológicas como consolidaciones u opacidades en vidrio esmerilado de distribución difusa, podrían ser claves para iniciar una búsqueda del CMV como agente etiológico en esta población. Un diagnóstico temprano y la pronta iniciación de la terapia antiviral es la mejor garantía para un buen resultado clínico.

22. Manifestaciones orales en niños con VIH/SIDA en Bogotá, Colombia.

Juan Carlos López García, Camilo Javier Bernal Vélez, Alejandra Bobadilla Henao, Adriana Liseth Mora Bellirio, María Fernanda Piñeros Bermúdez.

Hospital Universitario San Ignacio, Pontificia Universidad Javeriana, Centro de Asistencia Científica de Alta Complejidad. Bogotá, Colombia. juanklo24@gmail.com

Introducción: En los niños infectados con vih/SIDA se han descrito más de 40 enfermedades de la cavidad oral las cuales han sido consideradas como marcadores clínicos del deterioro del sistema inmune y predictores de la eficacia de la terapia antirretroviral. El objetivo del estudio es conocer la frecuencia de las lesiones orales y su relación con la carga viral y el porcentaje de linfocitos T CD4 en niños.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio observacional descriptivo longitudinal de marzo a abril de 2014, en el que se examinó la cavidad oral de niños diagnosticados con vih/SIDA que acuden a consulta de infectología pediátrica del Hospital Universitario San Ignacio y del Centro de Asistencia Científica de Alta Complejidad en Bogotá, Colombia, registrando las lesiones orales encontradas según la clasificación EC-Clearinghouse 1993.

Resultados: Se examinaron 41 niños, 22 (53,7%) mujeres y 19 (46,3%) hombres, con un promedio de edad de 10 años, 40 (97,6%) bajo terapia antirretroviral. De los 41 niños, 9 (22%) presentaron lesiones orales, 8 de estos tenían lesiones asociadas al vih: 3 úlceras aftosas recidivantes, uno queilitis angular, uno eritema gingival lineal, uno infección por vhs-1 y uno leucoplasia. En 3 de 9 niños se presentaron lesiones no asociadas: 2 úlceras traumáticas y 1 pericoronitis. De los 8 niños con lesiones asociadas al VIH, 4 se encontraban con carga viral detectable, y sólo 1 estaba en inmunosupresión moderada, los demás sin inmunosupresión según la clasificación del CDC 1993.

Conclusiones: En niños con VIH bajo tratamiento antirretroviral la lesión oral más frecuente es la úlcera aftosa recidivante. Se encontró que la carga viral detectable y el conteo bajo de linfocitos T CD4 no se asocian en todos los casos con la aparición de lesiones orales ya que éstas lesiones también se presentaron en niños con adecuado control virológico e inmunológico.

23. Eficacia inmunológica a la vacunación contra el virus de la hepatitis b (VHB) en la población infantil de 1 a 18 años vivientes con el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) en Barranquilla, Colombia, 2010-2011.

Luz Marina Contreras Wilches, Osmar de Jesús Pérez Pérez, Ella María Guardo García, José Joaquín Vivas.

Universidad Metropolitana. Barranquilla, Colombia. luzmacon22@hotmail.com

Introducción: Determinar la eficacia inmunológica a la vacunación contra el virus de la Hepatitis B, en la población infantil de 1 a 18 años vivientes con el virus de la inmunodeficiencia humana en la ciudad de Barranquilla, mediante la medición de anticuerpos postvacunales.

Materiales y métodos: Estudio observacional, descriptivo, transversal, ambispectivo. Se tomó una población infantil entre 1 año a 18 años viviendo con VIH, vacunados contra la hepatitis B, que asisten al Programa de Atención Integral IPS SICAC, Vihonco y Quimiosalud en Barranquilla, 2010-2011. Se recolectó información de 51 niños, de los cuales se excluyeron 8 niños (1 por coinfección con Hepatitis B y 7 por no reporte de laboratorios), quedando una muestra de 43 niños. La fuente de información fue secundaria, ya que se obtuvo de la base de datos de cada institución y se realizó un formulario, donde se recogió toda la información necesaria en las distintas variables, para determinar estado de salud, vacunación contra el virus de la hepatitis B y características de su estado de viviente con VIH y de su entorno social. Se tomó los reportes de las pruebas de laboratorio de HBsAg, Core total para Hepatitis B, Anti-HBs. Se consideró títulos protectores para el virus de la hepatitis B (Anti-HBs) valores >10 mu/ml. Los datos fueron llevados a formulario de recolección de la información prediseñado. Para la tabulación de la información, se utilizó el programa Epi - Info 2000. A nivel ético, esta investigación se acoge a las normas de buenas prácticas clínicas.

Resultados: Los niveles de anticuerpos protectores contra el virus de la hepatitis B (10-100 mu/ml) se encontraron en 16.28%, predominando los niveles no protectores (<10 mu/ml) en la mayoría de la población en un 83.72%. Y en la población estudiada no se encontraron niveles > 100 mu/ml. El mayor nivel de anticuerpos protectores fue en el 1er año de vida con un 4.65% y éste porcentaje disminuía al aumentar la edad de la población. Financiación por la Universidad Metropolitana. No hay conflictos de interés.

Resultados: La mayoría de la población infantil estudiada de 1 a 18 años con VIH, no están protegidos contra la infección por el virus de la hepatitis B; presentando una eficacia inmunológica no adecuada, con niveles de AntiHBs no protectores (<10 mu/ml); lo cual puede deberse a múltiples factores, desde la efectividad propia de la vacuna, población de estudio o la necesidad de refuerzos.

24. Análisis descriptivo del programa de VIH/SIDA en niños y niñas del Hospital Universitario San Ignacio, Bogotá, Colombia.

Juan Carlos López García, Juan Pablo Londoño, María Clara Castro Arango, Elsa Cristina Morales, Lady Torres, Catalina Tole, Vanessa Mossali.

Hospital Universitario San Ignacio, Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá, Colombia. juanklo24@gmail.com

Introducción: La infección por el VIH/SIDA causa una amplia serie de manifestaciones clínicas. Los avances en el manejo médico basados en el tratamiento antirretroviral (TAR) han reducido dramáticamente la morbilidad. El objetivo de este estudio fue realizar la caracterización epidemiológica de una cohorte de niños con infección por VIH/SIDA y el impacto de la atención integral en sus indicadores inmunológicos y virológicos.

Materiales y métodos: Estudio descriptivo de cohorte retrospectiva en un hospital universitario. Se analizaron datos demográficos, estado clínico, respuesta virológica y tratamiento de 23 niños de 0 a 14 años desde Enero del año 2010 a Marzo del 2014.

Resultados: Se analizaron 23 pacientes con edad promedio de 9,7 años, 52% del género masculino. La edad promedio del diagnóstico fue de 2,7 años. En el 86% (20/23) la infección fue adquirida por transmisión materno-infantil. El 26,1% fueron clasificados en categoría B1 y 21,7% clasificados en C3. Al ingreso al programa el 78%(18/23) se encontraban con cargas virales(CV) detectables. La CV promedio de ingreso fue 66.922 copias/ml, la CV promedio con más de 12 meses de seguimiento es 48 copias/ml y de estos el promedio de CV en falla virológica (3/20) es de 323 copias/ml. El tiempo promedio respecto al ingreso en volverse indetectables fue de 12,1 meses. A marzo de 2014 85% se encuentran con CV indetectables. Todos se encuentran en TAR y el esquema más frecuente es AZT + 3TC + LPV/r en el 52%. El 61% han presentado falla virológica o inmunológica en el trascurso de su enfermedad, todos asociados a falta de adherencia al tratamiento. En 42% (9/21) fue necesario el cambio del TAR, en 8 por falla virológica guiado con genotipo documentado mutaciones de resistencia y en un caso por efectos secundarios.

Conclusiones: El manejo integral de los niños con infección por VIH/SIDA es efectivo para obtener un éxito virológico y mantener un buen cumplimiento en el seguimiento. La falta de adherencia al tratamiento es el principal determinante en la falla virológica o inmunológica.

VIH 1 PRESENTACIONES ORALES

25. Validez y confiabilidad de escalas de medición de adherencia al tratamiento antirretroviral en una población de personas viviendo con VIH en Cali, Colombia.

David Montaña Agudelo, Héctor Fabio Mueses Marín, Jorge Martínez Cajas, Beatriz Alvarado Llano, Jaime Galindo Quintero. Corporación de Lucha Contra el SIDA. Cali, Colombia. asistenteinvestiga.clsida@hotmail.com

Introducción: Validez y confiabilidad de escalas de medición de adherencia al tratamiento antirretroviral en una población de personas viviendo con VIH en Cali, Colombia. Existe muy poca evidencia en Colombia sobre la validez de escalas de auto-reporte de adherencia en personas que viven con VIH/SIDA (PVVS) y reciben tratamiento antirretroviral (TAR). El objetivo de este estudio es demostrar la validez y confiabilidad de una medición de adherencia utilizando las escalas ACTG (*Aids Clinical Trials Group*) y AGAS (*Antiretroviral General Adherence Scale*).

Materiales y métodos: La población de estudio consistió en una muestra por conveniencia de 85 pvvs en seguimiento clínico y recibiendo TAR. Se usaron dos escalas de adherencia: ACTG y AGAS. Adherencia se definió para cada escala usando la carga viral (cv) como criterio de validez (cv detectable >40 copias/ml). Se verificó: (i) la consistencia interna de las escalas a través del cálculo del alpha de Cronbach, (ii) la validez convergente de la medida con constructos relacionados y (iii) la validez concurrente con una medición alternativa de adherencia utilizando el registro de reclamo de pastillas.

Resultados: Los individuos con cv indetectable tuvieron en promedio un puntaje de 73.1% en ACTG y 86.9% en AGAS, mientras aquellos con cv detectable tuvieron puntajes promedio de 58.7% en ACTG y 75.2% en AGAS. Usando puntos de corte de 70% para ACTG y 85% para AGAS, se clasificaron como adherentes a 42.4% de los participantes (n=36), quienes tuvieron puntajes suficientes en ambas escalas. Se calculó un α de 0,77 para la escala ACTG y 0,74 la escala AGAS. Se encontraron diferencias significativas entre los individuos "adherentes" y los "no adherentes" en constructos psicosociales como depresión ($p=0.015$), conocimientos de vih ($p=0,005$), y marginalmente estigma ($p=0,065$). La medición utilizando el registro de conteo de pastillas se correlacionó significativamente con el resultado de las escalas ($p=0,008$ para ACTG y $p=0,034$ para AGAS).

Conclusiones: Se muestra evidencia de la confiabilidad y validez del uso de una medición compuesta de la adherencia, utilizando las escalas ACTG y AGAS, en una población de PVVS en Colombia.

26. CD38 y HLA-DR como marcadores de activación inmune de linfocitos T, para monitorizar pacientes VIH-1+ en Cali (Colombia, 2013).

Ximena Galindo Orrego, Jaime Galindo Quintero, Héctor Fabio Mueses Marín, David Montaña Agudelo, Beatriz Parra Patiño. Corporación de Lucha Contra el SIDA. Cali, Colombia. centroinvestigaciones@cls.org.co

Introducción: La activación inmunológica crónica en pacientes con vih es crítica para el deterioro del sistema inmune. El objetivo de este estudio es determinar los niveles y capacidad discriminativa de los marcadores de activación CD38 y HLA-DR en los linfocitos T (CD4+ y CD8+) para diferenciar grupos de pacientes en distintas etapas de la enfermedad.

Materiales y métodos: Estudio de corte transversal en 96 individuos VIH+ y 29 VIH-, que dieron su consentimiento; los VIH+ fueron clasificados en 4 grupos: (1) Pacientes *naïve* a tratamiento antirretroviral (ARV) y sin indicación para iniciarlo (CD4+>500 cél./ml y cv<10000 copias/mL); (2) Pacientes *naïve* a tratamiento ARV con indicación para su inicio (CD4+<500 cel/mL); (3) Pacientes con tratamiento ARV exitoso (CD4+>350 cél./mL y cv<400 copias/mL); y (4) Pacientes en falla terapéutica (cv>800 copias/mL). Se estableció la expresión de CD38 o HLA-DR por citometría de flujo, así como características sociodemográficas y clínicas, y se compararon entre los grupos. Mediante análisis ROC, se determinó la capacidad discriminativa de los marcadores para diferenciar entre los participantes sin tratamiento o en falla y el grupo 3.

Resultados: Los niveles de activación inmune en pacientes del grupo 3 fueron similares a los de individuos VIH-. Dichos niveles se correlacionaron directamente con carga viral y conteo de CD8+ e inversamente con el conteo de CD4+.

Según los análisis ROC, la mayoría de los marcadores discriminaron de forma excelente o buena (área bajo la curva roc>0,81) a los grupos 2 y 4 del

grupo 3. Los marcadores medidos en los CD8 tuvieron muy buena exactitud para diferenciar los individuos del grupo 1 de aquellos del grupo 3; esta discriminación no fue posible con el solo conteo de CD4+. La intensidad media de la fluorescencia de la molécula CD38 distinguió a los tres grupos (1, 2 y 4) del grupo 3, de manera excelente.

Conclusiones: La expresión de las moléculas CD38 o HLA-DR, diferenció los grupos en sus distintas etapas de progresión de la enfermedad.

27. Efectos no óseos de bajos niveles de vitamina D en pacientes con infección por VIH.

Karen Melissa Ordoñez Díaz, Carlos Arturo Alvarez Moreno, Hernando Guillermo Gaitán Duarte, María Teresa Vallejo Ortega, Sonia Isabel Cuervo Maldonado, Odismar Andrea Hernández Borja.
Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia.
karenmelissao@gmail.com

Introducción: La deficiencia de vitamina D es frecuente en la población con infección por VIH. Se desconoce su impacto en efectos no óseos. Evaluar los efectos no óseos de bajos niveles de vitamina D en población con infección por VIH.

Materiales y métodos: Revisión sistemática de la literatura. Búsqueda en Bases de Datos electrónicas: Medline, EMBASE, LILACS y la Biblioteca de la Colaboración Cochrane. Búsqueda de literatura gris mediante contacto con investigadores expertos en el tema, así como en resúmenes de congresos. Las técnicas de detección, compilación y análisis de datos se realizarán de acuerdo a lo estipulado por la Colaboración Cochrane. La recolección de la información se hará un formato especialmente diseñado para la revisión. Se realizó la evaluación de riesgo de sesgos y graduación del nivel de evidencia de los estudios incluidos.

Resultados: Se obtuvieron 4335 títulos a partir de la estrategia de búsqueda. 107 artículos eran estudios primarios que evaluaban la deficiencia de vitamina D en pacientes con VIH. 26 evaluaban efectos no óseos de la deficiencia de vitamina D. Al revisar el texto completo de estos artículos se seleccionó 14 artículos. De resúmenes de congresos se seleccionaron 9. Entre los efectos no óseos evaluados en los estudios se encontró: respuesta virológica al tratamiento para hepatitis C en pacientes con coinfección VIH/VHC, desarrollo de aterosclerosis (engrosamiento de la íntima carotídea), elevación de los marcadores de inflamación, fibrosis hepática en pacientes con coinfección VIH/VHC, morbilidad en hijos de mamás con infección por VIH y deficiencia de vitamina D, vaginosis bacteriana, desarrollo de resistencia a la insulina, proteinuria persistente, recuperación inadecuada en el recuento de CD4 y mayor progresión a SIDA.

Conclusiones: La insuficiencia de vitamina D en pacientes con VIH es alta. La medición de sus niveles puede permitir realizar un diagnóstico precoz y modificar, con corrección de la misma, los desenlaces asociados a su deficiencia.

28. Variantes en genes de la vía de la vitamina D y de la respuesta antiviral interactúan y modulan la resistencia natural a la infección por el VIH-1.

Wbeimar Aguilar Jiménez, Wildeman Zapata Builes, Antonio Caruz Arcos, Joan Fibla Palazon, María T. Rugeles López.
Grupo Inmunovirología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia UdeA. Medellín, Colombia. wbeimar.aguilar@udea.edu.co

Introducción: Las funciones inmunomoduladoras de la vitamina D (VitD) podrían orquestar respuestas anti-virales e influir en la resistencia al VIH-1 exhibida por individuos expuestos al virus pero seronegativos (HESN).

Materiales y métodos: Se desarrolló un estudio de casos (individuos infectados) y controles (individuos HESN) de Colombia (expuestos sexuales) y de España (expuestos parenterales). Se evaluó la asociación de 140 variantes en 9 genes de la vía de la VitD y en 13 genes antivirales con resistencia/susceptibilidad (R/S) al VIH-1.

Resultados: 24 variantes y 12 haplotipos en las dos vías evaluadas se asociaron con R/S al VIH-1 ($p < 0,05$). Se encontraron interacciones epistáticas entre algunas variantes de los dos grupos de genes y dichas interacciones se asociaron con R/S al VIH-1 ($p < 0,01$). Además la mayoría de los HESN exhibieron las mismas combinaciones de las variantes asociadas a resistencia ($p < 0,003$). Notablemente, los individuos HESN que tenían variantes asociadas a resistencia en los genes: receptor de la VitD (VDR), 27-OH hidroxilasa (CYP27A1) y receptor tipo Toll 2 (TLR2), tuvieron altos niveles de VitD en plasma, de RNAm de VDR en leucocitos de sangre y de RNAm de antimicro-

bianos en mucosa, sugiriendo que la expresión de estas moléculas podría ser predeterminada genéticamente. Además variantes en péptidos antimicrobianos que ejercen su función en mucosa se asociaron con R/S al VIH-1 en expuestos sexuales pero no en expuestos por vía parenteral, resaltando diferencias en los mecanismos de resistencia al virus, dependiendo de la ruta de exposición.

Conclusiones: Estos resultados sugieren que la vía de la VitD podría actuar en concierto con genes antivirales modulando el fenotipo de resistencia observado en los individuos HESN.

COLCIENCIAS [N° 111549326091], Banco de la republica [N° 3377] y Universidad de Antioquia ["Sostenibilidad de Grupos 2013-2014" y CODI N° 255].

29. Causas de la pérdida de seguimiento en pacientes inscritos en un programa de atención de VIH/SIDA en un Hospital Universitario en Bogotá - Colombia 2012-2013.

Jose Roberto Tamara Ramirez, Jesús Rodríguez García, Carlos Arturo Alvarez Moreno.
Hospital Universitario San Ignacio, Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá, Colombia. jrtamara2101@yahoo.com

Introducción: La pérdida de seguimiento por falta de acceso o continuidad a un Programa de VIH/SIDA, disminuye la posibilidad de un diagnóstico temprano, aumenta los procesos de morbilidad-mortalidad, disminuye las oportunidades de tratamiento.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio de cohorte retrospectiva, entre enero 01 de 2012 y 31 julio de 2013, tomando como población, los pacientes del programa VIH/SIDA del Hospital Universitario San Ignacio. La pérdida de seguimiento se definió como la ausencia ≥ 3 meses a partir de su última cita control, se hicieron cortes de pérdida además de 4,5, y ≥ 6 meses. Se tomaron un grupo de pacientes controles adherentes al seguimiento, tomados secuencialmente dentro de la población hasta completar 2 controles por caso. Se estudiaron variables sociodemográficas y clínicas, realizando análisis bivariado y un ajuste de regresión logística, así como el análisis multivariado con las variables que fueron estadísticamente significativas.

Resultados: De los 1692 pacientes del programa, se identificó 45 pacientes que perdieron el seguimiento. La incidencia acumulada de pérdida de seguimiento fue de 3,21%. Desempleo ($p = 0,000$) y alcohol ($p = 0,006$) fueron estadísticamente significativas para pérdida de seguimiento en el análisis bivariado. Realizado el ajuste de regresión logística para la probabilidad de pérdida de seguimiento nos muestra que las variables: edad $p = 0,019$ IC 90% (1,903-31,863), sexo $p = 0,019$ IC 90% (0,871-0,976), nunca consumió alcohol $p = 0,028$ IC 90% (0,051-0,650) y desempleo $p = 0,001$ IC 90% (6,795- 321,190) son estadísticamente significativas.

Conclusiones: Hay una necesidad de que todos los Programa de VIH/SIDA, establezcan sistemas de seguimiento y rastreo de la pérdida de seguimiento de los pacientes, y para poner en práctica estrategias para mejorar la retención de los mismos.

30. Prevalencia de resistencia antirretroviral transmitida en pacientes naive que ingresan al programa integral de VIH de la I.P.S Vital Salud del Caribe en Barranquilla: vigilancia usando gotas de sangre en papel filtro.

Carlos Castañeda, Oswaldo Morales, Orlando Silvera, María Sierra.
Vital Salud del Caribe IPS. Barranquilla, Colombia. carloscastaneda@gmail.com

Introducción: En Colombia se desconoce la epidemiología de los herpesvirus como agentes causales de enfermedades del sistema nervioso central. El virus herpes simplex 2 está asociado con encefalitis en pacientes inmunocomprometidos. La encefalitis por virus herpes simplex tiene una alta mortalidad de alrededor de 70%, que disminuye cuando son tratadas al 19%, pero más de 50% de los pacientes sobrevive con moderadas o severas secuelas. Identificar los principales herpesvirus asociados a encefalitis en pacientes con VIH/SIDA.

Materiales y métodos: Entre septiembre 2009 a diciembre del 2011 se realizó un estudio descriptivo de corte transversal de casos compatibles con encefalitis viral, en tres centros hospitalarios de la ciudad. Se incluyeron 33 muestras de líquido cefalorraquídeo (LCR) de pacientes con sospecha clínica de encefalitis y con diagnóstico de VIH/SIDA. Se realizaron análisis citológico, microbiológico (Gram y cultivo) y detección por multiplex nested PCR utilizando 16 oligonucleótidos para virus herpes simplex 1 y 2, virus Epstein Barr, Citomegalovirus y el virus Varicela zoster.

Resultados: Los parámetros del citoquímico se encontraron elevados en el 58% de los pacientes con detección viral. Las principales manifestaciones clínicas incluyeron: cefalea, fiebre, vómitos, convulsiones, disminución de la fuerza muscular, incoherencias y disartria. El 84% de los pacientes recibió tratamiento con antibióticos y el 9% recibió Aciclovir. El TAC fue realizado en el 66,6% y la RMN 24,2% de los pacientes. La mortalidad fue del 12% (4/33).

Conclusiones: Por primera vez en Córdoba se realizó una vigilancia epidemiológica de casos de encefalitis por herpesvirus en pacientes VIH/SIDA. Los hallazgos contribuirán a la epidemiología de las encefalitis y al manejo clínico de los pacientes.

CONTROL DE INFECCIONES 1 - PRESENTACIONES ORALES

31. Epidemiología molecular y manifestaciones clínicas de la infección por *Cryptococcus gattii* en Colombia

Jairo Lizarazo, Patricia Escandón, Clara Inés Agudelo, Carolina Firacative, Wieland Meyer, Elizabeth Castañeda
 Departamento de Medicina Interna, Hospital Universitario Erasmo Meoz, Cúcuta, Norte de Santander, Colombia, Grupo de Microbiología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, Colombia, Molecular Mycology Research Laboratory, Centre for Infectious Diseases and Microbiology, Sydney Medical School - Westmead Hospital, Marie Bashir Institute for Infectious Diseases and Biosecurity, The University of Sydney, Westmead Millennium Institute, Sydney, Australia.

Introducción: La criptococosis por *Cryptococcus gattii* es endémica en varias partes del mundo y afecta principalmente a pacientes inmunocompetentes. En Colombia, desde el año 1997, se está llevando a cabo una vigilancia nacional, la cual incluye datos demográficos, clínicos y microbiológicos, la cual provee un acercamiento a la epidemiología de esta micosis.

Materiales y métodos: De 1.207 encuestas analizadas en Colombia (1997-2011), se reportaron 43 casos de criptococosis por *C. gattii*. Para el estudio, se hizo un análisis retrospectivo de las encuestas, y se incluyó la caracterización molecular de los aislamientos mediante PCR huella digital y MLST de 7 genes.

Resultados: Se observó una prevalencia de 3,6% y una incidencia anual de 0,07 casos/millón de habitantes. Norte de Santander fue el departamento con la mayor incidencia (0,76 casos/millón), con el 34,9% de la totalidad de casos. La proporción hombre: mujer fue 3,6:1 (78% hombres). La edad promedio al momento del diagnóstico fue 40,9± 15,7 años (rango 4-68 años). No se identificaron factores de riesgo específicos en 85,4% de los casos. La infección por el VIH se reportó en 9,8%, enfermedad autoinmune y uso de esteroides en 4,8%. Las manifestaciones clínicas más frecuentes fueron cefalea (82,5%), náuseas/vómito (57,5%) y alteraciones mentales (50%). El examen directo fue positivo en 97,6% de los casos. La detección de antígeno fue positiva en todos los LCR y en 75% de las muestras de suero. *C. gattii* se recuperó de LCR (93,1%) y muestras respiratorias (6,9%). Los patrones moleculares identificados fueron VGII (55,8%), VGIII (27,9%) y VGI (16,3%). Se estudiaron 42 aislamientos mediante MLST, se encontraron 16 secuencias tipo (ST), 11 de ellas reportadas por primera vez.

Conclusiones: Los resultados de esta vigilancia pasiva muestran que, la criptococosis ocasionada por *C. gattii* tiene una baja prevalencia en Colombia, con excepción de Norte de Santander. La predominancia del patrón molecular VGII llama la atención teniendo en cuenta su alta virulencia y su capacidad de ocasionar brotes.

32. Utilidad del uso de canales endémicos para evaluar las tasas de endometritis en una institución de alta complejidad ginecológica.

Carlos Hernando Gómez Quintero, Marcela Lozano Sánchez.
 Clínica de la Mujer SAS. Bogotá, Colombia.
 carlosgomez1074@gmail.com

Introducción: Determinar el canal endémico de la frecuencia de endometritis en una institución de alta complejidad ginecoobstétrica.

Materiales y métodos: Se determinó el canal endémico de la frecuencia de endometritis en una institución de alta complejidad ginecoobstétrica de 2008 a 2013, utilizando los percentiles 25 y 75 %, para cada mes durante el periodo de estudio, el análisis de los datos se hizo utilizando Excel y Epidat versión 4.0 2014 de la Organización Panamericana de la Salud.

Resultados: Se analizaron en el periodo de 2008 a 2013, 16524 pacientes obstétricas, las tasas de endometritis fueron respectivamente de 2008 a 2013: 0,68%, 0,75%, 0,51%, 0,26%, 0,36%, 0,19%. Con una tendencia en

el tiempo a la disminución tras la implementación de varias estrategias de control de infección que incluyeron (lavado de manos, parada de seguridad de cirugía, listas de chequeo del procedimiento). La predicción de la tasa de endometritis para 2016 según las tendencias del canal y la línea de tendencia logarítmica es de 0,1% con un R²= 0,82.

Conclusiones: El canal endémico de la frecuencia de endometritis demostró una tendencia a disminuir el riesgo de presentar el evento. Además nos permitió compararlo con el histórico de la institución. Aunque esta metodología se ha implementado extensamente en salud pública para monitorizar eventos infecciosos, la utilización de este recurso en vigilancia a nivel hospitalario es una herramienta sencilla y de fácil acceso para objetivar las tendencias e implementar medidas de control.

33. Frecuencia de bacteriuria significativa, uropatógenos responsables, perfiles de sensibilidad y resistencia y los factores de riesgo asociados en gestantes entre las 35 -37 semanas pertenecientes al régimen subsidiado del departamento del Atlántico.

Norella Margarita Ortega Ariza, Mirna Luz Campo Urbina, Lucila del Carmen Gómez Rodríguez.
 Universidad Metropolitana. Barranquilla, Colombia.
 mscmicrobiologia@unimetro.edu.co

Introducción: La sintomatología de infección urinaria en el embarazo suele ser menos llamativa, de ahí la necesidad de incrementar las posibilidades de detección de la patología.

Objetivo: determinar la presencia de bacteriuria significativa, uropatógenos responsables, perfiles de sensibilidad y resistencia y los factores de riesgo asociados en gestantes entre las 35 -37 semanas pertenecientes al régimen subsidiado del departamento del Atlántico.

Materiales y métodos: Estudio descriptivo, prospectivo de corte transversal en el cual se incluyeron 226 gestantes que asistieron al control ginecoobstétrico. Se recolectó orina para urocultivo previo lavado de genitales. Para el aislamiento y recuento bacteriano, se utilizó el medio cromogénico *Hi-cromo UTI* (Oxoid inc.); se consideró bacteriuria significativa: células epiteliales escasas, presencia en el gram sin centrifugar de bacterias y recuentos mayores o iguales a 105UFC de un solo germen. Para la identificación y determinación del perfil de sensibilidad y resistencia se utilizó el sistema de microbiología automatizado BD Phoenix.

Resultados: El 10,6% (24) de las gestantes presentaron bacteriuria significativa; el 54,2% de gérmenes aislados fueron bacterias grampositivas (13) predominando el *E. faecalis* en un 20,8%. El 45,8% correspondieron a gérmenes gramnegativos con una distribución del 25% para *E. coli*. Con relación a la sensibilidad y resistencia in vitro de las cepas aisladas, el 60% de las bacterias fueron resistentes a la ampicilina; 12% a la nitrofurantoina y 41.6% al TMS. El análisis estadístico arrojó que existen diferencias significativas frente a las variables estado civil (p=0,04) relaciones anales (p=0,032), por tanto la presencia de una de estas variables tiene injerencia en el evento.

Conclusiones: Es importante conocer la epidemiología local para el manejo clínico del evento teniendo en cuenta la resistencia natural de las bacterias aisladas más frecuentemente.

34. Un panorama real de la infección asociada a la atención en salud en pediatría.

Sandra Liliana Romero Torres, Germán Camacho Moreno, Myriam Lucía Galeano Goyes.
 Fundación Hospital de la Misericordia. Bogotá, Colombia.
 sromerot@fundacionhomi.org.co

Introducción: La detección precoz del comportamiento anormal de las infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS) depende de la calidad y oportunidad de la información disponible y de métodos eficientes para la detección de esta. En la actualidad el análisis se basa en series cronológicas y canales endémicos para la vigilancia y este se realiza consolidando datos de varios niveles de atención. Con el propósito de interpretar y analizar la densidad de incidencia de las IAAS se realizó un canal endémico tomando el cálculo de la densidad de incidencia de la IAAS de siete años (2007 a 2013) de la Fundación Hospital de la Misericordia.

Materiales y métodos: Se realizó el cálculo del canal endémico, mediante la metodología de Bortman, generando así la línea media, la desviación estándar y los cuartiles superior e inferior y de esta manera se graficaron cuatro zonas: zona de éxito, zona de seguridad, zona de alerta y zona epidémica.

Resultados: Para determinar el comportamiento de la densidad de incidencia de las IAAS a partir de los datos del periodo comprendido entre el 2007 y el 2013, se establecen las zonas así: Una línea rotulada como promedio, representa el valor promedio de la densidad de incidencia el cual oscila entre 3,4 y 4,6 casos por 1000 días estancia. Un área rotulada como zona epidémica con una densidad de incidencia que oscila entre 5,8 a 7 casos por 1000 días estancia. Un área rotulada como zona de alerta con una densidad de incidencia que oscila entre 4 a 5,8 casos por 1000 días estancia. Un área rotulada como zona de seguridad que oscila entre 3,4 a 5 casos por 1000 días estancia. Un área rotulada como zona de éxito que oscila entre 1,9 a 4,2 casos por 1000 días estancia.

Conclusiones: El canal endémico maneja el comportamiento de la IAAS de población pediátrica con edades entre los 0 días y 17 años. El canal endémico tiene áreas definidas que permite el análisis de manera real los casos de IAAS en la institución. Este canal permite realizar referenciación con otras instituciones que atiendan la misma población.

35. Infección crónica de artroplastia total de cadera. Resultados de recambio en un tiempo con vástagos no cementados.

Wilson Alberto Londoño González, Guillem Bori Tuneu, Ernesto Muñoz-Mahamud, Jordi Cuñe Salas, Jordi Bosch Mestre, Xavier Tomàs Batle, Alejandro Soriano Viladomiu, Sebastián García -Ramiro.
Universidad de Barcelona. Barcelona, España. Wilond726@gmail.com

Introducción: El propósito del estudio fue evaluar el resultado de control de la infección y de la función, en los pacientes con infección crónica de una artroplastia total de cadera (ICATC), sometidos a recambio en un tiempo, utilizando vástagos femorales no cementados.

Materiales y métodos: Estudio retrospectivo de 24 pacientes con ICATC, intervenidos con un recambio en 1 tiempo utilizando vástagos no cementados entre 1998 y 2007. Se evaluó la curación de la infección con parámetros clínicos y de laboratorio y los resultados funcionales con las escalas de Merled' Aubigné y Harris Hip Score.

Resultados: Se incluyeron en el estudio 15 mujeres y 9 hombres con una edad media de 72,4 años (rango 50-89) con una media de seguimiento de 44,6 meses. Se utilizaron vástagos no cementados en todos los casos. Al final del seguimiento, 23 pacientes (95,8%) cumplían criterios de curación. La media de la escala de Merled' Aubigné fue de 13,8 y la media de la escala del Harris Hip Score fue de 65,4.

Conclusiones: El recambio en 1 tiempo en la ICATC utilizando vástagos no cementados en pacientes seleccionados, puede tener una elevada tasa de éxito para la curación, de la infección, permitiendo una recuperación funcional temprana y disminuyendo costos económicos.

36. Infecciones del tracto urinario adquiridas en la comunidad por *Escherichia coli* productora de BLEE en adultos que consultan a la Clínica Universitaria Rafael Uribe Uribe (C.R.U.U) 2012.

Lorena Matta Cortés.
Clínica Universitaria Rafael Uribe Uribe. Cali, Colombia.
lorenadilo@yahoo.com

Introducción: La infección del tracto urinario (ITU) es una infección común y en ocasiones puede ser severa asociándose a sepsis y muerte. Los objetivos fueron determinar prevalencia y factores asociados a ITU por *Escherichia coli* productora BLEE+ (betalactamasa de espectro extendido) con la construcción de una escala diagnóstica.

Materiales y métodos: Para establecer la frecuencia de ITU por *E. coli* productora de BLEE se realizó un estudio de prevalencia. Los factores asociados con un estudio de casos y controles, los cuales cumplieron los siguientes criterios: Ambos géneros, > 18 años, con impresión diagnóstica de ITU por médico tratante y con infección única por *E. coli*. Se realizó un análisis exploratorio y descriptivo. Se modeló a través de una regresión logística. El modelo predictivo tomó el modelo final y el valor de OR inferior fue el denominador de los OR de las demás variables. El cociente de esta división fue el puntaje otorgado a la variable en la escala diagnóstica. Esta escala se aplicó a los datos del estudio y se estableció un punto de corte con base en curvas ROC.

Resultados: 247 sujetos elegibles con ITU, la media de edad fue 71 años (RI 57-80), 67% (n=164) fueron mujeres, 40% (n=98) tenían antecedente de ITU a repetición y 14% (n=35) antecedente de cirugía urológica, un 78% (n=210) tuvieron antecedente de consumo de antibióticos en los últimos tres meses. La

prevalencia de *E. coli* BLEE+ fue del 15%, el antecedente de ITU a repetición predijo el riesgo de tener ITU por *E. coli* BLEE + OR de 6,2 IC 95% [2,3-16] p<0,001. La escala clasificó correctamente al 77% de la población con ITU por *E. coli* BLEE + con una sensibilidad de 67% y especificidad del 80%.

Conclusiones: La *E. coli* BLEE+ se encontró en un 15% de las ITU, el antecedente de ITU a repetición predijo de una manera independiente la presencia de *E. coli* BLEE+.

VIROLOGÍA 1 - PRESENTACIONES ORALES

37. Repartición geomorfológica de la hepatitis B en los municipios del Eje Cafetero, Colombia, 2007-2011.

Diego Fernando Cortes Madroño, Carlos Enrique Calvache Benavides, Miguel Atehortua Otero, Guillermo Javier Lagos-Grisales, Alfonso J. Rodríguez-Morales.

Grupo SIDA y Otras Enfermedades Infecciosas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia.
arodriguezm@utp.edu.co

Introducción: Colombia tiene pocos estudios georeferenciados por tasa de incidencia de enfermedades infecciosas, en particular no se conocen para hepatitis B. Según esto, se generaron mapas epidemiológicos anuales en el eje cafetero.

Materiales y métodos: El estudio realizó caracterización de incidencia anual en 2007-2011, en municipios del eje cafetero. Fuentes de información: SIVIGILA y DANE. Se procesaron mapas en programa KOSMO 3.1, como sistema de información geográfica, elaborándose 5 mapas epidemiológicos por años y municipios.

Resultados: En el periodo 2007-2011 el departamento de Caldas reportó 169 casos, con una tasa de incidencia anual de 17 casos/100.000 habitantes. La tasa más alta municipio fue La Dorada con 62 casos/100.000 habitantes, seguido de Aguadas con 43/100.000 habitantes. El Quindío reportó 99 casos con una tasa de incidencia anual de 18/100.000 habitantes; su municipio con tasa de incidencia más alta fue Buenavista con 33/100.000 habitantes, seguido por Armenia con 24/100.000 habitantes. En este periodo Risaralda reportó 114 casos con tasa de incidencia anual de 12/100.000 habitantes, el municipio con tasa más alta fue Pereira con 21 casos/100.000 habitantes, seguido por La Virginia con tasa de 16/100.000 habitantes. El total de casos para la región fue 382, con una tasa de incidencia anual de 16/100.000.

Conclusiones: Las tasas de incidencia por periodo, en la región son elevadas. Es importante mostrar mapas por región en donde se visualice la magnitud del problema y permita planificar acciones que se orienten a la intervención en las diferentes formas de transmisión que tiene esta enfermedad.

38. Evaluación de anticuerpos totales IgG/IgM e IgM específicos para el virus de la Hepatitis E (VHE) en personas con y sin exposición ocupacional a los porcinos en algunos municipios de Antioquia.

Cristian Gutiérrez Vergara, Jorge Forero Duarte, Berardo Rodríguez, Guillermo Correa, Jaime Parra, Lucelly López, Lina Gutiérrez, Albeiro López.

Universidad Nacional de Colombia sede Medellín. Medellín, Colombia.
ccgutier@unal.edu.co

Introducción: se han descrito varias vías y fuentes transmisión de la infección para el VHE en humanos; sin embargo, la vía fecal-oral y la transmisión zoonótica, son consideradas como las principales. Objetivo: determinar la seropositividad de anticuerpos totales IgG/IgM e IgM anti-VHE en personas de 10 municipios de Antioquia, mediante la realización de Ensayos Inmunoenzimáticos de Absorción tipo ELISA.

Materiales y métodos: Se llevó a cabo un estudio descriptivo transversal con muestreo por conveniencia en dos grupos de personas, con y sin exposición ocupacional a los porcinos.

Resultados: En total fueron estudiadas 1176 personas, la frecuencia de anticuerpos IgG/IgM anti-VHE en el grupo de personas con exposición ocupacional a los porcinos fue de 15,7% y de IgM fue de 2,5%. En el grupo sin exposición ocupacional a los porcinos, se detectó una frecuencia de anticuerpos IgG/IgM de 5,9% en el subgrupo de convivientes, sin detección de IgM en este

subgrupo. Mientras que en el subgrupo de personas de población general, la seropositividad fue del 7,2% para anticuerpos IgG/IgM y de 0,81%, para IgM. Bajo el modelo de regresión binomial, las razones de prevalencia obtenidas fueron de 2,42 veces para anticuerpos totales en expuestos a porcinos que en los que no. El modelo se ajustó por las variables sexo y nivel educativo. La variable consumo de carne de cerdo no presentó diferencia estadística significativa para la seropositividad anti-VHE.

Conclusiones: estos resultados indican que el VHE circula en el departamento de Antioquia, tanto en personas con exposición ocupacional a los cerdos como sin este tipo de exposición. Aunque se observó un porcentaje mayor de seropositividad en estos primeros, comparado con quienes no están expuestos a porcinos, estudios futuros deberán investigar aspectos epidemiológicos complementarios sobre la dinámica de transmisión del VHE en Antioquia, para implementar programas de prevención y control de este virus.

39. Detección del Virus de la Hepatitis E en afluentes y efluentes de granjas porcícolas de Antioquia.

Albeiro López Herrera, Cristian Gutiérrez Vergara, Jorge Forero Duarte, Lina Gutiérrez Builes, Berardo Rodríguez, Guillermo Correa Londoño, Jaime Parra Suescún.

Universidad Nacional de Colombia sede Medellín. Medellín, Colombia. alherrera@unal.edu.co

Introducción: La hepatitis E es una enfermedad viral de transmisión entérica. La Organización Mundial de la Salud revela que cada año se presentan 20 millones de casos de personas infectadas con este virus. La principal ruta de transmisión es por aguas contaminadas con el virus. Se ha demostrado que los países poco desarrollados son los más propensos a la aparición del VHE, debido a los pocos o deficientes sistemas de saneamiento básico. Sin embargo gran cantidad de estudios han demostrado casos de positividad a VHE en Estados Unidos y Europa, posiblemente debido a reservorios animales como el cerdo. Por tal razón, este estudio tuvo como objetivo determinar la presencia del VHE tanto en afluentes como en efluentes de granjas porcícolas.

Materiales y métodos: Se seleccionaron 40 granjas porcícolas en 10 municipios de Antioquia. En estas se tomaron muestras de afluentes y efluentes, teniendo un total de 80 muestras. Se realizó extracción de RNA y RT-PCR para la amplificación de un fragmento del ORF-1 del VHE.

Resultados: Se pudo determinar cómo el 11% de las muestras evaluadas fueron positivas para la detección del ORF-1 del VHE. De estos, el 3,7% fueron muestras de afluentes mientras que el 19,4% pertenecían a efluentes.

Conclusiones: Se concluye que el VHE se presenta en muestras de aguas en granjas porcícolas del departamento de Antioquia. La contaminación de aguas por VHE no solo se presenta en aguas de salida, sino también en las que llegan a las granjas, y con las que posiblemente se contaminen los cerdos.

40. Detección tipo específica de VPH en muestras orales de hombres.

Dayanne Rodríguez, Sandra Gómez, Liliana Díaz, Carminia Varón, Pedro Moreno, Hernán Vargas.

Laboratorio de Salud Pública Distrital de Bogotá. Bogotá, Colombia. hernan.vargas@yahoo.com

Introducción: A pesar de la fuerte evidencia de la infección por VPH como un posible agente etiológico en el desarrollo de cáncer oral, la detección de VPH en muestras orales es rara y poco es conocido sobre la existencia de tipos virales de VPH en cavidad oral.

Materiales y métodos: En este estudio se estimó la prevalencia de VPH genérica y tipo específica en mucosa oral de 94 hombres asintomáticos, sexualmente activos. La detección genérica se realizó mediante PCR con los iniciadores GP5+/GP6+ usando como control de calidad un fragmento del gen de la β -globina. La detección tipo específica se efectuó mediante la técnica de Linear Array (Roche®). Los resultados positivos para β -globina ($n=66$) fueron asociados con las variables demográficas mediante el editor de datos SPSS.

Resultados: La prevalencia global de VPH oral fue de 4.5% (3/66), 33.3% (1/3) para tipos de alto riesgo (VPH 16) y 33.3% (1/3) para tipos de bajo riesgo (VPH 11). La asociación entre la positividad y algunas de las variables de interés como prácticas sexuales orales, consumo de cigarrillo y alcohol no fueron significativas.

Conclusiones: La prevalencia de VPH 16 en la cavidad oral de hombres asintomáticos es concordante con lo reportado en el mundo. Aunque la muestra fue pequeña, este estudio permitió detectar VPH en muestras orales de hombres y es el primero en evaluar la prevalencia de la infección por VPH en un sitio anatómico distinto a los anogenitales estudiados en nuestro país.

41. Epidemiología molecular de la infección genital por VPH en hombres.

Dayanne Rodríguez, Sandra Gómez, Liliana Díaz, Yeimy González, José Manuel Varón, Carminia Varón, Pedro Moreno, Hernán Vargas.

Laboratorio de Salud Pública Distrital de Bogotá. Bogotá, Colombia. hernan.vargas@yahoo.com

Introducción: El virus del papiloma humano (VPH) es transmitido sexualmente y es el agente etiológico necesario en el desarrollo de cáncer cervical. Aunque el VPH puede infectar a hombres y mujeres poco es conocido sobre la infección en hombres.

Materiales y métodos: Se estimó la prevalencia genérica y tipo específica de VPH en muestras combinadas del surco coronal y glande de 662 hombres asintomáticos para la infección genital. La genotipificación se realizó mediante la técnica de Linear Array (Roche®).

Resultados: La prevalencia general de VPH fue de 33.6%, para los tipos oncogénicos y no oncogénicos 62,7% y 37,2% respectivamente. Las infecciones múltiples fueron detectadas en el 50% de los participantes. VPH 16 es el tipo viral de alto riesgo más común con 33,2% ($n=74$), seguido de VPH 58 con 4,9% ($n=11$) y VPH 53 con 4,1% ($n=10$). Los tipos virales de bajo riesgo más comunes fueron VPH 61, VPH 62 y CP6108 con una prevalencia de 24,6%, 5,8% y 4.9% respectivamente. No se evidenció diferencia significativa por edad, pareja sexual regular y/o uso de condón. Se pudo observar asociación con el consumo de alcohol OR 0.34 (95% IC 19-0.62 $p<0.0005$).

Conclusiones: Estos resultados aportan información acerca de la historia natural de la infección de VPH en hombres y la transmisión de tipos virales entre parejas sexuales. La identificación molecular de vph en hombres contribuye al conocimiento de la dinámica infecciosa del virus y podría complementar el rediseño de las políticas de promoción y prevención del cáncer cervical en nuestro país. Este proyecto fue financiado por el Laboratorio de salud pública de la secretaría de salud de Bogotá, Secretaría de salud de Ibagué y Colciencias.

42. Caracterización viral de brote de enfermedad respiratoria aguda en un batallón de Bogotá: análisis desde el Laboratorio de Salud Pública.

Yeimy González, Liliana Díaz, Sandra Gómez, Laura Mejía, Patricia Arce, Hernán Vargas.

Laboratorio de Salud Pública. Secretaría de Salud de Bogotá. Bogotá, Colombia. hernan.vargas@yahoo.com

Introducción: Las infecciones por virus respiratorios representan la primera causa de consulta y hospitalización, donde las co-infecciones virales requerirán más días de hospitalización y presentarán infecciones de curso más grave. El objetivo de este trabajo fue describir las características virales mediante herramientas moleculares de un brote de enfermedad respiratoria aguda (ERA) en un batallón de Bogotá.

Materiales y métodos: 26 muestras de hisopados o aspirados nasofaríngeos pertenecientes a 16 pacientes hospitalizados y 10 ambulorios. La identificación viral se llevó a cabo usando la técnica de CLART® PneumoVir GENOMICA. Los datos de identificación de paciente así como las características clínicas y epidemiológicas fueron evaluadas y analizadas usando el paquete estadístico SPSS versión 21.

Resultados: El rango de edad del grupo analizado fue de 15 a 35 años (Media 19,25). El 57,6 % de las muestras fueron positivas. Los virus más frecuentes fueron: metapneumovirus 26.1% (MPVh genérico 8,7% y MPVh B 17,4 %), influenza B 17,4 % (IC 5,7-39,5) y bocavirus 13 % (IC 3,43-34,66). Las infecciones únicas se presentaron en un 66.7 % (IC 20,68 - 87,01), las infecciones múltiples en el 33.3 % (metapneumovirus B, influenza A H3N2, rinovirus, virus sincitial respiratorio B, bocavirus, influenza B).

Conclusiones: Mediante el uso de nuevas técnicas de diagnóstico molecular de mayor sensibilidad y especificidad que pueden ser implementadas como apoyo a la vigilancia epidemiológica, es posible detectar diferentes virus respiratorios (emergentes y tradicionales) en donde su uso puede ser útil para la caracterización de brotes por ERA en el Distrito, entre otros.

MICOLOGÍA 1 - PRESENTACIONES ORALES

43. Factores asociados con la infección invasora por especies de *Candida* resistentes a fluconazol: un estudio en 15 hospitales de Medellín, Colombia 2010-2011.

Carlos Gonzalo Robledo Restrepo, Natalia Andrea Maldonado Lizarazo, Luz Elena Cano Restrepo, Catalina De Bedout Gómez, Gustavo Roncancio Villamil, Ángela Tabares Velásquez, Jaime Robledo Restrepo, Grupo GERMEN.

Laboratorio Médico de Referencia, Clínica El Rosario, Unidad de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Clínica CardioVID. Medellín, Colombia. investigaciones@labmedico.com

Introducción: Identificar los factores asociados con la infección por *Candida spp.* resistente a fluconazol en pacientes hospitalizados es crucial para el manejo adecuado de estas infecciones.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio prospectivo de corte transversal con análisis de casos y controles en 15 instituciones de Medellín. La sensibilidad a fluconazol se realizó por microdilución en caldo. Aislamientos de *C. albicans*, *C. tropicalis* y *C. parapsilosis* con concentraciones inhibitorias mínimas para fluconazol $\leq 2 \mu\text{g/mL}$ se consideraron sensibles y con CIM $\geq 8 \mu\text{g/mL}$ como resistentes; una CIM $> 32 \mu\text{g/mL}$ se consideró resistente para *C. glabrata* y aislamientos de *C. krusei* se consideraron intrínsecamente resistentes. El grupo de casos estuvo conformado por pacientes con infecciones por *Candida spp.* resistente a fluconazol y el grupo control por pacientes con aislamientos sensibles a este antifúngico. Se construyó un modelo multivariado de regresión logística empleando el programa SPSS® 15.0.

Resultados: Se analizaron 252 pacientes con aislamientos de *Candida spp.*, el 15,4% (39) de éstos con resistencia a fluconazol. Las muestras más frecuentes fueron sangre (50,8%), líquido abdominal (34,9%) y líquido pleural (5,6%). Las especies más frecuentes fueron *C. albicans* (50,4%), *C. tropicalis* (21,4%) y *C. parapsilosis* (14,7%). Los factores que se asociaron con la resistencia a fluconazol en esta población fueron: neutropenia (OR 6,5; IC95 % 1,0-43,1), la exposición previa a fluconazol (OR 5,1; IC 95 % 2,3- 11,2), coinfección con tuberculosis o haber recibido terapia antituberculosa previa (OR 7,7; IC95% 1,4- 43,2) y estar en tratamiento con esteroides (OR 2,6; IC95% 1,1-6,1).

Conclusiones: Ante la sospecha de infección por *Candida spp.* en pacientes con tuberculosis, neutropénicos o con exposición previa a fluconazol y a esteroides, se debe pensar en una posible resistencia al fluconazol, orientando la terapia empírica hacia otros grupos de antifúngicos. Este estudio fue financiado por un apoyo para investigación de Merck.

44. Sensibilidad a siete antifúngicos de aislamientos de *Candida spp.* obtenidos de infecciones invasoras en pacientes hospitalizados en 15 instituciones de Medellín, Colombia, 2010-2011.

Jaime Alberto Robledo Restrepo, Natalia Andrea Maldonado Lizarazo, Luz Elena Cano Restrepo, Catalina De Bedout Gómez, Gustavo Roncancio Villamil, Ángela Tabares Velásquez, Carlos Robledo Restrepo, Grupo GERMEN.

Laboratorio Médico de Referencia, Clínica El Rosario; Unidad de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Clínica CardioVID. Medellín, Colombia. investigaciones@labmedico.com

Introducción: Existen diferencias importantes en la prevalencia de las especies y la sensibilidad a antifúngicos según la ubicación geográfica, por ello, este estudio se realizó con el fin de conocer la distribución de especies y los patrones de sensibilidad a antifúngicos en aislamientos de *Candida spp.* en Medellín.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo prospectivo que incluyó pacientes hospitalizados, con aislamientos de *Candida spp.* provenientes de hemocultivos, líquidos estériles y cavidades cerradas. La identificación de los aislamientos se realizó por API® 20C AUX y se empleó el método Etest® para determinar la sensibilidad a fluconazol, itraconazol, voriconazol, posaconazol, anfotericina B, caspofungina y anidulafungina.

Resultados: Se analizaron 300 aislamientos de *Candida spp.* provenientes de 260 pacientes, entre los cuales el 66,7% estaban hospitalizados en UCI. Se encontró un promedio de 28,8 días de hospitalización previos al aislamiento. Las muestras clínicas más frecuentes fueron sangre (48,7%), líquido abdomi-

nal (37,3%) y líquido pleural (5,3%). *C. albicans* fue la especie predominante (48,3%), seguida de *C. tropicalis* (22,3%), y *C. parapsilosis* (15%). No se encontraron diferencias en la distribución de las especies en servicios UCI y NO UCI. Se encontró un 93,7% de sensibilidad a posaconazol, 84% a voriconazol, 78,7% a fluconazol y 33,3% a itraconazol. La sensibilidad a equinocandinas fue similar, 92,7% para anidulafungina y 92,3% caspofungina; sin embargo, se observaron diferencias importantes en la sensibilidad para *C. glabrata* y *C. parapsilosis*.

Conclusiones: El conocimiento de los patrones de resistencia de las especies de *Candida* es útil para guiar la selección del tratamiento antifúngico empírico y diseñar guías terapéuticas locales. Los resultados de sensibilidad a las equinocandinas observados para *C. parapsilosis* y *C. glabrata* deben guiar la selección de la terapia cuando hay una infección por estas especies. Este estudio fue financiado por un apoyo para investigación de Merck.

45. Tipificación molecular de aislamientos de *Candida albicans* obtenidos de cavidad oral de pacientes que conviven con el VIH.

Cesar Orlando Muñoz Cadavid, Diana Marcela Sánchez, Ángel González, Clara Duque, Orville Hernández.

Unidad de Micología Médica Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Grupo de Investigación en Biociencias, Facultad de Ciencias de la Salud, Colegio Mayor de Antioquia, Grupo de Investigación en Microbiología Básica y A. Medellín, Colombia. coccidia28@hotmail.com

Introducción: La candidiasis ocasionada por *Candida albicans* es la infección fúngica más frecuente en los pacientes que conviven con el VIH. En la identificación microbiológica de estas levaduras se utilizan sistemas comerciales basados en la asimilación de azúcares y medios cromogénicos, pero en ocasiones estos métodos presentan dificultades en la diferenciación entre *C. albicans* y *C. dubliniensis* debido a su similitud fenotípica. En el presente estudio se evaluó el poder discriminatorio de una PCR *fingerprinting* para identificar *C. albicans*.

Materiales y métodos: Se evaluaron un total de 54 aislamientos de *C. albicans* aislados de la cavidad oral de pacientes que conviven con el VIH identificados por API 20C AUX y Agar comogénico CHROMagar. El DNA de estas levaduras fue extraído usando un protocolo in house previamente reportado. La amplificación del DNA se realizó usando una PCR universal que amplifica la región ITS1-5.8S-ITS2 del rDNA; adicionalmente, una PCR *fingerprinting* usando un único cebador T3B fue utilizado para identificar los patrones moleculares de los diferentes aislamientos. Los productos de PCR fueron secuenciados, analizados y editados usando Sequencher 5.0. Los perfiles de similitud fueron realizados usando MEGA 5.

Resultados: De los 54 aislamientos identificados como *C. albicans* por los métodos microbiológicos, 4 (7,4%) fueron identificados como *C. dubliniensis* por secuenciación; éstos 4 aislamientos presentaron un perfil diferente a los patrones mostrados por los aislamientos de *C. albicans* cuando se analizó la PCR *fingerprinting*. Adicionalmente, 6 perfiles de agrupación fueron encontrados al hacer los análisis de similitud utilizando el cebador T3B. Cuando las secuencias de los 54 aislamientos fueron evaluadas, 4 grupos fueron encontrados a partir de los análisis de similitud.

Conclusiones: La PCR *fingerprinting*, utilizando el cebador T3B, permite identificar y diferenciar fácilmente *C. albicans* y *C. dubliniensis*; ésta técnica es sencilla y fácil de implementar en el laboratorio.

46. Determinación de la prevalencia de histoplasmosis, neumocistosis, criptococosis y paracoccidioidomycosis en pacientes con sospecha de infección fúngica invasora en Colombia. Resultados preliminares.

Tonny Williams Naranjo Preciado, Luz Elena Cano Restrepo, Cesar Orlando Muñoz Cadavid, Libia María Rodríguez Padilla, Marcela Gaviria Camino, Vanessa Rivera Arango.

Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Medellín, Antioquia. vanessa6298@hotmail.com

Introducción: En Colombia el diagnóstico de la infección fúngica invasora causada por *Histoplasma capsulatum*, *Pneumocystis jirovecii*, complejo *Cryptococcus neoformans/ Cryptococcus gattii* y *Paracoccidioides brasiliensis* presenta limitaciones, debido a la poca experiencia del personal del laboratorio, los métodos convencionales poco eficientes que son usados, que acompañados de la baja sospecha clínica y el hecho de que éstas no son de notificación obligatoria han llevado a que no se conozca su prevalencia y su impacto en la salud pública. A partir de un estudio multicéntrico se pretende determinar la prevalencia de

estas 4 infecciones, en pacientes con sospecha de infección fúngica provenientes de hospitales de diferentes departamentos de Colombia.

Materiales y métodos: Estudio transversal, donde se incluyeron pacientes con sospecha de infección fúngica invasora, de los cuales se colectaron muestras clínicas a las que se les extrajo DNA y posteriormente se realizaron PCR anidadas específicas para la identificación del DNA de *H. capsulatum*, *P. jirovecii*, el complejo *C. neoformans*/*C. gattii* y *P. brasiliensis*. Se determinó la prevalencia y se realizó un análisis de los datos clínicos y epidemiológicos.

Resultados: Se analizaron 818 muestras clínicas provenientes de 818 pacientes, donde la mediana para la edad fue de 48 años y el 58% fueron hombres. En el 45% de los pacientes se reportó algún tipo de inmunosupresión donde la principal fue infección por el virus de la inmunodeficiencia humana con un 24%. Las prevalencias para cada una de las infecciones fueron las siguientes: neumocistosis y criptococosis 7,5%, histoplasmosis 3,1%, y paracoccidioidomicosis 0,9%.

Conclusiones: Los resultados preliminares sugieren que, aunque la prevalencia de estas micosis es muy baja, es necesario conocerla en nuestro país para implementar acciones de salud pública más efectivas y promisorias para el diagnóstico oportuno de ellas. Financiado por Colciencias Código No. 221351928916.

47. Desarrollo del perfil inmunológico Th1 y Th17 acorde al patrón genético del hospedero en la infección experimental por *Histoplasma capsulatum*.

Juan David Puerta Arias, Tonny W. Naranjo P., Luz Elena Cano R. Grupo de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Universidad Pontificia Bolivariana (UPB) y Universidad de Antioquia (UdeA). Medellín, Colombia. juanda_894@hotmail.com

Introducción: La histoplasmosis es una micosis sistémica endémica de alta prevalencia a nivel mundial, en la cual el control de la infección se da principalmente por la activación de linfocitos T CD4+ tipo Th1 y Th17. El objetivo de este trabajo fue determinar la influencia del patrón genético del hospedero en el desarrollo de estos perfiles inmunológicos en un modelo animal de histoplasmosis experimental utilizando dos cepas de ratón.

Materiales y métodos: Se utilizaron ratones machos BALB/c y C57BL/6 inoculados i.n. con 2x10⁶ levaduras de *Histoplasma capsulatum* (Hc) cepa CIB1980. A los 15 días post-infección se realizaron cultivos mixtos de esplenocitos, estimulados con zimosan, levaduras de Hc inactivadas o PBS; 48h post-estimulo, se determinó por qPCR el nivel de expresión de citoquinas y factores de transcripción correspondientes a cada perfil, así: Th1 (TNF- α , IL-12 y Tbet) y Th17 (IL-6, IL-17A, IL-23 y RORc). Adicionalmente, se determinó la carga fúngica (UFC/g tejido) en pulmón.

Resultados: Los niveles de carga fúngica obtenidos en los ratones BALB/c fueron menores a los derivados de la cepa C57BL/6. Adicionalmente, se observó una mayor expresión de los perfiles de citoquinas tipo Th1 y Th17 en los cultivos mixtos provenientes de la cepa BALB/c comparado con los obtenidos de la cepa C57BL/6. No obstante, cuando los esplenocitos de ratones infectados fueron re-estimulados *in vitro* con las levaduras inactivadas, se observó una expresión de citoquinas aumentada solo en aquellos cultivos provenientes de los ratones C57BL/6.

Conclusiones: Los resultados obtenidos demuestran que ante una infección primaria y contrario a lo observado en los ratones BALB/c, los ratones de la cepa C57BL/6 necesitan de un re-estimulo que les permita desarrollar una respuesta protectora Th1 y Th17. No obstante, ambas cepas logran el control inicial de la infección.

Proyecto financiado por el Centro de Investigación para el Desarrollo y la Innovación - CIDI, UPB, Medellín, Colombia (proyecto No. 699A-12/10-52).

48. Correlación de las características físico-químicas y microbiológicas de abonos orgánicos con presencia de *Histoplasma capsulatum*.

Luisa Fernanda Gómez Londoño, Isaura Patricia Torres Gómez, María del Pilar Jiménez Alzate, Carlos Alberto Peláez Jaramillo, Juan Guillermo McEwen Ochoa, José Miguel Acevedo Ruiz, María Lucía Taylor, Myrtha Arango Arteaga. Grupo de Micología Médica, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. nandagolo@hotmail.com

Introducción: La histoplasmosis es la micosis endémica más frecuente en América, causada por el hongo dimórfico *Histoplasma capsulatum* (Hc), el cual habita suelos ricos en fósforo y nitrógeno como los enriquecidos con excretas de

aves y murciélagos. En el trópico, para restituir los agro-ecosistemas, se utilizan abonos orgánicos, especialmente con gallinaza. En Colombia, el ICA regula las propiedades fisicoquímicas y microbiológicas (FQ-M) de los abonos. Previamente, se estudiaron 234 muestras de abonos por medio de PCR anidada y en 20 se detectó la presencia del hongo. Correlacionar las características FQ-M de los abonos orgánicos con presencia de Hc mediante PCR anidada.

Materiales y métodos: i) se analizaron las muestras según los parámetros de la Norma Técnica Colombiana (NTC) 5167. ii) se aplicó la PCR anidada Hc100, en 234 muestras de abonos orgánicos. iii) se verificó por secuenciación los productos de amplificación de la PCR anidada. iv) se analizaron las variables FQ-M de las muestras positivas y negativas para Hc por PCR anidada

Resultados: En 12 (6%) de las 234 muestras analizadas, se obtuvo el producto de amplificación de 210 pb y la secuenciación corroboró que el fragmento correspondía a Hc. En el análisis de las características FQ-M de las muestras positivas para Hc, se observó que las concentraciones de N, K, Ca, Mg, Zn y Na, se encuentran entre 0-3%, similares a las de los abonos orgánicos que cumplen con la NTC 5167 y que se usan y comercializan como fertilizantes orgánicos. Igualmente, en las muestras positivas para Hc se encontró que tienen una capacidad de retención de agua por encima del 100%, baja densidad (<0.6g/cm³) y una concentración de carbono orgánico por encima del 10%, es decir, con mayor contenido de materia orgánica, y las concentraciones de metales pesados fueron menores a 36mg/Kg.

Conclusiones: Con base en los análisis, se apreció que Hc tiene la capacidad de estar en una gran diversidad de condiciones nutricionales presentes en los abonos orgánicos que cumplen con la normatividad vigente en Colombia.

49. Evaluación de un nuevo método de inmunoensayo, "Cryptococcal Antigen Lateral Flow Assay (CrAg@LFA)" para el diagnóstico rápido de la criptococosis meningea.

Diego H. Cáceres, Alejandra Zuluaga, Ángela M. Tabares, Ángel González, Beatriz L Gómez.

Unidad de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. diegocaceres84@gmail.com

Introducción: Más del 90% de los casos de criptococosis meningea se presentan en pacientes con sida, condición que representa el principal factor de riesgo para el desarrollo de esta micosis. La meningitis es el compromiso más importante en estos pacientes y se asocia con altas tasas de mortalidad (9 al 70% según la región del mundo). El diagnóstico rápido de esta micosis reduce significativamente la mortalidad y el desarrollo de complicaciones.

Materiales y métodos: En el presente estudio se evaluaron 51 líquidos cefalorraquídeos (LCR) y se realizaron cultivos para hongos y micobacterias. Adicionalmente se determinó cualitativa y semicuantitativamente, el antígeno de *Cryptococcus* mediante un ensayo de aglutinación [Cryptococcal Antigen Latex Agglutination System (CALAS®)] y un inmunoensayo [Cryptococcal Antigen Lateral Flow Assay (CrAg@LFA)].

Resultados: Del total de las muestras estudiadas, 31 (60.7%) dieron cultivo positivo para *C. neoformans*, las que fueron igualmente positivas para el antígeno de *Cryptococcus* por las dos pruebas analizadas. La sensibilidad y especificidad del LFA fue del 100% y el índice de concordancia de ésta comparada con el método de aglutinación por látex fue del 100%. Al analizar la sensibilidad analítica del LFA vs el método de aglutinación, se observó que el LFA presentaba una mayor sensibilidad analítica al detectar concentraciones menores del antígeno (mediana de 1:1024 vs 1:512).

Conclusiones: El CrAg@LFA al igual que el CALAS®, es un método altamente sensible y específico. El primero, adicionalmente, presenta otras ventajas tales como menores requerimientos de equipos e infraestructura de laboratorio y menor costo por prueba. Este nuevo método se presenta como una alternativa viable para el diagnóstico rápido de la meningitis por *Cryptococcus* en centros de salud de regiones apartadas que poseen recursos técnicos y de infraestructura limitados.

50. Evaluación de la susceptibilidad *in vitro* de aislamientos de *Malassezia furfur* frente a antifúngicos de uso clínico.

Juan Camilo Galvis Marín, María Ximena Rodríguez Bocanegra, Adriana del Pilar Pulido Villamarín, Rubiela Castañeda Salazar, Adriana Marcela Celis Ramírez, Melva Yomary Linares Linares. Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá, Colombia. juan.galvis@javeriana.edu.co

Introducción: *Malassezia furfur* es una levadura comensal de la piel de humanos que puede ser patógena, produciendo afecciones superficiales e infecciones sistémicas. Por su condición lipodependiente, las técnicas de referencia establecidas por el *Clinical and Laboratory Standards Institute* (CLSI) para evaluar susceptibilidad antifúngica en levaduras, deben ser modificadas para el género *Malassezia*. El objetivo del estudio fue evaluar la susceptibilidad in vitro de aislamientos de *M. furfur* asociados a procesos patológicos en humanos frente a antifúngicos de uso clínico.

Materiales y métodos: A los aislamientos de *M. furfur* de origen humano con patologías cutáneas, previamente identificados por técnicas moleculares, se les realizó pruebas de susceptibilidad mediante las técnicas de microdilución en caldo (CLSI M27-A3) y E-test, evaluando anfotericina B, itraconazol, ketoconazol y voriconazol.

Resultados: Los compuestos azólicos tuvieron una mayor actividad frente a *M. furfur* que anfotericina B, y entre ellos los que mostraron mayor actividad fueron itraconazol y voriconazol. El grado de concordancia entre las dos técnicas utilizadas fue estadísticamente significativo para anfotericina B y voriconazol.

Conclusiones: Las condiciones de cultivo utilizadas permitieron determinar de una forma reproducible las concentraciones inhibitorias mínimas tanto por microdilución en caldo como por E-test. Para infecciones cutáneas por *M. furfur* en humanos se recomienda utilizar itraconazol. Para infecciones sistémicas no se recomienda utilizar anfotericina B y como alternativa itraconazol o voriconazol. Sólo podría recomendarse el uso de E-test en lugar de microdilución para anfotericina B y voriconazol.

MICROBIOLOGÍA 1 - PRESENTACIONES ORALES

51. Evidencia de coliformes y otros patógenos en el agua bendita de iglesias católicas en la ciudad de Bogotá, 2014.

Paula Andrea Romero, Alexa Bedoya, Yazmin Natalia Contreras, Carlos Andrés Ríos, Melida Andrea Sotelo, Mónica Alejandra Suárez, Iván Alberto Méndez.

Facultad de Medicina, Universidad Militar. Bogotá, Colombia. u0401421@unimilitar.edu.co

Introducción: Colombia se ha establecido como un país católico en sus creencias y prácticas sobre todo en zonas rurales. En esta población es muy usual el hecho de asistir a la eucaristía y durante esta hacer uso del agua bendita de las piletas ubicadas dentro de las iglesias, sin embargo tanto el agua como el sedimento de estas son una amplia fuente de bacterias enteropatógenas. Este trabajo pretende identificar la presencia de bacterias enteropatógenas en el agua bendita de las pilas de seis iglesias de la ciudad de Bogotá durante el primer trimestre del año 2014.

Materiales y métodos: Se recolectaron un total de 24 muestras de pilas de agua bendita de 6 iglesias, para el aislamiento y caracterización de las bacterias se realizó biotipificación y se evaluó el perfil de susceptibilidad antimicrobiana mediante la técnica de Kirby-bauer.

Resultados: Se aislaron diversos microorganismos destacándose *Pseudomonas aeruginosa* (26,3%) y *E. coli* (21%) con las mayor prevalencia tanto en el agua como en el sedimento de las piletas; dentro de los Gram positivos se halló *Staphylococcus aureus* meticilino sensible (15,7%) y *S. aureus* coagulasa negativo (5,2%). En relación a la susceptibilidad para Gram negativos la mayoría de los aislamientos mostró sensibilidad a la amikacina, cefotaxime y ciprofloxacina, mientras dos cepas de *P. aeruginosa* (50%) y dos de *E. coli* (50%) se mostraron resistentes al cefotaxime. 100% de las cepas de *S. aureus* son meticilino sensibles.

Conclusiones: El hallazgo de microorganismos enteropatógenos y oportunistas en muestras de agua bendita tomadas en distintas iglesias en la ciudad de Bogotá, indica un alto riesgo para la adquisición de estos microorganismos en la población que acude a estos lugares.

52. Caracterización microbiana de algunas superficies de los baños de una facultad de medicina, Bogotá, Colombia.

Nataly Esmeralda Rojas, Angélica del Rosario Burgos, Sandra Jimena Bernal, Daniel Alejandro Méndez, Laura Rocío Ortiz, Leidy Katherine Peña, Iván Alberto Méndez.

Facultad de Medicina, Universidad Militar. Bogotá, Colombia. u0401485@unimilitar.edu.co

Introducción: El baño hace parte de los lugares que poseen más contaminación microbiana debido a su uso frecuente y más aun cuando su uso

es público. Este estudio tuvo como objetivo evaluar la presencia y tipo de microorganismos presentes en las manijas y en los botones de desagüe de los baños de una Facultad de Medicina.

Materiales y métodos: Se tomaron un total de 24 muestras de los botones y palancas de desagüe, así como de las manijas de puertas de los cubículos de baños de damas y hombres, se sembraron en Agar sangre y se identificaron los aislamientos mediante cultivos y pruebas específicas dependiendo la observación microscópica; para los aislamientos de *Staphylococcus* spp, en algunos casos se realizó aglutinación mediante Slidex Staph Plus (BioMerieux) además, se evaluó el perfil de susceptibilidad a diferentes antibióticos para cada uno de los aislamientos bacterianos.

Resultados: Se observó mayor prevalencia de bacterias grampositivas (79%) en su mayoría *Staphylococcus aureus* (meticilino sensibles excepto una cepa meticilino resistente) y *Staphylococcus Coagulasa* negativo (12 aislamientos en baños de damas y 7 en baños de hombres), mientras que la prevalencia de bacterias gramnegativas fue muy baja (9%), de hongos miceliales (8%) y un 4% de muestras donde no hubo crecimiento. En los baños de damas se aisló una cepa de *Enterobacter* spp y una de *Acinetobacter* spp sensibles a la amikacina, ceftriaxona y piperacilina-tazobactam y dos hongos miceliales hialinos, uno de los cuales se tipificó como *Penicillium* spp.

Conclusiones: El estudio reportó en su mayoría microorganismos potencialmente patógenos como *S. aureus*, por lo cual es necesario asegurar procesos de higiene y desinfección frecuentes en estas instalaciones considerando el riesgo de transmisión a quienes entren en contacto con estas superficies y a terceros que entren en contacto con estas personas.

53. Seroprevalencia de *Chlamydia trachomatis* en jóvenes universitarios. Medellín 2013.

Claudia María Cuervo Araque, María Cristina Quiroga, María Victoria Buitrago Cardona, Ángela María Gaviria Núñez.

Institución Universitaria Colegio Mayor De Antioquia- ITM. Medellín, Colombia. ccuervo@colmayor.edu.co

Introducción: *Chlamydia trachomatis* es una bacteria intracelular causante de infecciones a nivel del sistema genital que pueden cursar asintóticamente y no ser tratadas. En algunos países es la principal causa de infecciones de transmisión sexual. Se determinó la Seroprevalencia de *C. trachomatis* y los factores de riesgo relacionados con esta, en un grupo de estudiantes Universitarios de Medellín.

Materiales y métodos: Estudio transversal analítico. Se tomó una muestra a conveniencia de 323 individuos sexualmente activos, durante 2013. Previa sensibilización y consentimiento informado se realizó una encuesta virtual sobre factores de riesgo para infección por *C. trachomatis*, se tomó una muestra de sangre para determinación de Anticuerpos tipo IgG e IgM. Luego un análisis univariado y bivariado fue realizado para determinar frecuencias, promedios y OR, significancia estadística de $p < 0.05$, usando el programa SPSSv19.

Resultados: La población de estudio presentó una edad promedio de $22,37 + 5,9$ años. 67% fueron mujeres, el 87% estaban solteros, el 93% pertenecían a los estratos 1, 2 y 3. La edad promedio de inicio de relaciones sexuales fue de $16,5 + 1,7$ años, 75% nunca o pocas veces utilizaban el condón, 31% presentaron síntomas, 19% habían sufrido previamente de infecciones de transmisión sexual. La positividad de IgG e IgM para *C. trachomatis* fue del 13% y del 2% respectivamente. Se encontró relación estadísticamente significativa entre IgG positiva y el uso de condón, género y tipo de relación sexual. Mientras que con IgM positiva no se observó ninguna relación.

Conclusiones: La seroprevalencia de *C. trachomatis* en los jóvenes estudiados fue intermedia comparada con la reportada en otros estudios y presentó relación con algunos factores de riesgo, indicando que la bacteria está circulando en nuestra población y crea la necesidad de prevenir, detectar a tiempo y tratar la infección.

54. Perfil microbiológico y de resistencia a antimicrobianos de las unidades de cuidado intensivo de Pasto, Colombia.

Gabriel Alonso Rodríguez Caicedo, Sonia María Gómez Erazo, José Luis Mier Vallejo.

Universidad de Nariño - Universidad Nacional de Colombia. Pasto, Colombia. gabo.rodriguez85@gmail.com

Introducción: El incremento de la resistencia bacteriana a los antibióticos es un fenómeno emergente. Conocer el perfil microbiológico y de resistencia local es importante por sus implicaciones epidemiológicas y terapéuticas. Las Unidades de Cuidado Intensivo (UCI) son un sitio donde se enfrenta

el clínico a microorganismos agresivos y resistentes. Nuestro objetivo es caracterizar el perfil microbiológico y de resistencia en las UCI de Adultos de la ciudad de Pasto.

Materiales y métodos: Estudio observacional descriptivo prospectivo multicéntrico realizado entre Septiembre de 2012 y Marzo de 2013. Se evaluaron pacientes admitidos a UCI en 4 hospitales. Se recolectó información de las historias clínicas de pacientes con infección y aislamiento microbiológico mediante instrumento diseñado en la Universidad de Nariño y se consignó en la matriz de datos WHONET 5.6

Resultados: Se obtuvieron 103 aislamientos. Se describieron las características clínicas y demográficas de los pacientes. El 51,5% tuvo cirugía previa, el 35,9% estuvo expuesto a corticoides, el 19,5% tenía enfermedad neoplásica, el 16,5% Ulceras por presión, el 10,7% diabetes y el 10,7% Enfermedad renal. El 93,2% recibió ventilación mecánica invasiva, el 89,3% tenía catéter venoso central y el 94,2% sonda urinaria. 70% de los aislamientos fueron bacterias Gram negativas. El microorganismo aislado con mayor frecuencia fue *Klebsiella pneumoniae* (n=25) seguido por *Escherichia coli* (n=19) y *Staphylococcus aureus* (n=13). El principal microorganismo aislado en sangre y lavado broncoalveolar fue *K. pneumoniae*, en orina *E. coli* y en secreción traqueal *S. aureus*. Se identificó Betalactamasas de espectro extendido en el 48% de *K. pneumoniae*, resistencia a meticilina en el 77% de *S. aureus* y resistencia a quinolonas en el 33% de *Pseudomonas aeruginosa*.

Conclusiones: Es necesario conocer el perfil microbiológico y de resistencia local. Las infecciones por Gram negativos tienen gran incidencia en las UCI de la región. El surgimiento de cepas multiresistentes es un gran problema en el medio.

55. Determinación de microbiota de piel y nasofaringe presente en niños de los 6 meses a los 4 años: un enfoque de posible resistencia bacteriana.

Perla Cristina Salgado, Stephany Lissette Cabrera, Liliana Hernández, Liliana María Cañón, Francy Rivera, Karen Bibiana García, Iván Alberto Méndez.
Facultad de Medicina, Universidad Militar. Bogotá, Colombia.
u0401438@unimilitar.edu.co

Introducción: A lo largo de la historia, se han hecho diversos estudios, para describir, diferenciar y analizar el microbioma normal, con el fin de contribuir en el conocimiento del desarrollo e influencia que ejercen estos microorganismos residentes en el ser humano. Encontrándose que la determinación de la prevalencia en los niños, junto con la definición de la susceptibilidad antibiótica resulta útil para el conocimiento de la resistencia entre las bacterias circulantes en comunidad, y la eficacia y efectos sobre la biota de la inmunización. Este trabajo pretende identificar y diferenciar los microorganismos presentes en piel y nasofaringe en niños desde los 6 meses hasta los 4 años de edad e identificar posible resistencia antibiótica.

Materiales y métodos: El estudio se realizó en 20 niños entre 6 meses a 4 años de edad, se tomaron muestras por hisopado de pliegue anterocubital y nasofaringe, procesadas en Agar sangre y tipificadas por pruebas bioquímicas convencionales y sistema comercial API-Biomerieux), de acuerdo al hallazgo se realizó antibiograma para determinar el perfil de susceptibilidad antibiótica.

Resultados: Los cultivos fueron positivos para *Staphylococcus aureus* en un 56.1% y para *Staphylococcus epidermidis* en un 27,2%, *Propionibacterium spp* y *Corynebacterium spp* en un 3%. El 21,6% de las cepas son *Staphylococcus aureus* meticilino resistentes-SAMR, a la clindamicina se evidenció resistencia del 47,2%; para *Staphylococcus epidermidis* la resistencia a oxacilina fue del 27,7%, a clindamicina del 22,2%.

Conclusiones: Se identificaron microorganismos tanto microbioma residente como transitoria, se destaca la proporción de *S. aureus* encontrada en todos los grupos de edad, resaltando las cepas SAMR en los niños entre 4 a 5 años. Es importante controlar la circulación del *S. aureus* en población pediátrica, por lo cual, el adecuado manejo de los jabones y otros fomites, así como el lavado de manos de los adultos convivientes con los niños son de suma importancia para minimizar la circulación de este microorganismo.

56. Estandarización de un protocolo para la evaluación in vitro de la actividad antimicrobiana del triclosán, como ingrediente activo de los talcos para pies.

Ana María Aristizábal Hoyos, Oscar Mauricio Gómez Guzmán, Isaura Patricia Torres Gómez, Catalina De Bedout, Gloria Isabel Mejía, Ana María García Cepero.
Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Medellín, Colombia.
anamara_2548@hotmail.com

Introducción: Los talcos para pies son utilizados como parte de los hábitos de higiene diarios de las personas. Estos son suplementados con ingredientes activos como el triclosán, que mejoran su efectividad antimicrobiana y previenen el mal olor. Sin embargo este efecto antimicrobiano está poco documentado en las formulaciones de estos productos. En este estudio se estandarizó una técnica de difusión en agar con pozos modificado para evaluar la capacidad del triclosán en su estado sólido, para inhibir patógenos de la piel.

Materiales y métodos: En este estudio se desarrolló un método basado en las técnicas de difusión en agar con discos y difusión en agar con pozos modificado para evaluar la actividad antimicrobiana del triclosán empleado en los talcos para pies (producto formulado) contra las bacterias Gram-positivas: *Staphylococcus aureus*, las bacterias Gram-negativas: *Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa*, y sobre los hongos: *Candida albicans* y *Trichophyton mentagrophytes*.

Resultados: El método de difusión en agar con pozos modificado, permitió la evaluación de la actividad antimicrobiana del triclosán en polvo, con excelente reproducibilidad entre los ensayos. Ésta técnica de contacto directo demostró que el triclosán en su estado sólido posee propiedades microbicidas contra *S. aureus* y *E. coli*, generando halos de inhibición >26 mm mientras que frente a *C. albicans* y *T. mentagrophytes* produjo halos de inhibición de hasta 15 mm y frente a *P. aeruginosa* la actividad fue nula.

Conclusiones: Estos resultados muestran cómo el método de difusión en agar con pozos modificado es una herramienta adecuada para la evaluación de la eficacia real del triclosán y otros productos empleados en las formulaciones de talcos para pies. Estos hallazgos son de gran importancia, ya que los métodos de evaluación tradicionales someten al producto a algunos procedimientos que pueden alterar su estado natural afectando la efectividad de sus componentes y llevando a un resultado final erróneo.

57. Efecto antimicrobiano y viabilidad bacteriana del ácido hipocloroso sobre microorganismos patógenos de la biopelícula dental.

Diana Marcela Castillo Perdomo, Yormaris Castillo Romero, Lina Viviana Millán Ospina, Nathaly Andrea Delgadillo Salgado, María Alejandra Sabogal Bassil, Gloria Inés Lafaurie Villamil.
Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia.
castillodiana@unbosque.edu.co

Introducción: Se ha reportado a la clorhexidina (CHX) como la sustancia antimicrobiana más efectiva para la inhibición de la placa dental, aunque genera efectos adversos que desestiman su uso; por esta razón se buscan formulaciones que tengan efectos equivalentes o no inferiores a esta. El ácido hipocloroso (HOCl), es una sustancia microbicida no antibiótica de amplio espectro, rápida acción y amplio margen de seguridad. Se evaluó la eficacia del HOCl sobre cepas de referencia de bacterias con poder patógeno en cavidad oral y la viabilidad bacteriana de *P. gingivalis* y *A. actinomycentemcomitan*.

Materiales y métodos: Se estandarizaron los inóculos de cepas ATCC de *S. mutans*, *S. sanguinis*, *E. faecalis*, *K. oxytoca* y *P. gingivalis* para lograr 1x10⁸ UFC/ml. Fue evaluada la eficacia de HOCl a 250 y 500 ppm (pH 5,2 y 5,8) mediante exposición durante un minuto. La tasa de muerte bacteriana a la sustancia se realizó mediante el protocolo "Time Kill Assay For Antimicrobial Agents" (ATS Labs). Fue evaluada la viabilidad para *P. gingivalis* y *A. actinomycentemcomitans* utilizando el kit de fluorescencia Live/Dead® BacLight, luego de 30 segundos de exposición a HOCl (250 y 500 ppm) y CHX al 0.2%, analizando cuatro campos microscópicos por tres réplicas (AxioVision LE 4.8 Zeiss Microscopy).

Resultados: Se observó reducción de 99-100% del crecimiento bacteriano de todas las cepas expuestas a HOCl y con CHX al 0.2%. La viabilidad de *P. gingivalis* y *A. actinomycentemcomitans* con HOCl 500 ppm y pH 5,8 se redujo en el 63 y 65% respectivamente y para CHX al 0,2% de 33 y 35% respectivamente. Para *P. gingivalis* a concentraciones más bajas de HOCl, la reducción no fue superior a CHX, en contraste *A. actinomycentemcomitans* mostró mayor reducción (52 al 55%).

Conclusiones: El efecto antimicrobiano sobre las principales cepas con poder patógeno en cavidad oral de HOCl a 250 ppm y 500 ppm en un minuto de exposición independiente del pH es similar a la CHX. En exposiciones a menor tiempo el HOCl mostró mayor efectividad para inducir la muerte celular que la CHX.

58. El cepillado dental es una fuente importante de bacteriemia por microorganismos periodontopáticos en pacientes con periodontitis.

Gloria Ines Lafaurie Villamil, Diana Marcela Castillo Perdomo, Yormaris Castillo Romero, María Alejandra Sabogal, Victoria Cabal.
Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia.
institutoiubo@gmail.com

Introducción: El cepillado dental y la masticación pueden ser importantes fuentes de bacteriemia. Pocos estudios han identificado microorganismos asociados a enfermedad periodontal después de una sesión rutinaria de cepillado dental o masticación por la baja sensibilidad del hemocultivo para detectar bajas concentraciones bacterianas. Este estudio evalúa la frecuencia de bacteriemia inducida por cepillado dental y masticación por hemocultivo y reacción en cadena de la polimerasa anidada (N-PCR) en pacientes con periodontitis.

Materiales y métodos: Bajo asepsia y antisepsia se introdujo un catéter en la vena anti-cubital a 42 pacientes con periodontitis para la toma secuencial de muestras de sangre. Se tomaron 6 muestras de sangre; la primera antes de la prueba para verificar la ausencia de microorganismos; otra, una vez terminó el cepillado dental y a los 15 minutos. Una hora se realizó una nueva toma para confirmar la ausencia de microorganismos para iniciar el ciclo de masticación. Se establecieron las frecuencias de microorganismos en sangre en los diferentes tiempos por las dos técnicas y la frecuencia de bacteriemia después de cepillado y masticación. Análisis comparativos entre técnicas y entre diagnóstico periodontal fueron realizados con pruebas de χ^2 ($p < 0.05$).

Resultados: El 52,3% de los pacientes fueron positivos para microorganismos en sangre en cualquiera de los tiempos evaluados. La bacteriemia por cepillado fue del 33,9% y por masticación del 12,5%; 21,4% pacientes presentaron bacterias o ADN en sangre antes de la inducción de bacteriemia. *P. gingivalis* fue el microorganismo más frecuente identificado en sangre periférica. La técnica de N-PCR mostró mayor capacidad de identificación.

Conclusiones: El cepillado dental mostró ser una fuente importante de bacteriemia en pacientes con periodontitis. *P. gingivalis* es el microorganismo más frecuente durante la bacteriemia y las técnicas moleculares mejoran la sensibilidad para su detección.

MEDICINA TROPICAL 1 - PRESENTACIONES ORALES

59. Estudio de la producción científica de leishmaniasis en Latinoamérica.

Daniela Gómez Suta, Yuliana Perilla González, Nathalia Delgado Osorio, Natalia Hurtado Hurtado, Juan David Baquero Rodríguez, Andrés Felipe López Isaza, Guillermo Javier Lagos Grisales, Soraya Villegas, Alfonso J. Rodríguez-Morales.
Grupo SIDA y Otras Enfermedades Infecciosas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia.
arodriguezm@utp.edu.co

Introducción: La leishmaniasis es una enfermedad parasitaria, emergente y desatendida, con importantes consecuencias en la población, incluyendo alta letalidad en su forma visceral. Está presente en Latinoamérica y por ello es necesario fomentar mayor investigación. Se realizó una evaluación bibliométrica de la producción científica latinoamericana en leishmaniasis.

Materiales y métodos: Estudio bibliométrico en SCI (1980-2013), MEDLINE/GOPUBMED (1802-2013), Scopus (1959-2013), SCIELO (2004-2013), LILACS (1980-2013). Se incluyen tipos de estudios, caracterizándolos por años, ciudad de origen, revista de publicación y autores con mayor contribución (AMC), por países, citas y H index.

Resultados: En SCI, se encontraron 2857 artículos (17,7% del total). De los países latinoamericanos, Brasil fue el que mayor aportes hizo (58,1%), seguido por Colombia (9,9%) y Venezuela (5,6%); la región recibió 41186 citas, 54,2% de Brasil (H index=62), 12,1% Colombia (H index=30) y 4,5% de Venezuela (H index=25). En Scopus, hay 3681 (14,7% del total), 53,2% de Brasil, 6,8% Colombia y 6,0% Venezuela; las instituciones que mayor aporte realizaron fueron, Fundação Oswaldo Cruz (Brasil), 38,46%; Universidad de Antioquia (Colombia), 30,6%; y la Universidad Central de Venezuela (Venezuela), 31,34%. En Medline hay 4525 registros (60,6% de Brasil). En SCIELO hay 1068 registros (67,5% Brasil). En LILACS hay 1740 registros (56,0% Brasil).

Conclusiones: Predomina la producción científica de Brasil, la cual tiene una sola institución generando más artículos que Colombia y Venezuela jun-

tos. La producción científica en bases de datos, especialmente regionales, es aún relativamente baja, y la enfermedad poco visibilizada en comparación con otras patologías tropicales como malaria y dengue.

60. Mapeo de leishmaniasis cutánea y sus vectores en los municipios del eje cafetero de Colombia utilizando sistemas de información geográfica (SIG).

Adriana Marcela Gómez, Sandra Yadid Patiño, Diana Marcela Roldan-Builes, Alfonso J. Rodríguez-Morales.
Posgrado en Epidemiología, Fundación Universitaria del Área Andina, Seccional Pereira. Pereira, Colombia. arodriguez@utp.edu.co

Introducción: El uso de los SIG para la elaboración de mapas epidemiológicos y entomológicos en la leishmaniasis cutánea no ha sido suficientemente usado en Colombia, especialmente en el Eje Cafetero, un área de tres departamentos con 53 municipios con zonas endémicas de la enfermedad. Por lo tanto, se desarrollaron dichos mapas.

Materiales y métodos: Datos de vigilancia (2007-2011) fueron usados para estimar tasas de incidencia anuales de la leishmaniasis cutánea (casos/100.000 hab.) para desarrollar los primeros mapas de los municipios de la región (Caldas, Quindío, Risaralda). Se mapeó la presencia de 8 especies de flebotomos (*Lutzomyia hartmanni*, *Lu. trapidoi*, *Lu. panamensis*, *Lu. yuilli*, *Lu. gomezi*, *Lu. colombiana*, *Lu. youngi*, *Lu. lichyi*). También se generó un mapa de incidencia de *Lutzomyia spp.* El SIG utilizado fue Kosmo® 3.1. Quince mapas temáticos fueron desarrollados de acuerdo a municipios, años, incidencia y vectores.

Resultados: Entre 2007-2011, se notificaron 2.471 casos (1.440 Caldas, 895 Risaralda y 136 Quindío) para una tasa acumulada de 101,16 casos/100.000 hab. En Caldas, el municipio Victoria alcanzó la más alta incidencia (1.947,46 casos/100.000hab en 2010), seguido de Norcasia 1.762,05 casos/100.000 hab). Victoria fue el municipio con más vectores (5 especies). Entre ellos, *Lu. hartmanni* estuvo presente en 5 municipios (incluyendo Victoria y Norcasia), seguido por *Lu. trapidoi* (4), *Lu. panamensis* y *Lu. yuilli* (3). Hubo 7 municipios con leishmaniasis y estudios entomológicos identificando sus vectores, pero existen 36 municipios (de 53) que presentaron casos y todavía no se cuenta con estudios entomológicos. La enfermedad no se reportó en los 10 municipios restantes.

Conclusiones: La carga de la enfermedad se concentra en un solo departamento (más del 55% de los casos de toda la región son de Caldas). El uso de mapas epidemiológicos basados en SIG permitió la identificación de zonas que requieren estudios entomológicos para caracterizar las especies de flebotomos relacionados con la transmisión del parásito.

61. Mapeo de la leishmaniasis cutánea, mucocutánea y visceral en las municipalidades del departamento de Sucre, Colombia, usando sistemas de información (SIG).

Wilmer Villamil-Gómez, Alfonso J. Rodríguez-Morales.
Hospital Universitario de Sincelejo. Sincelejo, Colombia. Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia. Sincelejo, Colombia. arodriguez@utp.edu.co

Introducción: El uso de SIG, para el desarrollo de mapas epidemiológicos en leishmaniasis cutánea (LC), mucocutánea (LMC) y visceral (LV), no ha sido exhaustivamente empleado en Colombia, particularmente en la región Caribe, por ejemplo en el departamento de Sucre, el cual tiene zonas endémicas para dichas patologías. Por ello desarrollamos dichos mapas.

Materiales y métodos: Se usaron datos de la vigilancia epidemiológica, casos de 2007-2011, de LC, LMC y LV para estimar tasas de incidencia anual, utilizando población de referencia, expresados como casos/100.000hab, con el fin de desarrollar los primeros mapas en los municipios de Sucre. El SIG usado fue Kosmo® 3.1. También evaluamos los principales aspectos clínicos y epidemiológicos de los casos de LV atendidos en el Hospital Universitario de Sincelejo (HUS). Quince mapas temáticos fueron desarrollados, de acuerdo a municipios, años e incidencia de la enfermedad.

Resultados: Entre 2007-2011, 880 casos de LC, 5 de LMC y 40 de LV, fueron reportados; para una tasa acumulada de 109,61, 0,62 y 4,98 casos/100.000hab. respectivamente. Las tasas de incidencia más altas en LC y LMC fueron reportadas en el municipio de Ovejas (382,87 casos/100.000 pop, 2009, y 9,29 casos/100.000 hab, 2007, respectivamente), Ovejas reportó 32% de los casos del departamento. Desde 2009 su tasa de incidencia de LC, bajó a 93,88 casos/100.000hab en 2011. De 2007 su tasa de incidencia

de LMC bajó a 0 casos/100.000hab. La más alta tasa de incidencia de LV, fue reportada en el municipio de Corozal (13,28 casos/100.000hab en 2011).

Conclusiones: La carga de todas las formas de leishmaniasis está concentrada en el norte del departamento. Colombia aún tiene 6 departamentos con ésta forma de la enfermedad. Estrategias para erradicar enfermedades transmitidas por vectores, como ocurrió con la oncocercosis, son necesarias. El uso de mapas epidemiológicos basados en SIG permite integrar estrategias preventivas y de control, para el abordaje conjunto de todas las formas de la enfermedad en esta área del país.

62. Caracterización geográfica de la leishmaniasis cutánea, mucosa y visceral en los municipios del departamento de Bolívar, Colombia.

Claudia Marin-Kelso, Margaret Cuello-Pérez, Alfonso J. Rodríguez-Morales.

Escuela de Medicina, Universidad del Sinú Elias Bechara Zainúm, Seccional Cartagena. Cartagena de Indias, Colombia. Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia. Cartagena, Colombia. arodriguez@utp.edu.co

Introducción: En el estudio epidemiológico de la leishmaniasis existen pocos estudios publicados que caractericen su comportamiento con mapas epidemiológicos. Por estas razones se realizó este trabajo generándolos para la leishmaniasis cutánea (LC), mucosa (LM) y visceral (LV) en Bolívar, Colombia, 2007-2011.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio caracterizando geográficamente incidencias anuales (estimadas como casos/100.000hab) de las leishmaniasis (LC, LM, LV), en los 46 municipios y el distrito del departamento de Bolívar, Colombia, en el período 2007-2011. Las fuentes de datos fueron SIVIGILA y DANE. Las tasas fueron procesadas con el programa Kosmo® 3.1 como sistema de información geográfica (SIG), que permitió la elaboración de 18 mapas epidemiológicos de Bolívar por municipios, años y forma clínica.

Resultados: En 2007-2011 se reportaron 1435 casos de LC, 20 de LM, 42 de LV, esto representa una tasa acumulada de 73,21 casos/100.000 hab, 1,02 casos/100.000 hab y 2,14 casos/100.000 hab, respectivamente. En el período, la tasas más altas tanto de LC como LM fueron en Santa Rosa del Sur (318,44 y 16,91, respectivamente, ambas en 2007), y las de LV en El Carmen de Bolívar (27,50 en 2007).

Conclusiones: La LC se focaliza en municipios del sur (Tiquisio, Norosi, Arenal, Santa Rosa del Sur y San Pablo) y del norte (El Carmen de Bolívar, San Jacinto y Mahates) del departamento. En tanto la LV en dos municipios del norte (El Carmen de Bolívar y en Cartagena de Indias). Los mapas desarrollados en conjunto con la evaluación de variables ambientales, socioeconómicas y asistenciales podría permitir valorar en forma más precisa el comportamiento de la leishmaniasis y ayudar en la priorización de diferentes intervenciones.

63. Desarrollo de mapas epidemiológicos basados en sistemas de información geográfica (SIG) para leishmaniasis cutánea y evaluación de impactos potenciales de la variabilidad macroclimática en los departamentos del noreste de Colombia, 2007-2011.

Lauren S. Calvo-Betancourt, Alfonso Rodríguez-Morales.
Universidad Industrial de Santander. Bucaramanga, Colombia. Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia. Bucaramanga, Colombia. arodriguez@utp.edu.co

Introducción: Estudios previos realizados por nosotros (durante 1985-2002, Am J Trop Med Hyg 2006) en el noreste de Colombia demostraron influencias de El Niño en la incidencia de leishmaniasis cutánea (LC). Sin embargo, estudios adicionales al respecto en esta región, y el uso de SIG no han sido publicados.

Materiales y métodos: Usando datos de vigilancia epidemiológica (SIVIGILA-SISPRO, 2007-2011) se estimaron las tasas de incidencia anual (casos/100.000 hab.), para desarrollar los primeros 5 mapas epidemiológicos en los municipios de Santander y Norte de Santander. El SIG usado fue Kosmo® 3.1. Evaluamos el impacto de El Niño (usando el ONI) con modelos de regresión lineal ($p < 0,05$) en los municipios de estos 2 departamentos, de lo cual se desarrolló un mapa de riesgo de ocurrencia de LC en relación al clima (basado en los coeficientes del modelo) por municipios y años. Durante este periodo, se reportaron 5452 casos (media 1090,4 casos/año, por municipio mínimo 0-máximo 250), con un rango de 0 a 2074,78 casos/100.000 hab. (en los municipios). En las regresiones lineales simples, a nivel regional, se encontró asociación entre el ONI y las tasas de incidencia en 11 municipios ($r^2 > 0,7$;

$p < 0,05$). Dichos municipios no se encontraban concentrados en una misma zona; estaban dispersos por toda la región. En estos, la tasa de transmisión fue inestable con tasas que variaban desde 0 a 183,23 casos/100.000 hab (con 29 municipios-año con valor 0). Estudios previos establecieron influencias de la variabilidad climática en la leishmaniasis cutánea en ciertos departamentos de Colombia, pero no existen estudios recientes en áreas endémicas del noreste colombiano. La variabilidad climática impacta altamente los municipios de baja transmisión (inestable). En un futuro, con mayor disponibilidad de datos, no solo de vigilancia epidemiológica, sino incorporando más variables microclimáticas, se podrán desarrollar mejores modelos predictivos de gran utilidad e importancia en enfermedades infecciosas y salud pública.

64. Tratamiento de leishmaniasis en casos especiales.

Alvaro José Martínez Valencia, Jimena Jojoa Jojoa, María del mar Castro Noriega, Luisa Consuelo Rubiano Perea, Juan Diego Vélez.
Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas (CIDEIM). Cali, Colombia. ajmartinez@cideim.org.co

Introducción: La guía latinoamericana de recomendaciones para el tratamiento de leishmaniasis tiene en cuenta la anfotericina B deoxicolato o liposomal para casos especiales, sin embargo estos medicamentos tienen efectos adversos importantes y la evidencia es limitada al evaluar cura clínica y consecuencias a largo plazo.

Materiales y métodos: Revisión retrospectiva de historias clínicas de pacientes atendidos en CIDEIM y FCVL que recibieron anfotericina B deoxicolato y/o liposomal indicada por falla terapéutica o contraindicación para recibir otros medicamentos, durante 2010-2014. Se describe información clínica, parasitológica, de respuesta al final del tratamiento y de seguimiento a la respuesta terapéutica hasta máximo 4 años. El desenlace terapéutico fue evaluado a 13 y 52 semanas.

Resultados: Se identificaron 6 hombres entre 30-77 años con diagnóstico parasitológico confirmado, 4 con presentación mucocutánea, 1 con cutánea diseminada y 1 con coinfección visceral/VIH. Las especies aisladas fueron *L. braziliensis* (3) y *L. panamensis* (1). 2 pacientes fueron tratados con anfotericina B deoxicolato, 1 con liposomal y 3 iniciaron con anfotericina B deoxicolato y por deterioro de la función renal cambiaron a liposomal. Duración del tratamiento entre 22-30 días, promedio de dosis de anfotericina B deoxicolato 0,7 mg/kg/día y liposomal 3 mg/kg/día, mostraron curación 6/6 en el seguimiento a 13 semanas. Fueron seguidos entre 14-223 semanas. Los efectos adversos más frecuentes fueron deterioro de función renal, fiebre, malestar general, mialgias y náuseas.

Conclusiones: Los casos especiales de infección por *Leishmania* se convierten en un reto para el clínico, por las limitadas opciones terapéuticas y la alta toxicidad de los medicamentos disponibles. La anfotericina B es eficaz ante estas indicaciones, siendo la liposomal la que genera menos nefrotoxicidad, como una buena alternativa con un balance positivo riesgo/beneficio de la intervención.

65. Evaluación clínica, parasitológica y terapéutica en una cohorte de pacientes con leishmaniasis cutánea en falla ó recidiva luego de tratamiento con antimonio de meglumina.

Jairo Enrique Pérez Franco, Mónica Cruz, Martha Robayo, María Mariño, Ángela Bedoya, Carlos Daza, Carlos Saavedra, María Echeverry.
Hospital Militar Central, Universidad Nacional de Colombia, Universidad Militar Nueva Granada. Bogotá, Colombia. jeperezf@unal.edu.co

Introducción: El tratamiento de primera elección en Colombia para Leishmaniasis cutánea es antimonio de meglumina (Glucantime®), el porcentaje de falla es hasta del 25%. La causa de la falla es multifactorial, considerando que la resistencia de los parásitos al antimonial explica menos del 20% de los casos. El presente estudio describe el perfil clínico y parasitológico (Identificación de especie de *Leishmania* y sensibilidad al Glucantime®) de una cohorte de pacientes con diagnóstico de Leishmaniasis cutánea en falla ó recidiva luego recibir Glucantime®.

Materiales y métodos: Serie de casos de pacientes desde junio del 2013 hasta marzo de 2014 clasificados en falla ó recidiva al tratamiento antimonial. Se analizaron características demográficas, clínicas y epidemiológicas de los pacientes. A partir de biopsias cutáneas se adelantaron 1. Análisis histopatológico, 2. PRC-RFLP, 3. Aislamiento parasitario y 4. Pruebas de sensibilidad in vitro a Glucantime®.

Resultados: En una cohorte de 43 pacientes varones con promedio de edad de 25 años, de los cuales 59% tenía lesión única; 85% con falla al tratamiento y 15% con recidiva, provenientes de las regiones Amazónica y de la Orinoquía a partir de PCR-RFLP de la biopsia cutánea se identificó *Leishmania braziliensis* en 98% de los casos y *Leishmania guyanensis* en 2% como agente asociado a la lesión. En el 55 % de los casos se logró aislar el parásito de los cuales el 33% tiene una ED50 *in vitro* al Glucantime®, entre 5 y 7 veces mayor que la del aislamiento de referencia. Los parásitos con menor sensibilidad provenían de pacientes que habían recibido más de un ciclo de tratamiento.

Conclusiones: *L. braziliensis* aparece como especie predominante en infecciones de pacientes en falla terapéutica provenientes de regiones donde la especie es simpátrica con *L. panamensis* y *L. guyanensis*. El presente estudio identificó que el 33% de los parásitos aislados de pacientes en falla terapéutica son posiblemente resistentes al Glucantime®.

66. Seroprevalencia de *Rickettsia sp.* del grupo de las fiebres manchadas en indígenas Wayuu (La Guajira) y Kankuamos (Cesar), Colombia.

Jully Ortiz Méndez, Yoldy Navarro Martínez, Lisay Ortiz Ramírez, Jorge Miranda Regino, Salim Mattar Velilla.
Universidad de Crodoba. Montería, Colombia.
jorgemire@hotmail.com

Introducción: El interés a nivel mundial por la rickettsiosis del grupo de las fiebres manchadas, ha aumentado debido a la gran variedad de especies que han aparecido y la presentación de nuevos casos. En Colombia solo se tienen reportes de rickettsiosis causada por *Rickettsia rickettsii*, otras especies de rickettsia han sido encontradas, sin embargo, su asociación con enfermedad en humanos no ha sido establecida. Determinar la seroprevalencia de *Rickettsiasp.* del Grupo de las Fiebres Manchadas (GFM) en indígenas Wayuu (La Guajira) y Kankuamos (Cesar), Colombia.

Materiales y métodos: Durante Agosto de 2012 a Mayo de 2013 se realizó un estudio descriptivo, prospectivo, de corte transversal donde se recolectaron sueros de las poblaciones indígenas Wayüü (n=171) y Kankuamos (n=167). Los sueros fueron analizados por Inmunofluorescencia indirecta (IFI) para *Rickettsia sp.* GFM y titulados para establecer el título final de anticuerpos.

Resultados: La seroprevalencia total del estudio fue 21% (73/338), para la población Wayüü la seroprevalencia fue del 11% (19/171) y para la Kankuama del 32% (54/167). El mayor porcentaje de positivos fueron mujeres 89% Wayüü y el 65% Kankuama, de acuerdo a la ocupación, en ambas poblaciones el mayor porcentaje de seropositivos fueron amas de casa con un 34% (25/73). La presencia de garrapatas fue reportada en 42% de la población Wayüü y del 96% en los Kankuamos. El 36% de los sujetos tuvieron títulos finales de anticuerpos de 1:128, el 26% tuvieron un título final de 1:256 y un sujeto presentó un título de 1:1024 (1%).

Conclusiones: Este es el primer estudio de seroprevalencia de *Rickettsia* en poblaciones indígenas de La Guajira y Cesar, que permitió demostrar la infección por *Rickettsia sp.* del GFM. Los resultados indican una alta seroprevalencia en la población Kankuama y moderada en la población Wayüü. Es importante que estos datos puedan ser utilizados en los programas de vigilancia para el control de síndromes febriles de origen desconocido que esté ocurriendo en estas poblaciones.

RESISTENCIA BACTERIANA - PRESENTACIONES EN POSTER

67. Búsqueda de péptidos antimicrobianos (PAMs) en el transcriptoma del escarabajo coprofago *Oxysternon conspicalatum* (*O. conspicalatum*) (Weber 1801).

Lily Johanna Toro Segovia, Germán Alberto Téllez Ramírez, Jhon Carlos Castaño Osorio.
Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. ljtoros@hotmail.com

Introducción: La antibiótica resistencia genera falta de búsqueda de nuevos antibióticos; por lo tanto, es importante considerar nuevas clases de antibióticos como los PAMs. A pesar de la gran diversidad de escarabajos es poco el conocimiento desarrollado para la búsqueda de nuevas sustancias con potencial aplicación biomédica, nos propusimos desarrollar una estrategia de búsqueda y validación de PAMs en el escarabajo coprófago *O. conspicalatum*.

Materiales y métodos: Se colectó escarabajos *O. conspicalatum*, se realizó extracción de ARNt y de ARNm, se secuenció el transcriptoma y se analizó con herramientas bioinformáticas como Blastx, Clustawl, para buscar la ho-

mología con defensinas y cecropinas, se caracterizaron blancos potenciales por herramientas bioinformáticas como Signal P, I- Taser, Proparam APD2 y se construyeron los árboles filogenéticos. La validación de blancos se realizó por síntesis química o producción recombinante.

Resultados: Se secuenciaron 3.109.540.530 pb, ensamblaron 27.603 *contigs* de los cuales se identificó por *Blastx* función biológica en el 73%, de estos 24% se relacionaron con procesos biológicos y el 1% con procesos del sistema inmune; dentro de estos se identificaron 6 homólogos con defensinas (Oxysfensina 1-6) y 1 cecropina (Oxysterlina1), con el péptido señal de la Oxysterlina 1 se realizó un tblastx contra la base de datos de *contigs* del transcriptoma del escarabajo identificando 3 secuencias nuevas de cecropinas putativas (oxysterlina 2-4). Hasta el momento se ha logrado amplificar por PCR 5 defensinas y 1 cecropina, evaluar la actividad de un análogo sintético de Oxysterlina.

Conclusiones: El ambiente en el que se desarrollan estos escarabajos los hace una fuente importante para la búsqueda de sustancias con potencial actividad biológica. Solo *Acalolepta luxuriosa* tiene secuencias de PAMs de la familia de las cecropinas. Este trabajo, tras ampliar la base de datos de PAMs permite evidenciar una gran diversidad previamente oculta de PAMs en estos insectos y con potencial aplicación biomédica.

68. Programa de uso prudente de antibióticos en un hospital pediátrico universitario de IV nivel en Colombia. Un estudio no controlado antes y después de la intervención.

Germán Camacho Moreno, Sandra Lilibiana Romero Torres, Yuly Andrea Olarte, Myriam Lucia Galeano Goyes, Viviana Pinzón, Olga Adriana Rodríguez Urrego, Ertly Guerrero.
Fundacion Hospital de la Misericordia. Bogotá, Colombia.
germancitomd@hotmail.com

Introducción: La resistencia bacteriana es un problema de salud pública. Los programas de uso prudente son una estrategia efectiva para optimizar el uso de antibióticos, disminuyendo el consumo e impactando en la calidad de la atención. Objetivo: medir el impacto de un programa de uso prudente de antibióticos en un hospital pediátrico universitario de IV nivel en Bogotá.

Materiales y métodos: Es un estudio no controlado, antes y después de la intervención. Se desarrollo en la Fundación Hospital de la Misericordia. Desde noviembre de 2012 se monitoriza la prescripción de antibióticos. El infectólogo pediatra revisa las prescripciones de esquemas nuevos de antibióticos, los cultivos, retroalimenta al prescriptor, corrige prescripciones erróneas y ajusta el tratamiento antimicrobiano. Mensualmente se monitoriza la proporción de prescripción adecuada, por servicios y por tipo de desviación, el consumo de antibióticos en DDD, el número de pacientes en quien se desescaló la terapia y la tasa de infección por *Klebsiella pneumoniae* BLEE y por *Staphylococcus aureus* meticilino resistente. Se hizo un corte a febrero de 2014. Se compararon los datos obtenidos luego de la intervención, con los datos existentes de los años 2010 - 2012 previo a la intervención.

Resultados: Se observa una disminución del consumo de antibióticos, especialmente vancomicina, meropenem y ceftriaxona. Se revisaron 4843 prescripciones, 92% correctas. El porcentaje de prescripción correcta aumento de 88% a 94%. La desviación más frecuente fue primera elección no elegida, 41% de todas las desviaciones. Se desescaló la terapia en todos los pacientes en que estaba indicado (376). La tasa de IAAS por SAMR disminuyó de 1,54 x 1000 días pacientes en 2011 a 0,04 x 1000. La tasa de IAAS por *Klebsiella pneumoniae* BLEE disminuyó de 0,30 x 1000 a 0,18 x 1000 días pacientes.

Conclusiones: Los programas de uso prudente de antibióticos disminuyen el número de prescripciones incorrectas y el consumo de antibióticos, impactando en la resistencia bacteriana.

69. Perfiles de resistencia antimicrobiana en aislamientos de *Pseudomonas aeruginosa* productores y no productores de carbapenemasas en hospitales de alto nivel de complejidad, Medellín 2012-2014.

Johanna M Vanegas, Vanessa Cienfuegos, Gustavo Roncancio, Patricia Sierra, Sigifredo Ospina, Lina Echeverry, Natalia Maldonado, Carlos Robledo, Andrea Restrepo, Judy Natalia Jimenez.
Grupo de Microbiología Molecular - Grupo de Microbiología Básica y Aplicada, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
jvmv0819@gmail.com

Introducción: *Pseudomonas aeruginosa* presenta múltiples mecanismos de resistencia a los carbapenémicos, lo que ha complicado el manejo de las

infecciones ocasionadas por esta bacteria. El objetivo de este trabajo es describir los perfiles de resistencia en aislamientos de *P. aeruginosa* productores y no productores de carbapenemasas (PC y NPC, respectivamente) en hospitales de alto nivel de complejidad de Medellín.

Materiales y métodos: Se seleccionaron todos los aislamientos de *P. aeruginosa* resistentes a carbapenémicos durante junio 2012-febrero 2014 en cinco hospitales de alto nivel de complejidad de Medellín. La sensibilidad antibiótica de los aislamientos se determinó usando el sistema VITEK-2. Posteriormente, se detectó la presencia de las carbapenemasas VIM, IMP, NDM, OXA-48 y KPC mediante PCR múltiple.

Resultados: Se obtuvieron 223 aislamientos de *P. aeruginosa* resistentes a carbapenémicos, de los cuales 61 (27.3%) eran PC y 164 (73.5%) NPC. Los aislamientos PC presentaron porcentajes de resistencia superiores al 80% para todos los antibióticos evaluados excepto para colistina, siendo el perfil más frecuente la resistencia a meropenem+imipenem+ gentamicina+cefepi ma+ciprofloxacina+amikacina+ceftazidima (54,9%). En contraste, los aislamientos NPC presentaron porcentajes de resistencia inferiores al 40% para cefalosporinas, aminoglicósidos y fluoroquinolonas y el perfil de resistencia a meropenem y/o imipenem fue el más común (45,2%).

Conclusiones: La multiresistencia o resistencia simultánea a tres o más grupos de antibióticos en el antibiograma sugiere la producción de carbapenemasas, mientras que la resistencia sólo a meropenem y/o imipenem, sugiere que el aislamiento no es portador de estas enzimas. La sospecha del mecanismo de resistencia a carbapenémicos de acuerdo al perfil del antibiograma en aislamientos de *P. aeruginosa*, puede ser útil para la selección de un tratamiento antibiótico adecuado.

Financiación: Colciencias 111554531404 y CODI CIMB-068-12.

70. Caracterización clínica y molecular de *Acinetobacter baumannii* resistente a carbapenémicos en hospitales de alto nivel de complejidad, Medellín.

Luis Felipe Higueta-Gutiérrez, Johanna M. Vanegas, Vanessa Cienfuegos, Erika A Rodríguez, Gustavo Roncancio, Olga Molina, María Isabel Múnera, Judy Natalia Jiménez.

1Grupo de Microbiología Molecular, Grupo de Microbiología Básica y Aplicada, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín Colombia. hgfelipe87@gmail.com

Introducción: *Acinetobacter baumannii* resistente a carbapenémicos ha emergido como un patógeno importante en infecciones intrahospitalarias originando períodos de hospitalización prolongados, altas tasas de mortalidad y mayores costos en la atención hospitalaria. El objetivo del estudio fue describir las características clínicas y moleculares de las infecciones ocasionadas por *A. baumannii* resistente a carbapenémicos en cinco hospitales de alto nivel de complejidad de Medellín.

Materiales y métodos: Estudio descriptivo transversal. La información clínica epidemiológica se obtuvo de la historia clínica, la identificación y susceptibilidad bacteriana se realizaron empleando el sistema automatizado Vitek-2. La detección de carbapenemasas se llevó a cabo por medio de Test-3D, PCR y secuenciación. El análisis de la información se basó en frecuencias y medidas de resumen.

Resultados: Se incluyeron 28 pacientes, entre los cuales predominaron las infecciones en piel, tejidos blandos 6 (21,4%) y osteomielitis 6 (21,4%). Dentro de los antecedentes clínicos sobresalen el uso previo de antibióticos 21 (75%) y cirugías 9 (32,1%), particularmente amputaciones y desbridamientos. Los aislamientos presentaron resistencias superiores al 80% para β-lactámicos, fluoroquinolonas y aminoglicósidos. La resistencia a carbapenémicos fue mediada en todos los casos por la carbapenemasas OXA-23 y OXA-51 y la secuencia de inserción ISAbA1.

Conclusiones: De forma interesante los resultados evidencian que en las instituciones de estudio *A. baumannii* resistente a carbapenémicos es un patógeno importante de infecciones en piel, tejidos blandos y osteomielitis. De otro lado, la presencia de oxacilinasas: OXA-51, OXA-23 y la ISAbA1 coincide con lo reportado para esta bacteria en Colombia y evidencia la importancia de su seguimiento, teniendo en cuenta que OXA-23, ha sido identificada en brotes intrahospitalarios en otros países.

Financiado por Colciencias, código: 111554531404, CODI CIMB-068-12.

71. Caracterización de cocos Gram positivos aislados del área ano-genital en gestantes de la ciudad de Montería.

Dina Marcela Ricardo Caldera, María Angelica Diaz Alvarez, Catalina Tovar Acero.

Universidad del Sinú. Montería, Colombia.
dinaricardoc@unisnu.edu.co

Introducción: Los *Staphylococcus coagulasa* negativos (SCN) y el *Streptococcus agalactiae* se encuentran colonizando la piel y mucosas, estos microorganismos se han visto involucrados ocasionando infecciones de tejidos blandos, meningitis y sepsis; la colonización o infección ano-genital puede provocar complicaciones en la gestante y en el neonato. El objetivo fue caracterizar a nivel microbiológico y molecular los microorganismos aislados del tracto ano-genital de mujeres gestantes y determinar el perfil de susceptibilidad.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal en una población de 100 mujeres gestantes entre las semanas 35 y 37 que asistían al control prenatal, se recolectó un hisopado vaginal y otro anorrectal, los aislamientos recuperados se identificaron mediante pruebas fenotípicas y se determinó la sensibilidad antibiótica de los aislamientos mediante el sistema MicroScan®. Para los aislamientos de *Staphylococcus* se determinó la resistencia a oxacilina mediante PCR con la detección del gen mecA.

Resultados: Se recuperaron 36 aislamientos en 35/100 mujeres gestantes, de los cuales el 66.6 % fueron identificados como *S. haemolyticus*, el 25 % *S. agalactiae*, 2,7 % *S. conhii*, 2,7 % *S. sciuri* y el 2,7 % *S. auricularis*. Las complicaciones ginecóticas que presentaron las gestantes fueron amenaza de parto pretérmino 37,1 %, infecciones urinarias 31, 4%, ruptura prematura de membrana 8,5 % y corioamnionitis 2.8 %. Los aislamientos de *S. agalactiae* presentaron resistencia a tetraciclina, mientras que todos los SCN presentaron resistencia a oxacilina y sensibilidad para los demás antibióticos analizados.

Conclusiones: El hallazgo de SCN con predominio de *S. haemolyticus* sugiere que se continúen realizando estudios para comprender el papel de este microorganismo en las complicaciones de las gestantes y los recién nacidos.

72. Caracterización fenotípica y genotípica de Enterobacterias resistentes a carbapenémicos aisladas de siete departamentos de Colombia

Laura María Rey Ramírez, Miguel Ángel Díaz Osorio, Sandra Yamile Saavedra Rojas

Instituto Nacional de Salud. Bogotá Colombia. lm2r25@gmail.com

Introducción: En Enterobacterias la resistencia a carbapenémicos está dada principalmente por carbapenemasas. El objetivo de este estudio fue caracterizar fenotípica y genotípicamente aislamientos de enterobacterias resistentes a carbapenémicos recuperados en hospitales de 7 departamentos, de febrero a abril de 2013.

Materiales y métodos: Los aislamientos fueron enviados por Antioquia, Atlántico, Bogotá, Boyacá, Cundinamarca, Santander y Valle. La confirmación de género se realizó por sistema automatizado y la sensibilidad por Kirby Bauer, la detección fenotípica de carbapenemasas se realizó usando el test modificado de Hodge "TMH" y pruebas de sinergia con EDTA/SMA y ácido borónico "APB". Los genes blaKPC, blaVIM, blaIMP y blaNDM se identificaron por PCR múltiple. La relación genética se estableció por REP-PCR para *E. coli* y ERIC-PCR para *K. pneumoniae* y *E. cloacae*, los dendogramas se realizaron usando coeficiente DICE y el algoritmo UPGMA. Los grupos fueron definidos con 84% de similitud para *K. pneumoniae*, 86 % para *E. coli* y *E. cloacae*.

Resultados: Se incluyeron 34 aislamientos de *K. pneumoniae*, 11 de *E. cloacae*, 8 *E. coli* y 1 *C. freundii*; de estos 48 fueron positivos para TMH, 40 para APB y 1 para EDTA/SMA. En el 85,2% de los aislamientos se confirmó KPC, el 3,7% fue positivo para VIM, el 1,8% presentó coproducción de KPC+VIM; y el 9,3% de los aislamientos fue negativo para las carbapenemasas analizadas. La tipificación permitió determinar 29 patrones en *K. pneumoniae* agrupados en 14 grupos, el grupo 7 conformado por 4 aislamientos de Valle, 2 de Antioquia y 1 de Santander; *E. cloacae* presentó 7 patrones en 5 grupos, el grupo 3 conformado por 7 aislamientos de Santander y *E. coli* con 8 patrones y 6 grupos.

Conclusiones: En los aislamientos estudiados la carbapenemasa tipo KPC fue la más frecuente. Se observaron patrones electroforéticos asociados con KPC en diferentes departamentos confirmando el éxito de la diseminación de *Klebsiella pneumoniae* con KPC en Colombia.

73. Factores de riesgo para la infección por enterobacterias resistentes a ertapenem en pacientes hospitalizados en dos instituciones de salud de alto nivel de complejidad de Medellín, 2010-2013.

Natalia Andrea Maldonado Lizarazo, Bibiana Castro Montoya, Indira Berrio Medina, Miguel Manjarrés, Carlos Robledo Restrepo, Jaime Robledo Restrepo.

Laboratorio Médico de Referencia, Clínica El Rosario. Medellín Colombia. investigaciones@labmedico.com

Introducción: El incremento en la incidencia de las infecciones por enterobacterias resistentes a carbapenémicos es motivo de preocupación a nivel mundial. Por ello, este estudio se realizó con el fin de determinar los factores clínicos y epidemiológicos relacionados con la infección por enterobacterias resistentes a ertapenem en pacientes hospitalizados.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio retrospectivo de casos y controles entre enero de 2010 y julio de 2013 en dos instituciones de alta complejidad de Medellín. El grupo de casos estuvo constituido por 50 pacientes adultos con infecciones por enterobacterias resistentes a ertapenem y, como grupo control, se analizaron 100 pacientes adultos con infecciones por enterobacterias sensibles a este antibiótico. Por cada caso se seleccionaron dos pacientes para el grupo control considerando la misma especie de enterobacteria, en el mismo sitio anatómico de la infección. Un modelo multivariado de regresión logística se empleó para identificar los factores que mejor explican la infección enterobacterias resistentes a ertapenem, empleando el programa SPSS® (IBM SPSS Statistics 21).

Resultados: Las especies más frecuentes con resistencia a ertapenem fueron *Enterobacter cloacae* (46,0%) y *Klebsiella pneumoniae* (24,0%) y se aislaron, en su mayoría, a partir de infecciones del tracto respiratorio (28,0%), torrente sanguíneo (24,0%) y tracto urinario (24,0%). En el análisis multivariado se encontró que la exposición previa a carbapenémicos (OR ajustado 3,43; IC95 % 1,08-10,87) y a cefepima (OR ajustado 6,46; IC95% 1,08-38,38) son los factores asociados a la infección por enterobacterias resistentes a ertapenem en la población estudiada.

Conclusiones: Este estudio mostró que la exposición previa a antibióticos, en particular a carbapenémicos y a cefepima, es el factor que mejor explica la infección por enterobacterias resistentes a ertapenem en los pacientes estudiados, lo que pone de relieve la importancia de los programas institucionales de uso racional de antibióticos.

74. Factores de riesgo para la infección o colonización por gérmenes resistentes a los carbapenémicos en una clínica de tercer nivel en Chía, Colombia.

Julio César García Casallas, Sergio Amaya Méndez, Wilson Briceño Castellanos.

Clinica Universidad de La Sabana. Chía, Colombia.
julio.garcia@unisabana.edu.co

Introducción: La determinación de los factores de riesgo para la infección o colonización por gérmenes resistentes a carbapenémicos permite establecer protocolos para minimizar su diseminación en el ámbito hospitalario y optimizar la utilización de los recursos. El objetivo del presente trabajo es determinar mediante un estudio de casos y controles los factores de riesgo para infección o colonización por gérmenes resistentes a carbapenémicos.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio retrospectivo de casos y controles en pacientes hospitalizados desde enero de 2010 hasta Septiembre de 2013 en una Clínica Universitaria de tercer nivel en Chía, Colombia. Los casos se definieron como pacientes hospitalizados en quienes se aisló en cultivo de cualquier muestra biológica algún germen resistente a antibióticos carbapenémicos con confirmación mediante el Test de Hodge. En caso de *Pseudomonas aeruginosa* se incluyeron pacientes con reporte de resistencia a algún carbapenémico con actividad frente a esta bacteria y los controles pacientes con aislamiento microbiológico en cualquier muestra de algún micro organismo sensible a todos los carbapenémicos. Los criterios de inclusión fueron pacientes hospitalizados entre el 2010 hasta septiembre de 2013, mayores de 15 años, aislamiento de microorganismo resistente a carbapenémicos con Test de Hodge positivo para los casos y sensibilidad a todos los carbapenémicos para los controles. El apareamiento se hizo 1:1 por origen de la muestra biológica y el microorganismo aislado. Cuando se identificó más de un control que cumpliera con las variables de emparejamiento por caso, el control fue elegido al azar.

Resultados: 85 pacientes cumplieron los criterios de inclusión del estudio (casos: 44, controles: 41) sin embargo para 3 casos de osteomielitis por *P.*

aeruginosa no se encontró control, para un total de 82 pacientes analizados. Dentro de los casos 27 eran hombres (65,9 %) y 14 mujeres (34,1%). En los controles hubo 23 hombres (56,1%) y 18 mujeres (43,9%). El promedio de edad de los casos fue de 56,5 ± 21,5 y en controles 56,9 ± 20,8. Se incluyeron 24 variables como posibles factores de riesgo. 5 fueron estadísticamente significativas. El uso de antibióticos carbapenémicos (OR 10,5; Mc Nemar 15,7), inhibidores de betalactamasas (OR 4,8; Mc Nemar 9,8), cefalosporinas de 1ª generación (OR 3; Mc Nemar 5), hospitalización previa en los últimos 3 meses (OR 7,5; Mc Nemar 9,9) y el uso de catéter central de inserción periférica (Mc Nemar 11). 66 pacientes (80,5%) tenían infección, 31 casos (75,6%) y 35 controles (85,4%). Esta clasificación se hizo de acuerdo a la interpretación del grupo investigador según lo consignado en las historias clínicas. Se utilizaron diferentes esquemas antibióticos para el tratamiento de los casos. El antibiótico más utilizado fue la polimixina en 16 pacientes seguido de carbapenémicos en 14 pacientes. 9 pacientes recibieron amiglicósido, 6 tigeciclina, 5 piperacilina tazobactam, 3 cefepime, 2 quinolonas y 2 fosfomicina por vía oral. De los 31 casos incluidos infectados 20 (64,5%) recibieron tratamiento con 2 o más antibióticos. La politerapia más utilizada fue Polimixina + Carbapenémico en 6 pacientes (30%), y 7 pacientes (35%) recibieron 3 medicamentos de los cuales Polimixina + Tigeciclina + Carbapenémico fue la más utilizada en el 28,5%.

Conclusiones: Los factores de riesgo para la infección o colonización por microorganismos resistentes a carbapenémicos dentro de la institución son la hospitalización previa en los últimos 3 meses, el uso de catéter central de inserción periférica y el uso de antibióticos inhibidores de betalactamasas (ampicilina/ sulbactam-piperacilina/ tazobactam), carbapenémicos y cefalosporinas de 1ª generación. El principal microorganismo resistente a carbapenémicos responsable de las infecciones dentro de la Clínica es *P. aeruginosa*. No existen guías de manejo antibiótico para estas infecciones lo que hace que se utilicen múltiples esquemas de tratamiento. La restricción del uso de antimicrobianos mediante la estrategia stewardship es una de las medidas para prevención y control de estas infecciones.

75. Caracterización molecular de un brote de *Klebsiella pneumoniae* resistente a carbapenémicos en un hospital de alto nivel de complejidad de Medellín, Colombia

Ana María Ocampo Ríos, Carlos Andres Vargas Alzate, Patricia María Sierra Viana, Astrid Vanessa Cienfuegos Gallet, Judy Natalia Jimenez Quiceno.

Universidad de Antioquia. Medellín Colombia.
vanessa.cienfuegos@gmail.com

Introducción: La caracterización molecular de brotes causados por microorganismos resistentes permite refinar el análisis epidemiológico sobre la emergencia y diseminación de la resistencia, lo cual aporta información relevante para el diseño de estrategias adecuadas de control de infecciones. El objetivo del estudio fue describir las características moleculares de un brote de *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos ocurrido en un hospital de alto nivel de complejidad de Medellín, 2009-2010.

Materiales y métodos: Estudio observacional transversal. En la institución hospitalaria a partir de la historia clínica se recolectaron características clínico-epidemiológicas de los pacientes, se realizó antibiograma empleando Vitek2®, y caracterización de carbapenemasas mediante test de Hodge, PCR y secuenciación. La relación genética entre los aislamientos se evaluó mediante PFGE y MLST.

Resultados: Se analizaron 84 pacientes hospitalizados en UCI, 32 infectados y 52 colonizados por *K. pneumoniae* resistente a carbapenémicos. La mayoría fueron hombres (56%) de edad adulta (mediana 66 años, RIC 55-78). Los pacientes fueron tratados principalmente por medicina interna (29,8%) y la infección de tracto urinario fue la más frecuente (40,6%). El análisis molecular reveló que los aislamientos eran portadores de KPC-3. El análisis genético por PFGE reveló la presencia de un clon predominante entre los pacientes infectados y colonizados (58/64 aislamientos), perteneciente al linaje ST258.

Conclusiones: La caracterización molecular reveló la presencia de un clon portador de KPC-3, de ST258 similar a un clon asociado a un brote en otro hospital de la ciudad de Medellín. El ST258 ha mostrado una diseminación global, lo que advierte el potencial de diseminación de resistencia en el país. Estos resultados evidencian que la implementación de herramientas moleculares para apoyar la vigilancia epidemiológica es útil para evaluar la diseminación de microorganismos de interés en salud pública.

Financiación: Colciencias, código 111554531404.

76. Emergencia de cepas de *Enterobacter cloacae* resistentes a ertapenem no productores de carbapenemasas, Medellín, Colombia.

Ana María Ocampo Rios, Astrid Vanessa Cienfuegos Gallet, Erika Andrea Rodríguez Tamayo, Gustavo Roncancio Villamil, Patricia Sierra Viana M, Sigifredo Ospina Ospina, Lina María Echeverri Toro, Carlos Robledo, Andrea Restrepo, Judy Natalia Jiménez Quiceno.
Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
 anamariaocamporios@gmail.com

Introducción: En los últimos años, ha aumentado la frecuencia de *Enterobacter cloacae* resistente a carbapenémicos (Ec-CR). En este estudio se reporta la emergencia de un fenotipo poco común de (CR-Ec).

Materiales y métodos: Estudio transversal, realizado en 5 instituciones de Medellín que incluyó aislamientos de Ec-CR (julio 2012 - diciembre 2013). Para la Identificación y el antibiograma se empleó el sistema Vitek2®, Seguidamente se detectaron carbapenemasas mediante test tridimensional (3D) y PCR para los genes blaKPC, -VIM, -IMP -NDM y -OXA-48. La tipificación molecular se realizó mediante PFGE

Resultados: Se incluyeron 95 aislamientos, de los cuales el 95% fueron productores de carbapenemasas según el test 3D. Sin embargo, solo se encontró la carbapenemasa KPC-2 en el 39% de los aislamientos (n=37), y no se encontraron genes de otras carbapenemasas. Por otro lado, los aislamientos que fueron negativos para los genes de las carbapenemasas mostraron resistencia únicamente a ertapenem y sensibilidad a imipenem y meropenem. En contraste, las cepas productoras de KPC mostraron altas CIMs para todos los carbapenémicos. Adicionalmente, la mayoría de cepas productoras de KPC fueron resistentes a cefepime, mientras que las cepas no productoras mostraron alta resistencia a tigeciclina. El análisis de PFGE mostró diferentes pulsotipos entre estos dos grupos de cepas

Conclusiones: En este estudio se reporta un aumento en la frecuencia de diferentes clones de Ec resistente a ertapenem no productores de carbapenemasas. El mecanismo de resistencia en estos aislamientos se encuentra actualmente bajo investigación. Una posible hipótesis es la sobreproducción de B-lactamasas AmpC/BLEEs sumada a defectos en porinas, lo cual típicamente confiere resistencia al ertapenem pero no a los demás carbapenémicos y puede generar falsos positivos en las pruebas fenotípicas. La emergencia de estas cepas complica las decisiones terapéuticas, ya que los carbapenémicos diferentes al ertapenem siguen siendo activos contra estas bacterias

77. OXA-2 B-lactamasa en aislamientos de *Pseudomonas aeruginosa* con mutaciones en región QRDR

Pedro Javier Martínez Ramos, Salim Mattar Velilla.
Universidad de Córdoba. Montería, Colombia.
 pjmartinez@hotmail.com

Introducción: Investigar mutaciones en los genes gyrA, gyrB, parC y parE en los aislamientos de *P. aeruginosa* con resistencia a fluoroquinolonas y detección de genes b-lactamasa de espectro extendido.

Materiales y métodos: Veintinueve aislamientos de *P. aeruginosa* resistentes a fluoroquinolonas fueron estudiados. Mutaciones en los genes gyrA, gyrB, parC y parE se detectaron por secuenciación. Genes B-lactamasas de espectro extendido blaPSE, blaCARB, blaOXA, blaPER, blaCTX-M, blaSHV y blaTEM fueron estudiados. Los productos amplificados fueron purificados y clonados en el vector PCR 2.1-TOPO y secuenciados. PFGE fue realizada al ADN de los aislamientos de *P. aeruginosa* y la restricción se realizó con XbaI.

Resultados: Mutaciones en gyrA se presentaron en 26 aislamientos con mutación importante de Thr-83→Ile (ACC→ATC), y en 11 aislamientos con mutación en parC de Ser-87→Leu (TCG→TTG), aunque se presentaron mutaciones en los genes gyrB y parE estas no se presentaron en sitios importantes responsables de la resistencia a fluoroquinolonas. De los 29 aislamientos, solo 9 fueron positivos para la amplificación de genes B-lactamasas estos fueron blaOXA, la secuenciación de los productos revelaron la presencia de blaOXA-2. La tipificación por PFGE de los 29 aislamientos mostró 6 perfiles con 2 a 6 aislamientos por perfil y 13 aislamientos con único perfil. Cuatro aislamientos productores de OXA-2 se encontraron en un mismo cluster.

Conclusiones: Mutaciones en gyrA se presentaron en 26 aislamientos con mutación importante de Thr-83→Ile (ACC→ATC), y en 11 aislamientos con mutación en parC de Ser-87→Leu (TCG→TTG), aunque se presentaron mutaciones en los genes gyrB y parE estas no se presentaron en sitios importantes responsables de la resistencia a fluoroquinolonas. De los 29 aislamientos, solo 9 fueron positivos para la amplificación de genes B-lactamasas estos

fueron blaOXA, la secuenciación de los productos revelaron la presencia de blaOXA-2. La tipificación por PFGE de los 29 aislamientos mostró 6 perfiles con 2 a 6 aislamientos por perfil y 13 aislamientos con único perfil. Cuatro aislamientos productores de OXA-2 se encontraron en un mismo cluster.

78. Etiología de las infecciones asociadas a la atención en salud: Diferencias en los perfiles de sensibilidad entre servicios de UTI y no UTI

Luis Carlos Prada Benavides, Andrea Pérez Jaramillo, Laura Carolina Restrepo Carvajal, Alejandro Eusse García, Elizabeth Ramírez Madrigal, Carolina Delgado, Diana Paola Cuesta Castro, Francisco José Molina Saldarriaga, Carlos Andrés Agudelo Restrepo.
Clinica y escuela de ciencias de la salud, Universidad Pontificia Bolivariana y E. Medellín, Colombia. carlosagudelo@yahoo.com

Introducción: Hay pocas investigaciones en el medio que describan la etiología y los perfiles de sensibilidad de los microorganismos relacionados con las infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS) en otros servicios diferentes a cuidado crítico (UTI).

Se describe la etiología de las IAAS en una institución de salud y los perfiles de sensibilidad discriminados por UTI y servicios no UTIs

Materiales y métodos: Reporte descriptivo de las IAAS ocurridas entre junio de 2012 y abril de 2014. Todas las IAAS fueron clasificadas según los criterios de CDC/NHSN. La información fue almacenada prospectivamente en una base de datos.

Resultados: Ocurrieron 547 episodios de IAAS con 355 aislamientos microbiológicos, en 40 casos los cultivos fueron y en 152 no se obtuvieron muestras. La ISO fue la IAAS más frecuente (267, 49%), luego ITU asociada a sonda con 99 episodios (18%), NAV con 77 episodios (14%), bacteriemia asociada a catéter (BAC) con 66 episodios (12,1%) y la flebitis bacteriana con 38 episodios (7%). En la ISO, el principal germen fue *S. aureus* (12%), en ITU fue *E. coli* (42%), en NAV fue *K. pneumoniae* (20%), en BAC fue *S. epidermidis* (27%) y en flebitis fue *S. aureus* (21%). En UTI el *S. aureus* presentó una sensibilidad a meticilina de 80 % frente a 62 % de no UTI, *E. coli* la sensibilidad a ampicilina/sulbactam fue de 57% en UTI y 44% en no UTI y a gentamicina del 88% en UTI y 71% en no UTI; *K. pneumoniae* tuvo sensibilidad a piperacilina/tazobactam del 76% en ambos servicios y a meropenem del 88% en UTI y 97% en no UTI; *P. aeruginosa* tuvo sensibilidad a piperacilina/tazobactam del 100% en UTI y 80% en no UTI, la sensibilidad del cefepime fue 100% en UTI y 87% en no UTI.

Conclusiones: Se encontraron diferencias en el perfil de sensibilidad antimicrobiana entre los servicios de UTI vs otros servicios no UTI; muchos de ellas por menor sensibilidad a los antimicrobianos en este último grupo quizás por una mayor vigilancia, mejor implementación de las estrategias de prevención y un uso racional de antibióticos en las UTI.

VIROLOGÍA - PRESENTACIONES EN POSTER

79. Evaluación bibliométrica de las contribuciones de la literatura latinoamericana en dengue

Felipe Vera Polanía, Yuliana Perilla González, Dayron Fernando Martínez Pulgarín, Juan David Baquero Rodríguez, Marcela Muñoz, Guillermo Javier Lagos Grisales, Soraya Villegas, Alfonso J. Rodríguez-Morales.
Grupo SIDA y Otras Enfermedades Infecciosas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia. arodriguezmt@utp.edu.co

Introducción: El dengue es una enfermedad viral de gran importancia en Latinoamérica y un problema de salud pública mundial, a pesar del esfuerzo en prevención y control, se estima que en América existen 13 millones de afectados. Se realizó una evaluación sobre las contribuciones de la investigación latinoamericanas en dengue.

Materiales y métodos: Estudio bibliométrico en SCI (1980-2013), MEDLINE/GOPUBMED (1802-2013), Scopus (1959-2013), SCIELO (2004-2013), LILACS (1980-2013). Se incluyen estudios caracterizándolos por años, origen, revista de publicación y autores con mayor contribución, por países, citas y H index.

Resultados: En SCI, se encontraron 2598 artículos (21% del total). Brasil fue el que mayor aportes hizo (31,2%), luego Puerto Rico (12,9%) y México (10,7%). En Scopus hay 2646 (16,7% del total), 31,2% de Brasil, 11,1% de México, 9,3% de

Cuba; la región recibió 41881 citas, 25,4% de Brasil (H index=45), 14,4% de Cuba (H index=35) y 12,88% de Puerto Rico (H index=38); 9,1% en Brasil fueron de la Fundação Oswaldo Cruz; 1,6% de México corresponde al Instituto Nacional de Salud Pública, 4,9% de Cuba son del Instituto de Medicina Tropical Pedro Kouri. En Medline hay 2799 registros (33,9% de Brasil). En SciELO hay 825 registros (46,6% Brasil). En LILACS hay 1178 registros (46,8% Brasil).

Conclusiones: Brasil es el mayor productor de la región, así como Puerto Rico probablemente ello este asociado con lo que representa la carga de la enfermedad. La producción científica en bases de datos, especialmente regionales, es baja, frente a la importancia de una enfermedad de gran impacto en zonas urbanas de la región.

80. Clonación, expresión y purificación de la proteína NS1 del virus Dengue 2

Maria Isabel Giraldo Giraldo, Leonardo Padilla Sanabria, Oscar Vargas, Leidy Lorena García Ariza, Jhon Carlos Castaño Osorio.
Universidad del Quindío. Armenia, Colombia.
mariamona2003@yahoo.com

Introducción: El virus dengue pertenece a la familia Flaviviridae, género Flavivirus, de amplia distribución mundial, es transmitido por el vector *Aedes aegypti* y *Aedes albopictus*. El genoma viral codifica una poliproteína que se escinde en 10 proteínas (C, prM, E, NS1, NS2A, NS2B, NS3, NS4A, NS4B, y NS5). La proteína NS1 pesa 45 kDa, juega un papel importante en la replicación viral, en el ensamblaje y maduración del virión. Clonar expresar y purificar la proteína NS1 del virus dengue 2.

Materiales y métodos: Se realizó ligación del gen de la proteína NS1 con el vector de clonación pGEM-T y subclonado en el vector de expresión pGEX-5X-1, se procedió a realizar la transformación de células *E. coli* BL21 con el recombinante pGEX-5X-1-NS1 para la expresión de la proteína de fusión GST-NS1. Se incubaron a 37 °C a 170 rpm en medio LB líquido con ampicilina 200 µg/mL hasta alcanzar D.O. 0,3. Se adicionó IPTG a 5 concentraciones diferentes (0,1 - 0,3 - 0,5 - 1 y 2 mM). Para identificar la proteína recombinante GST-NS1, se utilizó western blot y una prueba diagnóstica de inmunocromatografía rápida, para la detección del antígeno NS1. Se purificó por medio de elución en gel.

Resultados: Se logró clonar y expresar la proteína NS1 del DENV-2, usando como vector el plásmido pGEX-5X-1 y como sistema de expresión la bacteria *E. coli* BL21, la expresión de la proteína recombinante GST-NS1 se logró a partir de la adición de IPTG 0,1 mM. Por medio del western blot se pudo identificar una banda de aproximadamente 67 kDa y la prueba rápida inmunocromatográfica nos permitió corroborar la expresión de la proteína en el sistema procarionota. Se logró purificar la proteína por elución en gel obteniendo una única banda con una concentración de 300 mg/mL.

Conclusiones: La proteína recombinante producida en el laboratorio, reduce los costos de producción tanto por la cantidad de inductor requerido como por el tiempo mínimo de expresión, lo cual nos permitirá continuar con la evaluación de estas proteínas en infección viral.

81. Vigilancia del virus de la coriomeningitis linfocítica (LCMV) en roedores reservorios de Córdoba, Colombia.

Justiniano Jose Arrazola Diaz, Andres Londoño, Jorge Salazar Bravo, Esteban Arroyave, Juan David Rodas, Salim Matar.
Hospital Universitario de Sincelejo. Sincelejo, Colombia.
juarrazola02@hotmail.com

Introducción: En Colombia no existen estudios de vigilancia epidemiológica para el virus de la coriomeningitis linfocítica (LCMV) en roedores reservorios ni en humanos, por lo que se desconoce su impacto en salud pública. Objetivo. Realizar una vigilancia del LCMV en roedores de la subfamilia Murinae y Sigmodontinae, en tres municipios de Córdoba

Materiales y métodos: Entre 2008 y 2009, se atraparon roedores en trampas tipo Sherman en los municipios: Loricá, Sahagún y Montería (Córdoba). Los ambientes muestreados incluyeron áreas domésticas, peri domésticas y agrícolas. El índice de densidad relativa se utilizó para estimar la abundancia de la población de roedores en las diferentes áreas de trapeo. Para la detección de anticuerpos IgG por ELISA se utilizaron antígenos de LCMV preparados a partir de células L-929 infectadas con la cepa Cba An 13065 aislada en Argentina.

Resultados: En 25 noches, con un éxito de trapeo del 11%, fueron capturados 332 roedores de las siguientes especies: *Zygodontomys brevicauda*: n=189 (56,92%); *Oligoryzomys fulvescens*: n=29 (8,73%); *Heteromys anoma-*

lus: n=6 (1,8%); *Oecomys concolor*: n=1 (0,3); *Proechimys*: n=1 (0,3); *Rattus rattus*: n=35 (10,54%); *Mus musculus*: n=71 (21,38%). La seroprevalencia de anticuerpos IgG contra LCMV en el reservorio *Mus musculus* y en roedores de la subfamilia Sigmodontinae fue del 0%.

Conclusiones: Este es el primer abordaje metodológico para el estudio del LCMV en los reservorios de un área de Colombia, la ausencia de animales seropositivos no indica que el virus esté fuera de circulación, el modelo de estudio propuesto puede implementarse en otras zonas de Colombia.

82. Seroprevalencia del Arnavirus guararito (GTOV) en roedores de importancia en salud pública del departamento de Córdoba, Colombia.

José Barrios Perez, Jorge Salazar Bravo, Salim Matar.
Hospital Universitario De Sincelejo. Sincelejo, Colombia.
jodabapez30@yahoo.com

Introducción: La Fiebre Hemorrágica Venezolana (FHV) es ocasionada por el virus Guararito (GTOV). Determinar la seroprevalencia del virus Guararito en roedores sigmodontinos

Materiales y métodos: Se realizó un estudio de tipo descriptivo-prospectivo de corte transversal, para determinar la seroprevalencia del arnavirus Guararito en roedores reservorios del Departamento de Córdoba, Colombia. La captura de roedores se realizó con trampas tipo Sherman para capturas vivas (Sherman Traps, Inc., Tallahassee, FL). La identificación de los animales fue realizada en el laboratorio de Mastozoología Neotropical en Texas Tech University (USA) por Jorge Salazar-Bravo y colaboradores. El estudio serológico de los roedores, para la detección de anticuerpos IgG se llevó a cabo por el método de inmunofluorescencia indirecta cuantificada y la técnica de ELISA. Las capturas de los roedores para el estudio se realizaron entre 2008 y 2009, los ambientes muestreados incluyeron áreas domésticas, peri domésticas y agrícolas

Resultados: En 25 noches, con un éxito de trapeo del 11%, fueron capturados 332 roedores de las siguientes especies: *Zygodontomys brevicauda*: n=189 (56,92%); *Oligoryzomys fulvescens*: n=29 (8,73%); *Heteromys anomalous*: n=6 (1,8%); *Oecomys concolor*: n=1 (0,3); *Proechimys*: n=1 (0,3); *Rattus rattus*: n=35 (10,54%); *Mus musculus*: n=71 (21,38%). La seroprevalencia de anticuerpos IgG contra arnavirus en el reservorio natural *Zygodontomys brevicauda* y en roedores *Oligoryzomys fulvescens* resultó 8(3,81%) *Zygodontomys brevicauda* y 1 (0,47%), *Oligoryzomys fulvescens* con títulos altos de anticuerpos contra arnavirus. De los 189 *Zygodontomys brevicauda* capturados se encontraron 2 (1%) con anticuerpos contra arnavirus Guararito y 5 (2,38%) con anticuerpos contra arnavirus Pichindé utilizando ensayos de inmunofluorescencia indirecta IFA.

Conclusiones: Se logró detectar anticuerpos contra el virus Guararito en su reservorio natural, lo cual evidencia la circulación de éste virus en el Departamento de Córdoba.

83. Genotipos de rotavirus circulantes en Colombia, 2009-2013.

Dioselina Peláez.
Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia. dpelaez@ins.gov.co

Introducción: La Enfermedad diarreica aguda (EDA) en Colombia continúa siendo un evento importante en salud pública a pesar del descenso en la tasa de mortalidad reportada en los últimos 10 años. Uno de los patógenos más frecuentemente asociado a EDA en menores de cinco años es el rotavirus, razón por la cual el Programa Ampliado de Inmunizaciones introdujo la vacuna monovalente Rotarix® en 2009. Esto generó la necesidad de monitorear la circulación y distribución de genotipos de rotavirus y la aparición de nuevas cepas en el país.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo caracterizando genotipos de rotavirus por PCR multiplex semianidada o secuenciación de genoma viral en muestras fecales recolectadas dentro del centinela de EDA por rotavirus en menores de cinco años y de brotes en población general notificados al SIVIGILA del 2009-2013.

Resultados: Se procesaron 653 muestras fecales procedentes de 11 departamentos, las cuales habían sido positivas para rotavirus por ELISA tipo sándwich. Se caracterizaron 633 y no fueron tipificables 20. G1P[6] fue el genotipo más frecuente en 2009, G2P[4] de 2010 a 2013 y diversas combinaciones G y P en 2009, 2012 y 2013. Se identificó circulación de G12 P[8] en 2013. G1P[8] fue detectado en 2009.

Conclusiones: La distribución de genotipos de rotavirus en Colombia durante 2009-2013 se muestra diversa en variantes genéticas y frecuencia por

periodo. La aparición y sostenimiento de G2P[4] en los tres últimos años, pareciera no estar relacionada a presión inmunológica post introducción de la vacuna sino más bien a procesos de evolución viral.

84. Estandarización de toma de muestra para inmunocitoquímica p16INK4a/Ki-67, detección de las oncoproteínas E6/E7 y prueba de VPH (Reflex testing) para la detección de lesiones cervicales en mujeres referidas a un centro de colposcopia en Medellín, Colombia.

Arianis Tatiana Ramirez Pineda, Carolina Lopez, Carlos Arturo Buitrago Duque, Gloria Ines Sánchez Vasquez.
Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
arianis3030@gmail.com

Introducción: El cáncer de cuello uterino es la tercera causa de muerte a nivel mundial entre las mujeres. Se ha demostrado que la expresión simultánea del inhibidor de cinasas dependientes de ciclinas p16INK4a y la proteína Ki-67, así como la expresión continua de los oncogenes E6 y E7 del virus del papiloma humano (VPH) en células epiteliales del cérvix, es signo de malignidad de la infección por VPH oncogénico. Es necesario evaluar la utilidad clínica de la inmunocitoquímica de p16INK4a/Ki-67 y la detección de E6/E7 como posible estrategia de triage de mujeres VPH positivo.

Materiales y métodos: Se incluyeron 195 mujeres con citologías anormales referidas a colposcopia. Antes de aplicar ácido acético y tomar biopsia, se tomó una muestra de exfoliado cervical con el citocepillo Cervex-Brush®. El frotis fue extendido sobre portaobjetos Superfros/Plus-Fisherbrand® e inmediatamente fijados. El mismo citocepillo se transfirió a un medio de transporte para la posterior detección de ADN del VPH y oncoproteínas E6/E7. Se estimaron los porcentajes de pruebas positivas de acuerdo al diagnóstico histopatológico.

Resultados: El porcentaje de positividad de VPH de acuerdo al diagnóstico histopatológico fue: <NIC1 49%, NIC1 69%, NIC2 90%, NIC3 92% y cáncer cervical 100%. El 51% de las muestras fueron positivas para p16INK4a/Ki67. El porcentaje de positividad de p16INK4a/Ki67 de acuerdo al diagnóstico histopatológico fue: <NIC 27%, NIC1 31%, NIC2 79%, NIC3 90% y 100% en cáncer. El porcentaje de positividad de E6/E7 de acuerdo al diagnóstico histopatológico fue: NIC1 9%, NIC2 29%, NIC3 0% y 25% en NIC2 o más.

Conclusiones: Es viable la detección simultánea de p16INK4a/Ki67, E6/E7 y ADN del VPH en una misma muestra. Estos resultados son preliminares y necesitan ser validados en una población de tamizaje. De ser confirmados estos resultados, la detección de p16INK4a/Ki67 disminuiría hasta en un 35% la cantidad de mujeres que necesitan ser referidas a colposcopia.

85. Caracterización molecular del virus de la Hepatitis E en cerdos faenados para consumo humano en Antioquia.

Jorge Eduardo Forero, Cristian Camilo Gutierrez, Jaime Eduardo Parra, Guillermo Correa, Berardo de Jesus Rodríguez, Lina Andrea Gutiérrez B, Francisco Javier Diaz, Albeiro López-Herrera.
Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ciencias Agrarias. Departamento de Producción Animal, Grupo Biodiversidad y Genética Molecular BIOGEM. Medellín, Colombia.
jforeroduarte@gmail.com

Introducción: El Virus de la hepatitis E (VHE) es un virus que puede ser transmitido a los humanos por vía fecal oral a través de agua o alimentos contaminados. Se considera que el cerdo es la principal fuente de infección para el humano, dado que se ha encontrado una alta similitud entre las cepas que afectan humanos con las detectadas en los cerdos. Estudios realizados en Antioquia han mostrado la presencia de anticuerpos en humanos y cerdos, el objetivo del estudio fue determinar las cepas del virus que circulan en los cerdos para consumo humano en Antioquia.

Materiales y métodos: muestras de hígado y heces tomadas al azar en cerdos de 5 plantas de beneficio porcino de la región, al igual que muestras de hígados obtenidos en expendios de carne en Medellín fueron sometidas a extracción de RNA, con posterior detección de los marcadores moleculares ORF1 y ORF2 del VHE por medio de RT-PCR. La positividad en hígados y heces fue variable y todos los productos amplificados fueron enviados a secuenciación bidireccional y luego analizados filogenéticamente.

Resultados: El árbol filogenético de los fragmentos amplificados reveló

que las cepas circulantes en Antioquia forman tres clados diferentes sin restricción por subregiones, los cuales pertenecen al genotipo 3 subgenotipo a y son similares a las secuencias identificadas en Japón y los Estados Unidos.

Conclusiones: El VHE está circulando libremente entre los cerdos de las diferentes regiones de Antioquia y la diversidad genética entre cepas sugiere que posiblemente se han presentado varias introducciones del virus al país.

86. Efecto de la inhibición de las histonadesacetilasas en la inducción de apoptosis y la activación de NF-kb durante la infección con virus dengue.

Eliana P. Calvo, Felix G. Delgado, Jaime E. Castellanos.
Grupo de Virología, Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia.
delgadofelix@unbosque.edu.co

Introducción: Nuestro grupo ha encontrado evidencia que sugiere que la inhibición de las histona desacetilasas (HDAC) usando tricotostatina A (TSA) o ácido valproico (AV), logra disminuir de manera significativa la producción de TNF- α e IL-6 en células mononucleares de sangre periférica (CMSP) infectadas con DENV. Las consecuencias de este tratamiento en la supervivencia celular y la activación de factores de transcripción durante la infección, no han sido descritas aún. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de TSA y AV en la inducción de apoptosis y la activación de NF-kB en un modelo de infección in vitro con DENV.

Materiales y métodos: CMSP fueron expuestas a AV (1, 2 y 4mM) o TSA (200 nM) por 24 horas y se analizó su efecto apoptótico por citometría de flujo. Adicionalmente, CMSP fueron tratadas con TSA (200 nM), infectadas o no con DENV-2 y los extractos de proteínas citoplasmáticas fueron analizados por western blot para detectar la presencia de I κ B- α .

Resultados: CMSP fueron expuestas a AV (1, 2 y 4mM) o TSA (200 nM) por 24 horas y se analizó su efecto apoptótico por citometría de flujo. Adicionalmente, CMSP fueron tratadas con TSA (200 nM), infectadas o no con DENV-2 y los extractos de proteínas citoplasmáticas fueron analizados por western blot para detectar la presencia de I κ B- α .

Conclusiones: Las concentraciones empleadas de TSA y AV no inducen apoptosis en CMSP. Adicionalmente, las CMSP infectadas con DENV-2 no presentan cambios significativos en la activación de NF-kB cuando las HDAC son inhibidas por el TSA.

Trabajo financiado por la IV Convocatoria Interna para la Financiación de Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque.

87. Estandarización de un método para la detección y cuantificación del metapneumovirus humano (hMPV).

Lilia J. Bernal, Myriam L. Velandia-Romero, Jaime E Castellanos.
Grupo de Patogénesis Infecciosa, Universidad Nacional de Colombia; Grupo de Virología, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia. ljbernalc@unal.edu.co

Introducción: El hMPV, es uno de los agentes virales más importantes asociados a infecciones graves de las vías respiratorias superiores e inferiores, especialmente en niños pequeños y personas inmunosuprimidas. Sin embargo, es difícil de aislar en cultivos celulares por lo que se conoce poco sobre su biología. Adicionalmente las técnicas de laboratorio son dispendiosas y costosas, por lo que se requiere de nuevos métodos que contribuyan al diagnóstico y la investigación.

Materiales y métodos: En el marco del “Estudio de Vigilancia de virus respiratorios en Latinoamérica” una muestra de secreción nasal positiva para hMPV fue inoculada sobre células LLCMK2 para realizar el aislamiento, el cual se confirmó por inmunofluorescencia y RT-PCR. Los sobrenadantes se re-inocularon en medio con tripsina y se evaluó la formación de sincitios diariamente. Diluciones seriadas de la cosecha viral obtenida se inoculó sobre células LLCMK2 a las que se adicionó agarosa como *overlay*. Después del día 7, las monocapas se fijaron y tiñeron con Naphtol blue black para calcular el título viral a partir de las placas de lisis.

Resultados: En el presente estudio se realizó la estandarización de un método de detección y cuantificación práctico, económico y fiable para hMPV, que no había sido reportado previamente. Estos resultados, son de gran utilidad para los estudios de biología celular y molecular del hMPV.

Conclusiones: Se logró la estandarización de un método para la identificación y titulación de hMPV de una manera menos dispendiosa, más sensible y específica, sin la necesidad del uso adicional de anticuerpos.

88. Adquisición y persistencia de la infección genital por VPH en hombres.

Dayanne Rodríguez, Sandra Gómez, Liliana Díaz, Yeimy Gonzalez, José Manuel Varón, Carminia Varón, Pedro Moreno, Hernán Vargas. *Laboratorio de Salud Pública Distrital de Bogotá. Bogotá, Colombia. hernan.vargas@yahoo.com*

Introducción: La infección genital por el virus del papiloma humano (vph) en hombres contribuye al desarrollo de cáncer cervical. El objetivo de este estudio fue establecer los tipos de vph presentes bajo un modelo de adquisición y persistencia viral en hombres.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio de seguimiento donde se analizaron 51 muestras de hombres entre 18 y 63 años de edad, examinados tres veces en un intervalo de 3 y 6 meses. La colección de los datos se realizó mediante un cuestionario y la genotipificación de vph se realizó mediante Linear Array (Roche®).

Resultados: Al inicio del estudio el 37,25% (19/51) fueron positivos para vph y el 62,74% (32/51) fueron negativos, el 47,36% (9/19) corresponden a infecciones únicas y el 52,63% (10/19) a infecciones múltiples. Luego de 3 meses de seguimiento el 56,86% (29/51) permaneció negativo para VPH, el 89,47% (17/19) resolvió la infección, el 9,37% (3/32) la adquirió y el 10,52% (2/19) permaneció infectado. A los 6 meses de seguimiento el 96,55% (28/29) permaneció libre de infección, el 66,6% (2/3) la resolvió, el 23,52% (4/17) la adquirió y el 100% (2/2) permaneció infectado. La incidencia de la infección por vph fue de 6,25%, 5,55%, 5,88% y 7,69% para VPH 26, 51, 84 y cp6108, respectivamente.

Conclusiones: Este es el primer estudio Colombiano que evalúa dentro de un modelo epidemiológico la adquisición y persistencia de vph en hombres. Este proyecto fue financiado por el Laboratorio de salud pública de la secretaría de salud de Bogotá, Secretaría de salud de Ibagué y Colciencias.

89. La disminución de la expresión de proteínas del complejo ESCRT compromete la producción "in vitro" de Virus Dengue.

Claudia Bueno, Jacqueline Chaparro, Jaime Castellanos, Myriam Velandia. *Laboratorio de Virología, Laboratorio de Parasitología Molecular. Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia. mlvelandiaro@gmail.com*

Introducción: Algunos virus de la familia Flaviviridae, como el virus de la fiebre amarilla, de la encefalitis japonesa y de la hepatitis C, interactúan con proteínas del complejo ESCRT (endosomal sorting complex required for transport) para llevar a cabo el ensamblaje intracelular de partículas virales o para su liberación al medio extracelular. En la actualidad, se desconoce si el virus del dengue, otro flavivirus, utiliza la misma estrategia.

En este trabajo, usando ensayos de RNA interferente (iRNA), se estableció la participación de algunas proteínas del complejo ESCRT en la producción de virus dengue serotipo 2 (DENV2), en células A549.

Materiales y métodos: Inicialmente, se ajustaron las condiciones de infección y "knockdown" para evitar la pérdida de la viabilidad celular. Luego, las células A549 fueron infectadas con DENV2 y posteriormente fueron tratadas con iRNAs específicos contra algunas proteínas del complejo ESCRT por 48h. Para verificar el "knockdown" se monitoreó la transcripción y la síntesis de las proteínas de interés, utilizando ensayos de qPCR y Western blot (WB). Para establecer el efecto del "knockdown" sobre el ensamblaje y la liberación de las partículas virales, se hicieron ensayos de plaqueo usando sobrenadantes y monocapas lisadas. Las monocapas también se usaron para monitorear la transcripción viral y la síntesis de las proteínas virales mediante RT-PCR y WB.

Resultados: Con los ensayos de "knockdown" se logró una reducción evidente del mRNA y de la expresión de las proteínas del complejo ESCRT evaluadas. Para algunas de estas proteínas, la expresión disminuida condujo a la reducción de las partículas virales liberadas a los sobrenadantes, pero no a la disminución de la síntesis de RNA o proteínas virales intracelulares.

Conclusiones: Estos resultados sugieren que algunas proteínas del complejo ESCRT participan en la producción (ensamblaje y/o liberación) del virus dengue, sin afectar los procesos tempranos de infección.

90. Identificación por proteómica de posibles blancos terapéuticos para el Virus Dengue en células monocíticas.

Viviana Martínez, Marlen Martínez-Gutiérrez. *Grupo de Investigación para el Fortalecimiento de la Salud y el Bienestar-GIFOSABI. Universidad Cooperativa de Colombia. Bucaramanga, Colombia. Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales-PECET. Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. marlen.martinezg@campusucc.edu.co*

Introducción: Las líneas celulares monocíticas, como la línea U937, son ampliamente usadas para el estudio de la patogénesis producida por el Virus Dengue (DENV). Sin embargo, hasta el momento no se han realizado estudios para identificar cambios en su expresión proteica bajo condiciones de infección, lo que permitiría a su vez la identificación de posibles blancos terapéuticos. Por tal razón, nuestro objetivo fue identificar modificaciones en el proteoma de células U937 infectadas con dos cepas de DENV-2.

Materiales y métodos: Se realizó una caracterización de la infección (viabilidad celular por la técnica de MTT y replicación viral por RT-qPCR y plaqueo) en cultivos infectados con la cepa Nueva Guinea (DENV-2/NG) (asociada a Dengue) o la cepa DENV-2/16681 (asociada a Dengue Grave). En cultivos hermanos se realizó un proceso de obtención de proteínas, para ser separadas mediante electroforesis bidimensional. A continuación se detectaron las proteínas que tuvieron una expresión diferencial identificándolas por espectrometría de masas y análisis bioinformático.

Resultados: En células U937 infectadas con DENV-2/16681 se encontraron dos proteínas disminuidas y cinco proteínas aumentadas en comparación con células no infectadas. En células infectadas con DENV-2/NG se encontraron siete proteínas disminuidas y tres aumentadas en comparación con células no infectadas. Finalmente al comparar la expresión proteica entre cultivos infectados con DENV-2/16681 vs DENV-2/NG se encontraron cuatro proteínas disminuidas y nueve proteínas aumentadas. Entre ellas se encuentran proteínas involucradas en plegamiento de proteínas, transducción de señales, corte y empalme de RNA como tubulina, fosfolipasa C, ribonucleoproteína, entre otras.

Conclusiones: La infección con DENV modifica de manera diferencial la expresión de proteínas en células monocíticas, algunas de ellas involucradas en mecanismos de defensa celular y otras facilitando el desarrollo de la infección y la patogénesis del Dengue Grave (posibles blancos terapéuticos).

91. Análisis del programa de prevención y control de rabia de origen silvestre y su papel en el número de focos bovinos en el periodo 2001-2011.

Luz Marina Marín, Julian Ruiz-Saenz. *Grupo de Investigación en Ciencias Animales- GRICA. Universidad Cooperativa de Colombia. Bucaramanga, Colombia. Grupo Centauro. Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. julian.ruiz@campusucc.edu.co*

Introducción: En Colombia la rabia bovina es una enfermedad endémica para la cual se estableció un programa que busca su control y prevención a través de vacunación, control de vectores, seguimiento de focos y caracterización de zonas de riesgo. Este trabajo evalúa cómo la implementación de estas estrategias influye en el número de focos en el periodo 2001-2011.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio observacional retrospectivo, para el cual se construyeron y analizaron bases de datos a partir de información reportada por páginas oficiales del Instituto Colombiano Agropecuario ICA, la interfase-WAHID de la organización mundial de la salud animal-OIE, información suministrada por la Secretaría de Agricultura de Antioquia y el portal FEDEGAN. Se referenciaron focos confirmados como positivos por laboratorio, clasificados cronológicamente y por departamento. Adicionalmente se consultan y analizan resoluciones y documentos anexos que enmarcan el programa de prevención y control de la rabia de origen silvestre.

Resultados: Durante el estudio se evidencia una tendencia al aumento con 968 focos de rabia bovina notificados y confirmados como positivos, hay presencia de la enfermedad en el 62,5% de los departamentos, especialmente en Antioquia, Arauca, Atlántico, Casanare, Cesar, Chocó y Córdoba. La vacunación cubre el 9,95% de la población, el impacto económico no se ha precisado y el personal capacitado no es constante.

Conclusiones: El programa se respalda en una metodología bien descrita y un diagnóstico internacionalmente reconocido, sin embargo la tendencia de la enfermedad revela dificultades de ejecución y la baja cobertura de vacunación como método de prevención en la ganadería es un factor determinante.

MICOLOGÍA - PRESENTACIONES EN POSTER

92. Recuperación ambiental de *Cryptococcus neoformans* y *Cryptococcus gattii* en 5 ciudades de Colombia, y su asociación con condiciones ecológicas.

Norida Velez, Paola Castillo, María Inés Álvarez, Catalina de Bedout, Fabiola González, Patricia Escandón. *Grupo de Microbiología, Instituto Nacional de Salud; Universidad del Valle; Corporación para Investigaciones Biológicas, Universidad del Cauca. Bogotá, Colombia. p_escand@yaho.com*

Introducción: En Colombia, se han realizado varios estudios ecológicos los cuales describen la importancia ambiental del complejo; el presente trabajo hace parte de un estudio el cual pretende predecir posibles áreas endémicas del complejo en Colombia mediante la generación de un modelo de nicho ecológico. El objetivo fue recuperar aislamientos del complejo, realizar muestreos ambientales en 5 ciudades para caracterizarlos fenotípicamente, y determinar la posible relación entre algunas condiciones ecológicas y la distribución del hongo en diferentes hábitats.

Materiales y métodos: un total de 4501 muestras fueron recolectadas (2012-2013) en cinco ciudades: Bogotá, Cúcuta, Cali, Medellín, Popayán. Las muestras se procesaron con técnicas convencionales, el tipo molecular se determinó por huella digital con el iniciador (GTG)5. Los datos climáticos (humedad relativa, luz solar, temperatura y precipitación) fueron suministrados por el Instituto Nacional de Hidrología, Meteorología y Estudios Ambientales (IDEAM).

Resultados: De 4.501 muestras, se aislaron 599 aislamientos que correspondían a 238 (5,2%) muestras: 232 (97,4%) para *C. neoformans* var. *grubii*, 2 (0,8%) para *C. gattii* y 4 (1,6%) para *C. neoformans/C. gattii*. El 3,8% de las muestras se recuperó en Bogotá (17/446), 2% (10/495) Cúcuta, 3,1% (14/447) Cali, Medellín 0,8% (13/1515) y Popayán 11,5% (184/1598). Se aislaron 195 (82%) muestras positivas de excrementos de aves y 43 (18%) muestras de árboles. El tipo molecular VNI (n=232) fue el más común seguido de VNII (n=4) y VGIII (n=6). Se recuperaron en la temporada de lluvias 199 (83,6%) muestras en las ciudades de Popayán, Bogotá y Medellín y 39 (16,3%) muestras en la temporada seca en Cúcuta, Bogotá y Valle.

Conclusiones: Los estudios ecológicos son relevantes para la epidemiología de este patógeno, la continuidad de su investigación es importante para llegar a determinar las áreas donde el hongo puede encontrar condiciones favorables.

93. Evaluación de algunos genes involucrados en la respuesta a estrés oxidativo en los hongos dimórficos patógenos *Paracoccidioides brasiliensis* e *Histoplasma capsulatum*.

Diana Tamayo, Angela Lopez, Sebastián Herrera, Agostinho Almeida, Beatriz Gómez, Juan McEwen, Orville Hernández.

Unidad de Biología Celular y Molecular, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Medellín, Colombia. Instituto de Biología, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. 3 Unidad de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Medellín, Colombia. dianapto3@gmail.com

Introducción: *Paracoccidioides brasiliensis* (Pb) e *Histoplasma capsulatum* (Hc) son hongos dimórficos patógenos que infectan tanto individuos inmunocompetentes como inmunocomprometidos. La capacidad infecciosa, depende de su habilidad para detectar las condiciones del hospedero y responder a estas mediante la inducción de la expresión de proteínas involucradas en respuestas protectoras. Para poder neutralizar el arsenal fagocítico, Hc y Pb responden primariamente mediante la expresión de enzimas antioxidantes: SODs, catalasas, peroxidadas, glutatión peroxidadas y peroxiredoxinas. El objetivo de este trabajo fue por tanto, determinar la expresión de los genes SOD1, SOD3, CATP, GSH y de una Oxidasa Alternativa (AOX), bajo condiciones normales y durante la interacción con una línea celular de macrófagos activados. Esto nos permitió definir su importancia durante la interacción con el hospedero.

Materiales y métodos: Empleamos la cepa ATCC60855 de Pb y un aislamiento de Hc obtenido de un paciente. El ARN total de las levaduras se obtuvo usando TRIzol®; seguidamente realizamos la síntesis de ADNc y posteriormente la PCR en tiempo real empleando Maxima® SYBR Green. Los cambios en la expresión del ARNm fueron calculados usando la fórmula $2^{-\Delta\Delta CT}$, donde $\Delta\Delta CT$ es la diferencia en el threshold cycle (CT) entre el gen blanco y el gen normalizador β -tubulin.

Resultados: Observamos, tanto para Pb como para Hc un incremento en el perfil de expresión de éstos genes, principalmente luego de la interacción con macrófagos activados con IFN- γ .

Conclusiones: Éstos resultados permiten un mejor entendimiento de la pato-biología e interacción de Pb e Hc con el hospedero humano. Adicionalmente, estos datos nos permiten definir la relevancia de estos genes durante la evasión de la respuesta inmune, posiblemente incrementando la probabilidad de supervivencia durante la interacción hospedero-patógeno.

Financiado por Sostenibilidad 2013-2014 - Universidad de Antioquia, y Colciencias, 2213-52128253.

94. Actividad antifúngica de la terbinafina, la nistatina y el fenticonazol contra *Candida albicans* y *Candida parapsilopsis*.

Ana María García, Isaura Patricia Torres, Alvaro León Rúa, Oscar Mauricio Gómez, Ana María Aristizabal, Catalina De Bedout.

Corporación para Investigaciones Biológicas, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. agarcia@cib.org.co

Introducción: La dermatitis del área del pañal es un proceso inflamatorio agudo causado por la exposición prolongada a la humedad y a agentes irritantes como la orina y las heces. Su tratamiento y prevención se basa en el uso tópico de productos que generan barrera de contacto y humectación de la piel, mientras que el uso de cremas medicadas, con antifúngicos, se emplea cuando hay asociación con especies de *Candida*. El objetivo de este estudio fue determinar el perfil de susceptibilidad antifúngica a la terbinafina, nistatina y fenticonazol de dos especies de *Candida* aisladas a partir de muestras clínicas de pacientes colombianos.

Materiales y métodos: Para este fin se evaluaron aislamientos de *C. parapsilopsis* (n=6) y de *C. albicans* (n=6) obtenidos de lesiones de piel. Estas fueron identificadas con el sistema API *Candida* y se determinó la Concentración Inhibitoria Mínima (CIM), la Concentración Fungicida Mínima (CFM) y la el Tiempo Letal (TL) para cada aislamiento con cada antifúngico.

Resultados: Todos los aislamientos tuvieron CIMs bajos con los antifúngicos evaluados. Sin embargo, sólo la nistatina presentó actividad fungicida con CFM entre 1 y 2 $\mu\text{g/ml}$ y la curvas de TL con porcentaje de inhibición de crecimiento superior al 99%, a partir de las 8 horas de exposición al antifúngico para *C. albicans* y a partir de las 12 h en *C. parapsilopsis*. Los otros antifúngicos no alcanzaron estos valores en ninguno de los tiempos evaluados.

Conclusiones: La nistatina fue el agente antifúngico más potente contra todos los aislamientos, con efecto fungicida. Los valores del CFM y TL de la terbinafina y el Fenticonazol confirman su efecto fungistático, haciéndolos inadecuados para el tratamiento de candidiasis cutánea comparado con la nistatina. Sin embargo, se deben realizar nuevos estudios con un número mayor de aislamientos y otras especies de *Candida* para dar un panorama más amplio de su comportamiento en nuestras poblaciones nativas de *Candida*. Este proyecto cuenta con el patrocinio de Laboratorios Tecnoquímicas S.A.

95. Diseño de una estrategia de PCR en tiempo real para la evaluación de los niveles de expresión de los genes relacionados con resistencia a azoles (ERG11, AFR1 y MDR1) en aislamientos de *Cryptococcus grubii*.

Isaura Patricia Torres Gómez, Alvaro Rúa Giraldo, Juan Sebastian Herrera Noreña, Orville Hernandez Ruiz, Catalina de Bedout, Ana María García Cepero.

Unidad de Biología Celular Molecular, Corporación para Investigaciones Biológicas, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. juanherrera55@gmail.com

Introducción: La criptococosis es una micosis causada por el complejo de las especies *C. neoformans/C. gattii*. En países en vías de desarrollo el tratamiento de la criptococosis consta de la terapia de inducción con anfotericina B y la terapia de mantenimiento con fluconazol (FCZ). La resistencia al FCZ y la aparición de aislamientos sensibles dosis dependiente (SDD), así como de heterorresistencia, han sido descritas en aislamientos de *C. neoformans* var. *grubii* de pacientes colombianos VIH. Esto evidencia la presión selectiva que ejerce este fármaco sobre el hongo, empeora el pronóstico y señala la importancia de conocer el origen de la resistencia, ya que una criptococosis mal tratada suele ser mortal. El objetivo fue diseñar una estrategia de PCR en tiempo real (qPCR) para la medición de los niveles de expresión de genes relacionados con resistencia a los azoles (ERG11, AFR1 y MDR1)

Materiales y métodos: Para este fin se identificaron los genes de resistencia a azoles utilizando las base de datos del genoma de *C. neoformans* var. *grubii* H99. Se diseñaron iniciadores para la estandarización y uso de protocolos de qPCR para evaluar y comparar la expresión de estos genes en cada aislamiento de *C. neoformans* var. *grubii* sensibles, resistentes y SDD, en presencia y ausencia de FCZ. Se evaluará el gen ACT1 (Actina) como normalizador y se analizarán los resultados por el método delta-delta del CT

Resultados: Con este trabajo se espera establecer en los aislamientos *C. neoformans* var. *grubii* en estudio, una relación entre los niveles de expresión de los genes ERG11, AFR1 y MDR1 y los fenotipos de resistencia previamente determinados mediante métodos convencionales

Conclusiones: La información obtenida hará parte de un macroproyecto que busca implementar metodologías moleculares que permitan la identifi-

cación de aislamientos resistentes y SDD, lo que será de gran utilidad en la práctica clínica para la rápida y oportuna selección de una terapia adecuada. Patrocinado por Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia

96. Capacidad infectiva de *Cryptococcus neoformans* y *C. gattii* en una línea celular de astrocitoma humano.

Maria Carolina Olave Martínez, Juan Camilo Vargas Zambrano, Adriana Marcela Celis Ramírez, Elizabeth Castañeda, John Mario González.

Universidad De Los Andes. Bogotá, Colombia. mc.olave326@uniandes.edu.co

Introducción: La meningoencefalitis criptocócica es una de las causas más importantes de muerte en los pacientes con SIDA. Los astrocitos desempeñan un papel fundamental en la respuesta inmunitaria en el SNC y podrían participar en la patogénesis de la enfermedad. Este estudio evaluó la infección de astrocitos humanos con *C. neoformans* y *C. gattii* para determinar su infectividad e inducción de la expresión del complejo mayor de histocompatibilidad (CMH).

Materiales y métodos: Se infectó una línea celular de astrocitoma con levaduras *C. neoformans* var. *grubii* y *C. gattii* marcadas con el fluorocromo FUN-1. El porcentaje de infección y la expresión de HLA-ABC y HLA-DR se determinaron por citometría de flujo a las 72 h post-infección. La interacción entre levaduras marcadas con FUN-1 y astrocitos fue observada mediante microscopía de fluorescencia. Se determinó la viabilidad de las levaduras post-infección mediante la recuperación de levaduras intracelulares. Su crecimiento se evaluó mediante el conteo de unidades formadoras de colonias (UFC) a las 48 y 72 horas de cultivo en agar dextrosa Sabouraud.

Resultados: El porcentaje de infección de astrocitos con *C. neoformans* fue de 30,1%, y con *C. gattii* de 35,3% (N=13, p=0,394). La expresión de HLA-DR fue mayor en las células infectadas con *C. neoformans* 39,4% que aquellas con *C. gattii* 20,1% (SD±9,3%). El análisis de microscopía demostró levaduras vivas en astrocitos infectados por ambas levaduras. Sin embargo, el conteo de levaduras intracelulares recuperadas después de 48 h de cultivo fue mayor en *C. neoformans* 1.063 UFC/mL que en *C. gattii* 131 CFU/mL (N=9, p=0,0003), y después de 72 horas; *C. neoformans* 1.468 UFC/mL y *C. gattii* 2.65CFU/mL (N=9, p<0.0001).

Conclusiones: El porcentaje de infección de astrocitos no fue diferente entre las dos especies. La expresión de HLA-DR fue mayor en las células infectadas con *C. neoformans*. Las levaduras intracelulares después de 48 h y 72 h de cultivo fue mayor en *C. neoformans*.

97. Desempeño del método para detección de galactomanan (GM) en suero y lavado broncoalveolar (LBA) en pacientes en riesgo de aspergilosis invasiva (AI) en un hospital de tercer nivel de Medellín, julio 2013 - abril 2014.

Gloria Patricia Marín Ochoa, María Isabel Múnera Jaramillo.
Hospital Pablo Tobón Uribe. Medellín, Colombia.
mmunera@htpu, gloriosam@yahoo.es

Introducción: Las pruebas indirectas para la detección de antígenos o componentes de la pared celular de *Aspergillus spp* son uno de los criterios micológicos para el diagnóstico de AI más útiles por ser menos invasivos y sensibles que los métodos directos. En el caso de la prueba para detección de GM en LBA, recientemente comercializada en Colombia, no se han publicado experiencias locales que evalúen su desempeño en el contexto clínico. El objetivo fue describir las características del desempeño de la prueba de galactomanan en suero y lavado broncoalveolar en pacientes en riesgo de aspergilosis invasiva (AI)

Materiales y métodos: Diseño: estudio descriptivo retrospectivo que incluyó muestras consecutivas de suero y de LBA de 30 pacientes riesgo para IA y datos del programa de control de calidad analítico. Medidas de estadística descriptiva. Se calcularon los intervalos de confianza para sensibilidad, especificidad, valores predictivos y el índice de Youden.

Resultados: En negativas: se observaron variaciones intra-ensayo desde 0.8 al 33.0% y 19.0%, inter-ensayo. En positivo alto: CV intra-ensayo del 4.3 al 6.4% e inter-ensayo de 10.2% y cerca al punto de corte: la variación intra-ensayo fue de 1.4% e inter-ensayo de 10.5%. Para LBA la sensibilidad: 90.0% (IC95% 66,4 -100,0), especificidad 60,0% (IC95% 36,0 -83,9), VPP del 52,9% (IC95% 26,3 -79,6), VPN 92,3% (IC95% 73,9 -100) y el índice de Youden fue 0,5 (IC95 0,22 - 0,78). Los resultados son similares a los reportados por el fabricante para pacientes adultos con AI probada y probable combinadas.

Conclusiones: El desempeño de la prueba de GM en LBA y en suero procesadas en el laboratorio es comparable al descrito por el fabricante en el inserto y por lo tanto es aceptable para el uso de rutina.

98. Reporte de co-infecciones asociadas a pacientes con SIDA e histoplasmosis diseminada progresiva en una cohorte Colombiana.

Diego H Caceres, Ángela M Tobón, Christina M. Scheel, Ángela Ahlquist Cleveland, Ángela Restrepo, Mary E. Brandt, Tom Chiller, Beatriz L. Gómez.

Unidad de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Medellín, Colombia, Hospital La María, Medellín, Colombia, Mycotic Diseases Branch, Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta, USA. Medellín, Colombia. diegocaceres84@gmail.com

Introducción: La inmunosupresión que caracteriza a los pacientes con sida, favorece el desarrollo de histoplasmosis diseminada progresiva (HDP) y, aumenta, además, la aparición de otras co-infecciones, las cuales dificultan el diagnóstico y el tratamiento de los pacientes.

Materiales y métodos: Entre mayo de 2008 y agosto de 2011 fue posible reunir prospectivamente una cohorte de pacientes con sida e HDP provenientes del Hospital La María, Medellín, Colombia. El diagnóstico de histoplasmosis fue establecido acorde con las recomendaciones del EORTC/MSG. Se definieron las co-morbilidades presentes en estos pacientes con base en criterios clínicos y microbiológicos.

Resultados: Se identificaron 45 pacientes con sida e HDP, en 22 (49%) de los cuales se diagnosticaron otras co-infecciones predominando la tuberculosis (TB) en 16 pacientes (36%), neumocistosis y criptococosis en 3 pacientes cada una (7%), infección bacteriana y por citomegalovirus (CMV), 2 pacientes cada una (4%) y toxoplasmosis y candidiasis esofágica en un paciente cada una (2%). De estos 22 pacientes, 18 (81%) presentaron, además, un agente oportunista adicional, 3 pacientes (14%) tuvieron 2 oportunistas adicionales y 1 paciente (5%) 3 agentes oportunistas de forma simultánea. En éste grupo de pacientes, se observó una asociación estadísticamente significativa entre mortalidad y co-infecciones por CMV y bacteriana (p=0,028).

Conclusiones: Esta cohorte reveló una alta proporción de pacientes con HDP y otras co-infecciones. La alteración del sistema inmune en los pacientes con sida e HDP, debería hacer sospechar la presencia simultánea de otros agentes infecciosos causantes de enfermedad. Su oportuno diagnóstico se dificulta por la similitud en la presentación clínica de tales entidades, lo que conlleva dificultades para su tratamiento debido a los tratamientos múltiples, a sus efectos adversos y a las interacciones a las que se ven sometidos los pacientes.

99. Antigenuria en pacientes con histoplasmosis: evaluación de la prueba como herramienta para seguimiento durante la terapia antifúngica.

Diego H. Caceres, Christina M. Scheel, Ángela M Tobón, Angela Ahlquist Cleveland, Ángela Restrepo, Mary E. Brandt, Tom Chiller, Beatriz L. Gómez.

Unidad de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Medellín, Colombia, Mycotic Diseases Branch, Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta, USA. Hospital La María. Medellín, Colombia. diegocaceres84@gmail.com

Introducción: La histoplasmosis se diagnostica con frecuencia en América Latina donde representa un importante problema de salud pública. La histoplasmosis diseminada progresiva (HDP), aumenta de forma significativa el riesgo de muerte en pacientes con VIH/sida, especialmente en aquellos que viven en países en desarrollo, en los cuales es limitado el acceso a métodos diagnósticos y a tratamientos adecuados.

Materiales y métodos: Entre mayo de 2008 y agosto de 2011, se reunió prospectivamente una cohorte de pacientes con sida e histoplasmosis quienes se atendieron en el Hospital La María, Medellín, Colombia. El diagnóstico de histoplasmosis estuvo de acuerdo on las recomendaciones del EORTC/MSG. Los pacientes con histoplasmosis se evaluaron en 9 visitas durante el tiempo de tratamiento (1, 2, 4, 8, 16, 24, 36 y 48 semanas). La respuesta al tratamiento fue evaluada clínicamente mediante el uso de un sistema de valoración por puntos previamente estandarizado (Restrepo 1987), e igualmente, por la medición del antígeno circulante de *H. capsulatum* en orina (antigenuria).

Resultados: Se siguieron 4 pacientes con HDP y sin co-infecciones por 48 semanas. Durante las primeras 4 semanas de tratamiento, se logró detectar el antígeno circulante de *H. capsulatum* a títulos variables. Posteriormente, no fue posible detectar tal antígeno. De forma paralela, en estos 4 pacientes se comprobó recuperación clínica, cuantificada por medio del sistema de valoración clínica por un sistema de puntajes.

Conclusiones: En pacientes con SIDA e HDP, las variaciones en la concentración del antígeno circulante de *H. capsulatum* demostraron ser un método fiable para el seguimiento de la terapia antifúngica específica, especialmente en aquellos pacientes severamente inmunosuprimidos y con alto riesgo de falla terapéutica. El uso de este biomarcador específico, permitirá a los médicos evaluar de forma pronta y precisa la respuesta al tratamiento.

100. El neutrófilo es una célula esencial en el control inicial de la infección por *Paracoccidioides brasiliensis*.

Paula Andrea Pino Tamayo, Juan David Puerta Arias, Damaris Lopera, Ángel Augusto González Marín.

Unidad de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. ppino@cib.org.co

Introducción: La paracoccidioidomicosis es ocasionada por el hongo *Paracoccidioides spp.* *In vivo* se ha demostrado que durante las etapas iniciales de la infección se presenta una inflamación aguda con predominio de neutrófilos (PMN), sugiriendo su importante papel. En este estudio se determinó el papel del PMN en etapas iniciales de la infección experimental por *P. brasiliensis* utilizando un anticuerpo monoclonal (AcM) anti-PMN.

Materiales y métodos: Se utilizaron ratones machos BALB/c inoculados intranasalmente con 1.5×10^6 levaduras de *P. brasiliensis*. Cada grupo experimental se dividió en subgrupos: no tratados, tratados con un isotipo control y tratados con el AcM. Los animales se trataron con el AcM 24 horas (h) antes de la infección y cada 48h hasta su sacrificio. A las 48 y 96 h post-infección (PI) fueron sacrificados para determinar los siguientes parámetros en pulmón: celularidad, carga fúngica, citoquinas y un grupo adicional para determinar la supervivencia.

Resultados: A las 48 y 96 h PI se observó un incremento significativo en los PMN, los cuales fueron depletados con una eficiencia del 98% utilizando el AcM. A las 48 h PI el tratamiento con el AcM no afectó otras poblaciones celulares sugiriendo su especificidad; de interés, a las 96h PI se observó un aumento significativo de eosinófilos en los animales depletados de PMN. En los animales tratados con el AcM se observó un incremento significativo de la carga fúngica y de citoquinas proinflamatorias (G-CSF, IL-1a, IL-6, MIP-1a, MIP-1b y TNF-a) comparados con los animales control ($p < 0,05$). El 60% de los animales tratados con el AcM murieron durante las dos semanas PI.

Conclusiones: En etapas iniciales de la enfermedad, la depleción de los PMN se asoció con aumento de la carga fúngica y disminución de la supervivencia de los animales, sugiriendo un papel esencial de ésta célula durante los estadios iniciales de la infección por *P. brasiliensis*. Este estudio fue financiado por Colciencias (proyecto No.183-2010).

MICOLOGÍA - PRESENTACIONES EN POSTER

101. Carbapenemasas en bacterias Gram negativas causantes de infecciones asociadas a la atención en Salud. Colombia septiembre 2012 - diciembre 2013

Camilo A. Muñoz, Arango Karen, Diego H. Caceres, Angela Restrepo, Catalina De Bedout.

1 Programa académico de Bacteriología y Laboratorio Clínico, Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia. 2 Unidad de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Medellín, Colombia. catybedout@gmail.com

Introducción: La fungemia se describe como la invasión del torrente sanguíneo por agentes micóticos. Desafortunadamente, los procesos para su diagnóstico son lentos y cuentan con una sensibilidad variable. Es de gran importancia conocer la frecuencia de hemocultivos positivos para *H. capsulatum*, *C. neoformans* y *Candida spp* a partir de hemocultivos que son remitidos al laboratorio de Micología Médica y Experimental (LMME) de la Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB).

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo, retrospectivo entre el 1 de enero de 2009 y el 31 de diciembre de 2013, en el cual se

analizaron todos los hemocultivos remitidos al LMME de la CIB que fueran estudiados por el sistema BACTEC™, con el objeto de describir la frecuencia de fungemias producidas por mohos y levaduras

Resultados: De los 2019 hemocultivos procesados durante el periodo de estudio, se reportaron 206 positivos para diferentes tipos de microorganismos, a saber: 92 (5%) para hongos, 69 para micobacterias (3%) y 45 (2%) para otras bacterias. Los hemocultivos positivos para hongos están distribuidos de la siguiente manera: *H. capsulatum* 65% (n=60), *C. neoformans* 29% (n=27) y *Candida spp* 6% (n=5). Adicionalmente, sesenta pacientes con fungemia presentaron co-infección por el VIH.

Conclusiones: La alta frecuencia de co-infección por el VIH, facilita el aislamiento de agentes oportunistas como *H. capsulatum*, *C. neoformans* y *Mycobacterium spp*. La histoplasmosis y la criptococosis son consideradas micosis endémicas en Colombia. En la actualidad, el aumento de población sometida a tratamiento inmunosupresores va en aumento, por lo cual, es necesario tener una sospecha clínica clara, con el fin de realizar un diagnóstico oportuno.

102. Criptococosis en el departamento del Atlántico: una aproximación a la prevalencia de la enfermedad y la distribución de su agente etiológico en el ambiente.

María Clara Noguera Angarita, Elizabeth Castañeda, Patricia Escandón. Universidad Metropolitana. Bogotá, Colombia. maclarnog@gmail.com

Introducción: Datos del Grupo Colombiano de Estudio en Criptococosis muestran que la incidencia de la enfermedad ha aumentado con la pandemia del sida constituyéndose como marcador centinela de este síndrome. En el país la incidencia anual de la criptococosis en la población general para el periodo 2006-2010 fue de $2,4 \times 10^6$ habitantes. Se asume que la infección se adquiere por inhalación de propágulos infectantes, los cuales bajo forma de aerosoles se liberan a partir de fuentes ambientales. Se pretende proporcionar una aproximación a la situación de la criptococosis en Atlántico y la distribución de *Cryptococcus neoformans* en el ambiente.

Materiales y métodos: Se analizaron retrospectivamente 1760 encuestas (1996-2014). Se realizó un muestreo ambiental entre 2012-2013 seleccionando mediante un censo preliminar aquellas áreas con una alta densidad de árboles nativos e introducidos. El procesamiento de las muestras y la caracterización fenotípica y genotípica de los aislamientos se hizo por técnicas convencionales.

Resultados: Se reportaron 36 casos en pacientes del Atlántico para una prevalencia del 2% y una incidencia anual de 0,87 casos/millón habitantes. El VIH fue el principal factor de riesgo (77,8%) y el mayor número de casos se presentó en hombres (81%). Se recolectaron 1125 muestras de árboles (almendro, roble y matarratón). Se obtuvo una positividad del 0,8%, recuperando 35 colonias de *C. neoformans* var. *grubii*, patrón molecular VNI.

Conclusiones: La criptococosis tiene una baja incidencia en el Atlántico; sin embargo, los 347 casos nuevos de VIH/sida reportados ante el SIVIGILA en el año 2013 demuestran que la criptococosis continua siendo una enfermedad que no se notifica y por lo tanto la incidencia reflejada con los datos de la Encuesta Nacional se constituye en una aproximación a la situación real. El aislamiento del hongo a partir de fuentes ambientales muestra la necesidad de continuar su búsqueda en diferentes nichos ecológicos y aporta información a la creación de un Modelo de Nicho Ecológico en Colombia.

PEDIATRÍA - PRESENTACIONES EN POSTER

103. Determinación de la respuesta inmune en niños en edades comprendidas entre los 5 y 9 años a vacunas contra Poliovirus, triple viral y hepatitis tipo B, ofrecidas en el Programa Ampliado de Inmunizaciones en el departamento del Quindío, 2010.

María Mercedes González de S., Luis Sarmiento Perez, Alejandra María Giraldo, Leonardo Padilla, Gloria Rey-Benito, Jhon Carlos Castaño.

Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. mmgonzalez@uniquindio.edu.co

Introducción: La epidemiología ha permitido vigilar la dinámica poblacional en relación a los eventos de salud y entre ellos, las enfermedades inmunoprevenibles y las actividades de vacunación. Todos estos procesos tienen larga

historia en Colombia y han contribuido a mejorar la salud infantil a través del denominado Programa Ampliado de Inmunizaciones (PAI) que tiene su oficialización desde 1974. La vigilancia de este programa es decir de las llamadas coberturas vacunales se ha venido realizando mediante metodologías que se pueden considerar como administrativas ya que se apoyan en los reportes del número de vacunados en cada departamento y municipio el país. Con este proyecto se pretendió realizar en municipios del departamento del Quindío-Colombia una vigilancia de las coberturas vacunales no por cifras de vacunados, si no por respuesta inmunológica a los biológicos o vacunas recibidos, o por efecto rebote. El objetivo fue evaluar el estado inmunitario en niños en edades comprendidas entre los 5 y 9 años contra vacunas a poliovirus, triple viral y hepatitis tipo B, ofrecidas en el Programa Ampliado de Inmunizaciones en algunos municipios del departamento del Quindío.

Materiales y métodos: Se realizó una encuesta de seroprevalencia de respuesta inmune en 170 niños entre 5 y 9 años, con el fin de tener información sobre respuesta inmune para sarampión, rubéola, hepatitis B y la vacuna de polio oral.

Resultados: Se encontró: 99,4% con anticuerpos para poliovirus 1, 100% para poliovirus 2, 95% para poliovirus 3; anticuerpos para sarampión en 86,47%; rubéola 96,47%; y anticuerpos contra antígeno de superficie de hepatitis B en 62,35%

Conclusiones: Los resultados permiten una construcción de línea base para la evaluación de coberturas vacunales con una metodología diferente a la administrativa mediante la determinación de la respuesta inmune en niños.

104. Implementación de una ronda multidisciplinaria en la unidad de cuidados intensivos (UCI) pediátricos como herramienta para optimizar el manejo antibiótico

Santiago Atehortúa Muñoz, Catalina Arango Ferreira.
Hospital Universitario San Vicente Fundación. Medellín, Colombia.
satehortuamd@hotmail.com

Introducción: La resistencia microbiana es un problema global. Las UCI se consideran entre las áreas con mayor prescripción de antibióticos y mayor presencia de gérmenes multiresistentes pues alojan a los pacientes más críticos con mayor potencial de infección. Situaciones como fiebre, evolución estacionaria, inmunosupresión y resultados microbiológicos positivos condicionan a formular antibióticos frecuentemente innecesarios. Esta conducta induce resistencia, conlleva a mayores costos para el sistema de salud y expone al paciente a potenciales efectos adversos

Materiales y métodos: Desde Octubre 30/2013 hasta Abril 30/2014 se realizó en la UCI del HSVF semanalmente una ronda clínica conjunta entre el intensivista, microbiología clínica e infectología. Se analizaron los pacientes con prescripción de antibióticos. Con base en la información clínica, los diagnósticos, la evolución y los resultados de estudios microbiológicos, se realizaron recomendaciones, de ser pertinentes, sobre ajuste, suspensión o continuidad del antibiótico. Se llevó un registro en Excel y se realizaron análisis de promedios y porcentajes de prescripciones e intervenciones

Resultados: En la UCI de 12 camas, el promedio de ocupación en el semestre fue de 10.6. Hubo un total de 25 rondas con 263 pacientes evaluados. De éstos, 166 (63%) recibían antibióticos. Hubo necesidad de ajuste en 34 pacientes (20%) y se suspendió en 27 (16%). En total, se modificaron las prescripciones a 36% de los pacientes. En los últimos meses se observa una tendencia a la disminución en el uso y ajuste de los esquemas iniciados. La principal causa de suspensión de antibióticos fueron las colonizaciones y de ajuste fue el cierre de espectro con base en antibiograma y condición clínica

Conclusiones: La ronda conjunta con acompañamiento y educación, muestra una tendencia favorable en el uso de antibióticos. Genera conciencia en el personal médico y requiere cada vez menores ajustes. Con el tiempo veremos su impacto en la resistencia local y consumo de antibióticos

105. Marcadores de estrés oxidativo y su asociación con la severidad del dengue

Raimundo Castro Orozco, Hernando Pinzón Redondo, Nelson Alvis Guzmán.
Universidad de Cartagena. Centro de Investigación y Docencia.
Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja. Cartagena, Colombia.
raimundo_castro_orozco@hotmail.com

Introducción: Describir, a partir de una revisión sistemática de la literatura científica, los principales resultados sobre la indagación de la asociación entre marcadores de estrés oxidativo y la severidad del Dengue.

Materiales y métodos: Se realizó búsqueda sistemática, basada en términos, en bases de datos (PubMed, EMBASE, ScienceDirect, Scopus, BVS, Dialnet, redalyc, SciELO, DOAJ). Los términos fueron: dengue virus, severe dengue, oxidative stress, antioxidants, oxidants, free radicals, oxidized lipid products and lipid peroxides. Los artículos derivados de las búsquedas fueron resumidos a partir de las variables: autores, año, país, tipo de estudio, sistema de categorización del dengue, metodología de estudio y resultados.

Resultados: Se identificaron inicialmente 60 artículos de los cuales solo 12 estaban verdaderamente relacionados con el tema. Los 12 artículos fueron sometidos a lectura completa. De éstos, la mayoría (9/12) tuvieron diseño de casos y controles. Solo tres utilizaron niños menores de 15 años como población. Cinco fueron realizados en países del Caribe, Centro y Suramérica; los restantes fueron reportados en países asiáticos. Todos categorizaron los casos de dengue de acuerdo con el esquema OMS-1997. En todos los estudios los marcadores de lipoperoxidación (p.ej. hidroperóxidos lipídicos, malondialdehído) y de oxidación de proteínas (p.ej. carbonilos proteicos) fueron significativamente superiores en pacientes con cuadros más severos de dengue (FHD/SCD) en comparación con los cuadros más leves (FD) o con los controles. Sin embargo, los resultados que relacionan entre las concentraciones plasmáticas del óxido nítrico y la severidad del dengue, en adultos y niños, fueron discordantes.

Conclusiones: Existen evidencias de asociación entre estrés oxidativo y severidad del dengue aunque los estudios presentan limitaciones derivadas del diseño, tamaño de muestra y análisis estadístico. No se encontró evidencia en el contexto del nuevo sistema de clasificación de casos OMS-2009.

106. Alteraciones de la tomografía cerebral en toxoplasmosis congénita: serie de casos en Quindío (Colombia) 2004-2014.

Carlos Fernando Moreno, Jorge Enrique Gómez Marín
Universidad del Quindío. Armenia, Colombia.
cfmoreno96@hotmail.com

Introducción: Existen pocos estudios que analicen la imagenología cerebral en la toxoplasmosis congénita y en ocasiones se hacen diagnósticos presuntivos basados en las características de ellas, llevando a errores en tratamiento y falta de diagnóstico oportuno. El objetivo del presente trabajo fue analizar las alteraciones presentadas en la tomografía cerebral en niños con toxoplasmosis congénita confirmada.

Materiales y métodos: Se analizaron las historias de 85 pacientes con diagnóstico confirmado de toxoplasmosis congénita que consultaron al centro de salud de la Universidad del Quindío, en el periodo comprendido desde el año 2004 hasta 2014. De ellos se seleccionaron los que tuvieron estudios de tomografía cerebral (TAC). Se analizó el tipo y frecuencia de lesiones y su localización.

Resultados: Se encontraron 25 pacientes con tomografía cerebral. En 19 (69,2%) hubo alguna alteración imagenológica. De ellos: 5 (26,3%) tuvieron calcificación aislada, uno (5,3%) hidrocefalia + otros hallazgos, 4 (21,1%) no presentaron calcificaciones ni hidrocefalia, pero sí otros hallazgos; 2 (10,5%) tenían calcificaciones + hidrocefalia; uno (5,3%) tenían calcificaciones + otros hallazgos diferentes a hidrocefalia y 6 (31,6%) presentaron calcificaciones + hidrocefalia + otros hallazgos. En un caso se encontró hidranencefalia (5,3%). En un paciente se presentaron calcificaciones exclusivamente periventriculares (5,3%). El tratamiento postnatal con pirimetamina-sulfadoxina se asoció con mejoría al año en la imagen cerebral en 4 pacientes (21,1%)

Conclusiones: Las lesiones más frecuentes fueron del tipo calcificaciones parenquimatosas difusas. El tratamiento postnatal con pirimetamina-sulfadoxina en 4 casos se asoció con reducción en tamaño de calcificaciones. Las calcificaciones periventriculares aisladas también se encuentran en toxoplasmosis congénita.

107. Patrones temporoespaciales de la notificación de eventos adversos seguidos a vacunación en el eje cafetero colombiano, 2007-2011

Felipe Vera Polanía, Alvaro Mondragón Cardona, Carlos Eduardo Jimenez Canizales, Eliana Vallejo, Guillermo Javier Lagos-Grisales, Alfonso J. Rodríguez-Morales.
Grupo de Investigación Salud Pública e Infección (antes SIDA y Otras Enfermedades Infecciosas), Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Risaralda, Colombia. arodriguez@utp.edu.co

Introducción: Las vacunas como mecanismo de prevención de enfermedades infecciosas constituyen una de las intervenciones de mayor impacto y eficacia en relación costo-beneficio, infortunadamente su utilización puede

sobrellevar reacciones adversas. Teniendo en cuenta que la georreferenciación es una herramienta que facilita la programación y focalización de acciones en salud pública, se realiza el presente estudio para el eje cafetero.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio caracterizando geográficamente incidencias anuales (estimadas como casos/100.000 hab) de eventos adversos seguidos a vacunación (EASV), en los 53 municipios del eje cafetero (Caldas, Quindío, Risaralda), en el periodo 2007-2011. Los datos fueron obtenidos a partir del SIVIGILA y DANE. Las tasas fueron procesadas con el programa Kosmo@3.1 como sistema de información geográfica (SIG), que permitió la elaboración de 25 mapas epidemiológicos del eje cafetero por municipios, años y grupos de edad.

Resultados: En el periodo analizado se notificaron un total de 205 EASV (tasa acumulada 1,7 casos/100.000 hab), distribuidos en 31 de los 53 municipios de la región, siendo el 2011 el año con mayor número (76 casos; 3,1/100.000 hab). Las tasas más altas fueron observadas en Viterbo, Caldas durante 2011 (31,6 casos/100.000 hab) y en Marulanda, Caldas en 2010 (29,044 casos/100.000 hab). Las tasas acumuladas más altas por departamento fueron en Viterbo, Caldas, 54,66, Quimbaya, Quindío, 29,04 y Guática, Risaralda, 32,09 casos/100.000 hab.

Conclusiones: El uso de sistemas de información geográfica y mapas epidemiológicos permite valorar de forma precisa el comportamiento del EASV y conducir a estudios que permitan profundizar en sus factores asociados y en especial en la vigilancia de los mismos.

108. Perfil epidemiológico de adenovirus de la especie F tipos 40 y 41 en niños menores de cinco años captados por la vigilancia centinela de enfermedad diarreica aguda en Bogotá: 2012-2013.

Sergio Andres Castañeda Garzón, Leidy Adriana Pedraza Garcia, Deisy Maribel Blanco Vanegas, Sandra Liliana Gomez, Liliana Patricia Diaz, Diane Moyano, Jenny Nuñez, Patricia Arce, Hernan Vargas.
Laboratorio de Salud Pública. Secretaría de Salud de Bogotá. Bogotá, Colombia. Hernan.vargas@yahoo.com

Introducción: Dentro de los Adenovirus, la especie F tipo 40 y 41 están directamente relacionados con gastroenteritis agudas y son responsables del 1 al 20% de los casos de EDA a nivel mundial tanto en pacientes ambulatorios como en niños hospitalizados. Este estudio permitió caracterizar la circulación de adenovirus de la especie F tipos 40 y 41 en muestras de materia fecal de niños menores de cinco años captados por la vigilancia centinela de EDA en Bogotá, durante los meses Enero a Diciembre de 2012 y 2013.

Materiales y métodos: Fueron analizadas 5 muestras positivas para AdV especie F y tipificadas para AdV 40 y 41 por PCR convencional. Variables clínicas tales como número de deposiciones en 24 horas, tiempo de hospitalización y variables sociodemográficas, se evaluaron frente a la positividad de especie y de tipo. Fue estandarizada y validada una PCR convencional para la identificación de especie AdV F y de tipos 40 y 41.

Resultados: Se identificaron AdV 40 en las cinco muestras y en una de estas AdV 40 y 41 simultáneamente. Infecciones únicas correspondieron al 80% y múltiples al 20%. Por grupos de edad, cuatro fueron menores de 2 años y uno entre 2 y 4 años, este último presentó la coinfección que se caracterizó clínicamente por un número de deposiciones de 14 en 24 horas y un tiempo hospitalario de 5 días.

Conclusiones: La coinfección de AdV F 40 y 41 indicó una mayor severidad presentada en el cuadro clínico del paciente. No se determinó un patrón de circulación definido para los AdV F tipo 40 y 41.

109. Perfil clínico, epidemiológico y bacteriológico por PCR de la tos ferina en Cartagena de Indias, Colombia.

Wilfrido Coronell Rodríguez, Cindy Arteta Acosta, Jeanpierre Coronell Marimon, Yaleyvis Buelvas Montes, Nelson Alvis Guzmán.
Universidad de Cartagena. Cartagena de Indias, Colombia. wilfridocoronell@gmail.com

Introducción: La tos ferina es una enfermedad respiratoria bacteriana altamente contagiosa, con un comportamiento endémico a nivel mundial y resurgencia en la era post-vacunal, en este estudio se determinó el perfil clínico y epidemiológico de la tos ferina en la ciudad de Cartagena, Colombia

Materiales y métodos: Estudio Observacional, descriptivo de corte, realizado desde agosto de 2012 hasta marzo de 2014 en pacientes del Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja, que presentaron cuadro sospechoso de tosferina. Se tomaron muestras mediante aspirado nasofaríngeo con sonda

estéril, a estas secreciones respiratorias se les realizó extracción de ADN y reacción en cadena de la polimerasa (PCR) para *Bordetella sp.* y *Bordetella pertussis* en el laboratorio de la Facultad de Medicina de la Universidad de Cartagena.

Resultados: Se tomaron en total 86 muestras de aspirado nasofaríngeo, 23 (26,7%) fueron positivas para *Bordetella sp.* y 10 (43,4%) de éstas últimas fueron positivas para *B. pertussis* por PCR. La media de edad para toda la población fue 129 ± 176 días, y 63,4 ± 53,5, para pacientes diagnosticados con tos ferina. El 58% de los casos probables se identificaron en el servicio de urgencias, 39% durante la estancia hospitalaria y el 3% desde la consulta externa. El 50% de los casos positivos para *B. pertussis* eran de estrato socioeconómico 1-2. Los signos y síntomas que predominaron fueron: 100% tos, 73,9% tos paroxística, 80% fiebre, 60% vómito postusivo, 30% apnea y 20% estridor. Aproximadamente 9 de cada 10 pacientes recibieron tratamiento antibiótico incluso sin conocer resultado de laboratorio, alrededor de 8 de cada 10 pacientes recibió algún tipo de macrólido como parte de tratamiento. Todos los casos confirmados por PCR recibieron tratamiento con claritromicina

Conclusiones: Los casos confirmados correspondieron, en su mayoría, a lactantes menores con esquema de vacunación incompleto. La prevalencia de tos ferina encontrada en el presente estudio fue 8,6%. FINANCIACIÓN: Universidad de Cartagena.

110. Caracterización geográfica de las Infecciones Respiratorias Agudas Graves (IRAG) en el Eje Cafetero colombiano.

Jonathan Murillo Abadia, Carlos Enrique Calvache Benavides, Diego Fernando Cortes Madroñero, Guillermo Javier Lagos-Grisales, Alfonso J. Rodríguez-Morales.

Grupo de Investigación Salud Pública e Infección (antes Sida y Otras Enfermedades Infecciosas), Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia. arodriguezm@utp.edu.co

Introducción: Las infecciones respiratorias agudas graves (IRAG) representan patologías de impacto considerable mundial, siendo la segunda causa de muerte mundial, con comportamiento similar en Colombia. En cuanto al estudio epidemiológico de las IRAG se desconoce la existencia de trabajos que caractericen el comportamiento de este grupo de patologías en mapas epidemiológicos; siendo la razón base para el desarrollo de esta investigación, específicamente en la región del eje cafetero.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio caracterizando geográficamente incidencias anuales (estimadas como casos/100.000 hab) de las IRAG en los 53 municipios del eje cafetero en Departamentos de Caldas, Quindío y Risaralda en los periodos 2009-2011. Los datos analizados fueron obtenidos de SIVIGILA y las tasas se procesaron en Kosmo@ 3.1 como sistema de información geográfica, facilitando la realización de 25 mapas epidemiológicos por departamento, municipios, años y grupos de edad.

Resultados: En el periodo de 2009-2011 se reportaron 6692 casos de IRAG, con una tasa de incidencia de 78,9, 39,8 y 28,1 para 2009, 2010 y 2011 respectivamente. En este periodo las tasas más altas de IRAG fueron en Santa Rosa de Cabal, Risaralda, con 446,9 casos/100.000 hab en 2011 y 243,8 casos/100.000 hab en 2009, Aguadas, Caldas con 209,5 casos/100.000 hab en 2009, Manizales, Caldas, con 202,9 casos/100.000 hab en 2009 y Viterbo con 125,7 casos/100.000 hab en 2010.

Conclusiones: La incidencia de IRAG ha disminuido en el tiempo en los municipios del eje cafetero colombiano, a excepción de casos aislados que se presentaron en Santa Rosa de Cabal, Viterbo y Manizales, revelando mayor incidencia en el departamento de Caldas.

MICROBIOLOGÍA - PRESENTACIONES EN POSTER

111. Susceptibilidad antimicrobiana de *Salmonella enterica* obtenida de animales exóticos que cohabitan con niños y niñas.

Paola Andrea Sacristan, Laura Carolina Pérez, Ivan Alberto Méndez.
Facultad De Medicina Universidad Militar. Bogotá, Colombia.
pao_jmc@hotmail.com

Introducción: *Salmonella* comprende bacilos Gram negativos facultativos, fermentadores de glucosa, oxidasa negativo, móviles y productoras de sulfuro (exceptuando *Salmonella serovar Typhi*). La infección por salmonelas no tifoideas se produce al ingerir alimentos contaminados con heces de humanos o de animales portadores como reptiles, anfibios y aves. El presente

estudio pretende detectar la presencia de *Salmonella spp.* en una población de reptiles, anfibios y aves manipuladas por niños y establecer la sensibilidad antimicrobiana de las cepas aisladas en el estudio.

Materiales y métodos: 50 muestras de heces se obtuvieron de reptiles, anfibios y aves que cohabitan con niños. Se cultivaron en caldo rappaport vassiliadis, McK y XLD y se procedió a su biotipificación. Se evaluaron mediante difusión en disco: trimetoprim sulfametoxazol, ampicilina, amoxicilina/clavulanato, ceftriaxona, ciprofloxacina, nitrofurantoina, cloramfenicol, tetraciclina, gentamicina, ácido nalidixico y cefotaxima. Todas las cepas de *Salmonella*, fueron serotipificadas con antisero polivalente (Difco®); cinco cepas de *Salmonella* (17,2%) se confirmaron mediante el sistema API 20E (Biomerieux®).

Resultados: Las 50 muestras de animales se obtuvieron de 14 anfibios, 6 reptiles y 30 aves, se obtuvo igualmente de una niña con diarrea; las muestras se colectaron en Bogotá D.C. y 6 municipios de Cundinamarca. Se identificaron 29 (58%) cepas de *Salmonella enterica* a partir de 11 anfibios (78,6%), 4 reptiles (66,6%) y 14 aves (50%). Sobresale el alto nivel de resistencia a todos los antibióticos probados (94% para ampicilina - 34% para ceftriaxona).

Conclusiones: La presencia de *Salmonella enterica* en animales exóticos que conviven con niños o niñas sumado a los niveles de Resistencia encontrados para los antibióticos probados indican un riesgo importante de transmisión, donde se deben considerar barreras que minimicen esta situación, incluyendo el lavado de manos después del contacto con el animal y la higienización periódica de los hábitats de los animales.

112. Distribución y susceptibilidad de cepas de *Staphylococcus aureus* aisladas de cinco comunidades, 2013. Bogotá, Colombia.

Francisco Javier Africano, Iván Alberto Méndez, Diego Fabian Holguín, Diana Patricia Pachón, Nydia Alexandra Rojas, Iván Mauricio González.

Facultad De Medicina Universidad Militar. Bogotá, Colombia. javihalo_2@hotmail.com

Introducción: *Staphylococcus aureus* es uno de los microorganismos con mayor impacto incluso en infecciones adquiridas en la comunidad. *S. aureus* es un reconocido patógeno con resistencia a los antimicrobianos. El presente estudio pretende identificar el perfil de resistencia a la meticilina (SAMS - SAMR) y vancomicina en aislamientos de *Staphylococcus aureus* provenientes de personas de diferentes comunidades en la ciudad de Bogotá D.C.

Materiales y métodos: En 5 diferentes comunidades fueron tomadas mediante hisopado nasal 150 muestras y cultivadas en agar sangre. Las colonias de cocos gram positivos beta hemolíticas se les realizó la prueba de catalasa, posteriormente se cultivaron en agar salado manitol y coagulasa. La susceptibilidad del *S. aureus* a cefoxitina, oxacilina, linezolid, clindamicina y trimetoprim sulfametoxazol fue realizada por Kirby bauer; La Resistencia a la vancomicina se evaluó mediante E-test (biomerieux®). Todas las pruebas se incubaron a 35°C y 5% de CO₂ durante 24 horas. En algunos casos se hizo serotipificación con antisero comercial (staphytest plus® oxid).

Resultados: En cinco comunidades (estudiantes de medicina de semestres en ciencias básicas, amas de casa, personas de atención al público, manipuladores de alimentos y conductores de servicio público) se tomaron 150 muestras donde se aislaron 43 cepas de *S. aureus*, 25 en mujeres (58%) y 18 en hombres (42%); 88,4% (38) se tipificaron como meticilino sensibles (SAMS) y 11,6% (5) como SAMR, todas a partir de mujeres. 4 de 5 (80%) cepas de SAMR se obtuvieron de personas que viven con niños. Se encontró resistencia a la clindamicina en casi un 28% para los SAMS y 60% para los SAMR; al linezolid un 44% de resistencia en los SAMS y 80% para los SAMR y para el trimetoprim sulfametoxazol un 16% para los SAMS y 60% para los SAMR.

Conclusiones: Nuestros resultados muestran un bajo nivel de cepas de SAMS (25,3%) al igual para SAMR (3,3%) en las comunidades evaluadas, en contraste a estudios en trabajadores de la salud con prevalencias de al menos el 30%.

113. Microorganismos presentes en teléfonos móviles de estudiantes y residentes de una facultad de medicina.

Sandra Viviana Pulido, María Alejandra Medina, Andrea Carolina Cardona, Fredda Raquel Gutierrez, Hector Manuel Orjuela, Iván Alberto Méndez.

Facultad De Medicina Universidad Militar. Bogotá, Colombia. u0401479@unimilitar.edu.co

Introducción: Con el paso de los años y la llegada al mundo moderno, el auge de las comunicaciones y la información online, ha traído consigo el uso de teléfonos celulares. Para el personal de la salud se ha convertido en una herramienta de trabajo incluso durante el contacto con el paciente. Este estudio

pretende identificar los microorganismos presentes en los teléfonos móviles de los estudiantes de pregrado y posgrado de una facultad de medicina.

Materiales y métodos: Se recolectaron muestras a partir de 23 teléfonos celulares de alumnos de una Facultad de Medicina (10 estudiantes de ciencias básicas, 10 estudiantes de clínicas y 3 residentes de cirugía maxilofacial). Se cultivaron en Agar sangre y McConkey y se biotipificaron las colonias mediante pruebas bioquímicas, o sistemas comerciales (API-Biomerieux).

Resultados: Los hallazgos aquí presentados evidencian una frecuencia significativa de bacterias patógenas en las fuentes de aislamiento, siendo las más prevalentes en todos los grupos el *Staphylococcus coagulans* negativo, en estudiantes de rotaciones clínicas se aisló el *Staphylococcus aureus*, igualmente se identificaron *E. coli* y *Acinetobacter spp* en dos celulares de estudiantes en rotaciones clínicas y tres con bacilos gram positivos en estudiantes de básicas (1) y rotaciones clínicas (2).

Conclusiones: Se pudo constatar que los teléfonos celulares son vehículos de microorganismos provenientes de la microbiota normal de piel y de otros patógenos reconocidos que pueden llegar a causar infección cruzada a los que tengan contacto con el dispositivo o las manos del tenedor del equipo. En comparación con los estudiantes en formación de ciencias básicas, la frecuencia de microorganismos en los teléfonos celulares es mayor en los estudiantes en rotaciones clínicas. Estrategias para limpieza de los celulares debe ser una medida igualmente necesaria a la limpieza de equipo médico, lo anterior, podría redundar en el control de la transmisión de microorganismos en comunidad y en el entorno hospitalario.

114. Detección molecular de *Haemophilus influenzae*, *Streptococcus pneumoniae* y *Neisseria meningitidis* en muestras de líquido cefalorraquídeo Montería, Córdoba.

Vaneza Paulin Tique Salleg, Yeneiris Villero Wolf, Dayibeth Geney Ortiz, Salim Mattar.

Universidad de Córdoba. Montería, Colombia. vtiquesalleg@yahoo.com

Introducción: *Haemophilus influenzae* (Hib), *Streptococcus pneumoniae* (Spn) y *Neisseria meningitidis* (Nm) representan la triada responsable de alrededor del 80% de todos los casos de meningitis. En América Latina, se registran cerca de 5.000 casos por año, con un 14% de letalidad. En Colombia los casos de meningitis bacteriana por estos tres agentes para el 2013 fueron: casos notificados (n=452), casos confirmados (n=174) y se presentaron 30 muertes cifras que demuestran la importancia de la vigilancia en el país de estos microorganismos. El objetivo del estudio fue evaluar la técnica de PCR multiplex para la detección de *S. pneumoniae*, *N. meningitidis* y *H. influenzae* en muestras de líquido cefalorraquídeo (LCR).

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal en el que se incluyeron 111 muestras de LCR que correspondieron a 93 pacientes con sospecha de meningitis bacteriana aguda que acudieron entre septiembre del 2009 y diciembre del año 2011 al hospital San Jerónimo y a dos instituciones privadas de la ciudad de Montería. Se implementó para el diagnóstico la PCR multiplex para la detección de los genes: omp (proteína de membrana externa de *H. influenzae*); lytA (autolisina A específica de *S. pneumoniae*); crgA (regulador de contacto A de *N. meningitidis*) y se estudiaron las características clínico- epidemiológica de la enfermedad.

Resultados: Los grupos etarios estudiado comprendieron pacientes pediátricos 46.2% (43/93) y pacientes adultos 53.8% (50/93) con edades entre 0-18 años y 19-85 años respectivamente. Un total de ocho muestras (7.2%) generaron los amplicones del tamaño esperado: 395 pb *S. pneumoniae* (n=4), 230 pb *N. meningitidis* (n=3) y 1000 pb *H. influenzae* (n=1).

Conclusiones: Los resultados obtenidos demuestran que la PCR en formato multiplex es útil, confiable y puede ser implementado como método de rutina para la identificación de los tres principales patógenos de meningitis bacteriana en líquido cefalorraquídeo.

115. Identificación de microorganismos en muestras de saliva de pacientes con artritis reumatoide.

Diana Marcela Castillo Perdomo, Yineth Neuta Poveda, Yormaris Castillo Romero, Nathaly Andrea Delgadillo Salgado, María Consuelo Romero Sanchez, Wilson Armando Bautista Molano, Juan Carlos Munevar Niño, John Londoño Patiño, Rafael Raúl Valle Oñate, Gloria Ines Lafaurie Villamil.

Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia. castillodiana@unbosque.edu.co

Introducción: En condiciones normales, la microbiota oral y la respuesta inmunológica local se encuentra en equilibrio, permitiendo el mantenimiento de la integridad periodontal. Modificaciones en las condiciones medioambientales, deficiencias inmunológicas del hospedador, la discapacidad motriz puede dificultar el realizar una higiene oral adecuada, la reducción del flujo salival o el tratamiento recibido para la artritis reumatoide (AR), pueden alterar la microflora oral normal de los individuos. El propósito de este estudio fue identificar los microorganismos presentes en saliva de pacientes con artritis.

Materiales y métodos: Se evaluaron 39 pacientes diagnosticados con AR sin otra condición autoinmune y 40 individuos sin diagnóstico de AR como grupo control. Se tomaron muestras de saliva no estimulada, la muestra fue refrigerada por no más de dos horas. El procesamiento de la muestra para la identificación de bacterias anaerobias, aerobias y *Candida*. Las diferencias entre los grupos de pacientes y controles se llevaron a cabo utilizando la prueba de Kruskal-Wallis con un nivel de significancia de $p \leq 0,05$.

Resultados: Se encontró una disminución en la tasa del flujo salival en los pacientes con AR, además de una diferencia estadísticamente significativa para nivel de inserción clínico y porcentaje de placa entre el grupo de pacientes y controles. Los pacientes con AR presentaron en mayor concentración *Candida albicans* frente al grupo control, mientras que *Capnocytophaga spp* muestra concentraciones más elevadas en el grupo control.

Conclusiones: Se observó un aumento significativo en la presencia de *C. albicans* en la saliva se los pacientes con AR mostrando un indicio de inmunosupresión causada probablemente por el tratamiento, en contraste *Capnocytophaga spp* se vio disminuida, lo que podría sugerir que la flora oral normal puede desplazarse por la presencia de microorganismos oportunistas. Grant Colciencias: 130854531734.

116. Descripción del análisis microbiológico realizado mediante MALDI-TOF en muestras microbiológicas tomadas de la Fundación Santa Fe

Fredy Orlando Guevara Pulido, Aura Lucia Leal, Christian Parra, Alberto Bolney, Natalia Garzón, Diana Palacios.
Fundación Santa Fe de Bogotá. Bogotá, Colombia.
fredyorlando79@gmail.com

Introducción: La rápida identificación bacteriana es fundamental para el manejo de los pacientes que presentan una patología infecciosa, se requiere de métodos rápidos y exactos para el inicio de un correcto tratamiento. Tradicionalmente se han usado pruebas microbiológicas para la identificación bacteriana y más recientemente se han incluido métodos automatizados. Sin embargo, en Colombia no hay estudios con respecto a la espectrofotometría de masas. Objetivo: describir la experiencia del análisis microbiológico mediante la tecnología MALDI-TOF en muestras tomadas en la Fundación Santa Fe.

Materiales y métodos: Entre junio y julio de 2013, se analizaron 361 aislamientos bacterianos de muestras clínicas. Dichas muestras fueron procesadas previamente de la forma convencional en el sistema VITEK. Los aislamientos correspondieron a 181 enterobacterias (10 géneros), 30 bacilos gram negativos (BGN) no fermentadores (4 géneros), 9 BGN móviles (2 géneros), 14 fastidiosos (5 géneros), 114 cocos gram positivos (14 géneros), 2 actinobacterias (2 géneros), 8 levaduras (4 géneros) y 3 BGN (dos géneros).

Resultados: De los 361 aislamientos analizados fue posible obtener una identificación adecuada a nivel de género y/o especie así; el 79.22% (286) a nivel de género y especie y el 20,78% (75) solamente a nivel de género, con una correlación del 100% comparado con el sistema VITEK. El porcentaje más alto de identificación se obtuvo en el grupo de BGN no fermentadores con un 100% a nivel de género y especie, el siguiente grupo con mayor porcentaje de identificación correspondió al grupo de enterobacterias con un 97.6%, luego los bacilos gram positivos con 75%, fastidiosos 55%, cocos gram positivas 48%, BGN móviles 35,5% y el grupo con el nivel más bajo de identificación fue el de levaduras con un 25% a nivel de género y especie.

Conclusiones: El MALDI-TOF es una prueba más rápida y sencilla para la identificación microbiológica de género y especie que se correlaciona con los resultados obtenidos de manera convencional.

MICOBACTERIAS - PRESENTACIONES EN POSTER

117. Estudio del registro de mortalidad relacionada con tuberculosis en municipios del departamento del Chocó, año 2.012

Jose Mauricio Hernández Sarmiento, Helfer Andrade, Loselinio Velasquez, Luz Eneida Murillo, Luz Cadavid, Gloria Mejía, Alex Gomez, Jaime Robledo.
Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín, Colombia.
jhernandez@cib.org.co

Introducción: El objetivo del estudio fue identificar casos probables de muerte cuya causa básica haya sido tuberculosis, durante el año 2.012, en el departamento del Choco.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo, retrospectivo, con un enfoque analítico de tipo cuantitativo. La población del estudio fueron todos los casos de mortalidad directa o asociada a tuberculosis durante el año 2.012 en los 30 municipios del departamento del Chocó. La captación de la información se realizó, a través, de entrevistas verbales con los familiares, las autoridades de la comunidad y el personal de salud de cada municipio.

Resultados: Se identificaron en total 31 casos de muerte relacionados con tuberculosis durante el año 2.012. La distribución por género fue similar siendo ligeramente superior en las mujeres con un 52%, y el grupo poblacional que mayor mortalidad registró fue la población indígena 67%. Al verificar la concordancia en el registro de los datos de mortalidad encontramos que el DANE reportó, para el año 2.012, seis muertes por tuberculosis en todo el departamento, mientras que el programa departamental de tuberculosis y SIVIGILA tenía en sus registros 21 casos de fallecidos

Conclusiones: El presente estudio encontró que en el Departamento del Chocó para el año 2.012 existió un subregistro de casos de mortalidad por tuberculosis. Si se tiene en cuenta los datos del programa departamental el subregistro fue del 31%; si lo comparamos con los datos del DANE éste fue del 80%.

118. Diagnóstico y factores de riesgo de la tuberculosis pulmonar en un hospital universitario de Bogotá, Colombia, periodo 2008 - 2012

Leonardo Favio Jurado Zambrano, Diana Maria Palacios Ortiz, Ana Margarita Baldión Elorza.
Departamento de Patología y Laboratorios, Hospital Universitario Fundación Santa Fe de Bogotá, Bogotá, Colombia. Departamento de Patología, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia. lfjuradoz@unal.edu.co

Introducción: La tuberculosis (TB) es una enfermedad bacteriana de transmisión aérea que causa alrededor de 2 millones de muertes al año en todo el mundo, la mayoría entre personas que viven en países de bajos recursos económicos. El riesgo de progresión a enfermedad activa depende de factores endógenos y exógenos. El objetivo fue describir las características de diagnóstico y los factores de riesgo de los casos de TB pulmonar durante un periodo de 5 años.

Materiales y métodos: Se adelantó un estudio retrospectivo y descriptivo de las características de casos nuevos de TB pulmonar diagnosticada mediante cultivo y pruebas moleculares en un hospital universitario durante un periodo de 5 años.

Resultados: Se logró obtener la información completa para 62 casos; la edad promedio fue de 56 años con un rango entre 19 y 93; 44%; 56% hombres; 79% presentaron tos, solo el 40% fueron sintomáticos respiratorios; 11% eran trabajadores al cuidado de la salud; 15% padecían EPOC, 13%, diabetes mellitus II, 5% VIH/SIDA, 39% tabaquismo, 10% alcoholismo, 31% recibían tratamiento inmunosupresor, solo 6% presentaron baciloscopia positiva, 5% fueron TB - MDR y 3% fallecieron; el tiempo promedio de positividad del cultivo fue de 49 días para el medio sólido y 15 para el medio líquido; la histopatología hizo el diagnóstico en el 89% de los casos evaluados. Un caso fue causado por *Mycobacterium bovis*.

Conclusiones: El envejecimiento, el tabaquismo, el alcoholismo, la Diabetes Mellitus, el tratamiento inmunosupresor y el ser trabajador de la salud, fueron importantes factores de riesgo entre nuestros pacientes. La baciloscopia de esputo no fue útil para el diagnóstico de la enfermedad, la histopatología y las pruebas moleculares fueron de gran utilidad para el diagnóstico rápido de la TB pulmonar. Un bajo porcentaje de los enfermos eran sintomáticos respiratorios, el porcentaje de resistencia a medicamentos fue similar al previamente informado en Colombia.

119. Modelación proteica de enzimas crt dentro del estudio evolutivo de la fotoadaptación en Micobacterias.

Ana Milena Murillo Giraldo, Jaime Alberto Robledo Restrepo, François Rouzaud.
Corporación para Investigaciones Biológicas, Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín, Colombia. amurillo@cib.org.co

Introducción: Los genes principalmente responsables de la producción de carotenoides se agrupan como genes crt, crtE, crtB, crtI y crtY, que codi-

fican la GGPP sintasa, fitoeno sintasa, licopeno sintasa y ciclasa, respectivamente, caracterizados en varias micobacterias. La biosíntesis de carotenoides desempeña un papel importante entre otros en la protección contra los efectos nocivos de los rayos UV del sol.

Materiales y métodos: Se usaron 6 aislamientos de 3 especies de interés clínico (*M. tuberculosis*, *M. avium* y *M. marinum*). Para genes crt se analizó la estructura, secuencia genómica y secuencias en aminoácidos para predecir modelos proteicos de las secuencias referencia. Para el análisis filogenético incluyeron especies de micobacterias disponibles en Genbank. Los análisis filogenéticos se realizaron con el programa MEGA6 y la predicción de modelos proteicos con I-Tasser. Además se adelantó un ensayo preliminar de caracterización de carotenoides en *M. marinum*.

Resultados: Un clúster de 4 genes crt fue más frecuente en micobacterias ambientales expuestas a la luz como *M. marinum*, en cuyo caso la función de protección de los carotenoides se puede cumplir. *M. tuberculosis* alberga únicamente agrupaciones parciales de estos genes. Lo que sugiere que la colonización de un hospedero ha eliminado la necesidad de protección contra la luz en especies adaptadas a este ámbito. La predicción de los modelos proteicos se realizó para *M. tuberculosis* y *M. marinum* dando como resultado modelos con un C-score de confiabilidad positiva en la mayoría de genes y el análisis de HPLC realizado para un aislamiento de *M. marinum* fue positivo para carotenoides comparables con los producidos en la naranja.

Conclusiones: Estos resultados apoyan la hipótesis de que la capacidad de síntesis de carotenoides estuvo presente al principio del desarrollo evolutivo de micobacterias, la adaptación posterior a hospederos coincide con la pérdida de integridad de algunos de los genes que codifican para carotenoides.

VIROLOGÍA 2 - PRESENTACIONES ORALES

120. Reguladores endoteliales como posibles predictores de severidad en dengue.

Claudia Lucía Figueroa Pineda, Rosa Margarita Gélvez Ramírez, Luis Ángel Villar Centeno.
Universidad Industrial de Santander. Bucaramanga, Santander.
margarita.gelvez@hotmail.com

Introducción: El choque por dengue produce una disminución profunda de la resistencia vascular. Se hace necesario entonces evaluar los niveles de VEGF, sICAM-1, sEndoglin, Ang-1 y Ang-2 como marcadores predictores de severidad del dengue.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio de casos y controles anidado a una cohorte de 1582 pacientes entre los años 2003 a 2008 en Bucaramanga. Se compararon los niveles de VEGF, sICAM-1, sEndoglin, Ang-1 y Ang-2 en el grupo de casos (dengue grave) como en el de controles (dengue no grave y leptospirosis).

Resultados: En los casos dengue grave se encontró asociación con los niveles de Ang-2, a partir del punto de corte mayor igual a 1490 pg/mL, (OR: 3,1 p: 0,015). Entre las variables clínicas predictoras evaluadas (exantema, tos, dolor abdominal, prurito e hiperemia conjuntival), los niveles séricos de Ang-2 (mayor igual a 1490 pg/mL) contribuyeron al modelo predictor de severidad, AROC de 0,73, junto a las variables exantema, trastorno de conciencia y dolor abdominal, con un OR de 3,2 (IC 95% 1,16-8,9) p: 0,024.

Conclusiones: Los niveles séricos de Ang-2 en fase temprana de la enfermedad podrían ser un predictor de severidad. Este estudio fue financiado por la Universidad Industrial de Santander (convocatoria interna, código proyecto: 5681).

121. Identificación de las vías de propagación utilizadas por un virus dengue neuroadaptado para ingresar al sistema nervioso.

Leidy Yamile Bastidas Legarda, Jaime Eduardo Castellanos Parra, Myriam Lucia Velandia Romero.
Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia. leidy1806@hotmail.com

Introducción: Aunque el virus del dengue (DENV) es considerado no neurotrópico, en algunos casos logra ingresar al tejido nervioso de los individuos causando alteraciones neurológicas. Hasta el momento se desconocen los mecanismos que promueven su entrada, replicación y diseminación en este tejido, por lo tanto nos propusimos identificar in vivo las vías de acceso que utiliza una cepa de DENV-4 neuroadaptada (cepa D4MB-6) para ingresar y alterar la función nerviosa.

Materiales y métodos: La cepa D4MB-6 se inoculó en ratones Balb/C de 3 días post-natales por la vía intraperitoneal (i.p.) o en la almohadilla plantar (a.p.). Luego de 4 o 7 días post-infección (dpi), se evaluaron los signos y daños asociados a la infección, así como la producción de virus en diferentes tejidos.

Resultados: Los ratones inoculados con el D4MB-6 por ambas vías presentaron alteraciones neurológicas progresivas y altos títulos virales en encéfalo y médula espinal a los 4 y 7 dpi. Se evidenció la alteración de la arquitectura del tejido caracterizada por astrogliosis, angiogénesis, hemorragia y en los animales inoculados i.p. se observó infiltrado inflamatorio en los dos tiempos p.i. evaluados. Adicionalmente, el antígeno viral se identificó en neuronas y en el endotelio. En los tejidos extraneurales no se detectó antígeno viral, virus infeccioso o daños asociados a la infección.

Conclusiones: Se sugiere que la ruta más probable de ingreso del D4MB-6 al tejido nervioso fue el transporte axonal retrógrado que permite la captura del virus de forma directa desde el sitio de inoculación hasta los cuerpos neuronales ubicados en médula, ganglios espinales y cerebro, sin previa replicación en tejidos extraneurales. Financiación: Colciencias. Contrato 494-2009.

122. El ácido valproico reduce la expresión de citocinas pro-inflamatorias en macrófagos humanos infectados con virus dengue.

Felix G. Delgado, Jaime E. Castellanos.
Grupo de Virología, Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia.
delgadofelix@unbosque.edu.co

Introducción: Resultados previos de nuestro grupo han mostrado que células mononucleares de sangre periférica (CMSP) infectadas con virus dengue (DENV) y tratadas con ácido valproico (AV), disminuyen la expresión de TNF- α e IL-6. Por otro lado, es importante tener en cuenta que las enzimas histona desacetilasas (HDAC) regulan la actividad de numerosas moléculas involucradas en diferentes procesos celulares y su inhibición podría tener efectos variados. Por tal razón, el objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto del AV sobre la expresión de un número más amplio de citocinas involucradas en la inflamación, empleando macrófagos derivados de monocitos (MDM) infectados con DENV-2.

Materiales y métodos: A partir de CMSP se aislaron monocitos por selección positiva (Miltenyi Biotec). Posteriormente, fueron resuspendidos en RPMI 1640 suplementado con suero humano AB al 10% y puestos en cultivo por 7 días. Los MDM obtenidos fueron tratados o no con AV (1, 2, 4 mM), infectados con DENV-2 e incubados por 24h. La cuantificación de IL-8, IL-1 β , IL-6, IL-10, TNF- α e IL-12p70 en sobrenadantes de cultivo se realizó por citometría de flujo (Cytometric Bead Array).

Resultados: El tratamiento con AV logró disminuir entre el 60% al 80% la expresión de citocinas como IL-8, IL-6, IL-10 y TNF- α . Una menor reducción se observó para IL-1 β y en ningún caso fue detectada la IL-12p70.

Conclusiones: Estos resultados sugieren que la utilización del AV durante la infección in vitro tanto de CMSP como de MDM, podría tener un efecto regulador importante de la expresión y producción de citocinas pro-inflamatorias inducidas por el DENV-2. Trabajo financiado por la IV Convocatoria Interna para la Financiación de Proyectos de Investigación e Innovación Tecnológica, Vicerrectoría de Investigaciones, Universidad El Bosque.

123. ST2 soluble disminuye los niveles de IL-8 secretada por macrófagos humanos infectados con virus dengue (DENV).

Nadia Castañeda García, Félix G. Delgado, Jaime E. Castellanos.
Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia. nadiacas710@yahoo.es

Introducción: El inmunoregulador ST2 soluble (ST2s) controla la expresión de citoquinas durante eventos inflamatorios. Previamente, reportamos que los niveles de ST2s están significativamente aumentados en los pacientes con dengue grave y se encontró una fuerte correlación entre niveles de ST2s y la severidad de la enfermedad. El objetivo de este trabajo fue establecer si ST2s reduce los niveles de citoquinas producidas durante la infección de macrófagos humanos con DENV.

Materiales y métodos: Macrófagos humanos de la línea celular U937, fueron infectados con DENV-2 y tratados con diferentes concentraciones de ST2 soluble recombinante. Luego de 72 horas de replicación viral, los sobrenadantes del cultivo celular fueron colectados y analizados por citometría de flujo para determinar la concentración de citoquinas proinflamatorias. Los niveles de mRNA para IL-8 en células infectadas y tratadas con ST2s recombinante fueron analizados por PCR en tiempo real y comparadas con los niveles

de mRNA para IL-8 de células no infectadas. Se realizaron 3 experimentos independientes con 2 réplicas por cada condición.

Resultados: La expresión de IL-8 fue inducida por la infección con DENV-2 en los macrófagos humanos U-937. No se encontró IL-8 en sobrenadante de células no infectadas mientras que en células infectadas los niveles de IL-8 llegaron hasta 1800 pg/ml. El tratamiento con 0,5 µg de ST2s recombinante causó una disminución hasta del 35% en los niveles de IL-8 secretada y los niveles de mRNA para IL-8 fueron reducidos 10 veces por el tratamiento con la recombinante.

Conclusiones: El inmunoregulador ST2s reduce los niveles de IL-8 sintetizada y secretada durante la infección con DENV de macrófagos humanos. Estos resultados relacionan a IL-8 y ST2s, dos moléculas previamente reportadas como aumentadas en pacientes con dengue grave, sugiriendo que ST2 puede estar involucrada en la modulación de la respuesta inmune a dengue.

124. Disminución de las alteraciones clínicas e histológicas por mk801 y VPA en ratones infectados con una cepa neuroadaptada de virus dengue.

Sigríd Johanna Camacho Ortega, Jaime Eduardo Castellanos Parra, Myriam Lucía Velandia Romero.
Grupo de Virología, Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia.
sigrid7tht@hotmail.com

Introducción: El virus del dengue es considerado no neurotrópico, sin embargo en algunos casos logra invadir y alterar la fisiología del sistema nervioso induciendo la muerte neuronal. Por lo tanto se evaluaron los cambios clínicos e histológicos del tejido asociados a la infección con una cepa neuroadaptada y se determinó el papel neuroprotector de los fármacos MK801 o VPA.

Materiales y métodos: Se tomaron ratones Balb/c de 7 días de nacidos infectados o inoculados con el Mock, los cuales fueron tratados o no con el fármaco MK801 o con ácido valproico (VPA) por 3 o 6 días post-infección (dpi). Posteriormente los animales fueron procesados para obtener cortes y homogenizados de cerebro y médula para la evaluación histológica y morfológica y la producción viral, respectivamente.

Resultados: Se observó al 6to dpi que la neuroinfección con el D4MB-6 indujo signos clínicos asociados a daño tisular severo y muerte neuronal (Kariorrhexis, Kariolisis y picnosis), sugerentes de necrosis y apoptosis. Al caracterizar morfológicamente el tejido se observó en los animales infectados no tratados un promedio de 40 neuronas/mm², mientras que los animales infectados y tratados con el VPA o MK801 presentaron un promedio de 104 y 98 neuronas/mm², similares al control (112 neuronas/mm²). Adicionalmente, se observó únicamente en los animales infectados no tratados la dilatación de vasos sanguíneos (468,6 µm de diámetro), hemorragias e infiltrado inflamatorio, por su parte la producción viral en los animales infectados y tratados se redujo en una unidad logarítmica, respecto al control.

Conclusiones: La neuroinfección por D4MB-6 indujo manifestaciones neurológicas y alteraciones histopatológicas las cuales pueden ser prevenidas con la implementación de medicamentos neuroprotectores, sugiriendo que la replicación viral induce muerte neuronal asociada a la respuesta inmune local y a procesos excitotóxicos asociados a glutamato.

125. Potencial terapéutico de la molécula Aeroplisinina-1 sobre la infección de los cuatro serotipos del Virus Dengue.

Carolina Quintero-Gil, Elkin Galeano, Alejandro Martínez, Marlen Martínez-Gutiérrez.
Grupo de Investigación para el Fortalecimiento de la Salud y el Bienestar-GIFOSABI. Universidad Cooperativa de Colombia. Bucaramanga, Colombia. Grupo de Productos Naturales Marinos. Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
marlen.martinezg@campusucc.edu.co

Introducción: Recientemente hemos demostrado el efecto antiviral de algunas moléculas aisladas de las esponjas *Verongula rigida* y *Aiolochoira crassa* sobre la infección por Virus Dengue serotipo 2 (DENV-2). Teniendo en cuenta que se ha reportado que la inhibición inducida por algunos antivirales es dependiente del serotipo y/o la cepa viral, el objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de una bromotirosina (aeroplisinina-1) aislada de *Verongula rigida* sobre la replicación de los cuatro serotipos (DENV-1 a DENV-4) y sobre la replicación de una cepa de DENV asociada a Dengue (DENV/2-NG) y de una cepa de DENV asociada a Dengue Grave (DENN-2/16681).

Materiales y métodos: La molécula fue aislada de la esponja *Verongula rigida* por cromatografía líquida de alta presión y caracterizada mediante

resonancia magnética nuclear y espectrometría de masas. Se evaluó su toxicidad en monocitos U937 por un ensayo de MTT y el efecto antiviral fue evaluado en cultivos infectados con cada uno de los cuatro serotipos o con las dos cepas de DEV-2 asociada a dengue o dengue grave, por RT-qPCR.

Resultados: La molécula Aeroplisinina 1 de *Verongula rigida* inhibió la infección en un 63% en cultivos infectados con DENV-1, en un 80% en cultivos infectados con DENV-2, en un 58% en cultivos infectados con DENV-3 y en un 60% en cultivos infectados con DENV-4, lo que demuestra que el serotipo más susceptible a la inhibición por esta molécula es el serotipo 2. Finalmente, la inhibición fue más efectiva frente a la cepa viral asociada a Dengue, DENV/2-NG que a la cepa asociada a Dengue Grave, DENN-2/16681 (porcentajes de inhibición del 80% y del 58% respectivamente).

Conclusiones: La Aeroplisinina 1 inhibe la infección de los cuatro serotipos del DENV, siendo más efectiva para el serotipo 2. Adicionalmente, inhibe de manera más efectiva la cepa viral asociada a Dengue que la cepa asociada a Dengue grave, por lo que podría considerarse que su potencial antiviral es selectivo dependiendo de la cepa viral.

126. Detección de los cuatro serotipos de dengue en mosquitos *Aedes aegypti* recolectados en área rural de dos municipios de Cundinamarca, Colombia.

Rosalía Pérez, Víctor A. Olano, María I. Matiz, Juan F. Jaramillo, Sandra Vargas, Diana Sarmiento, Thor Stenstrom, Hans Overgaard.
Grupo Virología, Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia. castellanosaime@unbosque.edu.co

Introducción: El dengue es la enfermedad viral transmitida por vectores más importante en el mundo, y su transmisión depende de la infestación del mosquito *Aedes aegypti*. El propósito de este trabajo fue detectar el RNA de virus dengue en hembras de *Ae. aegypti* colectadas en zona rural de los municipios de La Mesa y Anapoima en Cundinamarca, Colombia.

Materiales y métodos: Se recolectaron ejemplares de *Ae. aegypti* en 600 casas de 39 veredas y 5 inspecciones en Julio de 2012 y Abril de 2013, los cuales fueron congelados para hacer extracción de RNA y realizar RT-PCR mediante protocolo estandarizado y adaptado de Chien 2006.

Resultados: En Anapoima DENV-2 fue detectado en 7 localidades, DENV-1 en 3 localidades y DENV-4, en 2 de las 12 localidades procesadas. En La Mesa, de 15 sitios muestreados, DENV-1 fue detectado en 6 localidades, DENV-2 en 5 localidades, DENV-3 en una vereda y DENV-4 en la inspección de San Joaquín. También se detectaron grupos de mosquitos con dos tipos virales (DENV1+DENV2 y DENV2+DENV4) en muestras de ambos municipios.

Conclusiones: Se reporta por primera vez la detección de los cuatro serotipos del virus dengue en hembras *Ae. aegypti* en zonas rurales de Colombia. En el municipio de La Mesa fueron detectados mediante RT-PCR los cuatro serotipos para virus dengue. La circulación de todos los serotipos del dengue en una misma zona e incluso en la misma casa, puede asociarse con la aparición de casos más severos, por la probabilidad de infecciones secundarias que se relacionan con mayor patogenicidad.

127. Evidencia filogenética de la circulación de un nuevo linaje del virus del moquillo canino en perros del Valle de Aburrá.

María Adelaida Espinal, Francisco Javier Díaz, Julián Ruiz-Saenz.
Grupo de Investigación en Ciencias Animales- GRICA. Universidad Cooperativa de Colombia. Bucaramanga, Colombia. Grupo Inmunovirología. Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. Grupo Centauro. Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. Bucaramanga, Colombia. julian.ruizsc@campusucc.edu.co

Introducción: El virus del *Distemper canino* afecta tanto a poblaciones caninas domésticas como silvestres. El gen de la hemaglutinina presenta gran heterogeneidad entre cepas, permitiendo distinguir 8 linajes distribuidos alrededor del mundo siguiendo un patrón geográfico. El objetivo del presente trabajo fue determinar el linaje del virus de Distemper Canino (CDV) circulantes en las poblaciones caninas domésticas del Valle de Aburrá.

Materiales y métodos: Se realizó transcripción reversa seguida de PCR (RT-PCR) del gen de la fosfoproteína (P) en muestras clínicas (suero, orina y secreción ocular) de 46 perros que presentaban signos compatibles con *Distemper canino*. Posteriormente se realizó RT-PCR en las muestras positivas al gen P para amplificar el gen de la hemaglutinina (H). Los productos obtenidos fueron purificados y secuenciados; a continuación se realizó análisis filogenético. Se utilizaron secuencias completas del gen H de cepas silvestres

alrededor del mundo con el fin de establecer relaciones filogenéticas e inferir la historia evolutiva a través del método de Máxima Verosimilitud basado en el modelo Tamura Nei.

Resultados: Fue posible detectar la infección por CDV en 23 perros y se obtuvieron 15 secuencias completas del gen H. Los virus identificados se agruparon juntos en el árbol filogenético con un alto soporte de rama (99%) y fueron muy similares entre ellos desde el punto de vista aminoacídico (99,7%- 99,8%). Por otro lado, los virus identificados mostraron un nivel de divergencia aminoacídica mayor del 4% con otros aislamientos silvestres reportados alrededor del mundo y revelaron baja identidad aminoacídica (90%) con las vacunas pertenecientes al linaje americano 1, indicando la presencia de un nuevo linaje el cual denominamos SurAmérica 3.

Conclusiones: Se sugiere que una variante genética, diferente a las vacunas y otros genotipos conocidos hasta el momento, circula en las poblaciones caninas domésticas del valle de Aburrá, la cual también podría estar circulando en otras partes de Colombia.

MICROBIOLOGÍA 2 - PRESENTACIONES ORALES

128. Prevalencia de *Helicobacter pylori* y características histológicas en biopsias gástricas en un centro de referencia de Medellín.

Simón Correa Gaviria, Andrés Felipe Cardona Arias, Luis Alfonso Correa Londoño, Héctor Iván García, Tomás Correa Gaviria, Santiago Estrada Mesa.

Universidad de Antioquia, Laboratorio Clínico VID Congregación Mariana. Medellín, Colombia. simonco22@gmail.com

Introducción: La infección por *Helicobacter pylori* es considerada la infección crónica más prevalente. El objetivo de este estudio fue estimar la prevalencia de la infección por *H. pylori* en pacientes con enfermedad ácido péptica y su correlación con hallazgos histopatológicos.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo. Se revisaron las placas de biopsias gástricas de pacientes que consultaban por síntomas dispépticos, sometidos a endoscopia digestiva superior; entre mayo de 2012 y abril de 2013. Se diligenció un formulario de variables histológicas para cada caso que incluía *H. pylori*, inflamación, actividad neutrofílica, erosión, úlcera, metaplasia, folículos linfoides, carcinoma y linfoma. Las tres primeras variables se categorizaron de acuerdo al sistema actualizado de Sydney Para el análisis se aplicaron distribuciones de frecuencia, promedios y desviaciones estándar, correlaciones entre las variables ordinales, coeficiente de Spearman y la prueba chi cuadrado o el test exacto de Fischer.

Resultados: Se analizaron 2708 placas correspondientes a igual número de pacientes, 63,8% fueron mujeres. La edad promedio fue 51,3 años. Se encontró *H. pylori* en el 36,4%, el 20,3% se clasificó como leve. La prevalencia de *H. pylori* fue de 34,6% en mujeres y de 39,6% en hombres. El grupo de edad con mayor prevalencia de *H. pylori* fue el de 20 a 29 años con positividad del 52,7%. Se encontró inflamación en el 99,9% de los casos. La prevalencia de actividad neutrofílica fue de 37,4%. Se encontró asociación significativa entre la presencia de *H. pylori* con metaplasia, folículos linfoides y pólipos hiperplásicos; y entre la cantidad de *H. pylori* y la intensidad de inflamación.

Conclusiones: La prevalencia de *H. pylori* es baja comparada con otros estudios. Ésta exhibió un comportamiento inusual en nuestra serie, siendo más alta en el grupo de 20 a 29 años y partir de allí disminuyó en cada grupo de edad hasta un 22,8% en el grupo de mayores de 70 años.

129. Caracterización geográfica de la incidencia residual del tétanos accidental en el eje cafetero, Colombia, 2007-2011.

Samantha Castro-Ramirez, Luisa Fernanda Benavides-Giraldo, Wilmer Ferney Acevedo, Guillermo Javier Lagos-Grisales, Alfonso J. Rodríguez-Morales.

Grupo de Investigación Salud Pública e Infección (antes Sida y Otras Enfermedades Infecciosas), Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia. arodriguez@utp.edu.co

Introducción: Existen escasos estudios a nivel mundial con mapas epidemiológicos del tétanos accidental, patología que requiere debida vigilancia por la importancia de evitar la ocurrencia de casos, en particular con la inmunización con toxoide tetánico.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio caracterizando geográficamente tasas de incidencias anuales (estimadas como casos/1.000.000 hab) de tétanos accidental, en los 53 municipios de los 3 departamentos del eje cafetero (Caldas, Quindío, Risaralda), en el período 2007-2011. Las fuentes de datos fueron SIVIGILA y DANE. Las tasas fueron procesadas con el programa Kosmo® 3.1 como sistema de información geográfica (SIG), que permitió la elaboración de 5 mapas epidemiológicos del eje cafetero por municipios y año.

Resultados: Durante el período comprendido entre los años 2007 a 2011 se presentó un total de 12 casos en toda la región del eje cafetero (en promedio de 2 casos por año). El departamento de Caldas presentó el mayor número de casos a lo largo del periodo (5 casos), pero fue el departamento de Quindío el que presentó la más alta tasa de incidencia (1,46 casos/1.000.000 hab), así mismo el departamento de Risaralda presentó la tasa de incidencia más baja durante el mismo periodo (0,65 casos/1.000.000 hab). En el año 2011 se presentó el mayor número de casos, 6 en total casos de tétanos accidental, 4 de ellos en la ciudad de Armenia, Quindío (13,77 casos/1.000.000 hab.)

Conclusiones: Aun cuando son pocos los casos reportados, no debe haber casos de una enfermedad altamente inmunoprevenible como lo es el tétanos, denotando la importancia real de tener verdaderas altas tasas de cobertura de inmunización. Los mapas epidemiológicos son una herramienta de gran ayuda que permite una mejor aproximación en salud pública para diagnóstico situacional, control e intervenciones que prioricen municipios de mayor importancia en la región.

130. Caracterización molecular de aislamientos invasivos de *Streptococcus pneumoniae* serotipo 6C y 6D en Colombia, 1994-2013.

Eliana L. Parra, Carolina Duarte, Karina Rodríguez, Olga Sanabria, Jaime Moreno.

Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia. elipabarrera@yahoo.es

Introducción: Los serotipos 6C y 6D de *S. pneumoniae* fueron descritos recientemente, a partir de los serotipos 6A y 6B, respectivamente y han sido reportados mundialmente en enfermedad invasiva y con amplia diversidad clonal. En este estudio se identificaron y se caracterizaron genéticamente los serotipos 6C y 6D causantes de enfermedad invasiva en Colombia.

Materiales y métodos: Un total de 4.991 aislamientos fueron obtenidos de la vigilancia realizada por el INS (1994-2013). El serotipo 6C se estudió a partir de 271 aislamientos serotipo 6A, utilizando la reacción de Quellung y la técnica de PCR por amplificación del gen *wciN6C*. El serotipo 6D se analizó en 220/350 aislamientos serotipo 6B por reacción de Quellung. La caracterización molecular se realizó por electroforesis de gel en campo pulsado y la tipificación de las secuencias multilocus.

Resultados: El serotipo 6C se identificó en 61 (22,5%) de los aislamientos 6A, 45,9% de pacientes con meningitis, 24,6% de neumonía, 18% de sepsis y 11,5% de otros diagnósticos. Genéticamente el 42,6% de los aislamientos se asociaron con la secuencia ST9007, 19,6% con ST9008, 8,2% con el clon Colombia23FST338 y el 3,3% con ST473. Doce (5,4%) aislamientos fueron serotipo 6D, 58,3% de pacientes con meningitis, 33,3% de neumonía y 8,3% de sepsis. Los aislamientos 6D fueron genéticamente diversos.

Conclusiones: Se determinó la presencia de los serotipos 6C y 6D como causa de enfermedad invasora en nuestro país. La frecuencia del serotipo 6C fue baja, sin embargo, la diversidad genética que presentó, sumado a lo observado en otros países donde se ha incrementado después de la introducción de la vacuna anti-neumocócica conjugada indica que una vigilancia continua es necesaria.

131. Diseño y estandarización de una PCR multiplex cuantitativa para la identificación de *M. tuberculosis*, *P. jirovecii* y mutaciones en el gen *DHPS* asociadas a resistencia. Resultados preliminares.

Andrea Molina, Tonny W. Naranjo, Teresa Realpe, Jaime Robledo, Luz E. Cano, Cesar Muñoz Cadavid.

Unidad de Micología Médica y Experimental Corporación para Investigaciones Biológicas, Grupo de Investigación en Biociencias Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia, Escuela de Ciencias de la Salud Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín, Colombia. coccidia28@hotmail.com

Introducción: La tuberculosis pulmonar y la neumonía por *Pneumocystis jirovecii* (PcP) son dos de las infecciones oportunistas (IO) comúnmente diagnosticadas en pacientes conviviendo con VIH, siendo l consideradas como una

infecciones marcadoras de SIDA y causante de una alta mortalidad en pacientes que la desarrollan. La estandarización de un método diagnóstico basado en la amplificación de ácidos nucleicos que permita la identificación simultánea de estas IO así como de genes relacionados con resistencia al tratamiento, mejoraría notablemente la especificidad, sensibilidad y tiempos necesarios para un diagnóstico oportuno. Objetivo: Diseñar y estandarizar una PCR en tiempo real multiplex cuantitativa que permita la identificación de *M. tuberculosis*, *P. jirovecii* y mutaciones en el gen DHPS en muestras clínicas.

Materiales y métodos: A partir de 25 muestras clínicas positivas para Pcp por plata metenamina y 25 aislamientos clínicos de *M. tuberculosis*, se procedió a la amplificación de fragmentos de genes específicos de estos microorganismos (IS6110, mLSURRNA y DHPS) mediante PCR convencional. Los productos obtenidos fueron secuenciados y alineados, procediendo al diseño de cebadores y sondas para ser utilizadas en la PCR multiplex.

Resultados: Al momento seis combinaciones de cebadores y sondas específicas para *P. jirovecii* y *M. tuberculosis* han sido diseñados. Estos fueron evaluados en PCR monoplex en tiempo real, presentando una sensibilidad analítica de hasta 2 fentogramos. Experimentos iniciales realizados a cada protocolo han mostrado una especificidad del 100% utilizando DNA purificado de 11 microorganismos relacionados.

Conclusiones: Todos los protocolos diseñados en este estudio muestran un alto potencial para su uso en diagnóstico, sin embargo las combinaciones de cebadores y sondas que presenten el mejor desempeño en las PCR monoplex de cada microorganismo, serán usadas para la estandarización final de la PCR multiplex.

132. Genes de secreción tipo III en aislamientos de *Pseudomonas aeruginosa* productores de VIM-2.

Pedro Javier Martínez Ramos, Salim Mattar Velilla.
Universidad de Córdoba. Montería, Colombia.
pjmartinezr@hotmail.com

Introducción: El propósito de este estudio fue identificar genes de secreción tipo III en aislamientos de *P. aeruginosa* productores de carbapenemasas y describir la epidemiología molecular de estos aislamientos.

Materiales y métodos: Veintiocho aislamientos de *P. aeruginosa* productores de carbapenemasa VIM-2 fueron estudiados. La detección de genes de secreción tipo III se realizó por amplificación de genes *exoT*, *exoY*, *exoS* y *exoU*, y el gene *popB*. Los productos amplificados fueron purificados y clonados en el vector PCR 2.1-TOPO y secuenciados. PFGE fue realizada al ADN de los aislamientos de *P. aeruginosa* y la restricción se realizó con XbaI.

Resultados: De los 28 aislamientos todos fueron positivos para *exoY*, 4 para *exoT*, 3 para *exoS*, 1 para *exoU* y todas para *popB*. Se obtuvieron 5 perfiles de ADN, con 2 a 4 aislamientos por perfil, y 16 aislamientos con único perfil. Los aislamientos codificantes de los genes *exoT*, *exoS*, y *exoU*, no se encontraron genéticamente relacionados, con excepción de *exoY* y *popB* que fueron comunes en todos los aislamientos y como parte de los 5 perfiles con múltiples aislamientos.

Conclusiones: Los aislamientos de *P. aeruginosa* resistentes a carbapenemicos son importantes, pero la codificación conjunta de estos aislamientos de genes de secreción tipo III es aún más preocupante debido a la rápida acción efectora de estas proteínas con función adenilato ciclasa y citotoxina en las células.

133. Evaluación de procedimientos de precipitación y resuspensión para el análisis de perfiles proteicos a partir de hemolinfa de *Galleria mellonella*.

Daniel Arias García, Johanna Pedroza Díaz, Isabel Patiño Márquez, Fabián Cortés-Mancera.
Instituto Tecnológico Metropolitano -ITM. Medellín, Colombia. danielariasg10@gmail.com

Introducción: La larva de la polilla *Galleria mellonella* ha sido utilizada como modelo en la obtención de péptidos, con capacidad para afectar la membrana celular de diversos patógenos. El objetivo de este trabajo fue comparar diferentes protocolos para la caracterización del proteoma de hemolinfa de *G. mellonella*.

Materiales y métodos: A partir de hemolinfa (libre de hemocitos) de larvas *G. mellonella* se llevó a cabo el proceso de extracción de proteínas, comparando diferentes métodos de precipitación con solventes orgánicos (metanol/ácido acético, acetona y N-hexano). Así mismo se probaron 3 medios diferentes para la resuspensión de proteínas (ácido trifluoroacético 0,1%,

agua y CHAPS 10%/Urea 7 M). Las proteínas extraídas fueron cuantificadas a través de BCA (Sigma-Aldrich) y su integridad fue evaluada mediante electroforesis 1D. Para la obtención de perfiles proteicos se usó electroforesis 2D (Invitrogen®).

Resultados: Los resultados obtenidos de la cuantificación y de la electroforesis 1D, revelaron que la cantidad y calidad de las proteínas extraídas fueron óptimas cuando se precipitaba con metanol/agua/ácido acético 90:9:1, seguida de la resuspensión con la solución urea 7M/CHAPS 10%. El protocolo estandarizado para la 2D arrojó un perfil proteico con alta resolución de proteínas de bajo peso molecular (< 60KDa).

Conclusiones: Fue posible la caracterización de un protocolo para la obtención y el estudio de perfiles proteicos a partir de muestras de hemolinfa de *G. mellonella*. Este reporte es útil para el desarrollo de estudios encaminados a la búsqueda de péptidos antimicrobianos en este modelo.

134. Actividad antimicrobiana de ácido bórico en formulaciones tópicas contra patógenos de la piel: un estudio *in vitro*.

Oscar Mauricio Gómez Guzmán, Ana María Aristizabal, Isaura Patricia Torres Gómez, Catalina De Bedout, Gloria Isabel Mejía, Ana María García.

Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB). Medellín, Colombia. oscargomez24@hotmail.com

Introducción: El ácido bórico ha sido utilizado por años como remedio casero y en formulaciones tópicas como talcos de pies. Sin embargo, hay pocos trabajos dirigidos a dilucidar el mecanismo de acción y la efectividad de este como agente antimicrobiano. Algunos autores sugieren que la efectividad de los ingredientes activos en productos cosméticos debe ser demostrada en el producto terminado. En este estudio se estandarizó una técnica de difusión en agar con pozos modificado para evaluar la capacidad antimicrobiana del ácido bórico en su estado sólido, sobre patógenos de la piel.

Materiales y métodos: Se desarrolló un método de difusión en agar con pozos para evaluar la actividad microbiológica del ácido bórico en estado sólido, utilizando diferentes concentraciones diluidas en talco contra 5 patógenos asociados a infecciones en piel: bacteria Gram-positiva (*Staphylococcus aureus*), bacterias Gram-negativas (*Escherichia coli*, *Pseudomonas aeruginosa*), y contra los hongos (*Candida albicans* y *Trichophyton mentagrophytes*).

Resultados: En los ensayos de difusión, el ácido bórico a una concentración 4,2% (P/P), mostró halos de inhibición mayores a 20 mm con los 5 microorganismos evaluados en este estudio, validando su efecto microbicida contra estos patógenos. Adicionalmente con la estandarización de este ensayo, se establece un método de contacto directo efectivo para la evaluación de la actividad antimicrobiana de gran variedad de productos cosméticos terminados.

Conclusiones: El ácido bórico es un agente antimicrobiano efectivo de amplio espectro, con una baja toxicidad y con un blanco de acción que no coincide con el de los antibióticos de rutina, por lo cual es poco probable que pueda generarse resistencia contra el mismo e inducir resistencia a otros antibióticos, hecho que lo hacen ideal para su uso en productos cosméticos. Las formulaciones de productos cosméticos que contienen ácido bórico pueden ayudar a prevenir las infecciones en piel y anexos. Este proyecto cuenta con el patrocinio de Laboratorios Tecnoquímicas S.A.

135. Estandarización de una PCR múltiple en tiempo real para la identificación molecular de bacterias de alto impacto clínico en Colombia.

Zayda Lorena Corredor Rozo, Javier Antonio Escobar Pérez, Ricaurte Alejandro Márquez, Ortiz, Betsy Esperanza Castro Cardozo, María Victoria Moncada Guayazan, Lorena Cortes Villamil.
Universidad el Bosque. Bogotá, Colombia. zcorredor@unbosque.edu.co

Introducción: Durante los últimos años se ha observado que algunas bacterias Gram-positivas y Gram-negativas han estado presentes constantemente en los reportes de los principales patógenos causantes de infecciones en Colombia y su identificación es una labor muy importante en los laboratorios clínicos. El objetivo de este trabajo fue estandarizar una PCR múltiple en tiempo real para la identificación molecular de las principales bacterias de alto impacto clínico.

Materiales y métodos: A partir de la base de datos del Genbank se seleccionaron genes específicos para las especies de interés clínico. Se identificaron regiones no conservadas mediante BLAST nucleotide y se diseñaron oli-

gonucleótidos para PCR en tiempo real mediante los programas PRIMER y LUX primer design con fluoróforos específicos. Se establecieron las condiciones óptimas para la amplificación de los genes evaluando concentración del ADN, concentración de los oligonucleótidos, temperatura de anillaje y tiempo.

Resultados: Se seleccionaron los genes específicos *khe* para *K. pneumoniae*, *nuc* para *S. aureus*, *uidA* para *E. coli*, *ureD* para *S. epidermidis*, *xerC* para *P. aeruginosa*, *woS*A para *P. mirabilis*, *Ent* para *E. cloacae* y *gyrB* para *A. baumannii*. Posteriormente se establecieron tres reacciones múltiples de PCR en tiempo real cada una con 35 ciclos de amplificación, temperatura de anillaje de 55°C y concentración de oligonucleótidos a 0,1 µM. Una reacción identifica *E. cloacae*, *A. baumannii*, *P. mirabilis* y *P. aeruginosa* marcados con ALX 546, JOE y FAM respectivamente. Las otras dos reacciones, identifican *E. coli* y *S. epidermidis* marcados con JOE y ALX 546 y *K. pneumoniae* y *S. aureus* marcadas con FAM.

Conclusiones: La herramienta de tiempo real permitió identificar simultáneamente estas bacterias de gran impacto clínico en un lapso de hora y media, aportando para la disminución del tiempo de identificación bacteriana y en la orientación para el diagnóstico clínico.

MEDICINA TROPICAL 2 - PRESENTACIONES ORALES

136. ST2 y VEGF como marcadores de severidad en dengue pediátrico.

Doris Martha Salgado García, Martha Rocio Vega Vega, Carlos Fernando Narváez Rojas, Jairo Antonio Rodríguez Rodríguez.
Grupo Parasitología y Medicina Tropical Universidad Surcolombiana, Hospital Universitario de Neiva. Neiva, Colombia.
domasal59@yahoo.com

Introducción: El dengue es la principal arbovirosis en el mundo. En el Huila causa alta morbilidad. Se propone encontrar marcadores inmunológicos que contribuyan con la detección temprana de formas clínicas severas de la enfermedad para instaurar un tratamiento oportuno.

Materiales y métodos: Se evaluaron las concentraciones plasmáticas de ST2 y VEGF mediante la técnica de ELISA en 173 niños del Hospital Universitario Hernando Moncaleano Perdomo de Neiva, 60 con dengue grave, 55 con dengue con signos de alarma y 58 con dengue sin signos de alarma. La prueba de Mann Whitney para comparación entre dos grupos fue usada, se determinó $p < 0,05$ como significativa.

Resultados: El ST2 y el VEGF se encontraron significativamente más elevados en niños con dengue grave especialmente en la fase aguda comparado con niños con dengue sin signos de alarma ($p < 0,001$).

Conclusiones: El ST2 y el VEGF son potenciales marcadores inmunológicos para uso clínico predictor de severidad en niños con dengue. Este trabajo fue financiado por Colciencias.

137. Clonación, modelamiento e interacción *in silico* con la curcumina, del dominio polimerasa de la proteína ns5 de virus dengue 2.

Leidy Lorena García Ariza, Germán Alberto Téllez Ramírez, Héctor Fabio Cortes Hernández, Leonardo Padilla Sanabria, Jhon Carlos Castaño Osorio.
Universidad del Quindío. Armenia, Colombia.
leidylorenagarcia.a@hotmail.com

Introducción: El Dengue es un arbovirus y posee cuatro serotipos. La proteína NS5 es la más conservada de los Flavivirus y tiene dos dominios: polimerasa (RdRp) y metiltransferasa; el dominio RdRp es un blanco terapéutico. En nuestro grupo de investigación (GYMOL) hemos evidenciado un efecto de la curcumina sobre la replicación del DENV-2; por esto se desea clonar y expresar el dominio RdRp y evaluar *in silico* la interacción de éste con el curcuminóide, y en estudios posteriores realizar ensayos *in vitro* que evidencien los resultados obtenidos en este trabajo.

Materiales y métodos: Se diseñó por bioinformática los iniciadores para amplificar el gen del dominio polimerasa de DENV-2 y se clonó en pGEX-5X-1; se expresó en *E. coli* BL21 a diferentes concentraciones de IPTG hasta 24 horas, 37°C y 150 rpm y se evaluó por Western-blot. Se construyó un modelo del dominio RdRp por homología con RdRp de DENV-3 (PDB: 2J7U) utilizando Swiss-Model, se optimizó por AMBER y se refinó utilizando ModRefiner. La curcumina se optimizó por métodos semiempíricos en Hyperchem. Se realizó el acoplamiento proteína-ligando mediante el software AutoDock.

Resultados: La secuenciación del dominio presentó 99% de identidad con la secuencia GenBank: AAC59274.1 de DENV-2. La expresión se logró desde

las 12 horas y 0,1 µM de IPTG. El modelo del dominio presentó una identidad de 75,41% y Ramachandran Plot mostró 90% de los residuos en las regiones permitidas. El refinamiento indicó alta similitud entre las dos topologías y se identificó los subdominios característicos de las RNA polimerasas. La curcumina fue optimizada con RM1. El docking fue realizado en la cavidad B del dominio, evidenciándose una interacción con el aminoácido Lys92 del modelo.

Conclusiones: El dominio RdRp fue clonado y expresado satisfactoriamente. El modelo fue confiable y contiene los subdominios dedos, palma y pulgar. El acoplamiento mostró interacción con Lys92, aminoácido esencial en la replicación viral.

138. Estimación de la proporción de leptospirosis y variables relacionadas, en pacientes fallecidos con diagnóstico confirmado y descartado de dengue, 2010-2012.

Flor Rufina Rodríguez, Edgar Prieto, Fernando De la Hoz, Solmara Bello Pieruccini.
Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia.
sbello@ins.gov.co

Introducción: El dengue y la leptospirosis, por su similitud de síntomas y signos clínicos en la fase inicial de la enfermedad, dificultan el diagnóstico y tratamiento oportuno, viéndose enmascarado el uno por el otro o compartiendo la etiología del síndrome febril. El objetivo fue realizar el diagnóstico diferencial de leptospirosis en pacientes fallecidos con diagnóstico confirmado y descartado de dengue.

Materiales y métodos: Con la prueba confirmatoria de microaglutinación (MAT) para diagnóstico de leptospirosis se procesaron 106 muestras de pacientes fallecidos (42 confirmados y 64 con resultado negativo para dengue), en el periodo 2010-2012. Se revisaron variables sociodemográficas de las fichas epidemiológicas y se realizó el análisis descriptivo de los datos.

Resultados: De los 42 pacientes fallecidos confirmados para dengue, 3 (7%) se encontraron positivos para *Leptospira interrogans* serogrupo *Australis* y *Autumnalis*; 2 mujeres, de 5 y 17 años y un hombre de 14 años, procedentes de los departamentos de Huila y Norte de Santander. Los tres pacientes tenían fiebre y dolor abdominal, dos presentaron mialgias, vómito, cefalea y artralgias. De los 64 pacientes fallecidos negativos para dengue, 7 (11%) se encontraron positivos para *L. interrogans* de los serogrupos *Pomona* (42,8%), *Autumnalis* (28,6%), *Canicola* (14,3%) y *Ballum* (14,3%); 5 (71%) hombres; edades entre 8 y 58 años; y 2 mujeres edades de 35 y 56 años, procedentes de Bogotá y los departamentos de Atlántico, Caquetá, Cesar, La Guajira y Tolima. Los síntomas más frecuentes fueron fiebre (71,4%), seguido de mialgias, dolor abdominal y dolor retroorbicular (42,8%).

Conclusiones: Se debe sospechar de leptospirosis, no solo como único agente causal del síndrome febril, sino también de la co-infección que podría comprometer al paciente y estar relacionada con la mortalidad.

139. Descripción del brote de dengue 2013 en la Clínica Universitaria Rafael Uribe Uribe (C.R.U.U).

Lorena Matta Ponente, Mario Barbosa, Daniel Echeverry.
Clínica Universitaria Rafael Uribe Uribe. Cali, Colombia.
lorenadilo@yahoo.com

Introducción: La infección por virus dengue es endémica en Colombia y durante el año 2013 se presentó un brote en el país en el cual el departamento del Valle fue uno de los más afectados. El objetivo es caracterizar los pacientes admitidos en la C.R.U.U, Cali Colombia con sospecha de diagnóstico de dengue.

Materiales y métodos: Este estudio corresponde al análisis descriptivo de los pacientes notificados al Sistema Nacional de Vigilancia en Salud Pública durante el año 2013 en la C.R.U.U. Se describieron las variables demográficas, signos y síntomas de ingreso, resultados de pruebas serológicas empleadas y la clasificación clínica.

Resultados: Se incluyeron en el estudio 1173 pacientes con diagnóstico presuntivo de dengue, con una edad media de 18, el 54% menores de 20 años, 51% fueron hombres y 49% mujeres, el 98% procedentes de la ciudad de Cali. Los hallazgos clínicos más frecuentes fueron mialgias (80%), cefalea (69%), artralgias (52%), vómito (32%), dolor abdominal (30%), dolor retro ocular (30%). Se realizaron pruebas serológicas por técnica inmunocromatográfica en el 46% de los casos, el antígeno NS1 resultó positivo en el 16%, la IgM en el 46% y la IgG en el 33%. Se realizó Elisa IgM en el 16% con resultado positivo en 3% de los casos. El recuento leucocitario promedio fue 5925 mm³ (±7153), el hematocrito de ingreso fue en promedio de 40% (±5%),

el promedio de plaquetas fue 141.414 mm³ (±85.125). Se clasificó el 15% de pacientes como dengue grave, el 30% como dengue con signos de alarma y el 55% de los paciente como dengue sin signos de alarma, se presentaron 3 mortalidades, 2 en menores de 10 años con antecedente de drepanocitosis y un caso mayor a 65 años.

Conclusiones: El aumento de la notificación refleja el comportamiento epidémico del país. La población afectada que consultó a la clínica en su mayoría fueron menores de 18 años, con una distribución muy similar por género y los síntomas más frecuentes fueron mialgias, cefalea y artralgias. En un 15% de los consultantes se clasificó como dengue severo lo que es acorde a la complejidad del nivel de atención.

140. La investigación científica en malaria: evaluación bibliométrica de las contribuciones de la literatura latinoamericana.

Marcela Muñoz, Andrés Felipe López Isaza, Natalia Hurtado Hurtado, Daniela Gómez Suta, Jonathan Murillo Abadia, Nathalia Delgado Osorio, Guillermo Javier Lagos Grisales, Soraya Villegas, Alfonso J. Rodríguez-Morales.
Grupo Sida y Otras Enfermedades Infecciosas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia. arodriguez@utp.edu.co

Introducción: La malaria es una enfermedad parasitaria de alto impacto global en salud pública, incluyendo Latinoamérica. Debería investigarse más, especialmente en dicha región. Se realizó una evaluación bibliométrica de las contribuciones de la literatura latinoamericana sobre malaria para determinar el nivel de producción en la materia.

Materiales y métodos: Estudio bibliométrico en SCI (1980-2013), MEDLINE/GOPUBMED (1802-2013), Scopus (1959-2013), SCIELO (2004-2013), LILACS (1980-2013). Se incluyen tipos de estudios, caracterizándolos por años, ciudad de origen, revista de publicación y autores con mayor contribución (AMC), por países, citas y H index.

Resultados: En SCI, se encontraron 2806 artículos (5,13% del total). De los países, Brasil fue el que mayor aportes hizo (31,41%), seguido por Colombia (14,3%) y México (9,5%); la región recibió 39894 citas, 32,2% de Brasil (H index=51), 12,75% de México (H index=38), 11,2% Colombia (H index=33). En Scopus, hay 4150 (4,9% del total), 33,0% de Brasil, 11,3% Colombia y 8,8% México; 17% en Brasil fueron de la Universidad de São Paulo; 23,6% de Colombia corresponde a la Universidad de Antioquia; 15,4% de México son del Instituto Nacional de Salud Pública. En Medline hay 4278 registros (36,8% de Brasil). En Scielo hay 792 registros (45,3% Brasil). En LILACS hay 1744 registros (34,3% Brasil).

Conclusiones: Brasil es el mayor productor de la región. Allí y en Venezuela ello se asocia a la carga de la enfermedad. No así en Colombia. La producción científica en bases de datos, especialmente regionales, es baja, frente a la magnitud del problema que requiere más investigación y control.

141. Validez diagnóstica de las pruebas rápidas para el diagnóstico de malaria en Colombia: una revisión sistemática.

Miguel Hernando Díaz Ortega, Esperanza Peña Torres, Ángela Viviana Pérez Gómez, Lorena Andrea Cañón Betancour.
Instituto de Evaluación Tecnológica en Salud - IETS. Bogotá, Colombia. migueldiazor@gmail.com

Introducción: El gobierno colombiano tiene interés por la evidencia sobre el desempeño operativo de las Pruebas de Diagnóstico Rápido (PDR) para malaria. Estas pruebas han sido postuladas como una forma de garantizar el diagnóstico en zonas de difícil acceso geográfico. El objetivo de esta revisión fue analizar con base en la evidencia local, la sensibilidad y especificidad de las PDR para malaria.

Materiales y métodos: Se llevó a cabo una búsqueda sistemática (sin restricción de fecha de publicación) con el objetivo de identificar estudios primarios de validez diagnóstica de PDR versus gota gruesa, con diseño en paralelo, realizados en Colombia con pacientes definidos como casos sospechosos. La búsqueda de literatura se hizo en bases de datos electrónicas y se complementó con búsqueda manual y búsqueda de literatura gris. La captura de datos se realizó con Microsoft Excel®. La calidad de los estudios se valoró con la herramienta QUADAS-2.

Resultados: Se incluyeron 9 estudios, de calidad metodológica heterogénea (baja-alta). Los rangos de sensibilidad para *Plasmodium falciparum* fueron: 40-98,2% con PDR-global (todas las marcas), 54.2-98,2% con NOW® y

40-98,1% con OptiMAL®. Respecto a la especificidad los rangos fueron: 76,9-100% con PDR-global, 90,6-98,1% con NOW® y 76,9-99,4% con OptiMAL®. Los rangos de sensibilidad para *P. vivax* fueron: 66,7-100% con PDR-global, 80-100% con NOW® y 66,7-98,6% con OptiMAL®. Respecto a la especificidad los rangos fueron: 89-100% con PDR-global, 99,4-100% con NOW® y 89-100% con OptiMAL®.

Conclusiones: En general, las PDR para malaria tienen mayor especificidad que sensibilidad y presentan un mejor desempeño para el diagnóstico de infección por *P. vivax*. Este trabajo presenta una síntesis de evidencia local para informar la toma de decisiones sobre el uso de las PDR en Colombia.

142. Evaluación bibliométrica de las contribuciones de la literatura sobre enfermedad de Chagas en Latinoamérica.

Dayron Fernando Martínez Pulgarín, Jonathan Murillo Abadia Ponente, Nathalia Delgado Osorio, Felipe Vera Polanía, Marcela Muñoz, Guillermo Javier Lagos Grisales, Soraya Villegas, Alfonso J. Rodríguez-Morales.
Grupo Sida y Otras Enfermedades Infecciosas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia. arodriguez@utp.edu.co

Introducción: La enfermedad de Chagas es una afección parasitaria desatendida. Es endémica en Latinoamérica y aunque su mortalidad ha disminuido, puede causar secuelas irreversibles, con importante repercusión económica en los sistemas de salud. Se realizó una evaluación bibliométrica de las contribuciones de la literatura latinoamericana sobre dicha enfermedad.

Materiales y métodos: Estudio bibliométrico en SCI (1980-2013), MEDLINE/GOPUBMED (1802-2013), Scopus (1959-2013), SCIELO (2004-2013), LILACS (1980-2013). Se incluyen estudios caracterizados por año, origen, revista de publicación y autores con mayor contribución (AMC), por países, citas y H index.

Resultados: En SCI, se encontraron 2988 artículos (30,85% del total). Brasil fue el que mayor aportes hizo (31,22%), seguido por Argentina (18,14%) y México (9,57%); la región recibió 47241 citas, 28,60% de Brasil (H index=52), 18,26% de Argentina (H index=43), 11,40% de Bolivia (H index=37). En Scopus, hay 4484 (30,20% del total), 38,58% de Brasil, 12,40% Argentina y 8,90% México; 22,25% en Brasil fueron de la Fundação Oswaldo Cruz; 17,99% de Argentina corresponden a la Universidad de Buenos Aires; 9,27% de México son del Instituto Nacional de Cardiología Ignacio Chávez; la Universidad de Chile es la tercera institución con mayor número de publicaciones con 27,89% de la producción de este país. En Medline hay 6647 registros (45,58% de Brasil). En Scielo 917 (47,66% Brasil). En LILACS 2165 (60,05% Brasil).

Conclusiones: Brasil es comparativamente el mayor productor de la región. La producción científica en bases de datos, especialmente regionales, es baja y a pesar de los avances en el control de la patología, se requiere más investigación.

143. Genes de virulencia en *Escherichia coli* O157:H7 stx1 y stx2 (enterotoxinas) y el gen eae (*attaching and effacing*) en carnes del mercado de Montería.

Johny Durango, German Arrieta, Salim Mattar, Marco González, Alfonso Rodríguez-Morales.
Universidad de Córdoba, Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico, Montería. Universidad Tecnológica de Pereira, Facultad de Medicina, CECAR Salud Pública, Sincelejo Sucre. Montería, Colombia. jrdv186121@yahoo.com.mx

Introducción: *Escherichia coli* productor de shigatoxina (STEC), es un enteropatógeno zoonótico emergente de importancia en salud pública, asociado a brotes de enfermedades transmitidas por alimentos (ETA). *E. coli* O157:H7, produce una potente toxina y puede desencadenar diarreas, septicemia y síndrome uremico hemolítico. El objetivo de este trabajo fue determinar por PCR la presencia de dos genes de virulencia en *Escherichia coli*: stx1 y stx2 (enterotoxinas) y el gen eae (*attaching & effacing*), en carnes molidas, expandida en el mercado central de Montería, Colombia.

Materiales y métodos: Se estudiaron 300 muestras de carne molida, 25 muestras semanales del mercado central, entre febrero y mayo del 2014. Se aislaron y se identificaron las cepas por protocolos microbiológicos estándares, posteriormente las cepas sorbitol negativas se subcultivaron en agar cromogénico (Hi EC Chrom ID™ *E. coli* O157 H7 ref M1574, Mumbai, India, Chrome ID™ O157:H7, ref 42605 Biomeriux, Mercy, France). Se llevaron a cabo pruebas

bioquímicas tradicionales y se serotipificación con el antisero E.coli O157:H7 (BD™ antiserum O157:H7, Ref 229701, MD, USA). posteriormente se realizaron las pruebas moleculares para la detección genes a las shigatoxinas (stx1 y stx2).

Resultados: Se aislaron 12 cepas de *E. coli* O157:H7, de un total de 300 muestras analizadas, 12/300 (4%). En las 12 cepas se detectaron los genes stx1 y stx2 que codifican para para las shigatoxinas (stx1 y stx2); así mismo se detectaron en las 12 cepas el gen eae responsable de la adhesión y borramiento en la patogenicidad de *E. coli* O157:H7.

Conclusiones: Las cepas de STEC obtenidas a partir de carne molida, expresaron los genes Stx1, Stx2 y eae. Es preocupante para la salud pública, la presencia de las shigatoxinas (Stx1 y Stx2) y el gen eae dado su papel como principales factores de virulencia de STEC. La presencia de los genes Stx1, Stx2 y eae es importante en salud pública por que podría generar cuadros de colitis hemorrágica y síndrome uremico hemolítico.

CONTROL DE INFECCIONES 2 - PRESENTACIONES ORALES

144. Impacto de la implementación de la estrategia multimodal de la OMS en la adherencia a higiene de manos en una institución de segundo nivel en el occidente de Cundinamarca.

Germán Camacho Moreno, Yamile Andrea Pardo Lopez, Jairo Martínez Cruz, Nohora Amparo Cortes Ávila, Miguel Angel Castro Florian, Vily Alejandro Huerfano Huertas, Hadelly Runza Buitrago, Jenny Carolina Machado.

Hospital San Rafael de Facatativa. Facatativa, Colombia.
germancitomd@hotmail.com

Introducción: La higiene de manos es la medida más efectiva para controlar las infecciones asociadas al cuidado de la salud. El objetivo es medir el impacto en la adherencia a la higiene de manos luego de la implementación de la estrategia multimodal de la OMS en el Hospital San Rafael de Facatativa.

Materiales y métodos: Es un estudio no controlado antes y después de intervención. Entre junio de 2012 y abril del 2013 se implementó la estrategia multimodal de higiene de manos de la OMS, en la primera fase se evaluó la disponibilidad y se garantizaron los recursos para higienizar las manos, en la segunda se midió adherencia basal, se realizaron mínimo 200 observaciones en cada uno de los 10 servicios evaluados, discriminándola por momentos y categoría del profesional; en la fase 3 se implementaron capacitaciones, recordatorios y jornadas de sensibilización, en la fase 4 se hizo la medición postintervención igual que en la fase 2. En la fase 5 se garantiza la sostenibilidad de la estrategia.

Resultados: Se observó un porcentaje basal de adherencia a higiene de manos 34 %, el cual se incremento a 54 % luego de la intervención. $p < 0.05$. Se observó un incremento en la adherencia en todos los servicios y grupos profesionales. En la fase preintervención se observó una mayor adherencia en los momentos 1 (39%) y 2 (48%), respecto a los momentos 3 (42%) y 4 (36%), el momento 5 fue el de más baja adherencia (18%). En la fase postintervención la adherencia fue mayor en los momentos 3 (72%) y 4 (64%), respecto a los momentos 1 (55%) y 2 (55%), se observó un aumento en la adherencia al momento 5, pero nuevamente fue el momento que menor adherencia presentó (37%).

Conclusiones: La implementación de la estrategia multimodal de higiene de manos logró un incremento significativo en la adherencia a la higiene de manos en todos los servicios y en todos los grupos profesionales. Aunque la tasa de adherencia se encuentra en el promedio reportado por otros estudios, se debe implementar acciones para lograr una adherencia mayor al 80%.

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

Claudia Linares Miranda, Ángela Patricia González Rubio, Sandra Liliba Valderrama Beltran, Leidy Gamba Moreno, Darly Narvaez Barrios, Olga Roa Duarte, Sandra Milena Gualtero Trujillo, Carlos Arturo Álvarez Moreno.

Hospital Universitario San Ignacio. Bogotá, Colombia.
cjlinares@husi.org.co

Introducción: Este estudio muestra el impacto de la implementación de la estrategia multimodal en higiene de manos de la Organización Mundial de la Salud en un Hospital Universitario de cuarto nivel

Materiales y métodos: A finales del 2011 se implementó la estrategia multimodal para la higiene de manos, una enfermera del comité de infecciones lideró este proceso. Se desarrollaron las 5 fases de la estrategia planteada por la OMS. Se eligieron dos líderes de higiene de manos por servicio, en urgencias y unidades de cuidados intensivos (UCI) se asignaron auxiliares de enfermería dedicadas exclusivamente a mantener los insumos, hacer listas de chequeo y realizar retroalimentación. Las personas que incumplían se citaban a un taller de higiene de manos. Se mantuvieron las medidas de paquete instauradas por el comité de infecciones para prevenir las infecciones por dispositivos

Resultados: Se incluyeron 11021 observaciones en el 2012, con una adherencia a la higiene de manos del 82,2%. El año 2013 con 16422 observaciones la adherencia fue 93,1%. Se realizaron 143 capacitaciones cubriendo el 95% del personal. La disponibilidad de insumos antes del inicio de la estrategia era 73,6%, actualmente es 100%. La percepción de los trabajadores de la importancia de la higiene de manos paso del 89% al 95%. Los conocimientos que tenían los trabajadores de la salud fueron del 20,9% al inicio, después de las capacitaciones se obtuvo el 80%. Para el año 2012 se presentó una tasa de infecciones asociadas a la atención en salud (IAAS) global de 3,49 antes de la estrategia, comparada con una tasa de IAAS de 2.35 en el año 2013. La tasa de IAAS en UCI adultos disminuyó de 6,7 a 4,3% y en UCI neonatal de 2,9% a 2,1%

Conclusiones: En un hospital de un país en vía de desarrollo después de iniciar la estrategia multimodal y de mantener las medidas de paquete para prevenir infecciones, se evidenció una disminución sostenida de la tasa de IAAS. Es fundamental el apoyo administrativo y el compromiso de los trabajadores para lograr las metas

146. Impacto de la implementación de la estrategia multimodal “manos limpias, atención segura” en la adherencia a la higiene de manos en la red hospitalaria de Bogotá.

Leonardo Cely Andrade, Aura Lucia Leal castro, Carlos Alvarez Moreno, Liliba Guerrero Otero.

Secretaría Distrital de Salud - Asociación Colombiana de Infectología Capítulo Central. Bogotá, Colombia. jlcely@unal.edu.co

Introducción: La ausencia o inadecuada higiene de manos es grave, según la OMS, uno de cada diez hospitalizados sufre alguna forma de daño evitable que causa discapacidades o muerte. Además el costo anual promedio está entre 6.000 y 29.000 millones de dólares. El objetivo es conocer el impacto de la implementación de una estrategia multimodal de mejoramiento de la adherencia a la higiene de manos sobre la adherencia de los trabajadores a esta conducta.

Materiales y métodos: Estudio cuasi experimental con diseño pre y post test. La variable dependiente fue el porcentaje de adherencia a la higiene de manos en trabajadores y la variable independiente la implementación a nivel institucional de la estrategia multimodal de mejoramiento a la adherencia de la higiene de manos desarrollada por la Secretaría Distrital de Salud de Bogotá basada en los lineamientos de la OMS, centrada en los 5 momentos para la higiene de manos. El análisis se construyó a partir de la prueba χ^2 donde se buscaron diferencias en los porcentajes de adherencia de los trabajadores de la 22 instituciones antes y después de la intervención.

Resultados: En la línea de base se observaron 13.218 oportunidades para la higiene de manos y 8.122 acciones positivas para una adherencia global de 61.5%. Durante la fase de implementación de la estrategia educativa se observó mejora en la infraestructura de las instituciones para la higiene de manos; 73,7% VS 89,2% ($p < 0.1$), percepción de los trabajadores 73,6% vs, 83,6% ($p < 0,1$). En la evaluación de seguimiento se observaron 12.918 oportunidades para la higiene de manos y 11.497 acciones de higiene de manos para un porcentaje de adherencia de 89%.

Conclusiones: Existen diferencias estadísticamente significativas ($p < 0,05$) en la adherencia a la higiene de manos de los trabajadores de la salud tras la implementación de estrategias de promoción a la higiene de manos.

147. Desarrollo de un videojuego para la enseñanza de medidas de control del Dengue

José Omar Colorado Pérez, Mateo Rincón Estrada, Daliena Guzmán Bedoya, Brayan Stiven Zapata Nuñez, Faber Danilo Giraldo Velázquez, Germán Alberto Tellez, Jhon Carlos Castaño Osorio.

Universidad del Quindío. Armenia, Colombia.
jhoncarlos@uniquindio.edu.co

Introducción: Los videojuegos “serios” son una herramienta tecnológica diseñada con un propósito distinto al de la pura diversión, como el aprendizaje, el entrenamiento e información. En el campo médico, estos se pueden aplicar a la enseñanza de hábitos saludables, medidas de control. Las enfermedades transmitidas por vectores son un problema creciente en nuestros centros urbanos, un enfoque preventivo que fortalezca la educación sobre las medidas sanitaria que deben tener los habitantes, redundaría en una disminución de la transmisión de estas enfermedades. Es por esto que nos propusimos con objetivo el diseño de un juego serio para la enseñanza de las medidas de control del Dengue y otras enfermedades vectoriales, transmitidas por mosquitos.

Materiales y métodos: Utilizando la plataforma Unity en su versión libre, se crearon diferentes escenarios de la vida cotidiana, intentando representar ambientes urbanos, en los que se dan las condiciones para la reproducción de los mosquitos, diseminación de la enfermedad viral (Dengue) por parte del vector a los hospederos humanos, medidas de control física, biológica y química. Integramos todos estos escenarios en un menú secuencial, para la creación de juegos interactivos, para que los usuarios por medio del juego aprendan las medidas de control para las enfermedades vectoriales. Con miras a la implementación de Apps.

Resultados: A la fecha se ha desarrollado un prototipo que consta de 5 escenarios, cada uno con diferentes niveles de dificultad, así como los diferentes controles de manejo por parte del jugador de estos ambientes virtuales.

Conclusiones: Es posible el desarrollo de una plataforma virtual interactiva con énfasis en la enseñanza de las medidas de control de las enfermedades vectoriales

148. Estrategia exitosa en prevención de infecciones asociadas a catéter venoso central en la unidad de cuidado neonatal de un hospital universitario. Bogotá - Colombia

Juan Carlos Lopez, María Fernanda Reina, María Margarita Ponce, Ana María Bertolotto Cepeda, Yaris Anzully Vargas, Cristian Vargas Fiallo, Sandra Liliana Grosso, Angela Patricia Gonzalez Rubio.
Hospital Universitario San Ignacio. Bogotá, Colombia.
juanklo24@gmail.com

Introducción: La infección del torrente sanguíneo (ITS) es la complicación más frecuente asociada con el uso de catéter venoso central (AC), con aumento de la morbilidad, mortalidad, tiempo de estancia hospitalaria y costos en el paciente pediátrico. Este estudio pretende describir una estrategia exitosa implementada por un equipo multidisciplinario (Neonatología - Infectología, Enfermería) en la unidad de cuidado neonatal de un Hospital Universitario

Materiales y métodos: Se caracterizaron los neonatos con diagnóstico de ITS AC, se identificaron los factores de riesgo y agentes causales de dichas infecciones, se evaluó en forma detallada las guías de procedimientos (inserción, curación, mantenimiento y retiro de catéteres) y a partir de esta información se realizaron diferentes estrategias cuyo impacto fue evaluado. La recolección de los datos se tomó de historias clínicas sistematizadas y base de datos de vigilancia epidemiológica del hospital. El análisis de los datos se realiza en el software SPSS Statistics

Resultados: Se caracterizaron los casos de ITS AC desde Enero del 2011 hasta Marzo del 2014. En el 2011 la tasa acumulada fue de 6,3 por 1000 días de uso de dispositivo, (16 eventos, 2538 días catéter), en el 2012 la tasa fue 5,1 por 1000 días catéter (10 eventos con 1951 días catéter). Se implementaron paquetes de intervención “bundle” para la prevención de ITS AC el primer periodo del año 2013. El primer semestre del 2013 se tuvo una tasa de 9,2 (9 eventos, 976 días) aclarando que, respecto al 2012, disminuyeron los días catéter a la mitad, esto por la evaluación diaria de pertinencia de uso de dispositivo y alimentación enteral del recién nacido, retirando antes la nutrición parenteral. El segundo semestre del 2013 y primer trimestre del año 2014 tuvimos una tasa de 0 (0 eventos con 837 días)

Conclusiones: Con las estrategias implementadas en la unidad de cuidado neonatal del Hospital Universitario se logró un impacto exitoso en la reducción de ITS AC, alcanzando tasas de 0 infección, sostenida por 9 meses

PEDIATRÍA 2 - PRESENTACIONES ORALES

149. Expresión de betalactamasas de espectro extendido en *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* en pacientes pediátricos en 22 instituciones de alta complejidad en Colombia - GREBO 2013.

María Lucía Padrón Hernández, Andrés Fernando Meneses Ríos, Aura Lucía Leal Castro, Martha Isabel Álvarez Larrañaga, Clara Luz Rico, Grupo para el Control de la Resistencia Bacteriana de Bogotá GREBO.

Universidad de La Sabana. Bogotá, Colombia.

maluciapad@gmail.com

Introducción: Las enterobacteriaceae son causa frecuente de infecciones de vías urinarias en pediatría. La emergencia de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) representan un problema en pediatría. Este trabajo describe la frecuencia de aislamientos de enterobacterias productoras de BLEE en muestras de orina, en pacientes pediátricos en 22 instituciones de alta complejidad una red de vigilancia en la ciudad de Bogotá durante el año 2013.

Materiales y métodos: Estudio descriptivo de todas las muestras clínicas de *E. coli* y *K. pneumoniae* productoras de BLEE en orina de pacientes entre 0 y 18 años en 22 instituciones de alta complejidad pertenecientes a la red de GREBO durante 2013. Los datos fueron sistematizados utilizando Whonet 5.6 © (OMS). A todos los aislamientos de los realizó prueba confirmatoria de BLEE, se identificó la procedencia de los aislamientos según tipo de muestra y localización del paciente. Se utilizaron normas CLSI.

Resultados: Se aisló 14.562 microorganismos, *Escherichia coli* 44%, *Proteus mirabilis* 7%, *Staphylococcus aureus* 7%, *Klebsiella pneumoniae* 6%. Los principales tipos de muestras fueron orina (60%), sangre (13%), secreciones respiratorias (5%). En orina (n=8795), se obtuvo crecimiento de *E. coli* 65%, *P. mirabilis* 10%, *K. pneumoniae* 6%, seguido de *Enterococcus faecalis* 4%, *Enterobacter cloacae* 2% y *Morganella morganii* 2%. Para *E. coli* (n=5463) se identificó la producción de BLEE 6% (Urgencias), 8% (No UCI) y 12% (UCI). Para *K. pneumoniae*, 25% (Urgencias), 32% (No UCI) y 33% (UCI).

Conclusiones: La expresión de BLEE en enterobacterias en orina en pediatría es alta. Los porcentajes obtenidos en los servicios de urgencias superan el 5%, siendo similares a los servicios No UCI para *E. coli*. En tanto que, para *K. pneumoniae* la expresión de BLEE es similar a nivel intrahospitalario y en los servicios de urgencias. Planteando un problema en el manejo de pacientes pediátricos con infección de vías urinarias que acuden a este servicio.

150. Caracterización clínica, microbiológica y epidemiológica de la enfermedad neumocócica invasora (ENI) en niños de 8 hospitales de Bogotá, enero 2008 - enero 2014, antes y después de la vacunación masiva.

Jaime Alberto Patiño Niño, Aura Lucía Leal Castro, Anita María Montañez Ayala, Germán Camacho, Sandra Beltrán Higuera, Esther Rocío Barrero Barreto, Cristina Mariño, Carolina Bonilla, Nicolás Ramos Rodríguez.

Asociación Colombiana de Infectología Capítulo Central. Sociedad Colombiana de Pediatría. Bogotá, Colombia. jaime714@yahoo.com

Introducción: La ENI cursa con alta morbimortalidad, especialmente en menores de 5 años. Desde diciembre 2008 Bogotá inició vacunación masiva contra *S. pneumoniae* en niños con vacuna conjugada; Colombia la hizo en 2011. Realizamos descripción clínica, microbiológica y epidemiológica de ENI en niños de 8 hospitales de Bogotá entre enero 2008 y enero 2014.

Materiales y métodos: Estudio observacional descriptivo retrospectivo (2008 - 11) y prospectivo (2012 - 14), tipo serie de casos de niños hospitalizados por ENI en 8 hospitales de Bogotá, entre enero 1 de 2008 y enero 15 de 2014. Revisión de cuadro clínico, inmunización contra *S. pneumoniae*, identificación de serotipo y resistencia antibiótica.

Resultados: En 239 pacientes se documentó ENI, 136 (56.9%) de sexo masculino. El año con más casos fue 2010 (56), y con menos casos, fue el 2013 (31). En total, 103 (43%) menores de 24 meses, 86 (36%) de 24 a 59 meses, y 50 (21%) de 60 y más meses. El registro de vacunación fue obtenido en 112 (47%); fue aplicada en 55, e identificada la vacuna en 21 casos. Los diagnósticos finales fueron neumonía en 117 (48.9%), bacteriemia en 54 (22.6%), otros diagnósticos en 34 (14.2%), y meningitis en 29 (12.1%). Cerca de 35% de los casos requirió cuidado intensivo. Fallecieron 18 niños (7.5%), 11 menores de 2 años. La identificación de serotipo fue obtenida en 131 casos (55%), siendo los más frecuentes el 14 (32 casos), el 1 (27 casos), el

19A (9 casos), y los serotipos 3 y 6B (8 casos cada uno). Los serotipos 14, 6 B y 1 caen en frecuencia a lo largo del estudio; los serotipos 19A, 23F y 3 aumentan. Fueron resistentes a penicilina 3/122 cepas aisladas en sangre, y 1/9 aisladas en LCR.

Conclusiones: La ENI cursa con gran morbimortalidad, especialmente en < de 5 años. Ocasiona principalmente neumonía y bacteriemia. Existe emergencia de serotipos 19 A, 23F y 3. La vigilancia activa de ENI, y el registro sistemático de las inmunizaciones son claves para establecer si tendencias epidemiológicas sustentan cambios en prevención.

151. Mortalidad por enfermedad neumococcica invasiva entre el 2008 - 2014 en población pediátrica de 8 hospitales de Bogotá, Colombia.

Juan Pablo Rojas, Aura Lucía Leal Castro, Jaime Patiño, Anita María Montañez Ayala, Germán Camacho, Sandra Beltrán, Carolina Bonilla, Esther Rocio Barrero, Cristina Mariño, Nicolás Ramos Rodríguez.
Asociación Colombiana de Infectología Capítulo Central, Sociedad Colombiana de Pediatría. Bogotá, Colombia.
juanpa8506@hotmail.com

Introducción: Mortalidad por enfermedad neumococcica invasiva entre el 2008 - 2014 en población pediátrica de 8 hospitales de Bogotá, Colombia. El objetivo fue describir la mortalidad por Enfermedad Neumococcica Invasiva (ENI) entre el 2008 - 2014 en la población pediátrica de 8 instituciones de tercer nivel Bogotá, Colombia.

Materiales y métodos: Estudio observacional descriptivo tipo serie de casos, en pacientes fallecidos por ENI, en pacientes pediátricos, en 8 instituciones de tercer nivel de Bogotá, Colombia. Periodo del estudio de 1 enero de 2008 al 15 de enero 2014.

Resultados: De 239 casos registrados de ENI, la mortalidad fue 7.5% (n=18). 43,7 meses fue la edad promedio de los pacientes fallecidos. 66% de los casos fueron de sexo masculino. En 8 pacientes se identificaron los serotipos: 6A, 6B, 10A, 14, 18C, 23B, 23F, 35B. La presentación clínica más frecuente en los casos de mortalidad fue meningitis con 33%. La mortalidad de los casos totales por meningitis fue 23,1% (n=6), bacteriemia 8,8% (n=5) y neumonía 4,2% (n=5). Dos pacientes tenían factores de riesgo para ENI (asplenia y enfermedad respiratoria crónica). Dos casos tenían antecedente de inmunización por neumococo.

Conclusiones: La mortalidad en este estudio fue mayor en los varones y en los menores de 2 años (60%). El estado de vacunación fue desconocido o ausente en la mayoría de los casos. 5 de los serotipos identificados están incluidos dentro de las vacunas actualmente disponibles. La meningitis fue la manifestación de ENI mayor mortalidad (23,1%). La mortalidad por ENI es especialmente alta en los menores de 2 años y en pacientes de sexo masculino, especialmente cuando presenta foco meníngeo (44%). La serotipificación no fue posible en todos los pacientes fallecidos, ya que no se envió la cepa aislada al Instituto Nacional de Salud. Se requiere una vigilancia continua y sistemática para evaluar el impacto de la vacunación y las posibles modificaciones en el patrón de presentación de la enfermedad.

152. Frecuencia de virus respiratorios en niños hospitalizados con neumonía adquirida en la comunidad y niños sin neumonía en el Área Metropolitana de Medellín, 2011-12. Comparación de tres técnicas para su detección.

Laura Cárdenas, Aleyda Montaña, Mariana Herrera, Lucelly López, Yudy Aguilar, Lázaro Vélez.
Grupo Investigador de Problemas en Enfermedades Infecciosas, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
lcardenassuaza8@gmail.com

Introducción: Los virus respiratorios (vr) son una causa importante de neumonía adquirida en la comunidad (NAC) en niños. En nuestro medio la información sobre su frecuencia y rendimiento de las pruebas utilizadas para su detección es escasa. Objetivo: Determinar la presencia de vr en niños con y sin nac y la concordancia entre diferentes pruebas empleadas para su diagnóstico.

Materiales y métodos: Estudio comparativo transversal. Se incluyeron 525 niños con nac y 61 sin nac. Se realizó inmunofluorescencia directa (IFD) en hisopado nasofaríngeo para detectar influenza A/B (flu), virus sincitial respiratorio (vsr), adenovirus (adv) y parainfluenza 1/2/3 (pflu). Además, PCR multiplex (mPCR) en esputo inducido (o aspirado traqueal en los controles) para los vr antes mencionados, y para coronavirus 229e/oc43 (cov),

rhinovirus A/B/C (rhv), metapneumovirus (mpv), enterovirus (env), bocavirus 1/2/3/4 (bov) y pflu 4. También se hizo serología pareada en los niños con nac. Finalmente, se evaluaron la concordancia (acuerdo observado y coeficiente kappa) entre las pruebas

Resultados: Se detectaron vr en 71% y 43% de los niños con y sin NAC respectivamente. El más frecuente en ambos grupos fue vsr (31% y 15%). Le siguieron pflu (23% y 18%), rhv (21% y 10%), flu (18% y 11%), adv (13% y 10%), mpv (7% y 0%), cov (3% y 0%), env (1% y 0%) y bov (0,5% y 0%). Se detectaron ≥ 2 vr en 29% de los niños con NAC y 5% de los que no tenían nac. Algunos subtipos de vr como pflu 3, vsr b, flu b y adv fueron más frecuentes en los niños sin NAC, tanto por mPCR como por IFD. En los niños con NAC, el acuerdo observado entre las pruebas fluctuó entre 78% y 98%, pero el índice Kappa fue <0,4% en todos los casos.

Conclusiones: Algunos vr (pflu, vsr, flu, adv y rhv) se identifican con frecuencia en los niños sin NAC, posiblemente por colonización de la nasofaringe, tráquea o bronquios. Debido a la discordancia entre las pruebas evaluadas, la positividad o negatividad de una única prueba no confirma ni descarta una NAC viral. Código Colciencias: 111551929199.

153. Distribución espacial de *Streptococcus pneumoniae*, *Mycoplasma pneumoniae*, Virus Sincitial Respiratorio, Parainfluenza virus y Rhinovirus en niños con neumonía adquirida en la comunidad del área urbana de Medellín 2011-2012.

Diego Bastidas, Lucelly López, Zulma Rueda, Lázaro Vélez.
Grupo Investigador de Problemas en Enfermedades Infecciosas, Universidad de Antioquia.
Medellín, Colombia. dilebastidas@gmail.com

Introducción: Los sistemas de información geográfica (sig) son herramientas útiles en sistemas de vigilancia en salud pública. Permiten identificar zonas de alto riesgo de transmisión de agentes infecciosos, como los involucrados en la neumonía adquirida en la comunidad (nac), evaluando la concentración de los casos y distancias entre ellos. Objetivo: Explorar la distribución espacial de *Streptococcus pneumoniae* (spn), *Mycoplasma pneumoniae* (mp), virus sincitial respiratorio (vsr), parainfluenza virus (pflu) y rhinovirus (rhv) en niños hospitalizados por nac, residentes en el área urbana de Medellín 2011-2012.

Materiales y métodos: Se estudiaron 380 niños con nac. A través del software ArcGis 10.0 se pudo georreferenciar 319 casos: 66 infectados por spn, 45 por mp, 91 por vsr, 66 por pflu y 73 por rhv. Se aplicaron los estadísticos espaciales globales de morans i y getis-ord para buscar la existencia de agrupaciones entre los casos a diferentes distancias, y los estadísticos espaciales locales de morans i y getis gi* para localizar geográficamente los barrios y zonas con mayores agrupaciones de casos para cada uno de los microorganismos estudiados.

Resultados: Hubo evidencia de agrupamientos espaciales en la distribución de casos por spn, vsr, rhv y mp a una distancia de 1.250 mts, mientras los casos de pflu mostraron una distribución aleatoria. Cuando se ubicaron geográficamente en el mapa de Medellín, se presentaron agrupaciones y sitios de mayor riesgo en 15 barrios de las zonas centro-occidental y nor-oriental de la ciudad. El comportamiento de los agentes estudiados fue similar entre ellos.

Conclusiones: Los sig son una herramienta útil para los programas de vigilancia epidemiológica en salud pública. Sin embargo, es necesario complementar la información explorando la agrupación temporal de los mismos teniendo en cuenta además, que los periodos de incubación de cada germen son diferentes. Código Colciencias: 111551929199.

154. Comparación de distintas técnicas para la detección de *Mycoplasma pneumoniae* en niños con y sin Neumonía Adquirida en la Comunidad en el Valle de Aburrá.

Cristian Vera, Ángela Copete, Yudy Aguilar, Zulma Rueda, Lázaro Vélez.
Grupo Investigador de Problemas en Enfermedades Infecciosas, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
violinsegundo@hotmail.com

Introducción: *Mycoplasma pneumoniae* (Mp) causa con frecuencia neumonía adquirida en la comunidad (NAC) en niños. Usualmente su diagnóstico se basa en la detección de anticuerpos IgM en fase aguda, o la presencia de su DNA en muestras respiratorias; sin embargo, los títulos de IgM pueden permanecer altos por meses o años, y el ADN puede detectarse en personas asintomáticas

respiratorias. El objetivo fue comparar las distintas técnicas de detección de Mp en niños hospitalizados por NAC y en niños asintomáticos respiratorios.

Materiales y métodos: Cohorte prospectiva de 525 niños con NAC y 61 sin NAC. Se tomaron muestras de sangre para serología aguda y convalescente (IgG e IgM contra Mp, ELISA -Vircel®) y esputo inducido para PCR múltiple (Seeplex-Seegen®) a los niños con nac, y serología aguda (IgM) y aspirado traqueal al grupo sin NAC. Se consideró diagnóstico de Mp a la cuadruplicación de títulos de IgG y/o IgM, o si la PCR era positiva. Se compararon los casos positivos en ambos grupos y se evaluó la concordancia entre las pruebas realizadas (porcentaje de acuerdo observado y coeficiente Kappa de Cohen).

Resultados: En los niños con NAC se halló evidencia de Mp en 73/525 (13,9%). De éstos, 33/491 (6,7%) cuadruplicaron títulos (4,5% por IgG, 1,2% por IgM y 1,0% por ambas) y 54/525 (10,3%) fueron positivos por PCR. Ambas pruebas fueron positivas en 2,8% (14/491). En el grupo sin NAC, 2/61 (3,3%) fueron positivos por PCR. El 32,6% de los niños con NAC (170/522) y el 38,3% de los sanos (23/60) tuvieron títulos de IgM > 11 en fase aguda. El acuerdo observado entre la cuadruplicación de títulos y la PCR fue 88% y el índice Kappa entre ellas fue 0,26.

Conclusiones: No hubo diferencias en el porcentaje de positividad de la IgM aguda entre niños con y sin NAC. El diagnóstico de Mp en niños con NAC exige tanto la PCR como la serología pareada, pero la concordancia entre éstas es pobre. Un pequeño porcentaje de niños sin NAC puede tener ADN de Mp en aspirado traqueal. Código Colciencias: 111551929199.

VIH 2 - PRESENTACIONES ORALES

155. Factores de riesgo para rebote virológico en pacientes con coinfección TB/VIH.

Ricardo Martínez García, Cesar Bueno Serrano, Carlos Jiménez Mejía, Karen Tapias Rubiano.
COMFAMILIAR Risaralda. Fundación SIAM. Grupo VIHDA. Pereira, Colombia. ricardoamartinezg@hotmail.com

Introducción: Al ser la tuberculosis la entidad oportunista más frecuente en personas infectadas por el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH), se hace necesario establecer factores de riesgo para rebote virológico tras supresión inicial con terapia antirretroviral y posterior al inicio de terapia anti TB en población coinfectada. Es objetivo del presente trabajo establecer estos factores de riesgo diferentes a la pobre adherencia en nuestra población.

Materiales y métodos: Se realizó estudio de corte transversal entre 96 pacientes con coinfección TB/VIH atendidos en Comfamiliar Risaralda entre enero 2004 - junio 2012 y con rebote virológico 18 meses después de inicio de terapia anti TB.

Resultados: El tiempo promedio de supresión viral previo a terapia anti-tuberculosa fue de 14 meses. El 85% recibían inhibidor de proteasa (IP), 15% inhibidor no nucleósido de la transcriptasa inversa (INNTR) y 10% inhibidor de integrasa. Como factores de riesgo para rebote virológico se señalan: reemplazo de IP por INNTR RP 3.6 (IC95%: 1,2- 6,3), reemplazo de IP por inhibidor de integrasa RP 2,6 (IC95% 1,03- 7,2) y reemplazo de IP por esquema triple de inhibidores nucleosidos (abacavir-lamivudina-zidovudina) RP 2,7 (IC95%: 1,4- 6,9), estos cambios fueron precipitados por no disponibilidad de rifabutin.

Conclusiones: Las interacciones medicamentosas entre IPs y rifampicina, obligan a considerar el uso de la rifabutin como parte del esquema antituberculoso, sin embargo la escasa disponibilidad de esta última conduce a construcción de esquemas no apropiados, al pasar de fármacos con alta barrera genética como la aportada por un IP a medicamentos con una baja barrera como la asociada a INNTR e inhibidores de integrasa, incrementando así el riesgo de rebote virológico. Es pues necesario garantizar el suministro de rifabutin, considerándose como fármaco de primera línea en pacientes coinfectados que reciben IP.

156. Descripción de un grupo de pacientes con coinfección por VIH - Hepatitis C en Bogotá, Colombia.

Carlos Hernández, Otto Sussmann.
Asistencia Científica de Alta Complejidad. Bogotá, Colombia. carturohn@yahoo.es

Introducción: La coinfección vih - Hepatitis C establece un reto clínico por las implicaciones en pronóstico y las dificultades en tratamiento. Este trabajo pretende describir el perfil de los pacientes con coinfección vih y hepatitis C en nuestra institución.

Materiales y métodos: Se revisaron historias clínicas de pacientes atendidos en una IPS de Bogotá con diagnóstico de coinfección.

Resultados: Se presentaron 14 pacientes con coinfección con promedio de edad de 52 años la mayoría del género masculino 71,4%. Llevaban en promedio 5,5 años con infección por VIH. Doce de los pacientes recibían tratamiento antirretroviral (85,7%). Siete de los pacientes recibieron tratamiento para hepatitis C, requiriéndose cambio de tratamiento para vih en un paciente. Seis pacientes tenían carga viral de VIH controlada y uno sin TARGA tenía carga en 1311 copias/ml, tenían recuentos de CD4 de 585 células/ml en promedio. La carga viral para hepatitis C en promedio fue 1176760 copias/ml. Cinco de los pacientes tenían genotipo 1 b, dos tipo 1a, dos tipo 4 y en cinco no se obtuvo genotipo por enfermedad autocontrolada y un caso tratado exitosamente con Interferón - Ribavirina sin genotipo previo. Se obtuvo biopsia hepática en un paciente con actividad necroinflamatoria ligera Grado 1/4 sin fibrosis Estado 0/4 y se obtuvieron 6 Fibrotest: dos F0, dos F2 y dos F4 y dos A0, dos A1 y dos A3. Seis pacientes fueron tratados con Telaprevir Interferón y Ribavirina; una suspendió por efectos colaterales, cuatro ya culminaron tratamiento y permanecen con supresión virológica y dos de ellos tras 24 semanas de finalizado.

Conclusiones: Se observa un comportamiento similar al reportado en otras series, con diferencias frente a especie de HCV pues encontramos genotipos diferentes al 1b lo que supone mal pronóstico al tratamiento.

157. Evaluación de la eficacia de la aplicación del protocolo para la reducción de la transmisión materna infantil del virus de inmunodeficiencia humana (VIH) en un programa de atención integral de Bogotá D.C Colombia.

Katherine Romero, Paola Pineda, David Leonardo Mantilla Borda, Otto Sussmann Peña.
Asistencia Científica de Alta Complejidad. Bogotá, Colombia. dl-mantillab@yahoo.com

Introducción: La atención integral de las pacientes gestantes diagnosticadas con el virus de inmunodeficiencia humana (VIH) busca la supresión virológica para el final de la gestación y al momento del parto y de esta forma recién nacidos (RN) sanos, logrado mediante la captación oportuna de las gestantes, la adherencia a la atención integral y una toma adecuada de la terapia antirretroviral (TAR). El objetivo es evaluar la efectividad del protocolo para la reducción de la transmisión materna infantil, dada que es una política pública que obedece a los objetivos de desarrollo del milenio.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio de cohorte retrospectivo de pacientes gestantes, en un programa de atención integral para personas mayores de 18 años con infección VIH durante el periodo comprendido entre enero de 2009 y diciembre de 2013 que recibieron TAR. Se incluyeron variables de edad gestacional al diagnóstico, esquemas antirretrovirales, efectos secundarios, cargas virales (CV) y recuento de CD4 al inicio y al momento del parto y la Carga viral del RN.

Resultados: Un total de 59 maternas que recibieron TAR durante el embarazo, la edad gestacional al diagnóstico fue 37 pacientes en el primer trimestre, 15 pacientes en el segundo trimestre, 7 pacientes en el tercer trimestre, La TAR más frecuente fue zidovudina/Lamivudina con lopinavir/ritonavir, 3 pacientes recibieron Raltegravir por ingreso al programa después de la semana 31 de gestación y se encontraban sin TAR. No presentaron efectos secundarios. Los 54 Recién nacidos recibieron Zidovudina durante 6 semanas y 5 recibieron biterapia con Zidovudina - Lamivudina. Al 83% se les descartó la infección por VIH, 13.3% se encuentran aún en seguimiento y el 3.3% se trasladaron de ciudad. La mediana de la CV al inicio del embarazo fue 16,642 copias y al final 339 copias, La mediana de los CD4 al inicio fue 363.4 células y al final 498.1

Conclusiones: El estudio permitió establecer que con el cumplimiento del protocolo para la reducción de la transmisión materno infantil del VIH, el cual inicia desde, la captación oportuna de las pacientes y el inicio temprano de TAR se logra un 0% de transmisión del VIH.

FARMACOECONOMÍA - PRESENTACIÓN ORAL

158. Costos de bolsillo relacionados al tratamiento de la tuberculosis en Colombia bajo la estrategia DOTS

José Mauricio Hernández Sarmiento, Lina María Martínez Sánchez, Jonathan Cardona Vélez, Gustavo González, Carlos Lázaro, Elsa Doria, Diana Castrillón, Evert Jiménez Cotes, Katy Galeano.
Escuela de Ciencias de la Salud, Facultad de Medicina, Universidad Pontificia Bolivariana, Sede Central Medellín, Colombia. jcardonavelez@hotmail.com

Introducción: La tuberculosis (TB) persiste como un problema mundial de salud pública de grave magnitud que requiere atención urgente y causa considerables costos directos e indirectos a los individuos y la sociedad. DOTS (Tratamiento directamente observado de corta duración) es la estrategia internacional recomendada para garantizar su curación, y es considerada la estrategia más costo-efectiva para el control de la misma. Sin embargo, algunos de los costos del tratamiento que deben ser asumidos por los pacientes no son considerados en esta estrategia. Esta investigación tiene el objetivo de estimar el impacto económico global de la estrategia DOTS desde la perspectiva del paciente.

Materiales y métodos: Estudio transversal de 91 pacientes adultos con tuberculosis en tratamiento durante al menos dos meses, en el que se aplicó un cuestionario estandarizado en tres ciudades diferentes de Colombia: Medellín (índice de pobreza del 17,7%), Montería (índice de pobreza del 36,9%) y Quibdó (índice de pobreza del 51,2%). Los costos se convirtieron a USD \$ 2013 y se catalogaron en dos períodos: fase de tratamiento y diagnóstico.

Resultados: La media de los costos durante el diagnóstico fue de USD \$ 13 (\pm SD 9,5). La media el gasto directo del bolsillo del paciente durante el tratamiento fue de USD \$32 (\pm 6,8), lo que equivale al 17% del ingreso promedio mensual del paciente, que se estima en USD \$186 (\pm SD 23). Los costos registrados en Medellín fueron de USD \$47, en Montería de USD \$18 y en Quibdó de USD \$13.

Conclusiones: Los costos para el paciente en tratamiento de la TB bajo la estrategia DOTS son altos, incluso cuando los servicios se proporcionan de forma gratuita por el sector público. En los entornos con recursos limitados, estos costos pueden ser una posible causa de abandono del tratamiento.

PARASITOLOGÍA - PRESENTACIONES ORALES

159. Detección de anticuerpos IgG contra la proteína recombinante proteína disulfuro isomerasa (TgPDIr) en pacientes colombianos con toxoplasmosis.

Estefania Buitrago López, John Alejandro Acosta Dávila, Néstor Cardona, Jorge Enrique Gómez-Marín.
Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. niabulo30@gmail.com

Introducción: La PDI de *T. gondii* ha sido identificada en la superficie del parásito modulando la interacción entre la célula huésped y el taquizoito. Este estudio pretende determinar la presencia de anticuerpos IgG contra la proteína TgPDIr, en pacientes colombianos con diferentes formas de toxoplasmosis.

Materiales y métodos: se llevó a cabo la clonación del gen de la cepa RH en *Escherichia coli* BL21 y la purificación de la proteína PDI recombinante en columna de níquel agarosa. Se evaluó la presencia de anticuerpos IgG contra la TgPDIr por medio de ELISA indirecta in-house. Se evaluaron 5 grupos de pacientes: 1) 30 casos confirmados IgG e IgM negativos. 2) 20 pacientes con toxoplasmosis ocular. 3) 19 pacientes con toxoplasmosis congénita. 4) 20 pacientes con toxoplasmosis ganglionar. 5) 10 pacientes asintomáticos.

Resultados: Se obtuvieron 120 μ g/ml de proteína recombinante. El porcentaje de anticuerpos IgG en los pacientes colombianos asintomáticos fue del 10%, en pacientes con toxoplasmosis ganglionar 5%, en pacientes con toxoplasmosis congénita 26% y en pacientes con toxoplasmosis ocular 5%. La frecuencia de positividad de TgPDIr fue mayor en el grupo de niños con toxoplasmosis congénita con respecto a los otros grupos de manera estadísticamente significativa (test exacto de Fisher; $p=0,03$).

Conclusiones: Los pacientes con diversas formas clínicas de toxoplasmosis tienen una baja frecuencia de anticuerpos contra PDI, a excepción de los niños con forma congénita. Esto abre diversos interrogantes para explorar el significado de este hallazgo.

160. Incidencia de retinocoroiditis en pacientes tratados para toxoplasmosis ganglionar.

Eunice Julied Pechené Campo, Alejandra de la Torre, Jorge E. Gomez Marín
Grupo GEPAMOL, Centro de investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. eunice-fe@hotmail.com

Introducción: Se ha reportado que puede ocurrir compromiso ocular después de un episodio de toxoplasmosis ganglionar. A pesar que la prevalencia de la toxoplasmosis ganglionar es alta en Colombia, no se conoce cuántas personas de ellas desarrollan retinocoroiditis.

Materiales y métodos: Se revisaron casos que consultaron por cuadro similar a mononucleosis en el centro de salud de la Universidad del Quindío en el período de junio de 2009 a abril de 2013. Se seleccionaron los casos que presentaron adenopatías y acompañados o no de fiebre, y con pruebas IgG e IgM anti-*Toxoplasma* positivas y descartadas infecciones por EBV, Herpes o CMV. Seguimiento durante un año con examen de fondo de ojo al mes uno, tres, y seis meses y al año después de inicio de síntomas.

Resultados: Se encontraron 26 entre 32 que consultaron que fueron confirmados como toxoplasmosis ganglionar y fueron tratados. En otros tres casos no hubo tratamiento con antiparasitarios durante los episodios clínicos de la toxoplasmosis ganglionar. Se trataron 22 con pirimetamina/sulfadoxina y 1 con clindamicina. No se observaron lesiones de retinocoroiditis en ninguno de los pacientes, examinados luego de un año de seguimiento. Entre los tres casos que no recibieron tratamiento, encontramos un caso que desarrolló una papilitis y retinocoroiditis peripapilar, un mes después de la aparición de las adenopatías.

Conclusiones: No encontramos casos de retinocoroiditis entre los pacientes que recibieron tratamiento durante un episodio de toxoplasmosis ganglionar. Los presentes datos sugieren que es necesario recomendar tratamiento con antiparasitarios específicos en toxoplasmosis ganglionar.

161. Evaluación del tratamiento con Pirimetamina/Sulfadoxina en pacientes con toxoplasmosis ocular.

Daniel Leonardo Contreras Vila, Alejandra de la Torre, Jorge E. Gómez Marín
Programa de Medicina, Grupo GEPAMOL, Centro de investigaciones Biomédicas de la Universidad del Quindío. Armenia, Colombia.
danleo94@hotmail.com

Introducción: El tratamiento estándar para toxoplasmosis ocular con pirimetamina más sulfadiazina no se encuentra disponible en Colombia. Una alternativa es usar la sulfadoxina en lugar de sulfadiazina, sin embargo no existen reportes sobre la eficacia de la pirimetamina más sulfadoxina en pacientes con toxoplasmosis ocular.

Materiales y métodos: Se revisaron historias clínicas de los casos que consultaron por toxoplasmosis ocular al centro de salud de la Universidad del Quindío en el periodo del año 2006 hasta el año 2009 y que tuvieron diagnóstico confirmado de toxoplasmosis ocular. Cada caso debería tener como mínimo cinco semanas de seguimiento y control, en los cuales una vez iniciado el tratamiento se evaluaba si había alguna mejoría basándonos en criterios como el porcentaje de reducción en discos de diámetro de las lesiones y mejoría en la agudeza visual.

Resultados: Se encontró que 14 de 42 pacientes que consultaron fueron tratados con pirimetamina- sulfadoxina, el resto de los pacientes recibió distintos tipos de tratamientos entre los cuales figura: trimetropin-sulfametoxazol, clindamicina y azitromicina. En los pacientes tratados con pirimetamina-sulfadoxina y seguidos en control tuvieron una media de reducción del diámetro de la lesión de 20% y una media de mejoría de la agudeza visual de 1,5 líneas de agudeza visual, frente a una media de 20% de reducción de lesión y mejoría de 2,5 líneas de agudeza visual en los que recibieron los otros esquemas. Ambos valores comparados no tuvieron una diferencia significativa con la prueba de Mann-Whitney. No se reportaron efectos adversos por el uso de pirimetamina-sulfadoxina (anemia o reacciones exantemáticas).

Conclusiones: Se encontró que el uso de pirimetamina-sulfadoxina en toxoplasmosis ocular frente a otros esquemas farmacológicos no fue inferior en reducción del tamaño de lesión.

162. Evaluación de anticuerpos IgG para el péptido ROP 16 503L derivado de la proteína ROP 16 de *Toxoplasma gondii* en toxoplasmosis humana.

Mónica Vargas Montes, Néstor Cardona, Jorge Enrique Gómez Marín.
Universidad del Quindío. Armenia, Colombia.
mvargasm@uqvirtual.edu.co

Introducción: La proteína ROP 16 de *Toxoplasma gondii* cuenta con un polimorfismo en la posición 503 (Leu-Ser) del dominio quinasa que determina la virulencia del parásito. El objetivo del estudio fue determinar si existen diferencias en la prevalencia de anticuerpos IgG contra el péptido ROP16503L en diferentes formas clínicas de toxoplasmosis.

Materiales y métodos: Se realizó una ELISA para anticuerpos IgG contra el péptido ROP16 503L (ALNSLVQSQPPFL). Se probaron sueros de: 42 pacientes con toxoplasmosis ocular, 19 con infección congénita, 11 con toxoplasmo-

sis ganglionar y 27 asintomáticos. Se utilizaron 50 muestras de suero de personas seronegativas para establecer el punto de corte. Además se incluyeron 5 sueros de personas infectadas con la cepa de tipo I como control positivo y 5 no infectados por cepas de tipo I como control negativo. Las muestras fueron procesadas por duplicado y en dos ensayos separados.

Resultado: Los prueba fue positiva para el 34,8% (16/46) de las personas con toxoplasmosis ocular, el 47,4% (9/19) con toxoplasmosis congénita, el 32,1% (9/28) con toxoplasmosis asintomática y el 27,3% (3/11) con toxoplasmosis ganglionar. Aunque el porcentaje de positividad fue mayor en las personas con toxoplasmosis congénita, no se encontraron diferencias estadísticamente significativas ($p=0,692$). De igual manera no hubo asociación entre las formas clínicas de toxoplasmosis y la positividad de la prueba ($p=0,650$).

Conclusiones: La prevalencia de anticuerpos anti-ROP16503L es baja en individuos con diferentes formas clínicas de toxoplasmosis. Esto se puede explicar porque la región en la cual está el péptido es de baja inmunogenicidad. El serotipaje usando ROP 16 no estuvo asociado a ninguna de las formas severas de toxoplasmosis estudiadas.

163. Evaluación de Recomline® Avidity como prueba confirmatoria en toxoplasmosis congénita.

Elizabeth Torres Morales, Margarita Ardila Florez, Jorge Enrique Gómez Marín.
Universidad del Quindío. Armenia, Colombia.
etorres@uniquindio.edu.co

Introducción: Se requiere mejorar el diagnóstico temprano de los niños con toxoplasmosis congénita mediante la evaluación de los ensayos confirmatorios alternativos que podrían aumentar la sensibilidad o reducir la necesidad de múltiples criterios para el diagnóstico en los recién nacidos. El objetivo de este estudio fue evaluar el criterio de avidez por el método comercial de *western blot* "Recom Line"

Materiales y métodos: Utilizamos el Recom-Line IgG 5972 *Toxoplasma* [Avidit.] de Mikrogen Diagnóstico (Alemania). Se evaluó el criterio de avidez de los anticuerpos IgG específicos en 10 muestras de suero tomadas durante los primeros tres meses de vida en niños con toxoplasmosis congénita confirmada y 10 niños quienes se negativizaron en ausencia de tratamiento durante el seguimiento (ausencia confirmada de infección congénita). La avidez se estimó mediante la comparación de la intensidad de las bandas para P30, MAG1 y proteínas rSAG1 con y sin tratamiento con urea. Se calcularon la sensibilidad y especificidad, y los intervalos de confianza al 95% (IC95%).

Resultados: La baja avidez para la proteína P30 obtuvo una sensibilidad del 66% (IC95% 30,3-100) y una especificidad del 100% (IC 95% 93,7-100). La baja avidez para la proteína MAG1 mostró una sensibilidad del 57% y una especificidad del 71%. La Baja avidez para la proteína GRA1 tuvo sensibilidad de 66% y una especificidad de 75%. La baja avidez para rSAG1 tuvo sensibilidad de 85% y una especificidad del 42,8%. Tres niños sin IgM o IgA específicos al nacer fueron identificados por los criterios de baja avidez para P30.

Conclusiones: El criterio de baja avidez para la proteína P30 del *Western blot* Recom-Line obtuvo la mejor sensibilidad y especificidad e identificó niños que fueron negativos para los criterios de diagnóstico de primera línea.

164. Determinación de la prevalencia de *Fasciola hepática* en heces de ganado bovino y trabajadores del sector ganadero en el departamento del Quindío, 2013.

Jhon Carlos Castaño Osorio, Delia Piedad Recalde Reyes, Leonardo Padilla Sanabria, María Mercedes González, Lily Johana Toro Segovia.
Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. yiyuma@yahoo.com

Introducción: La fasciolosis es una enfermedad parasitaria causada por el trematodo *Fasciola hepática*, la forma adulta de este parásito se localiza en el hígado.

Determinar por microscopía óptica y por el inmunoensayo (Fascidig®) la prevalencia de *Fasciola hepática*, en heces de trabajadores del sector ganadero y ganado bovino en el departamento del Quindío.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal, teniendo como población de referencia empleados del sector ganadero y bovinos del departamento del Quindío. Se calculó una muestra con un nivel de confianza de 95% y un error de 5% para ambos tipos de población donde se obtuvo una $n=422$. Se tomó muestra de heces entre los meses septiembre de 2012 hasta marzo de 2013, previo consentimiento informa-

do. Se realizó análisis parasitológico para identificar huevos de helmintos o protozoos, mediante tres técnicas: directa con Lugol, Kato-Katz y Ritchie, adicionalmente se realizó la determinación de antígenos de mediante la técnica inmunológica Fascidig.

Resultados: Encontramos que Ritchie fue la prueba más sensible para la detección de parásitos intestinales en heces de bovinos. La prevalencia fue de 3,74%, por microscopía óptica independientemente de la técnica empleada; por su parte en el inmunoensayo Fascidig fue de 3,01% y en humanos del 0%. El parásito más encontrado en los bovinos fue el helminto *Toxocara vitulorum*, y en los humanos el helminto *Trichuris trichuris*. A pesar de que los animales recibieron antiparasitarios en los meses previos a la toma de las muestras, la prevalencia de parásitos fue elevada (47,76%).

Conclusiones: Demostramos la presencia del parásito *Fasciola hepática* en los bovinos de cuatro municipios del Departamento del Quindío tanto con las técnicas coproparasitológicas (Lugo, Kato-Katz, Ritchie), como con la prueba inmunológica (Fascidig).

165. Prevalencia de anticuerpos frente a *Fasciola hepática* en personas que habitan en un foco de fasciolosis bovina en el departamento de Caldas.

Etna Julieth Giraldo Pinzón, Jorge Enrique Pérez Cárdenas.
Universidad de Caldas. Manizales, Colombia.
julieth.giraldo@ucaldas.edu.co

Introducción: La fasciolosis es una enfermedad que desencadena pérdidas económicas por las lesiones en hígado y peritoneo de herbívoros y accidentalmente en el hombre. En Villamaría-Caldas se reúnen las condiciones favorables para su desarrollo. Objetivo: Establecer la prevalencia de IgG frente a *Fasciola hepática* en personas que habitan un foco de la enfermedad en Caldas-Colombia.

Materiales y métodos: Se seleccionaron hombres y mujeres dedicados a la explotación bovina, que firmaron acta de consentimiento aprobada por el comité de ética médica de la Universidad de Caldas y respondieron una encuesta, se tomó una muestra de sangre, el suero se congeló a -80°C . Se empleó el kit BIOX® *Fasciola hepática* bovina para IgG, que se modificó empleando IgG antihumana+peroxidasa dirigida contra la fracción total del anticuerpo; el método se estandarizó utilizando un control positivo humano siguiendo los parámetros de la prueba, las muestras fueron positivas con absorbancias mayores o iguales al 10% del valor de absorbancia del control positivo. Se obtuvieron medidas de tendencia central y dispersión, chi cuadrado, odds ratio, riesgo relativo e intervalos de confianza.

Resultados: De 111 sueros obtenidos, siete personas resultaron reactivos positivos (6,3%). Fue mayor en hombres (4,5%), que en mujeres (1,8%). A los positivos, se les obtuvo una muestra seriada de materia fecal para detectar huevos de *Fasciola*, por microscopía; además, se realizó PCR para la detección de una secuencia génica repetitiva de 124 pb, específica de *F. hepática*; todas las personas fueron negativas por ambos procedimientos.

Conclusiones: Según la OMS el foco de fasciolosis humana es autóctono e hipodémico. En Colombia se ha descrito la enfermedad, recientemente en el Valle de San Nicolás-Antioquia con prevalencia del 4,9%. No hubo diferencias estadísticas significativas por género o edad. Es la primera evidencia de fasciolosis humana en Caldas con factores de riesgo asociados.

166. Secuenciamiento, ensamble y anotación de un aislado colombiano de *Cryptosporidium hominis*.

Juan Pablo Isaza Agudelo, Ana Luz Galván Díaz, Victor Polanco, Patricio Manque, Juan Fernando Alzate Restrepo.
Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
juanpabloisaza@gmail.com

Introducción: Conociendo el riesgo epidemiológico que significa la criptosporidiosis para pacientes VIH+ y a pesar de muchos estudios enfocados a aspectos inmunológicos, epidemiológicos, biológicos e incluso genómicos que se han realizado a *Cryptosporidium hominis*, algunos aspectos son poco claros básicamente por la variación genética del parásito. Objetivo: secuenciar el genoma de un aislado humano colombiano de *C. hominis*.

Materiales y métodos: A una muestra de materia fecal positiva por microscopía para criptosporidiosis, se le realizó identificación por PCR a nivel de especie, se purificaron los ooquistes y se extrajo el ADN con ciclos de congelación/descongelación. El genoma fue secuenciado usando las plataformas 454 FLX e Illumina. El ensamblaje se realizó con Newbler, el reordenamiento de los contigs en cromosomas con Abacas y la anotación con RATT. Los análisis comparativos se realizaron con FastA, Mummer y Samtools.

Resultados: En el ensamblaje se obtuvieron 54.337 contigs > 500 bases (b). Al realizar un Blastn contra el genoma de referencia de *C. parvum* con un valor de E de 1e-15 para identificar los contigs pertenecientes a *C. hominis* se identificaron 124 contigs > 1000b en los cuales se ensambló el 99% del genoma. Se anotaron automáticamente 3.777 CDS. En los análisis comparativos usando los genomas de *C. hominis* TU502 y *C. parvum* Iowa como referencia, se identificaron 10.398 SNP y 151.964 respectivamente. De las 3777 proteínas, 100% idénticas a su ortólogo en *C. parvum* sólo el 4%, de identidad entre 80-99.9% el 89%, de identidad entre 60%-79.9% el 2% y de identidad < 60% el 5%. En las comparaciones con *C. hominis* 100% idénticas el 49%, con identidad entre 80-99.9% el 21%, con identidad entre el 60-79.9% el 2% y con identidad < 60% el 28% de las proteínas.

Conclusiones: Los análisis preliminares han mostrado variabilidad entre los genomas comparados, pero es necesario realizar más análisis para identificar características específicas del aislado colombiano. Convocatoria 519-2010 Banco proyectos en salud, Colciencias.

RESISTENCIA BACTERIANA 2 - PRESENTACIONES ORALES

167. Implementación de un programa nacional de vigilancia del uso de antimicrobianos, Colombia 2012-2013.

David Leonardo Mantilla Borda, Carlos Arturo Álvarez Moreno.
Grupo de Antibióticos ACIN. Bogotá, Colombia.
dlimantillab@yahoo.com

Introducción: La resistencia bacteriana se considera uno de los principales problemas de salud pública, con mayor impacto en los países en vía de desarrollo. Sin embargo en nuestro país, son pocas las instituciones con programas de gerenciamiento de antimicrobianos. Objetivo: Establecer una red nacional de vigilancia del uso de antimicrobianos para conocer los hábitos de prescripción y así mismo establecer políticas institucionales adecuadas.

Materiales y métodos: Mediante gestión de la Asociación Colombiana de Infectología se invitaron a instituciones públicas y privadas del país para conformar voluntariamente una red de vigilancia para el uso racional de antimicrobianos. Se estandarizó el consumo de antibióticos mediante DDD x 100 camas día para la consolidación de información en cada institución, de acuerdo a los lineamientos de la Organización Mundial de la Salud. Se desarrolló una página web de fácil acceso para todas las instituciones, con el fin educar, recolectar información de consumo de antimicrobianos de forma mensual para, Esta herramienta permite en tiempo real calcular las tasas de consumo y hacer la comparación institucional con los promedios nacionales.

Resultados: Se incluyeron los datos de 30 instituciones que integran la red de vigilancia del uso de antimicrobianos durante 24 meses de seguimiento. se describen las DDD por 100 camas/día de los principales grupos de antimicrobianos. Así mismo fue posible establecer las tendencias de prescripción de cada molécula o grupo de AB intra e interinstitucionalmente de manera mensual en el periodo estudiado.

Conclusiones: La creación de una red de antimicrobianos fue exitosa y a partir de esta información se considerada la línea de base y en conjunto con el análisis de los perfiles de resistencia, será posible realizar recomendaciones para mejorar o establecer programas de gerenciamiento de antimicrobianos.

168. Evaluación de sensibilidad a ciprofloxacina y ácido nalidixico en aislamientos *Salmonella* spp intestinales y extraintestinales.

Edna Catering Rodríguez Cárdenas, María Elena Realpe Delgado, Adriana Marcela Bautista Chaves, Lucy Angeline Montaña Valencia.
Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia.
erodriguezc@ins.gov.co

Introducción: En 2012 el CLSI modificó los criterios para interpretación de ciprofloxacina (CIP) en *Salmonella* spp., para la técnica de difusión (Kirby-Bauer): sensible >31mm; intermedio 21-30mm y resistente <20 mm y para concentración inhibitoria mínima (CIM): sensible <0,06 µg/mL; intermedio 0,125-0,5 µg/mL y resistente >1 µg/mL, y recomendó usar ácido nalidixico (NA) como predictor, para inferir sensibilidad disminuida a fluoroquinolonas. Objetivo: Determinar la sensibilidad a CIP y NA obtenidos por Kirby-Bauer y E-test, para *Salmonella* spp e interpretarlo con los nuevos puntos de corte.

Materiales y métodos: Se evaluaron 137 aislamientos de *Salmonella* spp, por Kirby-Bauer frente a NA y CIP por E-test®. Los resultados fueron interpretados utilizando los puntos de corte de CLSI actuales y los anteriores a 2012.

Resultados: Con los puntos de corte previos a 2012 todos los aislamientos fueron clasificados como sensibles a CIP, sin embargo 45 (33%) se encontraban en el rango de intermedio o resistente a NA. Con los puntos de corte actuales, 24 (17,5%) fueron resistentes y 20 (14,6%) intermedios a CIP de los cuales 38 presentaron resistencia a NA. En los 93 aislamientos sensibles a CIP 8 (8,6%) presentaron resistencia a NA.

Conclusión: con la nueva interpretación de la CIM para CIP se detectaron aislamientos de *Salmonella* spp. con resistencia a fluoroquinolonas, los cuales no son captados por algunos equipos semiautomatizados, debido a que no cuentan con las concentraciones de 0,125-0,5µg/mL del antibiótico. La evaluación por Kirby Bauer de NA como predictor de resistencia, permitió clasificar el 86% de los aislamientos como resistentes a fluoroquinolonas, confirmando como una prueba de tamizaje adecuada.

169. Tendencia en la expresión Beta Lactamasas de Espectro Extendido en *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* en 6 instituciones de alta complejidad 2002 - 2013 -GREBO.

Andrés Fernando Meneses Ríos, Aura Lucia Leal Castro, Jorge Alberto Cortes Luna, Edwin Silva Monsalve, María Constanza Correa Nossa, Grupo para el Control de la Resistencia Bacteriana de Bogotá GREBO.
Universidad de La Sabana. Bogotá, Colombia.
afmenesesr@gmail.com

Introducción: La producción de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) es un problema latente en enterobacterias. Su tendencia hasta 2008 en Colombia se encontraba en disminución. Este trabajo describe el comportamiento de la expresión de BLEE para *E. coli* y *K. pneumoniae* en 6 hospitales de la red de GREBO que rutinariamente realizan prueba confirmatoria entre el año 2002 y 2013.

Materiales y métodos: Estudio descriptivo retrospectivo de series de tiempo de todas las muestras clínicas de *E. coli* y *K. pneumoniae* obtenidas de 6 instituciones pertenecientes a la red de GREBO con sistema de identificación microbiológica Vitek entre 2002 y 2013. Se confirmó la presencia de BLEE con prueba inhibitoria por microdilución con ácido clavulánico (CLSI). La información fue sistematizada usando Whonet 5.6®

Resultados: 25.335 aislamientos de *E. coli* (UCI=4.479, NoUCI=20856), 8.674 de *K. pneumoniae* (UCI=3.060, NoUCI=5.614). Se encontró 8,28% y 5,96% de expresión de BLEE en *E. coli* en UCI y No UCI respectivamente y 21,47% y 18,33% en *K. pneumoniae* para los mismos servicios. En *E. coli* se observa una tendencia leve al aumento en la expresión de BLEE en los últimos periodos del estudio (*E. coli* hasta el 10% en UCI y 14% en NoUCI). En *K. pneumoniae* se observa una tendencia al aumento en las BLEE (hasta 35% en UCI y 25% en NoUCI). Para *K. pneumoniae* en UCI se observa un descenso progresivo desde 2002 hasta 2009 donde presenta aumento hasta 2013

Conclusiones: La expresión de BLEE en enterobacterias presentó un cambio en su tendencia de disminución a partir de 2009 donde se observa un aumento para los periodos de 2010-2013 tanto en *E. coli* como en *K. pneumoniae*. Este comportamiento puede estar asociado a la diseminación de CTX-M como ha ocurrido a nivel mundial. El aumento en la expresión de BLEE es más evidente en *K. pneumoniae* en los servicios de UCI.

170. Selección de flora bacteriana intestinal resistente asociado a uso de Piperacilina/Tazobactam vs. Tazocin® en pacientes de dos hospitales universitarios de tercer grado de complejidad en Colombia.

Christian José Pallares Gutiérrez.
Hospital Universitario Evaristo García E.S.E. Cali, Colombia.
icako@hotmail.com

Introducción: Casi ningún estudio ha evaluado flora bacteriana previa al consumo antibiótico en pacientes para determinar selección de resistencia inducida por antibiótico. Estudios en modelos animales concluyen que antibióticos genéricos difieren de innovadores en equivalencia química y potencia pero no establecen diferencias entre riesgo de emergencia de resistencia en humanos. El objetivo del estudio fue identificar diferencias en frecuencia de selección de flora bacteriana intestinal BLEE (Betalactamasa de Espectro Extendido) en sujetos tratados con piperacilina/tazobactam y tazocin® en dos hospitales en Colombia.

Materiales y métodos: Estudio observacional de cohortes prospectivo. La población fueron sujetos >18 años con <48 horas de hospitalización reclutados por muestreo no probabilístico apareado por edad y patología médica o

quirúrgica. Expuestos (n=74) fueron tratados con piperacilina/tazobactam y no expuestos (n=77) con tazocin®. Se realizó seguimiento al ingreso, 4 y 7 días, con hisopados rectales sembrados en medios cromogénicos (chromID ESBL Biomerieux/Francia®). Para el análisis estadístico descriptivo se establecieron proporciones para variables cualitativas y media o medianas con desviación estándar o rangos intercuartílicos para cuantitativas. Para el multivariado se realizaron regresiones logísticas no condicionales para día 4 y final del seguimiento tomando como evento detección de BLEE en medio cromogénico. Valores de $p < 0,05$ fueron considerados estadísticamente significativos.

Resultados: Entre expuestos y no expuestos 55% (n=83) fueron BLEE+. La incidencia de BLEE+ al 4 días fue 54% (IC95%=42%-66%) en expuestos y 18% (IC95%=10%-29%) en no expuestos y al día 7 fue 79% (IC95%=62%-91%) y 3% (IC95%=0,04%-11%) respectivamente. El riesgo de tener frotis rectal BLEE+ en sujetos que recibieron piperacilina/tazobactam fue casi 3 veces (RR=2,97 IC95%=1,77-4,99) el día 4 y 25 veces (RR=25,01 IC95%=6,33-98,88) el día 7 de seguimiento comparado con el de los sujetos que recibieron Tazocin®.

Conclusiones: Se encontraron diferencias significativas en selección de flora bacteriana intestinal resistente (BLEE+) secundarias al uso de piperacilina/tazobactam versus tazocin®. Esta asociación debe ser confirmada con estudios posteriores para determinar si existe clonalidad entre las cepas que seleccionaron para BLEE.

171. Aislamientos colonizantes de *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina (SARM) provenientes de población pediátrica hospitalizada y de hogares infantiles, genotípicamente relacionados con cepas infecciosas predominantes de Medellín.

Erika A. Rodríguez, Santiago L. Atehortúa, Sigifredo Ospina, Margarita M. Correa, Judy Natalia Jiménez.

Grupo de Microbiología Molecular, Grupo de Microbiología Básica y Aplicada, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. andrearrt@gmail.com

Introducción: El aumento de la colonización nasal por *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina de la comunidad se ha descrito como un factor de riesgo en la emergencia de infecciones causadas por esta bacteria en poblaciones saludables, principalmente en niños. En Colombia son pocos los estudios sobre el tema. En este trabajo se propuso comparar los aislamientos colonizantes de SARM proveniente de población pediátrica hospitalizada y de hogares infantiles, versus los aislamientos infecciosos SARM predominantes en Medellín.

Materiales y métodos: Un total de 21 aislamientos colonizantes de SARM provenientes de menores de hogares infantiles y de un hospital universitario fueron evaluados durante el año 2011. La genotipificación incluyó tipificación por spa, PFGE, MLST, tipificación del SCCmec, detección genes de factores de virulencia y el agr. Estos aislamientos fueron comparados por PFGE, con aislamientos infecciosos de SARM (tipos spa t024, t008 y t1610) de un estudio previo realizado en el 2010.

Resultados: Se observó que los aislamientos colonizantes de SARM pertenecían a 6 complejos clonales (CC), principalmente a los CC8 (47,6%), el CC45 (14,3%) y el CC121 (9,5%). Adicionalmente, la mayoría de las cepas pertenecían al CC8-SCCmec IVc, llevaban los tipos spa t024, t008 y t1610, y se encontraron genéticamente relacionadas entre sí. Al comparar estos aislamientos, con cepas infecciosas aisladas y reportadas previamente en la institución hospitalaria del estudio, se encontró que estos aislamientos se estaban relacionadas, con un coeficiente de similitud entre el 80-85%.

Conclusiones: El hallazgo de cepas colonizantes de SARM con características genotípicas similares a las causantes de infección, sugieren la capacidad patogénica y diseminación de MRSA en el hospital y su probable circulación en la comunidad, alertando la importancia de su vigilancia en estas poblaciones.

Financiación: CODI, UDEA, Proyecto: CIMB-032-11.

172. Caracterización molecular de aislamientos de *Staphylococcus aureus* resistentes a meticilina provenientes de colonización nasal en individuos sanos de la comunidad en 10 regiones de Colombia.

Betsy Esperanza Castro Cardozo, Jaime Moreno Castañeda, Alejandro Márquez Ortiz, Zayda Corredor Rojo, Viviana Ramos, María Victoria Moncada, José Vicente Silva, Paula Díaz, Natasha Vanegas Gómez, Javier Escobar Pérez.

Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia. castrobetsy@unbosque.edu.co

Introducción: *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina con genotipo comunitario (SARM-GC) comprende un nuevo grupo de clones causantes de

infecciones en personas aparentemente sanas de la comunidad y también en pacientes hospitalizados. Actualmente existe poca información de su dinámica poblacional en la comunidad en Colombia. El objetivo de este estudio fue determinar las características genéticas, moleculares y epidemiológicas de aislamientos de SARM colonizando individuos en 10 regiones de Colombia.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio prospectivo, descriptivo, analizando la colonización nasal por SARM en 2867 estudiantes de 10 escuelas de formación policial en 10 regiones de Colombia. La caracterización incluyó: determinación del perfil de resistencia a 12 antibióticos, tipificación de SCCmec y agr, detección de 20 genes para factores de virulencia, algunos elementos genéticos móviles y relación genética por PFGE, spa y MLST.

Resultados: De los 2867 individuos analizados, 473 (17,0%) presentaron colonización por *S. aureus*, de los cuales 45 (1,5%) fueron SARM. De estos últimos, la mayoría fueron susceptibles a antibióticos no-B-lactámicos (68,8%). La caracterización molecular permitió identificar dos clones SARM predominantes, el primero conformado por 42 (93,3%) aislamientos (ST8-t008-PVL+-agrI-bsaB), con un SCCmec IV.3.1.2 (IVc) y genéticamente relacionados con el clon USA300-LV. El segundo, conformado por 3 (6,6%) aislamientos (ST923-t1635-PVL+-agrI-bsaB), un SCCmec IV.1.1.1 (IVa), y genéticamente relacionados con un nuevo clon emergente. Estos dos clones han sido descritos anteriormente en infecciones en Colombia.

Conclusiones: El clon SARM-IV.3.1.2 se encontró en nueve regiones del país demostrando su gran éxito genético, lo que puede explicar la alta prevalencia de este clon en infecciones hospitalarias. La identificación del clon emergente SARM-IV.1.1.1 en infecciones y ahora como colonizador en la comunidad hace evidente la presencia de otros clones exitosos en Colombia.

173. Emergencia y diseminación de un nuevo clon de *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina de genotipo comunitario (SARM-GC) en Colombia.

Javier Escobar-Pérez, Niradiz Reyes, Ricaurte Alejandro Marquez-Ortiz, Hernando Pinzón, Catalina Tovar, Jaime Moreno Castañeda, Zayda Corredor Rojo, Betsy Castro Cardozo, María Victoria Moncada Guayazán, Natasha Vanegas Gómez.

Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana. Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia. javiesco21@yahoo.com

Introducción: Los clones de *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina de genotipo comunitario (SARM-GC) son un problema de salud debido a su resistencia, incrementada virulencia y capacidad de generar infecciones en la comunidad y pacientes hospitalizados. El objetivo de este estudio fue caracterizar 32 aislamientos SARM pertenecientes a un nuevo clon e identificados en varias ciudades de Colombia.

Materiales y métodos: A partir de la realización de 4 estudios prospectivos epidemiológicos conducidos en varias regiones de Colombia, entre 2009 y 2012, se identificaron y caracterizaron 32 aislamientos SARM pertenecientes a un nuevo clon. La caracterización incluyó principalmente: susceptibilidad a varios antibióticos, perfil de toxinas, MLST, PFGE, tipificación de SCCmec, agr y spa; y secuenciación genómica.

Resultados: De los 32 aislamientos, 19 fueron recuperados de infección y 13 de colonización nasal, en Cartagena, Montería, Medellín, Fusagasugá y Bogotá. Todos fueron clasificados como genotipo comunitario, pertenecieron al ST923, no estuvieron relacionados genéticamente con el clon USA300, presentaron un SCCmec IVa (con una región J3 diferente a USA300), un tipo de spa t1635, y no contuvieron ACME. La secuenciación del genoma reveló la presencia de elementos genéticos móviles con nuevas estructuras como profago 3, isla Beta e isla de patogenicidad 5. Todos los aislamientos presentaron resistencia adicional a antibióticos no Beta-lactámicos.

Conclusiones: Este nuevo clon ha incrementado su frecuencia desde 2009, ya está diseminado en varias regiones de Colombia y presenta nuevos rasgos genéticos representados principalmente en sus elementos móviles. Es necesario realizar una vigilancia activa para establecer la incidencia de las infecciones de este clon en varias instituciones de salud de Colombia.

174. Análisis genotípico de aislamientos de *Staphylococcus aureus* en portadores nasales en comunidad.

Viviana Ramos, Javier Escobar, Zayda Corredor, Betsy Castro, Jaime Moreno.

Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia. vramos@ins.gov.co

Introducción: El aumento en la incidencia de las infecciones estafilocócicas en la comunidad ha incrementado el interés por realizar estudios sobre la estructura poblacional de *Staphylococcus aureus*. El objetivo de este estudio fue determinar las características genéticas y moleculares de aislamientos de *S. aureus* recuperados de hisopados nasales de jóvenes en cuatro áreas de Colombia.

Materiales y métodos: Se tomaron 1234 hisopados nasales de jóvenes en proceso de formación policial de 4 escuelas de Colombia. Se realizó la caracterización de aislamientos *S. aureus* resistentes y sensibles a meticilina (SARM y SASM) determinando el gen *mecA*, tipo SCCmec y agr y 17 genes que codifican para factores de virulencia, por PCR múltiple. La relación genética de los aislamientos fue determinada por PFGE y MLST.

Resultados: La frecuencia de *S. aureus* fue de 19,6% (n = 244), de los cuales 35 (2,8%) fueron SARM. Estos presentaron agr tipo I y SCCmec tipo IVC 32 (91.4%) y Iva 3 (8,6%) y los genes *bsaB* 35 (100%), *PVL* 24 (68.6%), *sek* 23 (65.7%) y *seq* 26 (74.3). En los 209 (16,9%) aislamientos SASM el agr III fue el más frecuente 91(43,5%) y los genes *sem* 162 (77,5%), *seo* 165(78,5%), *bsaB* 18(8,6%) y *PVL* 16(7.7%). Los SASM se agruparon en 9 grupos electroforéticos: A con 66 (31,6%) ST30, B (n= 25; 12%) ST8, C (n=40; 19,1%) ST45., D (n=20; 9,6%) ST5, E (n=13; 6,2%) ST121, F (n=11; 5,3%), G (n=8; 3,8%), H (n=7; 3,3%) e I (n=6; 2,9%). Los aislamientos SARM-IVc se agruparon con SASM del grupo B relacionados genéticamente con el clon USA300-ST8.

Conclusiones: El clon SARM-IVc se encuentra diseminado en varias áreas del país y hay una considerable variabilidad genética de aislamientos SASM en portadores aparentemente sanos en Colombia, algunos relacionados genéticamente con el clon pandémico USA300-ST8. Además, se encontró una alta prevalencia de SASM relacionado con el complejo clonal ST30, el cual ha sido asociado con infecciones hospitalarias y comunitarias en otros países.

MICOBACTERIAS 2 - PRESENTACIONES ORALES

175. Características de los pacientes con cáncer y tuberculosis en un hospital oncológico.

José Camilo Álvarez Rodríguez, Sonia Isabel Cuervo Maldonado, Julio Cesar Gómez Rincón, Ricardo Sánchez.
Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia.
jcalvarez@unal.edu.co

Introducción: La tuberculosis (TB) y el cáncer tienen incidencia nacional de 26 y 175 por 100.000 habitantes respectivamente, su asociación implica mayor morbimortalidad. Objetivo: Describir una serie de casos con estas dos patologías.

Materiales y métodos: De la base de datos del programa de vigilancia institucional de TB, entre el 1 de diciembre de 2011 y el 28 de febrero de 2014, se revisaron las historias clínicas de pacientes con diagnósticos confirmados de cáncer y TB activa o latente y diagnóstico presuntivo de cáncer. El análisis estadístico se realizó con STATA 11.

Resultados: Se identificaron 47 pacientes con TB, 41 con cáncer confirmado, 19 de ellos (40.4%) con neoplasia hematológica, y 22 (46.8%) con tumor sólido y 6 (12,8%) que ingresaron con diagnóstico de cáncer que se descartó y en su lugar se confirmó TB (2 pulmonar, 2 meníngea, 1 miliar y 1 ósea); 19 fueron mujeres (40.4%), la media de la edad fue de 58,7 años (DE=15,2); 35 (74.5%) procedían de Bogotá. 5 (10.6%) presentaron TB latente y 42 (89.4%) TB activa, 17 de estos (40.5%) con TB pulmonar, 11 (26.2%) miliar, 5 (11.9%) meníngea, 3 (7.1%) pleural y 6 (14.3%) en otras localizaciones. 3 pacientes fueron VIH positivos. 12 (25.5%) pacientes fallecieron durante el periodo de seguimiento. La mortalidad en los menores de 50 años (DE = 14.18) fue mayor de manera estadísticamente significativa (t=2,26,p=0,035). Los pacientes que sobrevivieron completaron el esquema de tratamiento anti-TB, directamente supervisado y no se presentaron eventos adversos.

Conclusiones: En esta serie, los pacientes con cáncer desarrollan más frecuentemente TB extrapulmonar, en comparación a otros estudios descriptivos; la mortalidad en menores de 50 años fue más frecuente a pesar del diagnóstico oportuno y al inicio del tratamiento anti-TB. La TB sigue siendo un diagnóstico diferencial de cáncer.

176. Descripción de la prueba Xpert MTB/RIF para el diagnóstico de infección pulmonar por *Mycobacterium tuberculosis* en adultos sin inmunosupresión realizada en el Hospital Universitario San Vicente Fundación en Medellín.

Elisa Bernal Sierra, Jairo Rivera Castro, Andrés Mauricio Tobón Isaza, Juan Manuel Toro Escobar, Santiago Atehortúa Muñoz.
Hospital Universitario San Vicente Fundación - Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. ebpanda@gmail.com

Introducción: La tuberculosis (TB) es un problema global y sigue en aumento. Nuevas pruebas se han desarrollado para mejorar el diagnóstico. Se evaluó el rendimiento de la prueba molecular Xpert MTB/RIF® la cual identifica *M. tuberculosis* y resistencia a rifampicina (RIF).

Materiales y métodos: Se realizó un estudio observacional retrospectivo. Se revisaron historias de pacientes mayores de 18 años, inmunocompetentes, hospitalizados en el HUSVF, y a quienes se le realizó cultivo para micobacterias y el Xpert en muestras de lavado broncoalveolar (LBA) o esputo.

Resultados: 120 pacientes fueron incluidos, 65 % eran hombres con edad de 47 ±18 años. La mediana del tiempo entre el inicio de los síntomas y la consulta fue de 31 días y los síntomas y hallazgos radiológicos más frecuentes fueron síntomas constitucionales, tos con o sin expectoración, consolidación, cambios cicatriciales, árbol en gemación, cavitaciones y nódulos. 17 tuvieron al menos una baciloscopia positiva. A 74% se le realizó Xpert en LBA y al 26% en esputo. 72 pacientes tuvieron las 3 pruebas negativas, cultivo, baciloscopia y Xpert, 16 las 3 positivas, 10 Xpert y cultivo positivos, 3 solo cultivo positivo y 14 solo Xpert positivo. El Xpert fue positivo en 42 pacientes, e identificó acertadamente 89% de los casos con cultivo positivo, detectando 34% más que la baciloscopia. En 3 casos el Xpert detectó resistencia a RIF, en 2 se confirmó con el cultivo y en 1 el cultivo se contaminó. La sensibilidad global del Xpert fue de 89,7%, la especificidad de 82,8% y entre las muestras con Ziehl-Neelsen negativo, la sensibilidad y especificidad fue 76% y 83,7% respectivamente. El Xpert redujo el tiempo necesario para el diagnóstico de 57 a 4 días. Se inició tratamiento a 46 pacientes, el 70% con base en el Xpert. 9 de los 15 Xpert positivos cultivo negativo tenían antecedente de TB.

Conclusiones: El Xpert es una excelente herramienta para diagnosticar TB, acortando los tiempos para inicio de tratamiento incluso en pacientes con baciloscopia negativa.

177. Revisión sistemática y metanálisis de la asociación entre mutaciones genómicas y fenotipos de resistencia a medicamentos de segunda línea en *Mycobacterium tuberculosis*.

Natalia Moreno, Alejandra Rodríguez, Bibiana Chavarro, Martha Inirida Guerrero.
Grupo Relaciones Microbianas y Epidemiológicas Aplicadas al Laboratorio Clínico y Molecular. Laboratorio de Biotecnología, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. Bogotá, Colombia. marthainirida@yahoo.com

Introducción: El *Mycobacterium tuberculosis* tiene la capacidad de generar mutaciones en genes específicos, causadas por tratamientos farmacológicos incorrectos y no adherencia del paciente al esquema prescrito. Tales eventos han facilitado la aparición de cepas causantes de tuberculosis multidrogoresistente con resistencia a isoniazida y rifampicina, y también la aparición de cepas causantes de tuberculosis extensamente resistente, con resistencia además a los medicamentos de segunda línea: amikacina, kanamicina, capreomicina y fluoroquinolonas. Con el objetivo documentar y describir las mutaciones genéticas del *M. tuberculosis* asociadas a resistencia frente a medicamentos de segunda línea, realizamos el presente trabajo.

Materiales y métodos: Se realizó una revisión sistemática y metanálisis incluyendo artículos científicos publicados entre los años 2000 y 2014, cuyas palabras clave fueran: tuberculosis pulmonar, multidrogo-resistente, MDR, extremadamente resistente y XDR y que establecieran cuantificación y relación de las mutaciones de *M. tuberculosis* con resistencia frente a medicamentos de segunda línea.

Resultados: Se encontraron 3.176 artículos científicos en varios idiomas, entre los cuales 60 pudieron ser incluidos con un total de 17.280 aislamientos, por contener la información necesaria. El metanálisis demostró que la resistencia a fluoroquinolonas osciló entre 4 y 10% de los aislamientos MDR asociándose principalmente con las mutaciones en los codones 90 a 94 del gen *gyrA*. La resistencia a amikacina, kanamicina y capreomicina se asoció principalmente con la mutación en el codón 1401 del gen *rrs*, pero también se asoció con mutaciones en los genes *tlyA* y *eis*.

Conclusiones: La tuberculosis extremadamente resistente reportada en la literatura mundial está restringida a mutaciones específicas en genes específicos constituyéndose en marcadores altamente sensibles para la predicción de aislamientos XDR. FINANCIACION: Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca.

178. Utilidad de la PCR Xpert MTB/RIF como herramienta diagnóstica en una cohorte de niños menores de 15 años con sospecha de tuberculosis pulmonar en un hospital de alta complejidad.

Hospital Universitario San Vicente Fundación - Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. jonre12@hotmail.com

Introducción: La tuberculosis (TB) es un problema global. El diagnóstico en niños es complejo por dificultad en recolección de muestras e infección paucibacilar. Se basa en sumar criterios clínico, epidemiológico, tuberculínico, histológico, microbiológico y radiológico. Sin embargo, la confirmación microbiológica es escasa, demorada y su ausencia no descarta enfermedad. Existen pruebas moleculares como PCR Xpert MTB/RIF avaladas por OMS como ayuda diagnóstica en niños. Este estudio pretendió describir la utilidad de PCR Xpert MTB/RIF en el diagnóstico de TB en niños en un hospital de alta complejidad. Estudio retrospectivo de cohorte en el HUSVF, Medellín.

Materiales y métodos: Se incluyeron niños menores de 15 años con PCR Xpert MTB/RIF entre junio/12 a diciembre/13 en muestras respiratorias. Se tomaron datos epidemiológicos, clínicos, tuberculínicos, radiológicos y microbiológicos. Se excluyeron niños con tratamiento antiTB, sin compromiso pulmonar y con pruebas moleculares diferentes. Se definieron como TB confirmada, probable, latente o descartada según OMS. El análisis estadístico se realizó en SPSS 20 y EpiDat 3.1.

Resultados: Se revisaron 116 registros, 83 cumplieron criterios de inclusión. Hubo como TB confirmada 8 casos (10%), probables 16 (19%) y descartados 59 (71%). Xpert MTB/RIF fue positiva en 7, baciloscopia en 1 y cultivo en 8; de éstos, la PCR fue positiva en 4 e identificó 3 casos adicionales a los cultivos. La PCR obtuvo una S del 50%, E 96%, VPP 57.14% y VP 94,7% en cultivos positivos y para el total de pacientes confirmados y probables la S fue del 29% y E 100%. El tiempo promedio de resultado del cultivo fue 32 días y de la PCR 1 día. Adicionalmente, ésta detectó una cepa resistente a rifampicina.

Conclusiones: Xpert MTB/RIF para el diagnóstico de TB pulmonar en pediatría aumenta la detección de casos, acorta el tiempo de diagnóstico y determina sensibilidad a rifampicina. Sin embargo, en niños el diagnóstico sigue siendo por sumatoria de criterios y una PCR negativa no descarta la infección.

179. Comparación de la metodología BACTEC™ MGIT™, con la técnica fosfato trisódico 10%, como descontaminante y el método de Kudoh en medio Ogawa para diagnóstico de tuberculosis.

William Ricardo Bautista Camargo, María Consuelo Garzón Torres, Dora Leticia Orjuela Gamboa, Juan Bueno. Instituto Nacional de Salud, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca. Bogotá, Colombia. wricardobautista@gmail.com

Introducción: En Colombia, para el diagnóstico de tuberculosis se realiza por baciloscopia y cultivo Ogawa Kudoh, esta implementada la técnica de fosfato trisódico al 10% por concentración y el método de Kudoh en medio Ogawa, a expensas de varias semanas de incubación. El cultivo MGIT™ usa como descontaminante NALC-NaOH en la metodología del sistema BACTEC, el objetivo del presente estudio es comparar la metodología del sistema BACTEC™ MGIT™, con la técnica de fosfato trisódico 10% como descontaminante y el método de Kudoh en medio de Ogawa, para el diagnóstico de tuberculosis.

Materiales y métodos: Es un estudio descriptivo, comparativo, con un muestreo, por conveniencia, ajustado al tiempo, se analizaron 102 muestras correspondientes a 100 casos de pacientes del Hospital Santa Clara, con sospecha de tuberculosis, procesadas por los métodos de descontaminación; fosfato trisódico 10% y NALC-NaOH por la metodología del sistema BACTEC™ MGIT™ y el método de Kudoh en medio Ogawa. Las muestras extrapulmonares estériles, se inocularon directamente en los diferentes medios de cultivo.

Resultados: Se encontró que la metodología del sistema BACTEC™ MGIT™ con el método fosfato trisódico 10%, presentó un aporte del 45%, positividad del 13% y contaminación del 11%, tiempo de crecimiento de 8,1 días, mientras el método NALC-NaOH fue del 40%, 11% y 18% respectivamente, con un tiempo de crecimiento de 12,1 días y una concordancia del 83,3%.

Conclusiones: El diagnóstico para micobacterias, mediante cultivo MGIT™ presentó buenos resultados, mejorando la oportunidad del diagnóstico; el FTS 10% es un descontaminante que puede ser usado en la metodología del sistema BACTEC™ MGIT™. A todo cultivo positivo se debe realizar tinción ZN, para confirmar la presencia de bacilos ácido alcohol resistente.

180. Efectividad y seguridad de la terapia antirretroviral con Raltegravir en pacientes con diagnóstico de tuberculosis y VIH en un programa de atención integral de Bogotá D.C Colombia. Reporte de Casos.

David Leonardo Mantilla Borda, Otto Alberto Sussmann Peña. Infectólogos Clínicos de Colombia SAS. Bogotá, Colombia. dlmantillab@yahoo.com

Introducción: La atención integral de pacientes diagnosticados con el virus de inmunodeficiencia humana (VIH) se debe ver reflejada en el control virológico y la seguridad de la terapia antirretroviral (TAR). El objetivo es evaluar la efectividad y seguridad del uso de Raltegravir 800mg cada 12 horas en los pacientes VIH (+) que reciben tratamiento para tuberculosis activa (TB)

Materiales y métodos: Reporte de casos, pacientes adultos con coinfección TB/VIH durante el periodo entre enero 2009 y diciembre 2013 que recibieron simultáneamente tetra conjugado (rifampicina) y TAR con inhibidores de transcriptasa inversa análogos de nucleosidos mas Raltegravir. Se incluyeron variables de edad, localización de tuberculosis, esquemas TAR, efectos secundarios, función renal y hepática, carga viral y CD4/uL al inicio y al final del tratamiento para TB.

Resultados: Se incluyeron un total de 14 pacientes coinfectados en tratamiento concomitante de tetraconjugado (rifampicina) más antirretrovirales (Raltegravir 800 mg cada 12 horas), con un rango de edad entre 31 a 61 años, la localización más frecuente fue TB pulmonar 5 casos, la TAR más usada fue Tenofovir/Emtricitabina-Raltegravir y Abacavir/Lamivudina- Raltegravir. Todos los pacientes habían estado previamente expuestos a otros esquemas. La efectividad de la TAR fue lograda en el 78.5% (11 pacientes), fracaso virológico 21.5% (3 pacientes), no se confirmó resistencia a Raltegravir y el fracaso virológico fue por fallas en la adherencia. Todos curaron la tuberculosis, función hepática y renal normal, no presentaron efectos adversos asociados a los tuberculostáticos ni TAR. La mediana de la CV al inicio del tratamiento TB fue 136.054 copias y al final 52 copias, la mediana de CD4 al inicio fue 81 y al final 226.

Conclusiones: El análisis de los casos permitió establecer en un grupo de pacientes con coinfección por TB/ VIH que el uso de Raltegravir 800 mg cada 12 horas más tuberculostáticos es seguro y permite lograr un éxito terapéutico e inmunológico, buena adherencia y tolerancia.

181. Caracterización de los casos de tuberculosis (TB) especial y multidrogasistente (MDR) del Valle del Cauca presentados en el comité regional de casos especiales de TB "CERCET" 2008-2013.

Ernesto Martínez, Christian José Pallares Gutiérrez, Liliana Forero, Sandra Carrillo, Luisa Fernanda Imbachi, Kelly Camino. Departamento de Medicina Interna. Universidad del Valle. Hospital Universitario del Valle. Cali, Colombia. icako@hotmail.com

Introducción: La TB es la 2da causa mundial de mortalidad por agente infeccioso. En un estudio nacional de vigilancia en Colombia la prevalencia de resistencia de *Mycobacterium tuberculosis* fue 12% y TB MDR 2,4%. En 2012 los departamentos que más reportaron TB MDR fueron Antioquia (31,7%) y Valle del Cauca (30,3%). El CERCET del Valle del Cauca fue creado en noviembre 2008 por un grupo de salud multidisciplinario para el análisis intersectorial de casos de TB resistentes a fármacos o de difícil abordaje generando recomendaciones amparadas por entes gubernamentales locales y regionales de salud direccionadas desde la EPS. El objetivo del presente estudio fue caracterizar clínica y epidemiológicamente casos presentados en las sesiones del CERCET durante 2008-2013. **Materiales y métodos:** Estudio retrospectivo descriptivo de casos evaluados entre 2008 y 2013. Se usaron resúmenes de historias clínicas, farmacogramas y actas de reuniones. Se incluyeron variables sociodemográficas, comorbilidades, resistencia a fármacos, historia de tratamientos previos, desenlaces y el grado de cumplimiento a las recomendaciones del CERCET.

Resultados: Se revisaron 325 casos, 67% régimen subsidiado, 15% contributivo y 14% no asegurado. 9,3% farmacodependientes y 8,3% coinfección TB/VIH. 2,4% presentaron infecciones por otras micobacterias distintas a *M. tuberculosis*. 94% fueron TB pulmonares y 5% extrapulmonares. Al ingreso al CERCET 45,3% fueron clasificados como fracaso categoría I, 16,5% nuevos casos, 12,1% reingresos por abandono categoría I, 10,3% recaída categoría I y 2,2% reingresos por abandono categoría IV. 40,5% fueron diagnosticados como TB MDR, 15,3% monorresistentes a medicamentos de 1 línea, 2,8% TB extremadamente resistente (XDR). La adherencia a recomendaciones de mo-

dificaciones de esquema de tratamiento antibiótico fue 70,7%, sugerencias de ayudas diagnósticas 43% y valoración por cirugía de tórax 16%. La condición de los pacientes al egreso del CERCET fue 27,4% curación, 16,6% tratamiento terminado, 2,1% fracaso, 19,3% abandono y 9,2% fallecido.

Conclusiones: La implementación de un comité multidisciplinario multi-sectorial como el CERCET es una herramienta esencial en el manejo y control adecuado de casos especiales de TB y TB MDR.

182. Vigilancia de la resistencia de *Mycobacterium tuberculosis* en grupos de riesgo

Claudia Llerena Polo, Yanelly Angélica Valbuena Arias, Angie Paola Zabaleta Vanegas.
Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia.
cllerena@ins.gov.co

Introducción: Colombia en el año 2009 con la circular 058 encamina sus esfuerzos para realizar vigilancia rutinaria en grupos de riesgo, normando la realización de cultivo y pruebas de sensibilidad a los fármacos antituberculosos con el fin de conocer la prevalencia de la resistencia en estas personas. El objetivo de este trabajo fue analizar los datos del Laboratorio Nacional de Referencia del resultado de las pruebas de sensibilidad a los fármacos antituberculosos en personas con coinfección TB/VIH, menores de 15 años, personal de salud, habitante de calle, población indígena y privados de la libertad durante los años 2010 a 2012."

Materiales y métodos: Se realizó un análisis descriptivo retrospectivo del patrón de resistencia a los fármacos isoniazida y/o rifampicina en personas con coinfección TB/VIH, menores de 15 años, personal de salud, habitante de calle, población indígena y privados de la libertad durante los años 2010 a 2012. Para el análisis de esta información se utilizó la base de datos del Laboratorio Nacional de Referencia y para el análisis Epidat 3.0. **Resultados:** Durante estos tres años se evaluó mediante pruebas de sensibilidad el 12% de casos en menores de 15 años, 23% de personas con coinfección TB/VIH, 16% de población indígena, 36% profesionales de la salud, 18% privados de la libertad y más del 100% de habitantes de calle respecto a lo notificado por Sivigila. Se observó un porcentaje de multirresistencia en menores de 15 años de 5% (IC95%: 2,1-7,8), en personas con coinfección TB/VIH 4,8% (IC95%: 3,3-6,2), en población indígena 1,8% (IC95%: 0,5-4,4), profesionales de la salud 4,5% (IC95%: 1,5-10,3), habitantes de calle 0,9% (IC95%: 0,3-1,9) y privados de la libertad 2,8% (IC95%: 0,3-9,7).

Conclusiones: Se debe continuar fortaleciendo la vigilancia de la resistencia en estos grupos de riesgo debido que se está realizando prueba de sensibilidad a los fármacos antituberculosos a menos del 50% de los casos respecto a lo notificado por Sivigila, lo que dificulta tener un análisis que permita conocer la prevalencia de la resistencia en estos grupos.

CONTROL DE INFECCIONES - PRESENTACIONES EN POSTER

183. Profilaxis con isoniácida en pacientes con SIDA ante ausencia de pruebas confirmatorias de infección latente tuberculosa

Ricardo Martínez García, Cesar Bueno Serrano, Carlos Jimenez Mejia, Karen Tapias Rubiano.
COMFAMILIAR Risaralda-Fundación SIAM-Grupo VIHDA. Pereira, Colombia. ricardoamartinezg@hotmail.com

Introducción: Al ser la tuberculosis una de las entidades más prevalentes y de mayor mortalidad en pacientes con infección por el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH), es necesario priorizar medidas preventivas para su aparición tales como el uso de profilaxis farmacológica ante presencia de infección latente (ILTb). Sin embargo, dada la baja sensibilidad de las pruebas diagnósticas para la confirmación de la latencia tuberculosa (prueba tuberculínica y cuantificación de interferón gamma) debido a la anergia agregada al inmunocompromiso, es objetivo del presente trabajo establecer el beneficio aportado por la profilaxis en nuestra población de estudio, independientemente de la realización de las pruebas referidas.

Materiales y métodos: Se realizó estudio de cohortes entre 228 pacientes con recuentos de CD4 inferior a 200 y ausencia tanto de síntomas respiratorios como de alzas térmicas o de cambios radiográficos, catalogándose como cohorte expuesta (n: 114) quienes recibieron isoniácida profiláctica. No se realizaron pruebas para infección latente. El seguimiento fue de dos años desde el momento en que terminó la profilaxis y el desenlace evaluado fue la presencia de síntomas de enfermedad tuberculosa (ET)

Resultados: Mediana de CD4 al inicio de profilaxis: 133. Promedio duración profilaxis: 10,5 meses. Toxicidad hepática: 6 casos. Neuropatía: 4 casos. Mediana CD4 al fin de seguimiento 294 en cohorte expuesta y 306 en no expuesta. Se presentaron 27 casos de ET en cohorte no expuesta y 6 en expuestas a profilaxis. Hubo efecto benéfico significativo en la cohorte expuesta con un RR= 0,24 (IC95% 0,1-0,56).

Conclusiones: La profilaxis con isoniácida se comporta como claro factor protector para el desarrollo de ET y su prescripción es mandataria en el paciente con infección por el VIH, una vez se descarte la presencia de enfermedad activa tuberculosa y ante recuentos inferiores a 200 CD4. En forma independiente a reporte de pruebas diagnósticas de ILTB, pruebas limitadas por su baja sensibilidad

184. Formación en hábitos saludables. Disminución de enfermedades transmisibles bajo el modelo de prevención de la tuberculosis en comunidades indígenas del Choco.

José Mauricio Hernández Sarmiento, Sara Rendón, Esteban Onésimo, Daniel Gallego, Natalia Vargas, Lina Martínez.
Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín, Colombia.
jhernandez@cib.org.co

Introducción: La Universidad Pontificia Bolivariana, en asocio con la IPS indígena Erchichijai y la Corporación para Investigaciones Biológicas CIB presentan un programa de prevención de enfermedades transmisibles para comunidades indígenas del medio Atrato Chocóano, en donde se registra una altísima incidencia de tuberculosis, y otras enfermedades infecciosas. El objetivo de este programa es disminuir la morbilidad y mortalidad ocasionada por este tipo de enfermedades.

Materiales y métodos: Se seleccionaron líderes comunitarios de 14 comunidades indígenas con quienes se inicia un proceso de intercambio de saberes en el que se identifica en el saber tradicional el origen de las principales enfermedades transmisibles, y posteriormente se incorpora el conocimiento moderno de la génesis de estas enfermedades.

Resultados: Se identifica en la relación que tiene el individuo con el medio ambiente, el principal factor que favorece la presentación y diseminación de las enfermedades infecciosas. Se diseña un modelo que respeta el conocimiento ancestral, pero identifica al enfermo y genera una alerta para romper la cadena de transmisión de la enfermedad.

Conclusiones: La medicina moderna no debe ser impuesta sobre la medicina tradicional. Es posible identificar puntos de encuentro de las dos medicinas como estrategia para lograr reducir la alta carga de enfermedades transmisibles que tienen las comunidades indígenas.

185. Control de infección y prevención de diseminación de *Acinetobacter baumannii* resistente a carbapenémicos en una institución de tercer nivel de Bogotá-Colombia, 2013

Claudia Liliana Guerrero Otero, Yamile Adriana Celis Bustos, María del Socorro Chalá Palacios, Johana Esther Hernández Toloza, Marley Andrea Avila Puentes, Hugo Diez Ortega, Beatriz Eugenia Mójica.
Secretaría distrital de Salud, Clínica Nueva, Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá, Colombia. iacsbogota@gmail.com

Introducción: *Acinetobacter baumannii* (Ab) ha sido asociado como agente causal de numerosas infecciones asociadas al cuidado de la salud. Su prevención, tratamiento y control es difícil dado que es flora comensal en el huésped y es una bacteria multidrogo-resistente. El objetivo fue investigar un brote por *A. baumannii* (Ab) resistente a carbapenémicos en un servicio hospitalario de una institución de tercer nivel de Bogotá.

Materiales y métodos: Estudio observacional descriptivo de caso presentado en Junio de 2013 en paciente con infección asociada a catéter femoral por Ab resistente a carbapenémicos (AbRC) atribuible a los factores endógenos con los que ingresa a la Institución. Se realiza investigación del caso como brote y se recogen datos con variables de importancia epidemiológica. Se realiza la búsqueda de reservorios biológicos en el personal hospitalario (45 muestras) y en el paciente (9 muestras); búsqueda de reservorios ambientales en las áreas inertes relacionadas a la habitación del paciente (7 muestras) y al servicio hospitalario (20 muestras). La monitorización y control de la infección se realizó de acuerdo con los lineamientos establecidos por la Secretaría Distrital de Salud (SDS) a través del sistema de vigilancia epidemiológica de infecciones asociadas al cuidado de la salud (IAAS).

Resultados: AbRC fue aislado en 6 muestras biológicas del paciente y 2 muestras inertes relacionadas al paciente. El análisis de clonalidad (NTSYS/

coeficiente de DICE) a partir de productos de amplificación por rep-PCR mostró que todos los aislamientos son genéticamente idénticos. De acuerdo a la vigilancia activa de la institución se tuvo el brote y no se reportaron nuevos casos ni se encontraron nuevos reservorios biológicos y ambientales.

Conclusiones: Las intervenciones de los sistemas de vigilancia epidemiológica del hospital y la SDS evitaron la aparición de nuevos casos de IAAS por *A. baumannii*.

186. Utilidad de un agar cromogénico para enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido en la detección de colonización por bacilos Gram negativos productores de carbapenemasas.

Mónica Zuluaga Quintero, Alejandra Medina Estrada, Natalia Zapara Hincapie, Carolina Delgado, Francisco Molina, Juan Pablo Villa Franco, Andres Uribe, Elizabeth Ramirez, Astrid Perez, Carlos Andres Agudelo Restrepo.

Escuela de ciencias de la salud, Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín, Colombia. mzulu28@hotmail.com

Introducción: El uso de cultivos de vigilancia es una herramienta útil para el manejo de brotes principalmente por enterobacterias multidrogoresistentes, sin embargo existe poca evidencia que sugiera el tipo de medio de cultivo que debe usarse.

Este estudio busca determinar la utilidad de un agar cromogénico selectivo para enterobacterias productoras de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) para la detección de colonización por bacilos Gram negativos productores de carbapenemasas tipo blakpc (KPC).

Materiales y métodos: Reporte retrospectivo de una recolección prospectiva y sistemática de los datos, durante un brote ocurrido en las unidades neonatales de la Clínica Universitaria Bolivariana en marzo de 2014. De cada paciente se tomaron muestras con hisopo de la región perianal, inguinal y faríngea que fueron sembradas en un medio chromID® ESBL y un medio chromID® CARBA SMART, ambos de Biomérieux. Se hizo un análisis de pruebas diagnósticas para obtener sensibilidad, especificidad, valor predictivo positivo (VPP) y valor predictivo negativo (VPN).

Resultados: Se analizaron 55 muestras de 43 pacientes. Se encontraron 6 pacientes colonizados por enterobacterias KPC, obteniéndose en todos ellos crecimiento en los dos medios de cultivo estudiado. En 49 muestras no se obtuvo crecimiento de gérmenes objeto de vigilancia en ninguno de los dos medios. La sensibilidad y la especificidad del medio para la detección de enterobacterias KPC fueron del 100%, con un VPP de 100% y VPN 100%. Sin embargo en ambos medios se obtuvo crecimiento de microorganismos que no eran objeto de vigilancia, en 13 de las muestras obtenidas. En las 37 muestras restantes no se obtuvieron aislamientos en ninguno de los dos medios.

Conclusiones: El uso de chromID® ESBL permite la detección de enterobacterias productoras de BLEE y de KPC, por lo que puede utilizarse como un único medio de cultivo en las instituciones de salud que requieren sistemas de vigilancia epidemiológicas para ambos tipos de enterobacterias.

187. Estudio de brotes epidémicos de *Enterococcus faecium* resistente a vancomicina mediante uso de gráficas de control en un hospital oncológico

Julio César Gómez-Rincón, Andrés Guillermo Ramírez Villamil, Sonia Isabel Cuervo-Maldonado, Edna Velandia, Luz Marina Martínez, Ricardo Sánchez Pedraza.

Instituto Nacional de cancerología. Bogotá, Colombia. jcgomezrincon@gmail.com

Introducción: Las gráficas de control de calidad se han utilizado para establecer alarmas y determinar cuántos eventos generan alarma de brote. Se presenta el comportamiento temporal y el uso de herramientas estadísticas para establecer la presencia de brotes por *Enterococcus faecium* resistente a vancomicina (ERV).

Materiales y métodos: Se revisaron las bases de datos del laboratorio de microbiología y del comité de infecciones para identificar pacientes con por lo menos un aislamiento de ERV. Se utilizó la metodología de control estadístico de calidad mediante gráficos u de Shewhart y promedios móviles ponderados exponencialmente (EWMA), dada su ventaja sobre los gráficos u para detectar fluctuaciones o cambios pequeños en el tiempo, dado que si la variabilidad detectada por EWMA no sobrepasa los límites de control, la información de los gráficos de Shewhart es más confiable. Los límites de control de los gráficos utilizaron un valor sigma de 3; para los gráficos EWMA se tomó un valor de lambda de 0,2. Los anteriores procedimientos se realizaron con el paquete "qcc" del programa R.

Resultados: Se esperaban 0,6 casos por 100 pacientes al mes con una estimación basada en una distribución Poisson. El límite superior osciló entre 1,5 y 2 casos por 100 pacientes al mes. Ambos gráficos de control muestran que a partir del mes 20 (Ago/2012) se incrementa la variabilidad de aislamientos de ERV, pero sin salidas de los límites de control en gráfico EWMA, sugiriendo que el gráfico de Shewhart, que muestra la presencia de dos puntos fuera de control (brotes) en los meses 29 (May/2013) y 35 (Nov/2013) es confiable. Estos dos brotes correspondieron a la presencia de 8 casos en cada uno de los meses estudiados.

Conclusiones: Estadísticamente se presentaron 2 brotes en mayo y noviembre de 2013. Durante estos 2 periodos sólo se diagnosticó un evento de infección intrahospitalaria. Los gráficos de control permiten identificar la aparición y el control de brotes por gérmenes de aparición constante en una institución de salud.

188. Estrategias de prevención de infección asociada a dispositivos vasculares, una experiencia en los servicios de hospitalización general

Blanca Stella Vanegas Morales, Adriana Merchán Restrepo.
Fundación Santa Fe de Bogotá. Bogotá, Colombia. epidemiologia@fsfb.org.co

Introducción: La literatura de las estrategias para prevenir infecciones asociadas a dispositivos vasculares en pacientes de hospitalización es limitada, no es conocido si los retos de cuidado son similares a los de los pacientes en unidades críticas. Objetivo: Describir la experiencia de un grupo multidisciplinario en la reducción de estas infecciones en pacientes con catéter venoso central en servicios de hospitalización.

Materiales y métodos: La intervención se basó en la herramienta PHVA, en cuatro fases: conformación del grupo y definición del plan de trabajo, diseño y aplicación del instrumento de verificación y medición de línea basal, evaluación y seguimiento del proceso a través de indicadores y retroalimentación de los resultados. El instrumento permite verificar el cumplimiento de las estrategias definidas en las guías internacionales en el momento de la inserción y la verificación de estrategias en el cuidado diario por parte del personal de enfermería en el área de hospitalización.

Resultados: Se observó un incremento en la aplicación de la lista de chequeo durante la inserción. La tasa de ITS-AC muestra tendencia a la reducción, las condiciones de inserción tienen un cumplimiento del 100%, la lista de chequeo se aplica en 85% de las inserciones. Las condiciones con riesgo mejoraron en el cuidado diario: integridad del apósito tuvo un aumento del 20% a 97%, presencia de sangre o detritus en el sitio de inserción disminuyó de 10% a 1,5% y la protección del sitio del catéter al momento del baño aumentó de 20% a 100%.

Conclusiones: La capacitación, la retroalimentación durante las rondas de verificación y el compromiso del grupo de enfermería son las estrategias fundamentales que han mostrado reducción en la ocurrencia de infecciones asociadas a CVC.

189. Vigilancia epidemiológica de infecciones asociadas a dispositivos en servicios de hospitalización general

Adriana Merchán Restrepo, Blanca Stella Vanegas Morales.
Fundación Santa Fe de Bogotá. Bogotá, Colombia. epidemiologia@fsfb.org.co

Introducción: las infecciones asociadas a la atención en salud afectan entre 5% a 10% de los pacientes, la cateterización venosa periférica y vesical son procedimientos realizados con mayor frecuencia por enfermería; la infección urinaria corresponde al evento más reportado en la literatura (30% a 40%) y la flebitis se presenta de un 5% a un 20%. El control de las infecciones asociadas a dispositivos ha tenido un enfoque hacia las unidades de cuidados intensivos, sin embargo estas complicaciones siguen siendo un reto en pacientes de hospitalización general. Objetivo: describir los mecanismos de vigilancia epidemiológica en flebitis asociada a catéter venoso periférico e infección urinaria asociada a sonda vesical.

Materiales y métodos: se diseñó un instrumento para la recolección de días de dispositivo, estandarización y verificación de adherencia a procesos, educación y capacitación al personal de enfermería. Se llevó a cabo la generación de indicadores, análisis, planes de mejora y retroalimentación.

Resultados: la flebitis asociada a catéter periférico se presenta principalmente en los grados I y II con tasas de 4,9 y 3,2 x 1000 días de catéter periférico respectivamente definidas como flebitis química; en menor

frecuencia están las flebitis infecciosas de las cuales el grado IV y grado V con tasas de 0,4 y 0,11 x 1000 días de catéter periférico respectivamente. Las infecciones sintomáticas del tracto urinario asociadas a sonda vesical pasaron de 3,4 en el 2011 a 1,8 x 1000 días de catéter urinario en el 2013.

Conclusiones: la estandarización, capacitación, monitorias y verificación, muestran una reducción en las tasas de infección asociadas a catéteres periféricos y sonda vesical

190. Letalidad hospitalaria relacionada con enfermedades infecciosas en pacientes hospitalizados.

Alvaro Villanueva Calderon, María Carrillo, Gloria Valdez, Melida Castellanos, Julio Padilla.
Preventio Ltda. Hospital Universitario Cari ESE. Barranquilla, Colombia. avillanuevamd@hotmail.com

Introducción: El objetivo de este trabajo fue determinar las enfermedades infecciosas asociadas a la letalidad hospitalaria, considerando esta como uno de los indicadores de calidad más frecuentemente utilizados.

Materiales y métodos: entre los pacientes atendidos en un hospital de alta complejidad, se revisaron las historias clínicas de pacientes fallecidos que presentaron una manifestación clínica, y/o un resultado de laboratorio que evidenciara la presencia de un agente infeccioso. Se evaluaron las variables más importantes relacionadas con su fallecimiento.

Resultados: de 16.693 egresos hospitalarios entre julio 2012-diciembre de 2013, se revisaron 863 historias clínicas de pacientes fallecidos. De ellos, 217 presentaron una manifestación clínica, y/o un resultado de laboratorio con la presencia de un agente infeccioso, con una tasa de letalidad general 5,16%. En los pacientes fallecidos, (55,7%) hombres y 44,2% mujeres, se encontró una asociación a causas de origen infeccioso de 25,14%. La letalidad por Infección asociada a hipertensión fue de 38%, diabetes mellitus 21% e inmunosupresión 11%. El mayor porcentaje de fallecidos estuvo entre los mayores de 75 años, 33,64%, el 90,4% fueron de raza mestiza. El sitio de infección más comprometido fue el respiratorio 50%. El microorganismo aislado más frecuente fue *Escherichia coli* 58%.

Conclusiones: Las defunciones asociadas a una enfermedad infecciosa, constituyen el 25% del total de fallecimientos. El compromiso del tracto respiratorio es el más frecuente. Las personas con mayor edad, y los hipertensos, presentan una letalidad mayor asociada a infecciones. Conocer el comportamiento de las infecciones asociadas a su letalidad puede ser útil para la detección de posibles deficiencias en la calidad asistencial del sistema sanitario, recomendándose estudios prospectivos para su definición.

191. Implementación exitosa un programa de antimicrobial stewardship en la Clínica universitaria Rafael Uribe Uribe Cali

Lorena Matta.
Clínica Universitaria Rafael Uribe Uribe. Cali, Colombia.
lorenadilo@yahoo.com

Introducción: Los programas de antimicrobial stewardship tienen como principales objetivos mejorar los resultados clínicos, reducir los efectos adversos relacionados con la utilización de antibióticos, incluyendo la resistencia y garantizar una terapia coste-efectiva. El objetivo es describir la implementación de un programa de optimización de antibióticos (P.R.O.A) y el impacto económico durante el año 2012.

Materiales y métodos: Estudio descriptivo que muestra la implementación de un programa de optimización de antibióticos midiendo adherencia a la guía institucional de manejo antibiótico durante el año 2011 y 2012, consumo antibiótico antes y después de la implementación del programa e impacto económico.

Resultados: La adherencia a las guías de manejo antibiótico evaluada como la pertinencia en la elección antibiótica en 2011 era de 61% y en la dosis de 66%, después de la intervención en 2012 la pertinencia fue 79% y la dosis 92%. La proporción de facturación de antibióticos frente a otros medicamentos previo a la intervención era de 64% antibióticos 36% otros; después de la intervención la proporción de facturación fue de 52% antibióticos y 48% otros medicamentos. Esto significa un ahorro durante el tiempo del programa de \$1.084.853.373 si se mantuviese el crecimiento en consumo en la misma pendiente que los otros medicamentos.

Conclusiones: Con la implementación del programa se evidenció un impacto en cuanto a los costos directos del consumo antibiótico, logrando uno de los objetivos de estos programas, finalmente la adherencia a las guías

también mejoró aumentando en 18% la pertinencia en la elección antibiótica y 24% la dosis prescrita.

192. Descripción de un pseudobrote por *Burkholderia cepacia* en una unidad de cuidados intensivos de un hospital universitario en Bogotá - Colombia.

Claudia Janeth Linares, Gloria Cortes, Ivan Riaño, María Carolina Vega, Angela Patricia Gonzalez, Leidy Gamba, Emmanuel Restrepo, Sandra Lilibiana Valderrama, Juan Carlos López García.
Hospital Universitario San Ignacio - Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá, Colombia. sanvalderrama@gmail.com

Introducción: La *Burkholderia cepacia* ocasionalmente se ha descrito como causante de brotes cuyo origen son fuentes ambientales.

Materiales y métodos: Se identificaron 3 casos de pacientes con bacteremia por *B. cepacia* en UCI, con menos de 48 horas de estancia, se sospecha la posibilidad de brote o pseudobrote, teniendo en cuenta la curva epidemiológica institucional. Se toman medidas iniciales, como cambiar los lotes de los insumos de manejo de pacientes en UCI utilizados en todos los pacientes y toma de cultivos ambientales y de insumos. Se realiza una búsqueda en la literatura de descripciones de brotes por este germen. Se envía a un laboratorio acreditado muestras de soluciones estériles, para su estudio microbiológico y se reporta ante las autoridades el pseudobrote. Los aislamientos de *B. cepacia* son enviados para análisis molecular a la Secretaría Distrital de Salud.

Resultados: Se identificaron 8 pacientes confirmados con hemocultivos positivos para *B. cepacia* en UCI, con edades comprendidas entre los 3 meses y 88 años, cinco de sexo femenino (63%) y tres masculinos (37%). En el 100% de los casos los hemocultivos fueron tomados por el catéter. Ningún paciente presentó manifestaciones clínicas de infección por este germen. Se encontró crecimiento de *B. cepacia* en un sachet de clorhexidina del lote en uso de la UCI, y en los geles utilizados en ecografía, sin embargo los sachet de clorhexidina se utilizaron en todos los pacientes, más no los geles. Con el retiro de los sachet más la optimización de los procesos de desinfección, lavado de manos y medidas de aislamiento se logró controlar el brote.

Conclusiones: Se presenta un pseudobrote por *B. cepacia* en una UCI causada por la contaminación de sachet de clorhexidina. Es relevante la adecuada vigilancia epidemiológica, con apoyo del laboratorio de microbiología, para la detección temprana de brotes y el inicio de medidas que eviten consecuencias indeseables para los pacientes y el ambiente hospitalario.

193. Implementación de la técnica PCR *melting profile* para el estudio epidemiológico de *Staphylococcus aureus* meticilino resistente.

Salvador José Gómez Bermúdez, Erika Viviana Ocampo Cardona, Carlos Agudelo Restrepo, Judy Natalia Jiménez Quiceno, Jose Mauricio Hernandez Sarmiento, Jaime Alberto Robledo, Ana María García Cepero.
Universidad Pontificia Bolivariana, Escuela de Ciencias de la Salud. Medellín, Colombia. salva273@yahoo.com

Introducción: Las técnicas de tipificación molecular de referencia, como la electroforesis de campo pulsado (PFGE), son costosas y técnicamente complejas, por lo que no han podido ser introducidas como herramientas rutinarias en los programas de prevención de Infecciones Asociadas a la Atención en Salud (IAAS). Este estudio busca comparar la PCR Melting Profile (PCR MP), fácil y de bajo costo, con la PFGE para la tipificación de aislamientos de *Staphylococcus aureus* meticilino resistente (SAMR).

Materiales y métodos: Se incluyeron 19 aislamientos de SAMR provenientes de pacientes atendidos en el año 2009 en una institución de tercer nivel de complejidad y 2 aislamientos de referencia, el USA300 y el Clon Chileno 1. La resistencia se confirma molecularmente mediante el gen *mecA* y la tipificación del SCCmec. Todos los aislamientos se tipificaron por PCR MP y por PFGE. En ambos casos los perfiles obtenidos fueron analizados utilizando el programa BioNumerica® 5.1 y los grupos genéticos (Clusters) fueron definidos con puntos de corte del 80%. La concordancia entre las pruebas se evaluó con el índice Kappa ponderado.

Resultados: Los 19 aislamientos provenían de infecciones de diferentes orígenes; 9 eran IAAS adquiridas en comunidad, 3 eran IAAS adquiridas en el hospital y 7 eran adquiridas en comunidad. 14 aislamientos exhibían resistencia únicamente a meticilina, cargaban el gen *mecA* (todos menos un portaban SCCmec IVc) y quedaron agrupados en un mismo cluster por PFGE pero no por PCR MP. PFGE agrupó los aislamientos en 4 clusters, mientras que

PCR MP lo hizo en 7. El 62% de aislamientos evaluados coincidieron en los genotipos obtenidos por ambas pruebas con una concordancia de 0.40 (índice de Kappa ponderado).

Conclusiones: La concordancia entre las técnicas de PCR MP y PFGE no es suficiente para que puedan utilizarse de forma intercambiable en los procesos de tipificación molecular. La técnica de PFGE discriminó menos grupos, pero su agrupación fue concordante con los datos epidemiológicos obtenidos.

194. Detección por PCR en tiempo real de *Chlamydia trachomatis* en muestras de orina en jóvenes pertenecientes a tres instituciones universitarias de la ciudad de Medellín, 2013.

Yuliana Vargas Tuiran, Andrés González Niño, Jenny Andrea Carmona Valencia, Orville Hernandez Ruiz, Claudia Maria Cuervo Araque, Angela Maria Gaviria Nuñez.
Institución Universitaria Colegio Mayor De Antioquia- Dinámica IPS.
Medellín, Colombia. ccuervo@colmayor.edu.co

Introducción: *Chlamydia trachomatis* (Ct) es uno de los patógenos de transmisión sexual más frecuentes especialmente entre las mujeres adolescentes y adultas jóvenes. Las Infecciones agudas frecuentemente son asintomáticas y no son tratadas. Se determinó la prevalencia de Ct y su relación con factores de riesgo para la infección.

Materiales y métodos: Estudio transversal analítico. Se tomó muestra a conveniencia de 219 individuos sexualmente activos. Previo consentimiento informado se realizó una encuesta virtual sobre factores de riesgo para infección por Ct, recolectaron muestra de orina, que fue transferida al medio de transporte Abbott multi-Collect Specimen Collection Kit, almacenado a -15 °C hasta su procesamiento. Se realizó extracción de ADN automatizada (equipo m2000sp de Abbott Molecular) y posterior análisis por PCR en tiempo real empleando el ensayo comercial Abbott RealTime CT/NG ref 2G28-91 (equipo m2000rt de Abbott Molecular). Se realizó análisis univariado y bivariado, así como frecuencias, promedios y OR, significancia estadística de $p < 0.05$, usando el programa SPSSv19.

Resultados: La población de estudio presentó una edad promedio de 22,2+5,9 años. La prevalencia de Ct fue de 2,3%(5). De los positivos 4 fueron mujeres. No se encontró relación estadísticamente significativa entre la positividad de la prueba y características sociodemográficas, de comportamientos y algunos hábitos sexuales.

Conclusiones: Aunque la prevalencia de 2,3% es baja, indica que Ct está presente en nuestra población y se hace necesaria su detección preventivamente por medio del ensayo comercial Abbott RealTime CT/NG por utilizar muestras no invasivas como orina y por ser sensible.

195. Incidencia de infecciones asociadas a la atención en salud y perfil de resistencia de una unidad de diálisis de un hospital de alta complejidad en Cundinamarca.

Gonzalo Acosta Moreno, Leonardo Cely Andrade, Martha Manjarres.
Hospital Cardiovascular de Soacha. Soacha, Colombia.
jlcelya@unal.edu.co

Introducción: Los pacientes con enfermedad renal crónica son susceptibles de infección. Las tasas reportadas en hospitales son de 9,1% en fístula arteriovenosa y 20,6 para catéter permanente. La información respecto de las tasas de infección en unidades de diálisis es poca. El CDC reportó para 2006, 3.699 casos de infección. En Colombia no existe sistema de vigilancia específico para infecciones en diálisis y el reporte de esta información es escaso. Con el objetivo de describir la incidencia de las infecciones en unidades de diálisis y el perfil de resistencia de los microorganismos asociados, se desarrolló un estudio descriptivo en una unidad de diálisis de un hospital de alto nivel de complejidad de Cundinamarca.

Materiales y métodos: Estudio descriptivo retrospectivo de corte trasversal. Desarrollado en una unidad de diálisis con 34 unidades de diálisis. Se buscaron los resultados de microbiología entre abril de 2013 y abril de 2014 para caracterizarlos según el microorganismo y perfil de resistencia del mismo. Los resultados de laboratorio se presentan con base en los parámetros establecidos en los protocolos CLSI 2012.

Resultados: el total de egresos en la unidad fue de 1762 de los cuales 68 aislamientos fueron positivos en pacientes diagnosticados con infección, el rango de edad fue 22 - 87 años, media= 54,57 (DE: 17,28)). El 51,5% (35) de los pacientes eran de género femenino. La toma de muestra más frecuente fue de hemocultivo 83,0% (57). El microorganismo aislado con mayor

frecuencia fue *Staphylococcus epidermidis* seguido de *Enterococcus*. En *S. epidermidis* el 17,6% (n=12) fueron resistentes a la meticilina y el 5,9 (n=4) fueron sensibles.

Conclusiones: los datos de este estudio muestran tasas de infección inferior a las reportadas en la literatura

196. Características de los pacientes portadores de *Enterococcus faecium* resistente a vancomicina en una institución oncológica.

Andrés Guillermo Ramírez Villamil, Sonia Isabel Cuervo-Maldonado, Julio César Gómez-Rincón, Cielo Almenares, Leidy Paola Jiménez Cetina, Ricardo Sánchez Pedraza.
Instituto Nacional de Cancerología. Bogotá, Colombia.
jcgomezrincon@gmail.com

Introducción: El *Enterococcus faecium* resistente a vancomicina (ERV) es un germen considerado de alarma por su difícil control. Los pacientes oncológicos por su inmunocompromiso y mayor uso de antimicrobianos se consideran un grupo a riesgo. Se describen las características de los pacientes con aislamiento de este germen en un periodo de 35 meses.

Materiales y métodos: Se consultaron las bases de datos del laboratorio de microbiología y de la oficina de vigilancia epidemiológica para identificar los pacientes con al menos un aislamiento de ERV. Se revisaron las historias clínicas y a través de un instrumento se recolectaron los datos. Fueron empleados los métodos convencionales de estadística descriptiva (medias junto con sus correspondientes medidas de dispersión para variables continuas y porcentajes para variables discretas).

Resultados: Hubo 94 casos de ERV en 90 pacientes de enero de 2011 a noviembre de 2013. 48 eran mujeres (50 casos), 42 hombres (44 casos), la edad promedio fue 47 años (DE=23,5). La media de la estancia hospitalaria fue de 43,7 días (DE=26,4), 53 casos fueron hospitalizados el mes previo al aislamiento; 51 casos eran pacientes de hematología, 10 de pediatría, 20 de servicios quirúrgicos, 9 de servicios médicos y 4 de más de un servicio. Geográficamente la mayoría de casos fueron en piso de hematología (36 casos), unidades de cuidado intensivo de adultos (20) y GAICA (15). Los tumores hematológicos aportaron 56 casos, mielomas 4, sólidos 30 casos, 3 pacientes no tenían cáncer, y uno carece de dato. 66% recibía quimioterapia cuando se aisló el germen. En orina se hallaron 44 casos, 11 en sangre, 9 en heces, 9 en secreciones y las 21 restantes en muestras varias. 43 casos requirieron UCI. Murieron pacientes 10 colonizados, 27 infectados, 7 de ellos antes o el día de recibir el cultivo.

Conclusiones: La infección por ERV presentó mayor frecuencia y mortalidad en pacientes hematológicos. Las medidas de identificación y control de brotes son indispensables en estos pacientes para disminuir riesgos a los pacientes

MEDICINA TROPICAL - PRESENTACIONES EN POSTER

197. Distribución geográfica de la leptospirosis en los municipios del Eje Cafetero, Colombia, 2007-2011.

Laura Melissa García Ramírez, Jasmin Yurani Giraldo Pulgarin, Nelly Agudelo-Marín, Yeimer Alexander Holguin Rivera, Sebastián Gómez Sierra, Paola Vanessa Ortiz Revelo, Néstor Javier Velásquez Bonilla, Alfonso J. Rodríguez-Morales.
Grupo Sida y Otras Enfermedades Infecciosas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia.
arodriguezm@utp.edu.co

Introducción: Existen escasos estudios que caractericen geográficamente la leptospirosis humana. No hay trabajos en el eje cafetero por municipios de su ocurrencia. Por ello se desarrollaron mapas epidemiológicos de incidencia municipal en dicha región.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio caracterizando geográficamente incidencias anuales (estimadas como casos/100.000hab) de la leptospirosis, en los 53 municipios del eje cafetero (Caldas, Quindío, Risaralda), en el periodo 2007-2011. Las fuentes de datos fueron SIVIGILA, DANE y SIGOT. Las tasas fueron procesadas con el programa Kosmo® 3.1 como sistema de información geográfica (SIG), que permitió la elaboración de 5 mapas epidemiológicos del eje cafetero por municipios y años. Se incluyó en el análisis la relación de la actividad agrícola (casos en agricultores y área agrícola cosechada) con la ocurrencia de leptospirosis.

Resultados: En 2007-2011 se reportaron 786 casos (77,8% de Risaralda), para una tasa acumulada de 32,18 casos/100.000hab. La tasa más alta fue en Pueblo Rico (Risaralda) con 1535,05 casos/100.000hab (187 casos, 2007). La tasa más alta para Quindío se reportó en Armenia con 23,41 casos/100.000hab (2011). La tasa más alta para Caldas se reportó en Belalcázar con 17,28 casos/100.000hab (2008). En los pacientes donde se identificó ocupaciones, 33,33% correspondieron a agricultores, siendo significativa la relación para 2008 con el área agrícola cosechada por municipio ($r^2=0,48$; $p=0,0083$).

Conclusiones: Un municipio contribuyó con casi la cuarta parte de los casos. La agricultura se asoció con la incidencia. El uso de mapas epidemiológicos permitirá focalizar acciones en prevención, control y predicción de zonas de riesgo para la enfermedad.

198. Caracterización geográfica de la malaria en los municipios del Eje Cafetero, Colombia, 2007-2011.

Cesar Andrés Orrego Acevedo, Yasmin Alexandra Zambrano Muñoz, Francisco Javier García Folleco, Alfonso J. Rodríguez-Morales. *Grupo Sida y Otras Enfermedades Infecciosas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia. arodriguez@utp.edu.co*

Introducción: Dado que no se han reportado estudios caracterizando geográficamente la malaria en el eje cafetero, se realizó el presente estudio para desarrollar mapas epidemiológicos de malaria por *Plasmodium vivax*, *P. falciparum*, *P. malariae*, casos mixtos y complicados en la región.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio caracterizando geográficamente incidencias anuales (estimadas como casos/100.000 hab) de la malaria, en los 53 municipios del eje cafetero (Caldas, Quindío, Risaralda), en el período 2007-2011. Las fuentes de datos fueron SIVIGILA y DANE. Las tasas fueron procesadas con el programa Kosmo® 3.1 como sistema de información geográfica (SIG), que permitió la elaboración de 30 mapas epidemiológicos del eje cafetero por municipios, años y etiología parasitaria, así como según si fueron complicados o no.

Resultados: En 2007-2011 se reportaron 6582 casos de malaria, de ellos 6.478 fueron de la forma no complicada y 104 complicada, el 77,8% eran de Risaralda. Esto representa una tasa acumulada de 269,46 casos/100.000 hab. Del total de casos no complicados 5722 correspondieron con *P. vivax* (234,25 casos/100.000 hab), 475 fueron por *P. falciparum* (19,45 casos/100.000 hab), 8 por *P. malariae* (0,33 casos/100.000 hab) y 273 por *P. falciparum/P. vivax* (11,18 casos/100.000 hab). La tasa más alta se reportó en Pueblo Rico (Risaralda) con 5,77 casos/1.000 hab (717 casos).

Conclusiones: Un solo departamento contribuye con más de tres cuartas partes de los casos reportados en la región. El uso de mapas epidemiológicos permite orientar mejor la toma de decisiones para prevención y control de un problema de salud pública que aún sigue siendo de gran importancia en la región y en el país.

199. Conocimientos, actitudes y prácticas sobre medicina del viajero en pasajeros internacionales de los aeropuertos del eje cafetero colombiano.

Natalia Hurtado Hurtado, Rosa Vanessa Dorado Vargas, Laura Gissela Solano Liz, Andrés Felipe Solarte Muñoz, Alfonso J. Rodríguez-Morales. *Grupo Sida y Otras Enfermedades Infecciosas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia. arodriguez@utp.edu.co*

Introducción: Recientemente la medicina del viajero (MV) ha cobrado importancia globalmente, incluyendo a Colombia, dado el incremento en visitas al país (>1 millón de turistas internacionales, 2012). El eje cafetero es una zona turística atractiva (>34 mil visitantes en 2013) y por estas razones se realizó un estudio evaluando conocimientos, actitudes y prácticas (CAP) sobre el tema en cuestión en los aeropuertos del eje cafetero colombiano.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio observacional y transversal en una muestra aleatoria de viajeros entrantes de los aeropuertos de la región (Matecaña: Pereira; El Edén: Armenia; La Nubia: Manizales) ($\alpha=0,05$; $\beta=0,20$), procedentes de Panamá, Estados Unidos y Bogotá con conexiones internacionales (Norte América/Europa), utilizando una encuesta previamente validada. Se presentan resultados preliminares.

Resultados: De la muestra total, se presentan 136 ya analizadas. Edad promedio 41,2 años ($\pm 13,4$). El 90,4% son colombianos, de los cuales el 51,5%

vivía en Colombia; 2,4% visitantes de familiares y amigos, VFR. El 89,7% no conoce sobre MV. En cuanto a la enfermedad asociada a viaje más conocida era fiebre amarilla (22,8%). El 2,9% refirió haber adquirido alguna enfermedad. El 43,4% se colocó alguna vacuna (fiebre amarilla 32,4% e influenza 20,6%) y 52,9% consideró tomar las medidas preventivas necesarias para realizar un viaje seguro.

Conclusiones: A pesar de desconocer la MV, los viajeros consideran que toman las precauciones necesarias. Sin embargo, menos de un tercio de ellos tienen vacunación. Se sugiere la implementación de programas de educación para médicos y viajeros, así como a todo el sector turístico.

200. Análisis de casos reportados de mortalidad por dengue valle del cauca semana 1 a 48 del año 2013.

Ernesto Martínez Buitrago, Christian Pallares Gutiérrez. *Red de Eventos Nosocomiales del Valle RENOVA. Cali, Colombia. icako@hotmail.com*

Introducción: De los 56 casos reportados como mortalidad por dengue al SIVIGILA una proporción importante fue descartada por resultados negativos de RT-PCR teniendo IgM positiva para dengue ($n=12$). No hubo diferencias estadísticamente significativas en los hallazgos

Materiales y métodos: Cada año se producen entre 50 y 100 millones de infecciones por virus del dengue en el mundo, convirtiéndose en una enfermedad endémica en más de 100 países. En el Valle del Cauca en el 2013 se superó el total de casos de dengue y dengue grave que fueron notificados durante el 2012 y a partir de la mitad del 2013 se superaron los casos notificados en el brote que vivió la región en 2009, ubicando al departamento y a la ciudad de Cali como los lugares con más casos reportados en el territorio nacional. El objetivo del presente estudio fue describir los casos de mortalidad por dengue reportados al SIVIGILA desde la semana 1 a 48 del año 2013 en el Valle del Cauca.

Resultados: Estudio descriptivo desde la semana epidemiológica 1 hasta la 48 del año 2013, que incluyó todos los pacientes notificados al SIVIGILA como casos de mortalidad por dengue. Se describieron variables sociodemográficas y clínicas estableciendo promedio y desviación estándar o mediana y rango intercuartílico según el caso. Se calculó la letalidad de dengue y dengue severo estableciendo proporciones entre casos de dengue reportados desde la semana 1 a 48 del año 2013. Valores de $p<0,05$ fueron considerados estadísticamente significativos.

Conclusiones: Se reportaron 27.389 casos de dengue al SIVIGILA, 899 dengue grave y 56 mortalidades por dengue. 19 muertes fueron confirmadas (16 por RT-PCR, 1 por autopsia sanitaria y 2 por clínica compatible). Se descartaron 37 muertes (27% después del análisis del cuadro clínico y 73% por RT-PCR negativa). Entre los casos descartados, 32% tenían IgM positiva para dengue y 33% fueron manejados como dengue. En visitas domiciliarias a casos descartados se observaron condiciones inadecuadas de vivienda y posibles focos de criaderos del vector

201. Impacto potencial de la variabilidad climática en la leishmaniasis cutánea en áreas endémicas de Caldas, Colombia, 2006-2012.

Sandra Yadid Patiño, Adriana Marcela Gómez, Diana Marcela Roldan-Builes, Alfonso J. Rodríguez-Morales. *Posgrado en Epidemiología, Fundación Universitaria del Área Andina, Seccional Pereira. Pereira, Colombia. arodriguez@utp.edu.co*

Introducción: La leishmaniasis sigue siendo un problema de salud pública en países tropicales, incluyendo Colombia. Entre los factores relacionados recientemente estudiados en su epidemiología, el cambio climático y la variabilidad climática son muy relevantes.

Materiales y métodos: Estudio ecológico para evaluar el impacto potencial de la variabilidad climática (ONI, precipitaciones, temperaturas máxima, media, mínima, humedad, imágenes de satélite de NASA-Earth Observations) sobre las tasas de incidencia de la enfermedad en siete municipios endémicos del departamento Caldas, 2006-2012. Se desarrollaron modelos de regresión lineal simple y múltiple para establecer asociaciones potenciales entre las variables climáticas y epidemiológicas analizadas mensualmente ($p<0,05$).

Resultados: Se notificaron 1.603 casos (media 4 casos/mes, mínimo 0, máximo 43), que representan de 0 hasta 362,32 casos/100.000 hab. En las regresiones lineales simples regionales, hubo asociaciones entre el ONI ($r^2=0,026$, $p<0,001$) y precipitaciones ($r^2=0,049$, $p<0,001$), con las tasas de

incidencia. En la regresión lineal múltiple, la temperatura máxima regional se asoció ($\beta=-9,485$, $p=0,040$). A nivel municipal, el ONI se asoció en 4 de 7 de ellos ($r^2\geq 0,047$, $p<0,05$); las precipitaciones en uno ($r^2=0,047$, $p<0,05$); la temperatura máxima y mínima, así como la humedad así se asociaron a también en uno ($r^2\geq 0,362$, $p<0,001$).

Conclusiones: Los estudios previos han establecido la influencia de la variabilidad climática en la leishmaniasis cutánea en algunos departamentos de Colombia, pero no hay estudios en áreas endémicas occidentales como Caldas. Para este departamento, el modelo explicó moderadamente la asociación entre la variabilidad climática y la leishmaniasis cutánea, su influencia en las tasas de incidencia en todo el periodo a nivel departamental y municipal. Con más datos disponibles de vigilancia de las enfermedades que incorporen más variables microclimáticas se desarrollarían mejores modelos predictivos para un mejor control integrado de la enfermedad.

202. Caracterización demográfica de dengue y factores de riesgo asociados a dengue grave en el departamento del Tolima 2009-2010.

Maria del Pilar Montilla Velásquez, Jorge Armando Carrizosa, Pedro Alexander Barrera López.
Universidad del Tolima. Ibagué, Colombia.
mpmontillav@unal.edu.co

Introducción: El dengue es una patología endemoepidémica de gran morbimortalidad en el departamento del Tolima, siendo el brote de 2009-2010 uno de los más importantes en la última década. El objetivo de este trabajo fue caracterizar demográficamente a los pacientes con dengue en el departamento del Tolima y los factores demográficos, clínicos y paraclínicos asociados a dengue grave durante los años 2009 y 2010.

Materiales y métodos: Se describieron las características demográficas de los casos de dengue del sistema de vigilancia epidemiológica del Tolima (SIVIGILA) del año 2009-2010. Con los pacientes confirmados por serología se realizó un análisis univariado y bivariado de casos y controles para evaluar asociación con dengue grave. Se realizó un análisis estratificado para las variables de confusión. Con los tiempos registrados de las fechas de inicio de síntomas, consulta, hospitalización y muerte, se realizó un análisis de supervivencia.

Resultados: Se encontraron 12.565 casos de dengue en los años 2009 y 2010, muestran un aumento en la incidencia de los casos graves y mortalidad para este último año, la letalidad sobrepasó el promedio nacional y los estándares internacionales. Los casos confirmados por serología fueron 530, asignados a dos grupos: dengue 458 y dengue grave 72 con 12 defunciones. Los factores de riesgo asociados a dengue grave fueron dolor abdominal (OR 1,92; IC 95% 1,160-3,167), petequias (OR: 3,97 IC 95% (2,28-6,92), equimosis (OR 5,32 IC 95% 1,39-20,33), ictericia (OR 10,32 IC 95% 2,84-37,53), oliguria (OR 7,03 IC 95% 2,55-19,39), derrame pleural (OR 26,88 IC 95% 2,96-244,09) y hepatomegalia (OR 6,59 IC 95% 1,30-33,33). La media de consulta tardía fue mayor en dengue grave.

Conclusiones: Los factores de riesgo encontrados en los pacientes registrados en el SIVIGILA del departamento del Tolima, permiten identificar pacientes con alto riesgo de presentar complicaciones por dengue clínico a prevenir y manejar adecuadamente estos casos.

203. Desarrollo y aplicación de una ELISA indirecta para el diagnóstico de la infección por *Brucella canis* en humanos.

Miryan Margot Sánchez-Jiménez, Gisela María García-Montoya, Juan Fernando Alzate-Restrepo, Martha Olivera-Angel.
Grupo Biogénesis-Vericel, DrSci Student in Animal Sciences. Escuela de Medicina Veterinaria, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad de Antioquia, Centro Nacional de Secuenciación Genómica-CNSG, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
miryan.sanchez@gmail.com

Introducción: El diagnóstico de la infección por *Brucella canis* en humanos es infrecuente en Colombia debido a la falta de pruebas diagnósticas altamente sensibles y específicas para la detección de la infección. El objetivo fue desarrollar una prueba de ELISA indirecta, utilizando proteínas recombinantes, para el diagnóstico de *B. canis* en humanos.

Materiales y métodos: En un estudio previo se generó el inmunoproteoma de *B. canis* cepa Oliveri, aislada de un canino de Medellín, frente a sueros humanos. Se analizaron 14 proteínas de interés por espectrometría de masas y análisis bioinformáticos. Las 5 proteínas con mayor antigenicidad, fueron

producidas en forma recombinante en el Centro Nacional de Secuenciación Genómica de la UdeA, las proteínas fueron: Inosina 5' fosfato deshidrogenasa (GuaB 52 kDa), Piruvato deshidrogenasa E1 subunit beta (PdhB 49 kDa), Factor de elongación Tu (Tuf 42.6 kDa), regulador transcripcional de la familia TetR (27.4 kDa) y la proteína de membrana Omp31. Posteriormente se realizaron pruebas de ELISA indirecta para detección de IgG, a 91 muestras de humanos en contacto con caninos de criaderos de dos áreas de Antioquia. Se estableció el punto de corte de cada prueba utilizando curvas ROC, comparando con los resultados de una PCR previamente evaluada y se estableció la S, E, VPP y VPN de cada prueba.

Resultados: Dos de las proteínas evaluadas, PdhB y Tuf, presentaron buenos resultados de S, E y concordancia cuando se compararon con los resultados de la PCR. La mezcla de las dos proteínas incrementó la concordancia entre las pruebas.

Conclusiones: El uso de antígenos recombinantes en esta prueba de ELISA, mejora el diagnóstico específico de esta infección en humanos y aumenta el número de pruebas disponibles en nuestro medio para el diagnóstico de esta infección. Financiación: grupo Biogénesis sostenibilidad 2013-2014 UdeA, COLCIENCIAS beca crédito para doctorado a MM Sánchez-Jiménez y Convenio Especial de Cooperación No. 767 de Colciencias y la Vicerrectoría de Investigación, UdeA.

204. Evidencia de la circulación de *Leptospira spp* y su posible interacción con habitantes en el Urabá Antioqueño, Colombia. 2012.

Ingrid Lorena Jaramillo Delgado.

Grupo de Investigación en Medicina Tropical, Instituto Colombiano de Medicina tropical, Universidad CES, Grupo de investigación GisCa, Fundación Universitaria Autónoma de las Américas. Medellín, Colombia. lojadel2@gmail.com

Introducción: Leptospirosis es una enfermedad zoonótica de transmisión ambiental, causada por la bacteria del género *Leptospira*, esta enfermedad presenta como su mayor hospedero reservorio los roedores y otros animales domésticos, quienes liberan la bacteria al ambiente a través de orina. Este pretende confirmar el importante rol que tienen estos animales y el ambiente por medio de las aguas superficiales en la posible transmisión de la enfermedad a los humanos.

Materiales y métodos: Se evaluó positividad molecular de aguas superficiales por secuenciación de gen 16S (indicador de género), y positividad serológica por la prueba de microaglutinación en placa (MAT), en los habitantes de la zona y de roedores, con el fin de evaluar contacto con el agente.

Resultados: Se obtuvo positividad molecular para el gen 16S en 5 de 11 muestras de agua superficial correspondientes a especies intermedias de *Leptospira spp.* y para MAT en 4% (11/254) de los habitantes de la zona y en roedores un 77% (50/65), tanto humanos como roedores presentaron positividad en serogrupos pertenecientes a *L. interrogans* serogrupos *Icterohaemorrhagiae* y *Australis* y para *L. borgpetersenii* serovar *Tarassovii*. Con títulos entre 1:200 y 1:400. Este último título fue el más frecuente para la serovariedad *Icterohaemorrhagiae*.

Conclusiones: Se comprobó y confirmó la circulación de *Leptospira spp* en las fuentes de aguas superficiales y en los roedores de la zona, situación que permite concluir que en la zona se observa un círculo epidemiológico de roedores/leptospirosis/aguas superficiales como posibles fuentes de infección para los habitantes de la zona.

205. Caracterización geográfica de la leptospirosis en los municipios del departamento de Bolívar, Colombia.

Claudia Marin-Kelso, Margaret Cuello-Perez, Ingrid Benítez, Alfonso J. Rodríguez-Morales.

Escuela de Medicina, Universidad del Sinú Elias Bechara Zainúm, Seccional Cartagena, Cartagena de Indias, Colombia y Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia. arodriguez@utp.edu.co

Introducción: En el estudio epidemiológico de la leptospirosis existen pocos estudios publicados que caractericen su comportamiento con mapas epidemiológicos. Por estas razones se realizó este trabajo generándolos en Bolívar, Colombia, 2007-2011.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio caracterizando geográficamente incidencias anuales (estimadas como casos/100.000 hab) de la leptospirosis, en los 46 municipios y el distrito del departamento de Bolívar,

Colombia, en el período 2007-2011. Las fuentes de datos fueron SIVIGILA y DANE. Las tasas fueron procesadas con el programa Kosmo® 3.1 como sistema de información geográfica (SIG), que permitió la elaboración de 6 mapas epidemiológicos de Bolívar por municipios, años e incidencia acumulada del período.

Resultados: En 2007-2011 se reportaron 386 casos para una tasa acumulada de 16,69 casos/100.000 hab, variando desde 1,38 hasta 8,49 (en 2011), En el período, la tasas más altas fueron en Villanueva (69,22 en 2011), Santa Rosa del Sur (41,55 en 2007) y Arjona (20,79 en 2011). En Cartagena de Indias se reportaron tasas que variaron de 2,82 a 11,30 (en 2011). En 2008 y 2009 solo 2 municipios reportaron casos (Magangué y Cartagena en 2008 y Arjona y Cartagena en 2009), en tanto en 2010 fueron 4 (Soplaviento, Villanueva, Cartagena y Turbaco) y 12 municipios en 2011 (Villanueva, Santa Rosa Del Sur, Arjona, El Carmen De Bolívar, Cartagena, Talaigua Nuevo, Simití, Morales, Achí, San Juan Nepomuceno, Turbaco y Magangué).

Conclusiones: La leptospirosis se concentra en pocos municipios del departamento con gran variación de condiciones sociales y ambientales. Los mapas desarrollados en conjunto con la evaluación de dichas variables podría permitir valorar en forma más precisa el comportamiento de la enfermedad y ayudar en la priorización de diferentes intervenciones.

206. Caracterización geográfica de la fiebre tifoidea y paratifoidea en el Eje Cafetero colombiano.

Carlos Enrique Calvache Benavides, Jonathan Murillo Abadia, Guillermo Javier Lagos-Grisales, Alfonso J. Rodríguez-Morales.
Grupo de Investigación Salud Pública e Infección (antes Sida y Otras Enfermedades Infecciosas), Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia.
arodriguezm@utp.edu.co

Introducción: En el mundo aproximadamente se presentan 16 millones de casos al año de fiebre tifoidea, de los cuales 600.000 son casos fatales. En Colombia, entre 2002-2004 se presentaron 2.330 casos. En los estudios epidemiológicos de la fiebre tifoidea y paratifoidea se desconocen mapas en los que se caracterice su comportamiento epidemiológico; por esta razón se desarrolló esta investigación con el fin de generarlos. **Materiales y métodos:** Se realizó un estudio, caracterizando geográficamente incidencias anuales (estimadas como casos/1.000.000 hab) de fiebre tifoidea y paratifoidea (FTPT) en los 3 Departamentos del eje cafetero (Caldas, Quindío y Risaralda) en el período 2007-2011. Los datos analizados fueron obtenidos del SIVIGILA (Sistema de vigilancia epidemiológica) y las tasas se procesaron en Kosmo® 3.1 como sistema de información geográfica, permitiendo la elaboración de mapas epidemiológicos por departamento, municipios y años.

Resultados: En el período de 2007-2011 se reportaron 16 casos de Fiebre tifoidea en el eje cafetero colombiano, con una tasa de incidencia de 3,7, 0,8, 0,4, 1,2 y 0,4 casos/1.000.000 hab. en 2007, 2008, 2009, 2010 y 2011, respectivamente. El departamento con mayor incidencia en estos periodos fue Caldas (Manizales y San José) con 7,19 casos/1.000.000 hab., seguido del Quindío (La Tebaida) con 1,8 casos/1.000.000 habitantes y Risaralda (Pereira) con 1,1 casos/1.000.000 hab.

Conclusiones: La incidencia de FTPT es considerablemente baja en los diferentes departamentos del eje cafetero colombiano, mostrando una mayor tasa en el departamento de Caldas donde el municipio más afectado fue San José.

207. Factores asociados a falla terapéutica en pacientes con leishmaniasis cutánea en el centro y suroccidente colombiano.

María del Mar Castro Noriega, Alexandra Cossio Duque, Luisa Rubiano, Lyda Osorio.
Centro Internacional de entrenamiento e Investigaciones Médicas - CIDEIM. Cali, Colombia. mcastro@cideim.org.co

Introducción: En Colombia se reportan de 14.000-20.000 casos/año de leishmaniasis cutánea y los reportes de fallas al tratamiento antimonial se encuentran entre 28,6% y 75%, con variaciones según el grupo de edad y población. Los medicamentos de segunda línea son costosos y poco tolerados, por lo cual su uso es limitado. El objetivo de este estudio es determinar los factores asociados a falla terapéutica a Glucantime®

Materiales y métodos: cohorte retrospectiva de participantes en estudios clínicos de CIDEIM, de 18 a 70 años de edad, tratados con Glucantime®. Se tomaron las características clínicas, especie de *Leishmania* al ingreso y se

evaluó la respuesta terapéutica en las semanas 13 y 26 después del inicio del tratamiento. Se usó regresión logística con un nivel de significancia en 0,05.

Resultados: A la fecha se han incluido 74 participantes. La incidencia de falla terapéutica fue 22,9%, de las cuales el 87% se evidenciaron en la semana 13. El 86% fueron hombres, 75% afrodescendientes, la edad media de 35 años (DE: 13.5), peso promedio 67.15kg (DE: 8.7); la mediana del número de lesiones fue 2 (1-3). La cepa aislada en el 90% (46/51) de pacientes fue *L. panamensis*. No se encontraron diferencias estadísticas entre las características de ingreso, excepto en el tiempo de evolución que fue menor en el grupo de falla terapéutica, Me: 1 (1-2) frente a 3 (1-6) meses (p=0.03). El OR para tiempo de evolución menor de un mes fue 2.64 (IC 95%: 0.75-9.28). No se encontraron otras asociaciones estadísticamente significantes.

Conclusiones: La incidencia de falla terapéutica es similar a estudios previos realizados en esta zona endémica, aunque menor a la reportada en otras poblaciones. La mayor proporción de fallas ocurren tempranamente (13 semanas). Los resultados sugieren una relación entre el tiempo de evolución y la respuesta terapéutica, sin embargo, se requiere el seguimiento de un grupo mayor de pacientes para discernir esta y otras asociaciones, que contribuyan a priorizar intervenciones y seguimiento en grupos en mayor riesgo

208. Seguimiento de pacientes con leishmaniasis tegumentaria: experiencia en un centro de referencia.

María del Mar Castro Noriega, Álvaro José Martínez Valencia, Alexandra Cossio Duque, Sandra Jimena Jojoa.
Centro Internacional de entrenamiento e Investigaciones Médicas - CIDEIM. Cali, Colombia. mcastro@cideim.org.co

Introducción: La evaluación del desenlace terapéutico en leishmaniasis tegumentaria requiere de un seguimiento clínico que puede prolongarse hasta 12 meses. Los pacientes con esta enfermedad proceden de áreas rurales con limitaciones de acceso y disponibilidad de servicios de salud. Las pérdidas en el seguimiento de pacientes pueden afectar la oportunidad de diagnóstico de falla terapéutica y recaídas, así como la vigilancia de la toxicidad de los antileishmaniales. El objetivo es describir el seguimiento de pacientes en un centro de referencia de leishmaniasis del suroccidente colombiano.

Materiales y métodos: Se revisaron los registros de valoraciones médicas de control en pacientes con diagnóstico confirmado de leishmaniasis tegumentaria, con tratamiento formulado de acuerdo a las guías nacionales. Se evaluó la frecuencia de seguimientos al final de tratamiento y en semanas 7, 13, 26 y 52 en el año 2012

Resultados: Se revisaron las historias clínicas de 76 pacientes valorados, diagnosticados y referidos para tratamiento por CIDEIM Cali y Tumaco, y que no participaron en estudios clínicos. Entre éstos el 60% no recibió ningún control médico después de formulado el tratamiento. Entre los pacientes que asistieron a algún seguimiento (n=30), el 20% asistió a la evaluación al final del tratamiento, el 5% a semana 7, el 7% a la semana 13, mientras el 5 y 3% fueron valorados a las semanas 26 y 52 posteriores al tratamiento respectivamente.

Conclusiones: La proporción de pacientes con seguimiento clínico pos tratamiento es baja y limita el conocimiento sobre la efectividad terapéutica de los antileishmaniales y la incidencia de eventos adversos severos durante el tratamiento en las condiciones rutinarias de su administración. Esta situación plantea la necesidad de estrategias de seguimiento del tratamiento y la identificación de marcadores tempranos de respuesta terapéutica que permitan predecir la respuesta en un menor número de visitas.

VIH - PRESENTACIONES EN POSTER

209. Distribución geográfica del VIH/SIDA en los municipios del Eje Cafetero, Colombia, 2007-2011.

Carlos Enrique Calvache Benavides, Angélica Giselle Badillo, Soraya Villegas, Guillermo Javier Lagos-Grisales, Alfonso J. Rodríguez-Morales.
Grupo Sida y Otras Enfermedades Infecciosas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira. Pereira, Colombia.
arodriguezm@utp.edu.co

Introducción: Es notable la escasez de estudios que caracterizan geográficamente el comportamiento epidemiológico del VIH/SIDA, y de manera especial en el eje cafetero dada su importancia, zona de alta movilidad poblacional y alta incidencia. La georreferenciación de su comportamiento es una herramienta que aporta al desarrollo de acciones propuestas en modelos de gestión programática y facilita focalización de intervenciones.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio caracterizando geográficamente incidencias anuales (estimadas como casos/100.000hab) del comportamiento del VIH/SIDA en los municipios del eje cafetero (Caldas, Quindío, Risaralda), periodo 2007-2011. Los Datos utilizados fueron proporcionados por SIVIGILA y DANE. Las tasas se procesaron con el programa Kosmo® 3.1 como sistema de información geográfica (SIG), para la elaboración de 20 mapas epidemiológicos del eje cafetero por municipios, años, grupos de edad y sexo, dadas sus implicaciones sociales.

Resultados: Entre 2007-2011 se reportaron 1893 casos, para una tasa acumulada de 77,5 casos/100.000 hab. Encontrando la media de tasas más alta en ciudades capitales: Armenia (Quindío) con 39,47 casos/100.000 hab (2007-2011), Pereira (Risaralda) con 29 casos/100.000 hab (2007-2011), Manizales (Caldas) con 20,44 casos/100.000 hab (2007-2011).

Conclusiones: Las tasas más elevadas se encontraron en las capitales. Es necesario suponer que éstas están influenciadas por personas de otros municipios que realizaron su confirmatorio en las capitales y los casos se reportan como propios. Para municipios con tasa de incidencia cero se requiere un análisis mayor, dado que es posible que detrás de ello subyacen la poca accesibilidad a diagnósticos oportunos, mayor estigma y discriminación obligando al traslado y la inexistencia e inadecuado reporte de estos.

VIH2 - PRESENTACIÓN ORAL

210. La epigenética del CCR5: un determinante integral asociado a la susceptibilidad, progresión y respuesta al tratamiento en el VIH-SIDA. Implicaciones en futuras intervenciones.

Angela Molano Murillo, German Gornalusse, Alvaro A. Gaitan, Srinivas Mummidi, Weijing He, Fabio Jimenez, Una AluyenVeron Ramsuran, Zoya A. Chykarenko, Richard Hutt, Demetre Daskalakis, Ludmila Shostakovich-Koretzkaya, Salim S. Abdool Karim, Jeffrey N. Martin, Steven G. Deeks, Frederick Hecht, Elizabeth Sinclair, Robert A. Clark, Jason Okulicz, Thumbi Ndung'u, Fred T. Valentine, Peter W. Hunt, Sunil K. Ahuja

Hospital San Rafael Facatativa - Fundacion Universitaria San Martin. Bogota, Colombia. Veterans Administration Research Center for AIDS and HIV-1 Infection, and Center for Personalized Medicine, South Texas Veterans Health Care System, San Antonio, TX, 78229 USA. Departments of Medicine and Microbiology, University of Texas Health Science Center, San Antonio, Texas, 78229 USA. HIV Pathogenesis Programme, and Centre for the AIDS Program of Research in South Africa (CAPRISA), Doris Duke Medical Research Institute, Nelson R Mandela School of Medicine, University of KwaZulu-Natal, Durban, 4013, South Africa. Department of General Pediatrics and Pediatric Infectious Diseases, Dnepropetrovsk State Medical Academy, 49044, Dnepropetrovsk, Ukraine. Department of Medicine, New York University School of Medicine, New York, NY, 10016, USA. Departments of Medicine, Epidemiology and Biostatistics, University of California, and San Francisco General Hospital, San Francisco, California, 94110, USA. San Antonio Military Medical Center, Fort Sam Houston, San Antonio, Texas, 78234, USA. Bogotá, Colombia. angieumm130687@gmail.com

Introducción: Los niveles de expresión del principal receptor para el VIH; el CCR5 y la activación de las células T (TCA) son conocidos por ser determinantes en la susceptibilidad al VIH-SIDA. Aunque los niveles de la activación de las células T (TCA) y la expresión de superficie del CCR5 están altamente correlacionados durante la infección por VIH, aún se desconoce como la TCA se comunica con el gen del CCR5 para aumentar su expresión. Existe una variación amplia entre individuos en los niveles de expresión del CCR5 en las células T, aún en aquellos que tienen el mismo genotipo del CCR5, lo cual sugiere la existencia de mecanismos no genéticos que contribuyen en la expresión en la superficie celular de este receptor, y que pudieran ser correlacionados con la progresión del VIH-SIDA.

Materiales y Métodos: Se obtuvieron muestras de sangre de pacientes VIH - (n=122) obtenidas de bancos de sangre, VIH+ (n= 215) de las siguientes cohortes: SCOPE, Cohorte de NYU, SAMMC, CAPRISA y de una cohorte de niños expuestos perinatalmente al VIH de Ucrania. Otras pruebas usadas fueron aislamiento, estimulación, cultivo y sorteo celular, análisis de FACS, polarización de respuesta Th1, secuenciación de ARN, secuenciación por bisulfato genómico, amplificación de las regiones cis del CCR5 por pirosecuenciación, PCR-RT, cuantificación alelo específica mRNA por pirosecuenciación y genotipaje.

Resultados: Los niveles de metilación del DNA de las regiones cis-regulatorias del CCR5 se correlacionaron inversamente con su expresión en la superficie de células T. Cambios modestos en la metilación se asociaron con

diferencias en la expresión del CCR5 en células T. La metilación del receptor del CCR5 tuvo asociación importante con las diferencias en la expresión de este receptor entre tipos celulares e individuos. Se encontró disminución en expresión en superficie del CCR5 luego de hipermetilación de las regiones cis-CCR5 y comparable con la haploinsuficiencia dada por los heterocigotos con la mutación delta 32. *In-vitro*, luego de la activación de las células T, se induce demetilación de las regiones cis del CCR5 asociado a incremento en la expresión del receptor. Este rasgo varió cuantitativamente entre los individuos. Las células T de sujetos con fenotipo no progresor tales como controles élite, altamente expuestos no infectados y chimpancés, mostraron una resistencia a la demetilación del CCR5 después de la activación y esto se correlacionó con baja expresión de superficie de este receptor. Los resultados de una cohorte de pacientes VIH+ con y sin TARV, así como de pacientes conocidos como no progresores, evidenciaron que hubo mayor demetilación del receptor en aquellos pacientes VIH+ sin tratamiento y una mayor metilación en los pacientes VIH (-) y aquellos con fenotipo resistente a la infección. También se evidenció una restauración de la metilación en pacientes VIH+ que posteriormente recibieron tratamiento. En análisis longitudinales la metilación del CCR5 siguió los desenlaces marcados por el conteo de CD4 y carga viral.

Conclusiones: La metilación del CCR5 podría ser un método indirecto para evaluar la función celular. Se demostró que la metilación de las regiones cis regulatorias del CCR5 se comporta como un intermediario de las variaciones entre la activación de células T, el genotipo del CCR5 y los niveles de superficie del CCR5 en células T, por lo tanto sirve como un determinante integral en la susceptibilidad al VIH-SIDA. Debido a que la supresión de la replicación viral resulta en una restauración parcial del estado de la metilación, la reprogramación epigenética del CCR5 podría postularse como una nueva estrategia terapéutica, de susceptibilidad y de seguimiento en VIH-SIDA.

VIH - PRESENTACIONES EN POSTER

211. Tratamiento empírico antituberculoso en pacientes con SIDA y fiebre de origen desconocido.

Ricardo Martínez, Cesar Bueno, Carlos Jiménez.

COMFAMILIAR Risaralda, Union HAART, Grupo VIHDA. Pereira, Colombia. ricardoamartinezg@hotmail.com

Introducción: La fiebre de origen desconocido en el paciente inmunocomprometido por el vih plantea problemas relacionados no solo con la ausencia de diagnóstico sino también con la aproximación terapéutica en enfermos que por su condición presentan deterioro progresivo y elevada mortalidad. En el presente estudio se plantea el beneficio de la terapia empírica antituberculosa bajo estas condiciones.

Materiales y métodos: Se realizó estudio de cohortes en 84 pacientes (42 por cada cohorte) con VIH y fiebre de origen no establecido a pesar de estudios de extensión protocolarios que incluyeron imágenes, pruebas serológicas, moleculares y cultivos, se estableció como cohorte expuesta la que recibió terapia empírica antituberculosa y cohorte no expuesta la carente de dicha prescripción. Se consideró la muerte como desenlace final.

Resultados: El recuento promedio de CD4 fue de 117. La respuesta clínica favorable en la cohorte expuesta fue evidente en 71,4% de pacientes. El tiempo promedio de mejoría sintomática fue 17 días. La disminución en el valor de proteína C reactiva precedió 6 días a la respuesta clínica en 80% de los casos. Tras dos meses de terapia antituberculosa existía absoluto control de síntomas y de marcadores serológicos en los pacientes con respuesta inicial favorable. En pacientes que no presentaron modificación sintomática o de marcadores serológicos de inflamación tras un mes de terapia antituberculosa, esta fue retirada. La terapia empírica fue factor protector con OR 0,62 (IC95% 0,09 - 7,2 p=0,042)

Conclusiones: Teniendo en cuenta que la tuberculosis es la enfermedad oportunista más frecuente en pacientes con VIH y la principal causa de mortalidad, se plantea el potencial beneficio de terapia empírica, no solo como prueba diagnóstica sino también con fin terapéutico, siendo pertinente abandonar esta conducta si no existe respuesta posterior a 30 días de terapia

212. Antecedente de resultado negativo en prueba presuntiva para infección por VIH en PVVS que ingresan a un programa de atención integral.

Mónica Mantilla Suarez, Andrés Fernando Sánchez-Vera, Lily Marcela Cantor.

Corporacion IPS SaludCoop. Bogotá, Colombia. omca70@yahoo.com

Introducción: En Colombia la asesoría preprueba voluntaria es requisito para realizar una prueba de vih de tamizaje. La certificación de los asesores en la prueba es escasa, ya que ésta es dada por organizaciones en su mayoría privadas y con un costo que debe asumir el interesado. Nosotros quisimos

verificar cuantas personas que ingresan a un programa de personas viviendo con VIH/sida (PVVS) en un periodo de 4 años ya habían recibido una asesoría para VIH y con resultado negativo previo.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio prospectivo durante 4 años, con asesoría posprueba de VIH a las personas con prueba confirmatoria (Inmunoblot) positiva de 3 aseguradores en Bogotá. Se atendieron 1.403 usuarios entre el 1 de enero de 2010 y el 31 de diciembre de 2013 por 2 psicólogas certificadas para posprueba. De los 1.403, 190 (13,54%) fueron mujeres y 1.213 (86,46%) hombres.

Resultados: 653 sujetos con inmunoblot positivo ya se habían realizado una prueba previa. De ellos, 88,5% realizó una prueba de tamizaje de VIH alguna vez en los últimos 5 años y 38,6% la había hecho en el último año. El 86% afirmó que el resultado fue entregado por médico tratante o por laboratorio clínico sin asesoría posprueba. De los que sí recibieron asesoría, 79% aseguro no recordar alguna de las recomendaciones dadas durante la misma.

Conclusiones: La asesoría posprueba actualmente es una oportunidad perdida para cambiar conductas de riesgo en personas y aclarar dudas con respecto a la infección por VIH. Más de la mitad de los sujetos diagnosticados en 1 año, realizaron la prueba por conducta de riesgo, antecedente de pareja con VIH o sospecha de infección; pero al recibir un resultado negativo, la asesoría posprueba no dejó algún mensaje de educación, posiblemente porque la entrega no se realiza de forma adecuada. El desarrollo de este proyecto contó con la financiación de los aseguradores e investigadores.

213. Respuesta virológica a 48 semanas, primer rescate con dos medicamentos activos: efecto de la mutación M184V.

Mónica Mantilla Suarez, Andrés Fernando Sánchez-Vera.
Cooperación IPS Saludcoop. Bogotá, Colombia.
omca70@yahoo.com

Introducción: En Colombia, el tratamiento inicial por guía es AZT 3TC EFV o AZT 3TC NVP y con alternativa está el abacavir. Algunas instituciones realizan genotipo en pacientes de primer fallo, detectando mutaciones de resistencia tempranas. El objetivo del trabajo era revisar el éxito terapéutico en pacientes que han fallado a esquemas de primera línea y que teniendo la mutación M184V fueron rescatados con AZT 3TC LPV/r, una terapia que en teoría tiene solo 2 medicamentos activos pero con hipersusceptibilidad a la zidovudina.

Materiales y métodos: Estudio observacional, descriptivo retrospectivo. Se revisaron 453 genotipos realizados en Colombia desde el año 2008. Se incluyeron genotipos con la mutación M184V y alguna mutación a NNRTI, rescatados con AZT 3TC LPV/r y que tuvieran carga viral a las 48 semanas. Se excluyen genotipos con TAMS o mutaciones mayores en la proteasa.

Resultados: Se incluyeron 102 genotipos de los cuales solo 33 fueron rescatados con AZT 3TC LPV/r. El 9% (3/33) de los casos no completó 48 semanas y no se tuvieron en cuenta en el análisis. La carga viral al momento del genotipo estaba entre 1.000 y 100.000 copias. El tiempo promedio de fallo definido como el tiempo entre primera carga viral detectable y genotipo. El 60% (18/30) con menos de 6 meses de fallo y el 40% (12/30) entre 6 y 12 meses. El 87% (26/30) logró carga viral indetectable en 48 semanas de iniciado el esquema de rescate, 1 caso con carga viral detectable, 3 casos con efectos adversos suspendieron la terapia.

Conclusiones: Pese a ser un rescate con solo 2 medicamentos activos, se demostró lograr un éxito terapéutico del 87% similar a estudios con 3 medicamentos activos, preservando opciones futuras terapéuticas. Es necesario continuar la observación de estos pacientes para definir duración del tratamiento con zidovudina debido a la toxicidad que puede presentarse y de acuerdo a nueva evidencia plantear simplificación de dicho esquema.

214. Características relacionadas con positividad para VIH en personas en contexto de vulnerabilidad socioeconómica y por sus comportamientos sexuales

Héctor Fabio Mueses Marín, Julissa Posso Suarez, Inés Constanza Tello Bolívar, David Montaña Agudelo, Jaime Galindo Quintero.
Corporación de Lucha Contra el Sida. Cali, Colombia.
centroinvestigaciones@cls.org.co

Introducción: En Colombia la prevalencia de VIH en población general (15 a 49 años) es inferior al 1%. Sin embargo algunos grupos son más severamente afectados. Se llevó a cabo un estudio para determinar características relacionadas con positividad para VIH en personas en contexto de vulnerabilidad socioeconómica y comportamientos sexuales.

Materiales y métodos: Estudio transversal de base comunitaria, a través de campañas de asesoría y pruebas voluntarias de VIH, entre noviembre 2012 y mayo 2013. Participaron 380 personas que eran hombres que tienen sexo con hombres y trabajadoras sexuales, que dieron su consentimiento informado, respondieron un cuestionario estructurado, recibieron asesoría pre y postest, prueba presuntiva rápida y confirmatoria cuando fue indicada. Se analizaron los resultados frente a VIH+ con un modelo de regresión logística múltiple en Stata versión 13.

Resultados: Edad promedio $28 \pm 9,4$; 74% hombres. Estrato bajo (unodos) 74%; sin pareja estable 79%; escolaridad básica secundaria (≤ 9 años) 32%; sin conocimientos sobre VIH 60%; consumo abusivo de licor 52%, sin uso consistente de condón 97%, con antecedente de ITS 21%, con antecedente de prueba VIH previa 64%. La frecuencia de VIH+ fue 10,5% (IC95: 7,4-13,6), mayor en hombres (12,5%) vs mujeres (5,1%), ($p=0,039$). Después de ajustar por las variables del estudio, personas de sexo masculino, con escolaridad hasta básica primaria (≤ 5 años), aquellos con antecedente de ITS y quienes reportaron convivir con alguien con VIH/SIDA, presentaron mayor frecuencia de VIH+. No se encontró relación con consumo de licor/sustancias, uso de condón, conocimientos y otros comportamientos de riesgo, así como tampoco con el antecedente de prueba previa para VIH.

Conclusiones: La positividad para VIH en esta población es mayor que el estimado nacional en población general, principalmente en hombres. Bajo el contexto de vulnerabilidad de la población de estudio, se sugiere que características sociales y antecedentes de ITS pueden aumentar el riesgo de infección por VIH.

215. Prevalencia de neoplasias definitorias en pacientes adultos con virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) del Instituto Nacional de Cancerología de Colombia en un periodo de 7 años.

Deisy Lorena Álvarez Guevara, Sonia Isabel Cuervo Maldonado, Julio César Gómez Rincón, Ricardo Sánchez Pedraza, Nancy Marlene Ramírez Coronado, Diana Consuelo Acero Torres.
Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia.
deiloal@hotmail.com

Introducción: El uso extendido de la terapia antirretroviral altamente efectiva ha aumentado la supervivencia de los pacientes con virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) y como consecuencia la prevalencia de cánceres tanto definitorios como no definitorios. En Colombia no hay información al respecto, el objetivo es determinar la prevalencia de neoplasias definitorias en pacientes adultos con VIH del centro de referencia oncológico nacional.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal basado en la revisión de historias clínicas institucionales. Entre Junio 2007 y Abril de 2014 se incluyeron pacientes mayores de 18 años con diagnóstico confirmado de VIH y cáncer. El análisis estadístico se realizó con el programa R.

Resultados: Se incluyeron 139 pacientes, 84,9% eran hombres. Las edades oscilaron entre 18 y 71 años con una media de 41,3. Las neoplasias definitorias fueron el 65,5% de los casos, siendo el linfoma no Hodgkin (33,1%) y el sarcoma de Kaposi (30,2%) los más prevalentes. La detección de la enfermedad se realizó en etapas avanzadas (estadios III y IV) en el 45,3% de los casos pese a lo cual solo 3 pacientes fallecieron a 30 días del diagnóstico de la neoplasia. En 77% de los pacientes el estadio del VIH fue 3; 86,3% recibían tratamiento antirretroviral siendo las combinaciones más frecuentes las de inhibidores de transcriptasa con inhibidores de proteasa.

Conclusiones: Pese a la tendencia mundial en la población evaluada hay preponderancia de las neoplasias definitorias las cuales siguen detectándose en etapas tardías. Es importante favorecer la detección temprana de la infección para mejorar la calidad de vida de estos pacientes.

216. Características actuales de la coinfección virus de la inmunodeficiencia humana - tuberculosis (VIH/TB) en pacientes admitidos a un hospital universitario de Medellín

Lina Ruíz, Angélica Maya, Natalia Vélez, Sebastian Osorio, Jazmín Serna, Diego Bastidas, Lucelly López, Zulma Rueda, Lázaro Vélez.
Grupo Investigador de Problemas en Enfermedades Infecciosas, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
linamar509@gmail.com

Introducción: La coinfección VIH/TB es frecuente en nuestro medio. Aunque existen descripciones previas en el país, desconocemos su comportamiento actual. Objetivo: describir las características clínico-microbiológicas y complicaciones asociadas al tratamiento antib.

Materiales y métodos: Cohorte retrospectiva de adultos coinfectados admitidos entre 2007-14, en quienes la tb se investigó exhaustivamente. Los datos se recolectaron de historias clínicas; las variables cualitativas se expresaron en % y las cuantitativas en mediana y riq. La sensibilidad a antibióticos se determinó por pruebas moleculares (PCR), y las complicaciones a criterio del infectólogo.

Resultados: Se incluyeron 117 pacientes, edad 37 años (29-43) y CD4 57 (26-141). Ambas infecciones se diagnosticaron concomitantemente en 62%. El 19% tenía historia previa de TB, 15% condición de calle y 13% contacto previo con TB. Los principales síntomas fueron fiebre 90%, tos de cualquier duración 75%, pérdida de peso 75% y adenopatías 61%. El 30% tenía sólo compromiso pulmonar, 23% extrapulmonar y 47% mixto. Además del pulmón en 77%, los sitios más comprometidos fueron ganglios 42%, tracto gastrointestinal 21% y sistema nervioso central 12%. Una o varias baciloscopias fueron positivas en 80% (93/116) y el cultivo en 79%. La PCR apoyó el diagnóstico en 45 casos. El AgSHB, los antiHbc y antiHBs fueron positivos en 10%, 38% y 21% respectivamente, y 54% había sufrido sífilis. El porcentaje de resistencia a rifampicina fue 6% (2/35) y a isoniacida 4.5% (1/22). La elevación de transaminasas fue el efecto adverso más frecuente (22%), y 4.3% presentaron síndrome de reconstitución inmune. La mortalidad intrahospitalaria fue 10.4%.

Conclusiones: La TB es marcador de SIDA avanzado en la gran mayoría de nuestros pacientes, quienes a menudo tienen compromiso extrapulmonar. En este grupo, el diagnóstico de TB sigue recayendo en los métodos convencionales. Es mandatorio vigilar la función hepática una vez iniciados los antibióticos. Financiado por la Universidad de Antioquia (CODI).

217. Presencia de mutaciones asociadas a resistencia a inhibidores de integrasa e inhibidores de fusión en pacientes sin tratamiento antirretroviral. Medellín, 2014.

Daniela Vanegas-Otálvaro, Liliana Acevedo-Sáenz, Carlos Julio Montoya-Guarín, Paula Andrea Velilla-Hernández, Francisco Javier Díaz-Castrillón.

Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
franciscodiaz314@gmail.com

Introducción: La alta tasa de mutaciones del VIH-1 favorece la aparición de cepas con resistencia a medicamentos antirretrovirales. Con el ingreso de nuevas familias de medicamentos antirretrovirales, se han aumentado las posibilidades de tratamiento en pacientes que albergan cepas resistentes a los inhibidores de transcriptasa reversa y proteasa. El objetivo de este estudio fue identificar mutaciones asociadas con resistencia a inhibidores de integrasa y de fusión en pacientes que no han recibido terapia antirretroviral.

Materiales y métodos: En individuos VIH positivos sin terapia antirretroviral se secuenciaron los genes de la integrasa y el fragmento HR1 de la gp41 y se identificaron las mutaciones asociadas a resistencia a dichos inhibidores utilizando los programas Geno2pheno y Stanford HIV database.

Resultados: En los primeros siete pacientes analizados se encontró una mutación en la integrasa (V151I) y otra en la gp41 (G36D). La V151I es una mutación menor asociada con una disminución leve de la susceptibilidad al raltegravir. La mutación (G36D) ha sido asociada con resistencia al inhibidor de fusión enfuvirtide y se ha reportado disminuye alrededor de 10 veces la sensibilidad a dicho fármaco.

Conclusiones: En pacientes colombianos que aún no han iniciado terapia antirretroviral se observa mutaciones asociadas a resistencia a inhibidores de integrasa y de fusión las cuales podrían estar asociada al uso de estos medicamentos en los esquemas de rescate. Se requiere estudiar un número mayor de pacientes para estimar la frecuencia y las implicaciones de la resistencia a estos fármacos. Financiación: Colciencias proyecto N° 111556933380.

218. Seroprevalencia del virus herpes simple tipo 2 y factores de riesgo asociados en una población universitaria.

Angela María Gaviria Nuñez, Ella Cecilia Cuesta Nuñez, Ana Cristina Quiroga, María Victoria Buitrago Cardona, Claudia María Cuervo Araque.

Institución Universitaria Colegio Mayor De Antioquia- ITM. Medellín, Colombia. cicma@colmayor.edu.co

Introducción: La infección por el virus Herpes Simple Tipo 2 (HVS2) es un problema de salud pública a nivel mundial, se ha observado que la prevalencia de la infección varía de acuerdo con el tipo de población estudiada. En

los últimos años, se ha utilizado la determinación de anticuerpos específicos para HVS2 con el fin de determinar la situación epidemiológica de diferentes grupos poblacionales a nivel mundial. Se estimó la seroprevalencia de HVS 2 e identificaron los factores de riesgo relacionados con esta en una población universitaria.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio transversal en una muestra de conveniencia de 323 individuos de tres instituciones de educación superior de Medellín en el 2013, previa sensibilización y consentimiento informado se les hizo una encuesta virtual sobre factores de riesgo para la infección por HVS 2 y se evaluó la presencia de anticuerpos contra el virus HVS2 a través de una ELISA. Se realizó un análisis bivariado para mirar la relación entre la infección por HVS2 y las variables estudiadas. Significancia estadística de $p < 0.05$, usando el programa SPSSv19.

Resultados: 67% fueron mujeres, con una edad promedio de 22,37 + 5,9 años, el 87% estaban solteros, el 93% pertenecían a los estratos 1, 2 y 3. La edad promedio de inicio de relaciones sexuales fue de 16,5 años +1,7 años, 75% nunca o pocas veces habían utilizado un condón, 31% presentaron síntomas, 19% habían sufrido de infecciones de transmisión sexual previamente. La positividad de IgG para HVS 2 fue del 12%(38) y mostró relación estadísticamente significativa con la edad, síntomas y diagnóstico previo de infección de transmisión sexual.

Conclusiones: La seroprevalencia encontrada en esta población es baja en comparación con la de otros países de Latinoamérica, sin embargo, dada la existencia de factores de riesgo se recomienda enfatizar en los programas de salud sexual y reproductiva.

219. Detección de herpesvirus en pacientes con VIH/SIDA y encefalitis en el departamento de Córdoba.

Salim Mattar Velilla, Vaneza Paulin Tique Salleg.

Universidad de Córdoba, Instituto de Investigaciones Biológicas del Tópico. Montería, Colombia. vtiquesalleg@yahoo.com

Introducción: A medida que la terapia antiretroviral se expande, los virus resistentes emergen y pueden ser transmitidos, afectando la eficacia de los medicamentos antiretrovirales. La OMS recomienda realizar vigilancia de la resistencia antiretroviral a nivel nacional y regional; sin embargo, en la región caribe colombiana, el grado de resistencia transmitida del VIH no se ha podido cuantificar de forma sistemática debido a la falta de datos confiables. Con el presente estudio pretendemos describir la frecuencia de la resistencia transmitida y las mutaciones de resistencia más frecuentes.

Materiales y métodos: En forma prospectiva se incluyeron todos los pacientes *naive* que ingresaron al programa de atención integral de VIH/SIDA entre 2012 y 2013. Muestras de gotas de sangre fueron recolectadas en tarjetas de papel filtro (PES) y transportadas a temperatura ambiente al laboratorio central ubicado en Sao Paulo, Brasil, para secuenciación del VIH-1 proviral.

Resultados: Secuenciamos las muestras de 93 de los 94 pacientes incluidos, 14 de los cuales (15%) portaban cepas con mutaciones de resistencia primaria. La resistencia a los inhibidores de la transcriptasa inversa no análogos de nucleósidos (ITRNN), a los inhibidores de transcriptasa inversa análogos de nucleósidos (ITRN) y a los inhibidores de proteasa fue encontrada en 4 (28,5%), 2 (14,3%) y 1 (7,1%) pacientes, respectivamente. 6 (6,4%) pacientes presentaron resistencia a 2 clases terapéuticas. Las mutaciones más frecuentemente encontradas fueron: K103N (3 pacientes), M184V (2 pacientes) y K70E (2 pacientes).

Conclusiones: Encontramos una prevalencia de resistencia transmitida en un nivel superior a la reportada en estudio previo en Colombia (5,8 % en el 2007). Lo anterior puede deberse a la expansión de tratamiento antiretroviral en los últimos años. El uso de sangre seca en papel filtro para monitoreo de resistencia transmitida fue eficaz y puede ser costoefectivo.

INFECTOLOGÍA ADULTOS - PRESENTACIONES EN POSTER

220. Factores de riesgo para endocarditis bacteriana en pacientes con bacteriemia por estafilococo dorado sensible a meticilina

Ricardo Martínez García, Mario Arias Aguilera, Santiago Salazar Marín.

COMFAMILIAR Risaralda. Pereira, Colombia.

ricardoamartinezg@hotmail.com

Introducción: La endocarditis bacteriana es una complicación que se puede presentar en pacientes con bacteriemia por estafilococo dorado, siendo mayor la posibilidad ante presencia de factores de riesgo establecidos. Es objetivo del presente trabajo identificar estos factores en la población de estudio.

Materiales y métodos: Se realizó estudio de casos y controles en pacientes atendidos en Comfamiliar Risaralda entre enero de 2009 y junio de 2013, definiéndose casos (n= 42) a pacientes con bacteriemia por estafilococo dorado sensible a meticilina y vegetaciones documentadas por ecocardiograma transesofágico (ETE), y como controles (n= 84), la sola presencia de bacteriemia sin daño valvular. Los pacientes con ETE inicial negativo fueron sometidos a nuevo estudio una semana después para descartar presencia de vegetaciones.

Resultados: El análisis bivariado encontró asociado a endocarditis la presencia de estafilococo en piel (OR 2,4 IC95% 1,2-5,4) y la terapia dialítica (OR 1,9 IC95% 1,6-7,2), pero se comportaron como variables confusoras en la regresión logística (OR 1,5 IC95% 0,7-6,2 y OR 1,4 IC95% 0,6-6,9). El uso de vancomicina en pacientes sometidos a diálisis (OR 1,5 IC95% 1,1-7,2), la presencia de celulitis mayor a 7 días sin cubrimiento antibiótico (OR 2,2 IC95% 1,8-5,1) y la fiebre después de 4 días con terapia antibiótica dirigida (OR 1,8 IC95% 1,4-8,1) aparecen como verdaderos factores de riesgo.

Conclusiones: Más que la piel como foco desencadenante de bacteriemia o el requerimiento de terapia dialítica, señalados como factores de riesgo para endocarditis en otros estudios, son la prescripción de vancomicina utilizado en algunas unidades renales, la dilación en el control del foco expresado en tiempo de evolución de la celulitis sin cubrimiento antibiótico y la duración prolongada de bacteriemia, las situaciones que deben ser consideradas, obligando a individualizar los factores de riesgo en cada población

221. Características epidemiológicas, clínicas y microbiológicas de la endocarditis infecciosa en el Hospital Universitario San Ignacio.

Sandra Liliana Valderrama Beltrán, Javier Garzón Herazo, Catalina Figueroa, José Roberto Tamara, Alvaro Ruiz, Carolina Bermúdez, María Libreros, Daniel Motta, Luis Rodríguez, Emmanuel Restrepo. *Hospital Universitario San Ignacio/Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá, Colombia. sanvalderrama@gmail.com*

Introducción: El objetivo de este estudio fue describir las características clínicas, epidemiológicas y microbiológicas de una cohorte de pacientes con endocarditis infecciosa (EI).

Materiales y métodos: Estudio de cohorte retrospectiva de pacientes adultos con diagnóstico de EI definitivo o probable según criterios de Duke entre octubre de 2004 y abril de 2013. Se recolecta la información de la historia clínica y se construye una base de datos, realizando análisis estadístico utilizando el software STATA. Para las comparaciones se usaron pruebas de T de Student y Chi cuadrado.

Resultados: 75 casos de EI, con predominio del género masculino: 53 hombres (70,67%) y edad promedio de 55,4 años, (DE 55,4+-16,2). La manifestación clínica más frecuente fue fiebre en 65 pacientes (86,7%). La válvula más frecuentemente comprometida fue válvula mitral en 28 pacientes (37,3%), seguido de válvula aórtica en 23 pacientes (30,6%). El tipo de válvula comprometida fue biológica en 68 pacientes (90,6%). El 73% de los pacientes tenían dispositivos intravasculares y 70,6% de las infecciones fueron asociadas al cuidado de la salud (IACS). El principal aislamiento etiológico fue *Staphylococcus aureus* (48%) y en 16 (44%) de ellos era *S. aureus* meticilina resistente. 10 pacientes requirieron manejo quirúrgico. La mortalidad intrahospitalaria fue de 35 pacientes (46,6%) de la población. Se encontró que la infección por *S. aureus* se asocia a mayor mortalidad con una diferencia estadísticamente significativa (p 0,030). Así mismo, se identificó que *S. aureus* causa más frecuentemente endocarditis derecha (p 0,04) y está relacionado a IACS (p 0,001).

Conclusiones: En esta cohorte de pacientes con endocarditis la mayoría de pacientes presentaron infecciones asociadas al cuidado de la salud, con *S. aureus* como la causa principal de infección, asociándose a mayor mortalidad. Se reportan unas tasas de mortalidad elevadas con respecto a lo reportado en la literatura que pueden estar relacionadas al agente etiológico y a la baja frecuencia de intervenciones quirúrgicas.

222. Características del líquido cefalorraquídeo en paciente con encefalitis herpética

Oscar Cárdenas Castaño, Mario Arias Aguilera, Antonio Gipsis Saavedra, Ricardo Martínez García, Johana Suarez Suaza. *COMFAMILIAR Risaralda-Posgrado Cuidado Intensivo. Pereira, Colombia. ricardoamartinezg@hotmail.com*

Introducción: El diagnóstico precoz de la encefalitis herpética mejora el pronóstico al permitir instaurar tratamiento antiviral en forma oportuna, los hallazgos tempranos en el líquido cefalorraquídeo (LCR) no son concluyentes, pudiendo ocasionar confusión en la interpretación inicial, siendo el objetivo del presente trabajo describir las principales características del LCR en nuestra población.

Materiales y métodos: Se describen los cambios en LCR en 39 pacientes con encefalitis herpética confirmada por métodos moleculares y que fueron atendidos entre enero del 2005 y diciembre del 2013 en Comfamiliar Risaralda.

Resultados: El tiempo promedio para realización de punción lumbar (PL) tras inicio de síntomas fue de 2,4 días. El recuento celular superior a 20 en 4 pacientes, entre 10 y 20 en 10 casos mientras que fue inferior a 10 en los restantes 25. En todos existió predominio mononuclear. Se presentó hiperproteínoorraquia en todos los casos, siendo leve en 30 de ellos. En dos pacientes se evidenció hipoglucorraquia con valores de 40 y 45 mg/dl respectivamente. La reacción en cadena de polimerasa (PCR) fue positiva en primera PL en 9 casos y tras nueva punción una semana después, esta arrojó resultados positivos en los restantes 30 enfermos. Los pacientes que requirieron segunda PL para confirmación diagnóstica, mediante métodos moleculares, presentaron incremento en valor de proteínoorraquia sin cambios en celularidad.

Conclusiones: La baja sensibilidad en cambios citoquímicos y moleculares del LCR obtenido tras primera PL en forma precoz tras inicio sintomático obligan a direccionar el tratamiento antiviral, lo cual se justifica en pruebas en paralelo aportadas por el juicio clínico, los hallazgos electroencefalográficos y de resonancia nuclear magnética, además del requerimiento de nueva punción buscando confirmar la presencia en positividad de PCR.

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

Ricardo Martínez García, Cesar Bueno Serrano, Carlos Jiménez Mejía, Karen Tapias Rubiano. *COMFAMILIAR Risaralda-Posgrado Cuidado Intensivo. Pereira, Colombia. ricardoamartinezg@hotmail.com*

Introducción: La profilaxis con isoniacida es una de las alternativas ante la presencia de infección latente tuberculosa (ILTb) en pacientes inmunocomprometidos, sin embargo el riesgo posterior de resistencia farmacológica aparece como complicación que puede limitar su prescripción preventiva. Es objetivo del presente trabajo evaluar la resistencia a isoniacida en pacientes que desarrollan enfermedad tuberculosa 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 atendidos en eje cafetero y norte del Valle remitidos a Comfamiliar Risaralda y con prescripción profiláctica previa con isoniacida.

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. Tres pacientes presentaron toxicidad hepática. El tiempo entre el fin de la profilaxis y el diagnóstico de enfermedad tuberculosa (ET) tuvo mediana de 21 meses. Los cultivos de esputo fueron aportados en promedio 1,8 meses después del diagnóstico de ET. Resistencia a isoniacida se presentó en 3 enfermos, mientras que a isoniacida y pirazinamida en 2 (p= 0,31).

Conclusiones: Al ser mayor el beneficio aportado en la prevención de ET que el riesgo de toxicidad y resistencia farmacológica, la profilaxis con isoniacida debe de ser considerada y utilizada en pacientes con presencia de ILTb E 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.

224. Infecciones de origen dental en 1.407 pacientes de las clínicas de la Facultad de Odontología de la Universidad Nacional de Colombia. Estudio Epidemiológico.

María Doris Ballesteros Castañeda, Juan David Correa. *Universidad Nacional De Colombia. Bogotá, Colombia. mdballesteros@unal.edu.co*

Introducción: Se realizó un estudio descriptivo de las infecciones odontogénica (de origen dental) en una muestra de historias clínicas (1.407) de pacientes que acudieron a las Clínicas de la Facultad de Odontología de

la Universidad Nacional de Colombia (FOUN). Se determinó la frecuencia de estas infecciones, sus posibles complicaciones, así como la presencia de enfermedades sistémicas asociadas. El objetivo fue determinar la frecuencia de las infecciones de origen dental y sus complicaciones en una muestra de historias clínicas de pacientes que acudieron a las clínicas de la Facultad de Odontología de La Universidad Nacional De Colombia.

Materiales y métodos: Elaboración de base de datos con información de 1.407 registros clínicos, en el periodo comprendido de Enero de 1994 a Marzo de 2011, se analizaron cinco grupos de variables de análisis por paciente. Procesamiento de datos en los programas de análisis estadístico R (análisis univariado) y SPAD 7 (análisis multivariado).

Resultados: Se encontró baja frecuencia del fenómeno en la población estudiada: 9,95%. De este 9,95% se encontró un alto porcentaje (92,85%) con diagnóstico de patologías orales anteriores. Del grupo con presencia de infección odontogénica se encontró una asociación del 75,71% con la variable "realización de tratamiento odontológico previo al diagnóstico de la infección". Se encontró un grupo de categorías relacionadas que caracterizan a la población de estudio: "alteraciones en la erupción dental" (42,85%), "erupción normal en curso de algún diente" (52,85%), "realización de exodoncia método abierto" (56,42%), "tratamiento farmacológico previo" (57,14%).

Conclusiones: Pacientes entre 20 y 40 años de edad son el grupo predominante para la atención clínica dentro de los registros tomados. Dada la escasa información epidemiológica en cuanto a infección odontogénica en esta región del mundo, se hace necesaria la determinación de la frecuencia de la misma y sus factores relacionados en un modelo aplicable en pacientes de la FOUN.

225. Mortalidad en pacientes con bacteriemia por *Klebsiella pneumoniae* en Bogotá.

Jorge Alberto Cortés Luna, Aura Lucía Leal Castro, Henry Becerra, July Russi, Carlos Álvarez Moreno, Juan Castillo, Liliana Barreto, Giancarlo Buitrago, Andrés González.

Grupo de investigación en Enfermedades Infecciosas, Departamento de Medicina Interna, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia. habecerra@hotmail.com

Introducción: *Klebsiella pneumoniae* origina cerca del 8% de infecciones nosocomiales. En Colombia ha sido primer microorganismo aislado en UCI. El objetivo fue describir factores asociados a mortalidad por *K. pneumoniae*.

Materiales y métodos: Estudio multicéntrico, de cohorte retrospectiva, descriptivo con com analítico, en pacientes con bacteriemias por *K. pneumoniae*, resistente a cefalosporinas de tercera generación, en 16 Hospitales de Bogotá.

Resultados: 69 pacientes con infección por *K. pneumoniae* fueron incluidos entre Dic/2004-Ene/2009. La mediana de edad fue 65 años (rango: 17-96). Las enfermedades concomitantes más frecuentes fueron EPOC (27,1%), falla cardíaca (23,2%) y enfermedad renal crónica (15,9%). El foco más frecuente de aislamiento microbiológico fue el tracto respiratorio (21,7%). Se había administrado antibióticos antes del diagnóstico en 85,5%, con una asertividad terapéutica en 43,5% de las indicaciones. Durante el tratamiento se documentó sepsis severa (73,9%) y choque séptico (50,7%). La mortalidad por *Klebsiella pneumoniae* fue 60,9% y se relacionó con factores de riesgo como sepsis severa (HR 2,9; IC95%: 1,1-7,4, p=0,026), falla orgánica múltiple (HR 3,8; IC95%: 2,1-7,3, p<0,001), inmunosupresión (HR 2,17; IC95%: 1,1-4,1, p=0,015), requerimiento de inotropía (HR 2,2; IC95%:1,3-3,5, p=0,002). Cambiar tempranamente el antibiótico tuvo un impacto significativo en la supervivencia (HR 0,52; IC95%: 0,26-1,0, p<0,05)

Conclusiones: La presencia de falla orgánica múltiple y de comorbilidades son factores asociados a mortalidad en pacientes bogotanos con bacteriemia por *K. pneumoniae*. El cambio temprano de terapia es un factor que reduce el riesgo de muerte.

226. Factores de riesgo para infección de sitio operatorio posterior a cirugía cardiovascular

Ricardo Martínez García, Mario Arias Aguilera, Oscar Cárdenas Castaño, Antonio Gipsis Saavedra, Johana Suarez Suaza.

Comfamiliar Risaralda-Posgrado Cuidado Intensivo UTP. Pereira, Colombia. ricardoamartinezg@hotmail.com

Introducción: La incidencia de infección de sitio operatorio (ISO) posterior a cirugía cardiovascular en Centros hospitalarios de Risaralda entre los años 2008 y 2011 fue de 12,5% cifra superior a la reportada por centros de

referencia que no supera el 3,5%. Las diferencias en características sociodemográficas y clínicas de nuestros pacientes justificó la realización del presente trabajo al considerar que la heterogeneidad en las poblaciones puede explicar este notorio incremento en la tasa de infección.

Materiales y métodos: Se realizó estudio de casos y controles entre pacientes intervenidos por dos de los grupos cardiovasculares de Risaralda en el tiempo ya referido, definiendo como casos a pacientes con ISO (n: 180) y controles la ausencia de esta complicación (n: 360).

Resultados: Edad promedio 42 años. 36% de la población presentó hospitalización mayor a 30 días previo a cirugía y 40% internación entre 14 y 30 días. Se encontró Euro Score elevado en 57%. Fueron factores de riesgo para ISO: la hospitalización previa a cirugía superior a 30 días OR 3,6 (IC 1,3- 5,4), la combinación de estancia mayor a 30 días y elevado EuroScore OR 4,6 (IC 1,4 - 6,1), la hospitalización previa entre 14 y 30 días (OR 2,1 IC 1,4-5,8) y la combinación de estancia previa entre 15 y 30 días y elevado EuroScore (OR 2,9; IC 1,12- 4,9).

Conclusiones: La estancia hospitalaria prolongada previa a cirugía favorece la colonización de tracto intestinal por patógenos involucrados el desarrollo de ISO gracias a la participación de la translocación bacteriana que a la vez es precipitada por hipotensión arterial transoperatoria, última condición que puede ser prevista por elevado Euro Score. Las diferencias en características poblacionales obligan a individualizar factores de riesgo de cada grupo hospitalario y con base a estos debería de ser considerado modificación de conductas preoperatorias como cambios en prescripción profiláctica antibiótica.

227. Aspectos microbiológicos de la enfermedad periodontal en pacientes con artritis reumatoide con tratamiento convencional y ANTI-TNF.

Diana Marcela Castillo Perdomo, María Consuelo Romero Sánchez, Julian Mateo Castellanos, Juan Manuel Bello Gualtero, Pedro Ivan Santos Moreno, Yormaris Castillo Romero, Gloria Inés Lafaurie Villamil, Juliette De Avila Quiroga, John Londoño Patiño, Rafael Raúl Valle Oñate.

Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia. castillodiana@unbosque.edu.co

Introducción: Existe un gran interés en el papel que tienen algunos microorganismos en el desarrollo de la artritis reumatoide (AR). Los fármacos anti TNF (factor de necrosis tumoral) controlan la actividad de la AR y podrían alterar la flora oral favoreciendo la presencia de bacterias periodontopáticas. El propósito de este estudio fue describir el estado clínico y com microbiano periodontal en pacientes con AR con tratamiento convencional y anti TNF, así como establecer su relación con los marcadores de actividad reumática.

Materiales y métodos: Noventa y nueve pacientes con AR fueron incluidos, divididos según tratamiento. Se analizaron los parámetros clínicos periodontales y la presencia de *P. gingivalis*, *T. forsythia*, *T. denticola*, *E. nodatum* y *A. actinomycetemcomitans* por PCR. Además de FR, anti CCp, proteína C reactiva y velocidad de sedimentación globular. La asociación de índices clínicos periodontales, reumatológicos y la presencia de bacterias periodontopáticas fueron analizadas por prueba Chi cuadrado. Este trabajo fue aprobado por el comité de ética institucional de la Universidad El Bosque, todos los pacientes firmaron consentimiento informado.

Resultados: Se encontró una frecuencia del sexo femenino del 82,8%, una mayor proporción de pacientes con historia de tabaquismo en el grupo con tratamiento convencional (32,7%) frente al grupo con anti TNF (24,5%). Se observó un aumento significativo en la presencia de *E. nodatum* en el grupo con tratamiento convencional y una mayor la prevalencia de *T. denticola* en este grupo de pacientes con anti-TNF (p< 0,05). Los pacientes que recibieron tratamiento biológico presentaron un mayor porcentaje de placa y de inflamación gingival. Los demás parámetros periodontales y reumatológicos no fueron significativos entre los grupos de estudio.

Conclusiones: La presencia de *T. denticola* en pacientes con anti- TNF podría jugar un papel importante en la patogenicidad de la AR.

228. Determinación de infección por *Chlamydia trachomatis* en enfermedades relacionadas con la morbilidad materna y perinatal e identificación de características relacionadas en dos centros hospitalarios de Bogotá y Medellín.

Elkin Hernández, Isabel Peña, Alejandro Colonia, Oscar Ordoñez, Jose Chaguendo, Ángela Fonseca, Johanna Suarez, Carolina Duarte, Sara García, Jaime Moreno.

Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia. elkineh@yahoo.com

Introducción: *C. trachomatis* se ha relacionado con enfermedades maternas y perinatales y es la causa bacteriana más frecuente de infecciones prevalentes (enfermedades de transmisión sexual). Objetivo. Determinar la infección por *C. trachomatis* en parto pretérmino idiopático (PPI), aborto séptico (AS), embarazo ectópico (EE) e identificar las características relacionadas en Hospital de Suba II Nivel (Bogotá) y Hospital General de Medellín.

Materiales y métodos: Estudio descriptivo de corte transversal en gestantes de 15 a 35 años captadas en los servicios de Ginecoobstetricia entre septiembre 2013 a abril 2014, según criterios de selección y consentimiento informado. Se realizó cuestionario que incluyó las variables del estudio, se tomó muestra de sangre a gestantes y sangre de cordón umbilical (PPI) para determinación de IgM/IgG *C. trachomatis* por microElisa. Se realizó análisis descriptivo de datos con SPSS 18.0.

Resultados: El promedio de edad materna fue de 23 a 24 años. En hospital de Bogotá se identificaron 16,1% y 66,7% de pacientes con IgG positiva en PPI (n=31) y AS (n=3), respectivamente, se halló infección reciente en 9,7% y 33,3% de las patologías mencionadas, respectivamente y los títulos de IgG/IgM fueron negativos en EE (n=11). En el hospital de Medellín se documentaron 38,1%, 33,3% y 66,7% de pacientes con IgG positiva en PPI (n=21), EE (n=15) y AS (n=3), respectivamente, se halló infección actual en 4,8% de casos con PPI y la IgM fue negativa en AS y EE. Se identificaron en las gestantes características relacionadas con conductas de riesgo de transmisión de la infección. No se presentaron casos de morbilidad neonatal al momento del nacimiento.

Conclusiones: Se observa variación de la distribución de la infección por *C. trachomatis* según la patología y la población hospitalaria, con alta exposición al microorganismo en algunas enfermedades.

FARMACOECONOMÍA - PRESENTACIONES EN POSTER

229. Análisis de impacto presupuestal de levofloxacin y moxifloxacin para el tratamiento de adultos con comorbilidades, alergia o intolerancia a los betalactámicos, con neumonía adquirida en comunidad.

Mateo Ceballos González, James Díaz Betancur, Luis Esteban Orozco Ramírez, Aurelio Mejía Mejía, Adriana Avila Reina.
Instituto de Evaluación Tecnológica en Salud-IETS, Universidad de Antioquia. Bogotá, Colombia. adriana.avila@iets.org.co

Introducción: El objetivo es estimar el impacto presupuestal de la incorporación de levofloxacin y moxifloxacin en el Plan Obligatorio de Salud (POS) para el tratamiento de adultos con comorbilidades, alergia o intolerancia a los betalactámicos, con neumonía adquirida en la comunidad (NAC).

Materiales y métodos: Se realizó un análisis de impacto presupuestal mediante un modelo que incluyó variables demográficas, datos de frecuencia de enfermedad y de costos, desde la perspectiva del sistema general de seguridad social en salud colombiano, con un horizonte temporal de 3 años. Se incluye el análisis de las estrategias de Ampicilina-sulbactam, Cefuroxima, Ceftriaxona como alternativas cubiertas en el POS. Las estimaciones poblacionales se obtuvieron a partir de búsqueda de literatura, bases de datos de prestaciones de servicios de salud y bases de datos de publicaciones indexadas. Se tuvieron en cuenta costos de los medicamentos, la internación y estancia hospitalaria, los cuales se obtuvieron a partir de bases de datos de precios de medicamentos y consulta a instituciones del sistema.

Resultados: Se estimó que un 49,3% de los pacientes con NAC son hospitalizados, lo que implica 124.204 pacientes en el año 1. La incorporación de estos medicamentos al POS implicaría un ahorro estimado de entre 4,3 mil a 18,7 mil millones de pesos, debido a la reducción en la estancia hospitalaria.

Conclusiones: Este análisis proporciona al gobierno colombiano evidencia y estimaciones, como insumo al proceso de toma de decisión para la incorporación de la tecnología al POS.

230. Evaluación costo beneficio de Genexpert para el diagnóstico de tuberculosis y resistencia a la rifampicina en *Mycobacterium tuberculosis* en un hospital de tercer nivel en Colombia.

Andrea Henao Sabogal, Alejandra Galvis Mojica, Luisa Fernanda Echeverri Trujillo, Jorge E. Gómez Marín.
Grupo GEPAMOL, Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. henao_andrea1@hotmail.com

Introducción: El tiempo de espera para confirmación de diagnóstico de tuberculosis es un factor crítico que aumenta los días de hospitalización. El GENEXPERT MTB/RIF es una nueva prueba que en 2 horas detecta la infección

y la mutación que genera resistencia a la rifampicina. Se hace necesario evaluar el costo beneficio de esta nueva tecnología.

Materiales y métodos: Se estimaron los costos directos de las pruebas tradicionales y de la nueva tecnología con base en los precios actuales para los estuches de cada prueba. El desempeño de las pruebas se hizo con base en lo reportado en la literatura colombiana e internacional para cada una de las pruebas. El tiempo de hospitalización de los pacientes con sospecha de tuberculosis se estimó con base en reportes nacionales.

Resultados: En la situación base de diagnóstico el promedio de días de hospitalización de pacientes con sospecha de tuberculosis es de 13. El costo promedio del día de hospitalización de un paciente con tuberculosis es de \$349.548 (costos actuales). El costo por paciente de la prueba Genexpert es de \$28.000. El costo de las pruebas tradicionales (BK más cultivo) es de \$13.300 por paciente. Genexpert reduce el tiempo de hospitalización a 2 días y lleva a un costo total por paciente de \$728.000 y con pruebas tradicionales esta es de \$4'557.424.

Conclusiones: La nueva tecnología es dominante con respecto a las pruebas tradicionales. Es necesario evaluar la implementación dentro del sistema de salud colombiano por la importante reducción de costos que implica.

231. Impacto del efecto rebaño en la evaluación económica de vacunas contra enfermedades infecciosas en Colombia: una revisión sistemática.

Miguel Hernando Díaz Ortega.
Instituto de Evaluación Tecnológica en Salud - IETS. Bogotá, Colombia. miguel.diazor@gmail.com

Introducción: El gobierno colombiano tiene interés por el estudio de la protección de rebaño asociada con los programas de vacunación masiva. El objetivo de esta revisión fue determinar en estudios colombianos, el impacto del efecto rebaño sobre la Costo-Efectividad Incremental (CEI) y los costos financieros de cobertura de vacunas contra enfermedades infecciosas.

Materiales y métodos: Se llevó a cabo una búsqueda sistemática de evaluaciones económicas completas y análisis de impacto presupuestal realizados en Colombia (sin restricción de fecha), de vacunas que proveen protección de rebaño para enfermedades infecciosas. La búsqueda de literatura se hizo en bases de datos electrónicas y se complementó con búsqueda manual y búsqueda de literatura gris. La captura de datos se realizó con Microsoft Excel®.

Resultados: Se incluyeron 36 estudios que evaluaron principalmente las vacunas contra neumococo (n=14) e influenza (n=6). Cinco análisis en tres estudios incluyeron el efecto rebaño en el modelamiento. Las diferencias en la razón de CEI entre los escenarios sin el efecto y con el efecto están en un rango de -3,37% a -28,57%. En todos los escenarios, las vacunas fueron intervenciones costo-efectivas con relación al umbral de disposición a pagar.

Conclusiones: La mayoría de evaluaciones económicas de vacunas contra enfermedades infecciosas realizadas en Colombia no incluyen el efecto de la protección de rebaño. Contrario a lo observado en otras poblaciones, el efecto rebaño no tiene un impacto significativo sobre la costo-efectividad, sin embargo, los nuevos estudios deberían considerarlo para proporcionar evidencia más robusta y aplicable a un contexto específico para la toma de decisiones sobre el uso de las vacunas.

232. Caracterización del consumo de antibióticos (ATB) en farmacias de Cali, Valle del Cauca - año 2014.

Ernesto Martínez, Cristhian Hernández, Christian Pallares Gutiérrez, Luisa Fernanda Imbachi.
Red de Eventos Nosocomiales del Valle RENOVA. Cali, Colombia. icako@hotmail.com

Introducción: El uso inadecuado de los ATB está asociado, entre otras causas, a factores de prescripción y dispensación incorrecta. En Colombia se han establecido normas que regulan la venta y dispensación de ATB en farmacias, aunque su cumplimiento es incierto. El objetivo del presente estudio fue caracterizar el consumo de ATB en farmacias en la ciudad de Cali en el año 2014.

Materiales y métodos: Estudio descriptivo de corte transversal. Mediante un muestreo aleatorio se realizó una encuesta en farmacias en la ciudad de Cali. Se incluyeron variables de consumo de medicamentos por grupo farmacéutico, tipos de ATB y su forma de dispensación.

Resultados: Se encuestaron 74 farmacias. La mediana de antigüedad de atención al público fue 14 años (rango 1-60 años). 94% fueron empresas privadas. 44.5% son atendidas por regentes de farmacia, 17.5% auxiliares

de farmacia, 9.4% por técnicos en servicio farmacéutico. Los medicamentos frecuentemente dispensados por farmacia fueron ATB (23%), del aparato digestivo (21.6%), del aparato respiratorio (19%) y cardiovascular (12.1%). Del grupo de los ATB los principios activos más requeridos por los clientes fueron amoxicilina, ampicilina, cefalexina, doxiciclina, ciprofloxacina, clindamicina y gentamicina. La frecuencia de dispensación sin fórmula médica fue 44% y por sugerencia del farmacéuta 38%. 78% de las conductas fueron condicionadas por el precio de los medicamentos y 16% por marca (innovador). 34% de los regímenes se venden completos durante la primera compra.

Conclusiones: Fortalecer estrategias de inspección, vigilancia y control del consumo de los ATB es necesario para prevenir y controlar la resistencia bacteriana de inicio comunitario.

FARMACOLOGÍA - PRESENTACIONES EN POSTER

233. Actividad antibacteriana de péptidos sintéticos derivados de lactoferrina bovina.

Yerly Vargas Casanova, Anyelith Gómez Chimbi, Edith Hernández, Aura Lucia Leal, Javier García, Jaiver Rosas, Zuly Rivera.
Universidad Nacional De Colombia. Bogotá, Colombia.
yerlycasanova@hotmail.com

Introducción: Debido al uso indiscriminado de antibióticos convencionales los microorganismos han desarrollado numerosos mecanismos de defensa, generándose un problema de salud pública. Los Péptidos Antimicrobianos (PAMs) surgen como una alternativa viable y novedosa para el tratamiento de infecciones bacterianas. Los PAMs presentan actividad antimicrobiana contra bacterias, hongos, parásitos y virus. En este estudio se evaluó la actividad antibacteriana de péptidos sintéticos derivados de Lactoferrina Bovina (LfcinB).

Materiales y métodos: Se evaluó la actividad antibacteriana de ocho péptidos sintéticos de LfcinB sobre cepas ATCC® de *Escherichia coli* 11775, *Stenotrophomonas maltophilia* 13836 y *Salmonella enteritidis* 13076, a través de pruebas de susceptibilidad en placa, Concentración Mínima Inhibitoria y Concentración Mínima Bactericida.

Resultados: Dos péptidos, 102 (R R W Q W R)2 K AhX y 61 (R W Q W R W Q W R), presentaron alta actividad contra las tres cepas evaluadas. El péptido 106, presentó alta actividad contra *S. maltophilia* y *S. enteritidis*, y el péptido 124, presentó alta actividad contra *E. coli*.

Conclusiones: El péptido 102 presentó actividad antibacteriana similar que la LF sobre los microorganismos evaluados. Esto permite sugerir que puede ser considerado como potencial candidato para el desarrollo de agentes antibacterianos.

234. Análisis de impacto presupuestal en Colombia de palivizumab para la reducción del riesgo de infección por virus sincitial respiratorio en recién nacidos prematuros

Sebastián Cortés, Durfari Velandia Naranjo, Aurelio Mejía Mejía, Adriana Avila Reina.
Instituto de Evaluación Tecnológica en Salud-IETS, Centro de Estudios e Investigación en Salud - CEIS de la Fundación Santa Fe de Bogotá. Bogotá, Colombia. adriana.avila@iets.org.co

Introducción: El estudio tiene como objetivo estimar el impacto presupuestal de la incorporación del palivizumab al Plan Obligatorio de Salud (POS) para la reducción del riesgo de infección por Virus Sincitial Respiratorio (VSR) en recién nacidos prematuros.

Materiales y métodos: Se realizó un análisis de impacto presupuestal mediante un modelo que incluyó variables demográficas, datos de frecuencia de enfermedad y de costos, desde la perspectiva del sistema general de seguridad social en salud colombiano, con un horizonte temporal de 3 años. Las estimaciones poblacionales se obtuvieron a partir de búsqueda en guías de práctica clínica, bases de datos de prestaciones de servicios de salud nacionales y bases de datos de publicaciones indexadas. Los costos se estimaron a partir de las bases de datos de precios de medicamentos y de la consulta a instituciones del sistema.

Resultados: Se estimó un total de 81.984 recién nacidos prematuros, con un refinamiento del 25%, se obtuvo una población objetivo de 20.496 recién nacidos prematuros menores de 32 semanas de gestación, a los cuales sería necesario administrarles palivizumab en la temporada de mayor incidencia de infección por VSR. El tratamiento promedio tiene un valor de \$3.391.761. Se

estimó un costo entre 15,8 mil y 41 mil millones de pesos para la financiación de la tecnología de acuerdo a los supuestos de cada escenario de adopción.

Conclusiones: Este análisis proporciona al gobierno colombiano evidencia y estimaciones, como insumo al proceso de toma de decisión para la incorporación de la tecnología al POS.

235. Efecto de resolvína d1 sobre la expresión *in vitro* de moléculas de adhesión en células endoteliales humanas estimuladas con LPS de *Porphyromonas gingivalis*

Diana Marcela Buitrago Ramírez, Sergio Marino Viafara García, Gloria Ines Lafaurie Villamil, Diego Fernando Gualtero.
Laboratorio de Biotecnología- Unidad de Investigación Básica Oral (Grupo UIBO), División de investigaciones, Facultad Odontología, Universidad EL Bosque. Cra 7b bis No132-11. Bogotá, Colombia.
buitragodiam@unbosque.edu.co, institutouibo@gmail.com

Introducción: La presencia en placas ateroscleróticas de periodontopatógenos como *Porphyromonas gingivalis* fortalecen la asociación entre periodontitis y riesgo cardiovascular. El Lipopolisacárido (LPS) de *P. gingivalis* induce en el endotelio una respuesta inflamatoria aumentando la expresión de moléculas de adhesión. La resolución de la inflamación ha motivado el uso de resolvína D1 como anti-inflamatorio. En animales resolvína D1 repara el daño periodontal producido por periodontopatógenos, sin embargo aún no es claro su efecto sobre la resolución de la inflamación endotelial.

Materiales y métodos: Se evaluó el efecto de resolvína D1 sobre la expresión *in vitro* de las moléculas de adhesión en células de aorta coronaria humana (HCAEC) estimuladas con LPS de *P. gingivalis* W83.

Resultados: El LPS de *P. gingivalis* induce la expresión de moléculas de adhesión en células HCAEC y este efecto es inhibido por resolvína de manera concentración dependiente ($p < 0.05$). El valor de IC50 obtenido por este compuesto sobre la expresión de PECAM-1 fue de 0,1 μ M. A sí mismo inhibió la expresión de ICAM-1 a las concentraciones de 2 y 0.1 μ M. Sin embargo no se observó cambios de la expresión de VECAM-1.

Conclusiones: Resolvína D1 inhibe la expresión de PECAM-1 e ICAM-1 en células HCAEC a una concentración de IC50 de 0,1 μ M. Se requieren estudios posteriores para conocer las implicaciones en la reducción de estas moléculas sobre el proceso de adhesión entre monocitos y célula endotelial HCAEC.

PARASITOLOGÍA - PRESENTACIONES EN POSTER

236. Obtención y caracterización de un anticuerpo monoclonal de ratón dirigido contra productos de excreción - secreción (PE/S) de *Fasciola sp.*

Delia Piedad Recalde Reyes, Caros Andres Rodríguez Salazar, German Alberto Téllez Ramírez, Jhon Carlos Castaño Osorio.
Universidad Del Quindío. Armenia, Colombia.
deliarecaldereyes@gmail.com

Introducción: La OMS considera la fasciolosis como una enfermedad emergente, que causa grandes estragos en la calidad de vida de los animales y se traduce en pérdidas sensibles por concepto de decomiso de hígados, disminución de la producción de leche, carne y mortalidad. El ser humano está expuesto a sufrirla. La fasciolosis tiene serias implicaciones en salud pública por ello cada país debe instaurar medidas de prevención y control partiendo de conceptos tanto socioculturales como biológicos y técnicos. El objetivo de este trabajo fue obtener y caracterizar un anticuerpo monoclonal de ratón dirigido contra productos de excreción - secreción (PE/S) de *Fasciola sp.*

Materiales y métodos: Se empleó la técnica clásica de fusión celular (con el agente fundente PEG Hybri-Max, 50%(p/v) wt 1450) entre mieloma murino SP2/0-Ag14 y células esplénicas provenientes de ratones hembras BALB/C, inmunizadas mediante inoculaciones intraperitoneales de 100 μ l, con adyuvante completo de Freund y con adyuvante incompleto de Freund mas PE/S de *Fasciola sp.* (1:1), realizadas cada 7 días más un refuerzo final de amplificación administrado por vía endovenosa, con solución salina más PE/S (1:1). Se purificó mediante cromatografía de afinidad, empleando el tampón de ácido cítrico 100mM pH 3,0. Se evaluó la capacidad de reconocimiento del AcM por medio de técnicas ELISA Inmunotransferencia e Inmunomarcage.

Resultados: Se desarrolló y caracterizó un anticuerpo monoclonal específico contra productos de excreción /secreción (PE/S) de *Fasciola sp.*, denominado AcM E1B2D1 proveniente de la línea celular secretora del mismo

nombre; se evaluó la estabilidad de la línea secretora E1B2D1 en cultivo celular y pases de la misma en ratones hembras *Mus musculus* cepa BALB/C. Se determinó el isotipo del AcM-E1B2D1 encontrando que corresponde a una IgG3 cadena kappa.

Conclusiones: Con la metodología propuesta aprobada y ejecutada se logró obtener un anticuerpo monoclonal de ratón dirigido contra los productos de excreción/ secreción PE/S de *Fasciola sp.*

237. Evaluación del desempeño diagnóstico de la ELISA RIDASCREEN® en la toxocariasis humana.

Olinda M. Delgado, Emily Ramírez, Mariana Rivas, Jesmary Rosas, Alfonso J. Rodríguez-Morales.

Sección de Inmunoparasitología, Instituto de Medicina Tropical, Universidad Central de Venezuela, Caracas, Venezuela, Grupo de Investigación Salud Pública e Infección, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira, Pereira, Colombia. arodriguezm@utp.edu.co

Introducción: El avance en desarrollo de métodos serológicos y basados en biología molecular ha incrementado la capacidad y especificidad diagnóstica en la toxocariasis humana, incluyendo poder clasificar casos agudos o crónicos. Existen para ello también técnicas comerciales, pero hay escasos estudios publicados acerca del desempeño de las mismas para esta parasitosis.

Materiales y métodos: En el presente trabajo describimos la experiencia usando la técnica de ELISA-Avidez para anticuerpos IgG, ELISA convencional, una técnica de inmunoblot (MABA, ensayo de unión de múltiples antígenos, usando antígenos de *Toxocara canis* y *Ascaris lumbricoides*), y un kit comercial (ELISA RIDASCREEN®) en 15 muestras caso y 9 muestras control, incluyendo la evaluación coparazitológica de infección por *A. lumbricoides*. Para la avidéz, valores inferiores a 30% fueron clasificados como baja avidéz, 30-50% moderada y 50% alta.

Resultados: La concordancia entre ELISA RIDASCREEN® y la ELISA-Avidez y la ELISA convencional fue 86,6% ($\kappa=0,727$; $p=0,003$, ambos casos), sin embargo con MABA fue 53,3% ($\kappa=0,001$; $p=0,999$). Nueve muestras fueron positivas para *A. lumbricoides*, en éstos casos la concordancia entre la ELISA RIDASCREEN® y la ELISA-Avidez y ELISA convencional fue 67,8% ($\kappa=0,400$; $p=0,134$, ambos casos), con MABA 56,7% ($\kappa=0,270$; $p=0,236$). Las muestras control con títulos de $\geq 1:64$ dil en la ELISA fueron positivas para *T. canis* y negativas para *A. lumbricoides* en el MABA ($\kappa=1,00$; $p<0,001$).

Conclusiones: El inmunodiagnóstico de la toxocariasis se ha mejorado en las últimas décadas, sin embargo en el futuro cercano otras técnicas (basadas en antígenos recombinantes), estarán ampliamente disponibles. Entretanto la combinación de métodos inmunológicos, incluyendo la avidéz para IgG, claramente ayuda en el diagnóstico de la infección, particularmente en fase aguda. Sin embargo, las pruebas comerciales no están ampliamente disponibles y presentan limitaciones en desempeño, como se observó, cuando se comparan con técnicas bien establecidas en laboratorio.

PEDIATRÍA 3 - PRESENTACIONES ORALES

238. Diferencias epidemiológicas y moleculares en la colonización nasal por *Staphylococcus aureus* sensible a meticilina (SASM) y resistente a meticilina (SARM) en población pediátrica proveniente de hogares infantiles y de un hospital universitario de Medellín.

Erika A. Rodríguez, Margarita M. Correa, Sigifredo Ospina, Santiago L. Atehortúa, Judy Natalia Jiménez.

Grupo de Microbiología Molecular, Grupo de Microbiología Básica y Aplicada, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. andrearrt@gmail.com

Introducción: La colonización nasal por *S. aureus* constituye un factor de riesgo para las infecciones causadas por esta bacteria. En Colombia son pocos los estudios sobre el tema. El objetivo de este trabajo fue comparar las características epidemiológicas y moleculares de la colonización nasal por *S. aureus* entre menores provenientes de hogares infantiles y de un hospital de Medellín.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo de corte transversal. Un total de 400 niños (200 de cada institución) de 0 a 5 años, fueron evaluados en fosas nasales. La información epidemiológica fue obtenida de los padres. *S. aureus* fue identificado por métodos fenotípicos y la genoti-

pación incluyó tipificación por spa, PFGE, MLST, tipificación del SCCmec, detección genes de factores de virulencia y el agr. El análisis de los datos se realizó en SPSS® 20.0

Resultados: La frecuencia total de colonización nasal por *S. aureus* fue del 39,8% (n=159) (hospital 44,5% y hogares infantiles 35%), y de SARM del 5,3% (n=21) (hospital 7% y hogares infantiles 3,5%). Se observaron diferencias en las características epidemiológicas principalmente entre los menores colonizados por SARM; los menores hospitalizados con frecuencia tenían antecedentes de cirugía ($p=0,037$) y uso previo de antibióticos ($p=0,007$), mientras que los de hogares infantiles, eran fumadores pasivos ($p=0,010$) o compartían su vivienda con otros niños ($p=0,0493$). Se encontró que los aislamientos de *S. aureus* de la población hospitalizada pertenecían principalmente a los complejos clonales (CC): CC8, CC30, y CC45 y los de hogares infantiles al CC30, CC45 y CC121. En los aislamientos SASM se encontró gran diversidad genotípica. Por su parte, los SARM la mayoría pertenecían al CC8-SCCmec IVc.

Conclusiones: Se encontraron diferencias en las características epidemiológicas y moleculares entre las poblaciones que pueden ser útiles en el diseño de estrategias de prevención de la colonización e infección en estas instituciones. Financiación: CODI, UDEA, Proyecto: CIMB-032-11.

239. Aislamientos invasores de *Haemophilus influenzae* en menores de 1 año: distribución de los serotipos y de la sensibilidad antimicrobiana, SI-REVA II, Colombia 2006-2013.

Mabel Karina Rodríguez Cerquera, Clara Inés Agudelo, Olga Marina Sanabria Cruz, Carolina Duarte Valderrama.

Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia. kari0299@gmail.com

Introducción: El impacto de la vacunación con *H. influenzae* b (Hib), se ha medido con la disminución de los casos de meningitis y neumonías causadas por este patógeno, en menores de 12 meses. Sin embargo en la actualidad siguen apareciendo casos, especialmente por Hia, Hib y Hi no tipificable (NT). El objetivo del trabajo fue determinar la evolución y la sensibilidad antimicrobiana de los aislamientos invasores de Hia, Hib y HiNT recuperados de niños menores de 1 año, en el período de 2006 a 2013.

Materiales y métodos: Se analizaron los serotipos de 80 aislamientos de Hi recibidos entre 2006-2013 en períodos bianuales y se comparó el tercer período con el último (chi cuadrado). Los serotipos se determinaron por el método de aglutinación en lámina y PCR y los patrones de sensibilidad antimicrobiana a ampicilina, SXT, cloranfenicol, cefuroxima y ceftriaxona por CIM; 50% eran de pacientes con meningitis, 28,4% de sepsis, 14,9% de neumonías y 6,8% otros. Por procedencia, 18 eran de Bogotá, 18 de Risaralda, 14 de Antioquia y 30 de 11 departamentos.

Resultados: De los 80 aislamientos, 15 se recuperaron de 2006-2007, 14 de 2008-2009, 32 de 2010-2011 y 19 de 2012-2013; la distribución por serotipo y período fue: Hia: 4 (26,6%), 2 (14,2%), 5 (15,6%) y 3 (15,7%); Hib: 8 (53,3%), 6 (42,8%), 9 (28,1%) y 10 (52,6%); HiNT: 3 (20%), 6 (42,8%), 18 (56,2%) y 6 (31,5%) respectivamente. No se encontró diferencia significativa entre el tercer y cuarto período. De los 80 aislamientos, 39 (48,8%) eran de ≤ 2 meses, al igual que 17/33 (51,5%) de Hib y 19/33 (57,6%) del HiNT. Del total de aislamientos, 12,5% eran resistentes a ampicilina, 16,3% a SXT y 100% sensible a cloranfenicol, cefuroxima y ceftriaxona.

Conclusiones: sólo 14/32 (43,8%) departamentos enviaron aislamientos, lo que hace necesario fortalecer la vigilancia para poder evaluar la evolución de los serotipos de Hi. En este análisis los cambios en la frecuencia de Hib y HiNT, en < 1 año, está dado por los ≤ 2 meses, que representaron la mayoría de los aislamientos.

240. Determinación de los niveles de procalcitonina (PCT) para el diagnóstico de sepsis neonatal en dos instituciones de alta complejidad

Carlos Gonzalo Robledo Restrepo, Jaime Robledo Restrepo, Natalia Andrea Maldonado Lizarazo.

Laboratorio Médico de Referencia, Clínica El Rosario, Corporación para Investigaciones Biológicas, Universidad Pontificia Bolivariana, Medellín, Colombia. investigaciones@labmedico.com

Introducción: La sepsis es la principal causa de mortalidad en neonatos, pero su diagnóstico es difícil. El objetivo de este estudio fue evaluar la utilidad de la PCT para el diagnóstico de sepsis neonatal.

Materiales y métodos: Estudio prospectivo en dos unidades de cuidados neonatales. Se incluyeron pacientes entre 0-30 días con sospecha de sepsis

neonatal, excluyendo aquellos sometidos a cirugía; terapia antibiótica en las últimas 48 horas y con enfermedades severas. Se realizó hemoleucograma, un set de hemocultivos, Proteína C Reactiva (PCR) y PCT en todos los pacientes. Se repitió la PCR y PCT a 12-24 horas. Por medio de la revisión retrospectiva de historias clínicas se confirmó o descartó el diagnóstico de sepsis. Para la PCT se consideraron los valores de referencia por horas de nacimiento en menores de dos días de vida, a partir del tercer día un valor de PCT > 0,5 ng/mL fue considerado como anormal.

Resultados: 65 pacientes fueron incluidos y el diagnóstico clínico de sepsis se confirmó en 39 pacientes (60%). No se encontraron diferencias significativas entre los neonatos con y sin sepsis en las variables clínicas, demográficas, ni parámetros hematológicos. Del grupo de pacientes con sepsis, dos tuvieron aislamientos de *S. epidermidis* en uno de los dos frascos, en un paciente se aisló *S. hominis* y en el otro *K. rosea* en ambos frascos. En el grupo sin sepsis cuatro pacientes tuvieron aislamiento sólo en uno de los frascos. Se encontraron diferencias significativas en los valores promedio de PCR entre los grupos, siendo mayor en los neonatos con sepsis, así mismo, los valores promedio de PCT fueron superiores en los neonatos con sepsis frente a aquellos sin sepsis, tanto en la primera toma (11,5 vs 3,50 ng/mL), como a las 12-24 horas (12,1 vs 4,3 ng/mL).

Conclusiones: Los signos clínicos y la baja positividad de los hemocultivos no permiten discriminar entre la sepsis neonatal y otras entidades. La PCT es un buen indicador de sepsis neonatal.

241. Diversidad de especies de adenovirus en niños menores de cinco años captados por la vigilancia centinela de enfermedad diarreica aguda en Bogotá: 2012-2013.

Sergio Andres Castañeda Garzón, Leidy Adriana Pedraza García, Deisy Maribel Blanco Vanegas, Sandra Liliana Gómez, Liliana Patricia Díaz, Diane Moyano, Jenny Nuñez, Patricia Arce, Hernán Vargas.
Laboratorio de Salud Pública. Secretaría de Salud de Bogotá. Bogotá, Colombia. Hernan.vargas@yahoo.com

Introducción: Al menos 58 serotipos de AdV se han agrupado en especies (A-F) de acuerdo a sus características biológicas, inmunológicas y bioquímicas. Las especies E y F posee un tropismo exclusivo con el tracto gastrointestinal, sin embargo varios autores han reportado la presencia de las especies A, B, y D que son principalmente respiratorios, en materia fecal de niños menores de 2 años con cuadros clínicos de gastroenteritis. Se estimó la prevalencia de adenovirus y sus especies en muestras de materia fecal de niños menores de cinco años captados por la vigilancia centinela de enfermedad diarreica aguda (EDA) en Bogotá durante los meses de Enero-Diciembre del 2012 y 2013.

Materiales y métodos: En este estudio descriptivo retrospectivo fueron analizadas 254 muestras de materia fecal de niños menores de cinco años captados por la vigilancia de EDA a través de las 7 unidades centinelas (Públicas y Privadas) en Bogotá durante los años 2012 y 2013. Las características clínicas y sociodemográficas reportadas al SIVIGILA y los resultados obtenidos en el Laboratorio de Salud Pública fueron analizados usando el software SPSS versión 21. Fue estandarizada y validada una PCR convencional para la identificación genérica y de especies de AdV.

Resultados: La prevalencia de Adenovirus genérico para los años 2012-2013 fue de 5,5% (n= 14, IC 95% = 3.16-9.27), para el año 2012 de 6,7% y de 4,6% para 2013. La positividad se distribuyó: 78.6% en niños menores de 1 año, y del 21,4% en niños entre 1 y 5 años. La proporción por especies fue: AdV A 7,2%, AdV B 28,5%, AdV D 14,3%, AdV E 14,3%, AdV F 35,7%.

Conclusiones: Este es el primer estudio realizado en Bogotá que permitió estimar la prevalencia de AdV y sus especies por PCR convencional en muestras de materia fecal de niños menores de cinco años captados por la vigilancia centinela de EDA.

242. Evaluación de la respuesta al tratamiento en niños con toxoplasmosis congénita.

Natalia Rincón Osorio, Jorge Enrique Gómez Marín
Grupo GEPAMOL, Centro de investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. nefagica1917@gmail.com

Introducción: La toxoplasmosis congénita es problema de salud pública en Colombia, por su frecuencia y secuelas oculares y neurológicas, por lo cual es importante evaluar su tratamiento.

Materiales y métodos: revisión de historias clínicas en el centro de salud de la Universidad del Quindío. Se incluyeron niños que consultaron entre

enero de 2001 a Abril de 2013, con diagnóstico de toxoplasmosis congénita confirmado y que tuvieron seguimiento clínico y tratamiento durante el primer año de vida.

Resultados: 29 casos cumplieron los criterios de inclusión. Todos los niños, recibieron tratamiento con dosis semanales de pirimetamina más sulfadoxina y ácido folínico, excepto tres casos que fueron tratados con preparaciones magistrales de pirimetamina- sulfadiazina. El 55,1% tuvo TAC de control al año de vida y el 27,5% tuvo oftalmoscopia en los primeros 6 meses de vida y una de control después de un año de edad. Ninguno de los niños examinados desarrolló nuevas lesiones oculares. En 16 niños con examen TAC normal en los primeros meses de vida, ninguno evidenció nuevas lesiones y en 4 casos que tuvieron calcificaciones al nacer, se encontró reducción en el tamaño o en el número de calcificaciones en el TAC de control. Un 76,4% mostró reducción progresiva de los títulos de IgG. El 73,6% presentó por lo menos un episodio anémico. El 17,6% tuvo un episodio de leucopenia.

Conclusiones: El tratamiento durante el primer año de vida impidió el desarrollo de nuevas lesiones oculares como coriorretinitis y favoreció la reducción en el tamaño y número de calcificaciones.

243. Caracterización epidemiológica de la candidiasis invasiva en el Hospital de la Misericordia 2008-2013

Ricardo Saúl Galeano Rodríguez, Alexandra Mora Reyes, Germán Camacho Moreno, María del Pilar Montilla Velásquez.
Universidad Nacional de Colombia - Hospital de la Misericordia.
Bogotá, Colombia. rsgaleanor@unal.edu.co

Introducción: Realizar una caracterización epidemiológica de las infecciones invasivas por *Candida spp* dado el reciente cambio en la distribución de sus especies y los pocos estudios realizados en población pediátrica

Materiales y métodos: Estudio descriptivo, observacional, de corte transversal-retrospectivo. Se revisaron los aislamientos de *Candida spp* en sitios estériles tomados de la base de datos WHONET del laboratorio de microbiología entre Enero de 2008 y Diciembre de 2013. Se realizó una descripción por especies, sitio anatómico de aislamiento y unidad de hospitalización

Resultados: Se analizaron 345 aislamientos. Predominan en sexo masculino (3:2), con una mediana de edad de 2 años. Se aislaron en sangre en un 38,3% y orina en 51,9%. Hay una disminución en el porcentaje de aislamientos en UCIP y un aumento en la unidad de oncología. Se aisló *C. albicans* en un 45,2% y no-albicans en 54,8%. De éstas, *C. parapsilosis* 23,8% y *C. tropicalis* 18,3%. *C. albicans* tuvo una disminución progresiva (40-53% en 2008-2010 y 38-43% en 2011-2013). *C. parapsilosis* tuvo un pico en 2011 y luego progresivo descenso, mientras que *C. tropicalis* mostró un descenso hasta 2012 con un pico en 2013. De los aislamientos de *C. glabrata*, todos fueron en los últimos 2 años. *C. parapsilosis* y *C. krusei* fueron más frecuentes en sangre y *C. albicans*, *C. tropicalis* y *C. glabrata* en orina. *C. albicans* y *C. parapsilosis* fueron más frecuentes en hospitalización y UCIP y *C. tropicalis* tuvo baja presencia en UCIN. *C. glabrata* y *C. krusei* predominan en UCIP con ningún aislamiento en oncología

Conclusiones: Asociado al aumento en el número de pacientes oncológicos, se observa un aumento en el porcentaje de aislamientos en la unidad de oncología, y una disminución en los aislamientos de UCIP. *C. albicans* continúa siendo la especie más frecuente, a pesar del incremento de las no-albicans. En los últimos 2 años, hemos visto especies resistentes como *C. glabrata* en UCIP

244. Frecuencia y distribución de especies de *Candida spp* en torrente sanguíneo en pacientes en unidades de cuidados intensivos pediátricos y neonatal es en hospitales de tercer nivel en Colombia

Anita María Montañez Ayala, Jorge Alberto Cortés Luna, Aura Lucía Leal Castro, Alejandra Guarnizo, Maxi Villalobos, Solangy Usme, Edwin Camilo Vargas, Lina Burbano, Andrea Castillo.
Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia.
ammontaneza@unal.edu.co

Introducción: Durante los últimos 20 años las infecciones por *Candida spp*, se han incrementado significativamente, principalmente en pacientes de las Unidades de Cuidado Intensivo (UCI). Las infecciones sistémicas por *Candida spp* se reportan con mayor frecuencia en las UCI neonatales (UCIN) con respecto a las UCI pediátricas (UCIP). El objetivo del trabajo es presentar la distribución de Candidemias en UCIP y UCIN en hospitales de tercer nivel.

Materiales y métodos: Estudio descriptivo retrospectivo. El análisis se realizó con aislamientos de *Candida spp* en sangre de UCIP y UCIN en 33 hospitales de tercer nivel de la red de vigilancia multicéntrica para control de la resistencia Bacteriana (GREBO) durante 2009 - 2013.

Resultados: En la frecuencia general de microorganismos, *C. albicans* ocupa el octavo y séptimo puesto en UCIP y UCIN y las *no albicans* ocupan once y octavo lugar. El total de aislamientos de *Candida spp* en muestras de sangre en UCIN y UCIP durante 2009 - 2013 fue 123 y 461. Las especies de *C. albicans* son menos frecuentes que las especies no albicans en ambos servicios. Al discriminar por especies, *C. albicans* ocupa la primera posición con 39% (n= 48) y 38,8% (n=179) en UCIN y UCIP respectivamente, Seguida por *C. parapsilosis* con 26% (n=32) y 27,7% (n=128). Las especies de *Candida sp* tuvo la tercera posición en UCIN 16,3% (n=20) diferente a lo reportados para UCIN donde *C. tropicalis* tiene la misma posición 13,9% (n=64). En menor proporción se presentaron en UCIN, *C. slusitanae* y *C. tropicalis* y en UCIP de *C. tropicalis* y *Candida sp*.

Conclusiones: Se observa un incremento en la frecuencia de los aislamientos de *C. albicans* y *no albicans* en UCIN y UCIP. Se requiere fortalecer la identificación de especies en estos servicios.

245. Estudio de fiebres hemorrágicas en pacientes pediátricos del Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja (HINFP) Cartagena, Colombia

Salim Mattar Velilla, Nelson Alvis Gúzman, Jackelineth Luna, Hernando Pinzón, Vaneza Tique Salleg, Virginia Rodríguez, Jorge Miranda Regino.

Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja, Centro de Investigación y Docencia. Infectología Pediátrica Cartagena, Universidad de Córdoba-IIBT. Montería, Colombia. JIunac19@gmail.com

Introducción: las condiciones climáticas y la amplia distribución de reservorios y vectores han convertido a sudamerica en escenario de otras infecciones icterohemorrágicas tropicales emergentes como leptospirosis, rickettsiosis, hantavirus y hantavirus entre otros. El objetivo de este estudio fue identificar los principales agentes causales y las características clínico epidemiológicas de las fiebres hemorrágicas en pacientes pediátricos.

Materiales y métodos: Se incluyeron pacientes con signos y síntomas sugestivos de fiebres hemorrágicas que ingresaron al HINFP en el periodo 7 de junio y el 30 diciembre de 2010. Se tomaron 2 muestras de suero en la fase aguda y en la convalecencia. Las pruebas serológicas realizadas incluyeron: anticuerpos IgG, IgM y antígeno NS1 contra el virus dengue (Dengue ADBIO®), microaglutinación en placa (MAT) de 8 serovares y ELISA indirecta IgM (Panbio®) para *Leptospira*, ELISA indirecta IgG e IgM (Focus Diagnostics®) para hantavirus e IFI para *Rickettsia sp* del grupo de las fiebres manchadas.

Resultados: Se incluyeron 20 pacientes (edad, 2 meses-17 años) y procedían de 15 barrios de Cartagena. Las pruebas de laboratorio permitieron identificar el agente causal en el 35% (7/20) de los casos y presentaron la siguiente distribución: 25% Dengue (n=5) y 10% leptospirosis. La seroprevalencia de anticuerpos IgG para *Rickettsia sp* del grupo de las fiebres manchadas fue del 0% y para hantavirus del 65%. En cinco pacientes se identificaron por MAT otros serovares de *L. interrogans: bratislava, grippotyphosa* y *autumnalis* con títulos inferiores a 1:200, sin seroconversión y con anticuerpos IgM negativo. Los dos pacientes confirmados tuvieron más de dos serovariedades serológicas (*bratislava, louisiana, icterohemorrhagiae, grippotyphosa* y *autumnalis*). La ausencia de ictericia y los hallazgos paraclínicos principales fueron leucopenia y plaquetopenia.

Conclusiones: El 35% de los casos con sospecha de fiebre hemorrágica en la población pediátrica estudiada fueron identificados como dengue y leptospirosis.

ADULTOS - PRESENTACIONES ORALES

246. Procalcitonina y su relación con bacteriemia en pacientes con leucemia aguda.

Jaime Fernando Valdés Céspedes, Sonia Isabel Cuervo Maldonado, Julio César Gómez Rincón, Ricardo Sánchez Pedraza, Carlos Daniel Bermúdez Silva, Elizabeth Rodríguez Gómez.

Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia. jfvaldesc@unal.edu.co

Introducción: Sólo en el 30% de pacientes con Leucemias Agudas (LA) y neutropenia febril posquimioterapia (NFP) se identifica un foco infeccioso que explique la fiebre. El objetivo es describir los niveles de procalcitonina

(PCT) al momento del diagnóstico de neutropenia, cuando se presente NFP, en el día 1 y 2 posterior a la NFP, y su relación con bacteriemia.

Materiales y métodos: Estudio prospectivo, descriptivo, en mayores de 18 años con LA hospitalizados en el INC E.S.E. para aplicación de poliquimioterapia y NPF, aprobado por los comités de ética institucionales, se calculó una muestra de 70 eventos de NFP. La determinación cuantitativa de PCT se hizo por quimioluminiscencia. El análisis estadístico se realizó con STATA 11.

Resultados: Entre el 1 de abril de 2013 y el 30 de abril de 2014 se presentaron los resultados de 54 eventos de NFP en 37 pacientes con LA, 22 (59,4%) son mujeres y edad promedio de 35,4 años. La duración de la NFP fue en promedio de 6 días. La PCT se interpretó positiva con punto de corte >0.5 ng/ml. Los episodios fueron clasificados como 19 (35,18%) fiebre de origen desconocido, 20 (37,03%) otras infecciones y 15 (27,7%) bacteriemias: 60% bacilos Gram negativos, 33,3% cocos Gram positivos y 6,7% mixta. La PCT al día 1 de NFP mostró sensibilidad de 66,67%, especificidad de 69,23%, VPP 45,45% (IC95% 22,38%- 68,53%) y VPN 84,38% (IC95% 70,23%-98,52%).

Conclusiones: Dadas las características operativas de la PCT, no sería recomendable su utilización como único método de diagnóstico de bacteriemia en pacientes con LA y NFP, pero un resultado negativo puede ser útil para determinar ausencia de la misma. Financiación: INC E.S.E., rubro de inversión de la Nación, código C410306104410 y Universidad Nacional de Colombia.

247. Factores de riesgo para la aparición de bacteremias nosocomiales por *Pseudomonas aeruginosa* resistente a carbapenémicos.

Sandra Liliana Valderrama, Pedro González, Fabian Gil, Carlos Álvarez Moreno, Emmanuel Restrepo, Claudia Linares.

Hospital Universitario San Ignacio-Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá, Colombia. sanvalderrama@gmail.com

Introducción: Identificar los factores de riesgo de aparición de bacteriemia nosocomial por *P. aeruginosa* resistente a carbapenémicos en un Hospital Universitario

Materiales y métodos: Se usó la metodología de casos y controles. Pacientes mayores de 18 años con bacteriemia de origen nosocomial por *Pseudomonas aeruginosa*, hospitalizados en el Hospital Universitario San Ignacio (HUSI) de 2005 a 2012. Los pacientes caso presentaban bacteriemia resistente a carbapenémicos y los controles eran sensibles a carbapenémicos.

Resultados: Se evaluaron 148 pacientes, 37 casos y 111 controles, en el análisis bivariado se encontraron como factores de riesgo: el tiempo mediano de uso de AB, el uso de meropenem, de ciprofloxacina, cirugía previa y la NPT, en el análisis multivariado se encontraron como factores de riesgo estadísticamente significativos el uso de meropenem (OR 9,71; IC 95%, 1,23 -76,52) y el uso de NPT (OR 6,2; IC 95%, 109-35.25), realizando un nuevo modelo controlado por las variables APACHE II y Servicio se encontraron resultados similares estadísticamente significativos.

Conclusiones: Para la prevención de la emergencia de *P. aeruginosa* resistente a carbapenémicos se debe trabajar en el uso prudente de antimicrobianos de amplio espectro, como meropenem, e intensificar los programas de control de infecciones con adecuados protocolos para la inserción y el cuidado de los catéteres de NPT.

248. Dificultades relacionadas con el manejo antituberculoso en los pacientes con coinfección TB-VIH.

Ricardo Martínez García, Cesar Bueno Serrano, Carlos Jiménez Mejía, Karen Tapias Rubiano.

Comfamiliar Risaralda. Fundación SIAM. Grupo VIHDA. Pereira, Colombia. ricardoamartinez@hotmail.com

Introducción: La adecuada respuesta clínica y el control baciloscópico de los pacientes con coinfección TB-VIH se pueden comprometer por factores que involucran tanto a las aseguradoras prestadoras de la atención médica como a entidades reguladoras de salud. Es objetivo del presente trabajo establecer las dificultades relacionadas con la atención integral y manejo de estos enfermos en nuestra población.

Materiales y métodos: se realizó un estudio de corte transversal entre pacientes coinfectados TB-VIH atendidos en la Clínica Comfamiliar Risaralda entre enero de 2003 y diciembre 2013 (n= 216) buscando como desenlace las dificultades en el tratamiento ajenas al paciente y aportadas por encuesta previamente realizadas a médicos expertos de la región

Resultados: Como factores asociados al retraso en inicio de tratamiento se encontraron: la dilación o pérdidas de reporte de pruebas de resistencia

remitidas a nivel central (RP 3,1 IC 1,4-6,3), demora en autorización y suministro de fármacos de segunda línea (RP 3,4 IC 1,1-5,6), disponibilidad en métodos diagnósticos moleculares en pacientes paucibacilares (RP 3,8 IC 1,6-5,1), disponibilidad en tratamiento individualizado ante toxicidad farmacológica (RP 3,8 IC 1,6-6,3), disponibilidad de rifabutina en pacientes con consumo de inhibidores de proteasa (RP 4,6 IC 1,8-6,4) y la dicotomía entre obligación de aseguradoras y el estado (RP 4,8 IC 1,6-7,4).

Conclusiones: Los problemas señalados en el manejo de la coinfección TB-VIH obligan a que se implementen políticas claras y definidas que incluyan el suministro y mantenimiento de recursos y la descentralización en el ofrecimiento de estos. Es además prudente establecer las obligaciones y cumplimiento tanto estatales como de aseguradoras para disminuir el pobre control que se hace en el manejo de la coinfección y el riesgo elevado de una problemática mayor como la posterior resistencia farmacológica

249. Descripción de la infección protésica articular en un hospital universitario en Colombia.

Omar Alejandro Amado Pico, Rafael Eduardo Perez Nuñez, Cristina Suarez, Sandra Lilibiana Valderrama Beltrán, Emmanuel Restrepo Benachi.

Hospital Universitario San Ignacio - Pontificia Universidad Javeriana. Bogotá, Colombia. enmres@gmail.com

Introducción: Describir la microbiología y epidemiológica de una cohorte de pacientes con infección de prótesis articular de cadera y rodilla durante 7 años en un hospital universitario en Colombia

Materiales y métodos: Es un estudio descriptivo ambispectivo en el que se evalúan todas las infecciones de prótesis articulares de rodilla y de cadera en un hospital universitario entre enero de 2006 y diciembre de 2013, con biopsia positiva para infección. Todas las muestras microbiológicas de los pacientes fueron tomadas en salas de cirugía

Resultados: En un periodo de 7 años se identificaron 44 casos de infecciones, con una edad promedio de 69,5 años. El 56% fueron mujeres y 51% corresponden a reemplazos de rodilla y 49% de cadera, la comorbilidad más frecuente fue la hipertensión arterial (39%), la artritis reumatoide y otras enfermedades autoinmunes alcanzaron un 14%. El 43% (n= 19) fueron por Gram positivos y entre estos, 13 casos por *Staphylococcus aureus* y de ellos 4 fueron SAMR. Se encontraron 10 estafilococos coagulasa negativo, 3 de ellos meticilino resistentes. El 20,5% (n= 9) fueron por Gram negativos y el 25% (n: 11) de las infecciones fueron polimicrobianas. De los Gram Negativos solo se aislaron 3 microorganismos resistentes a carbapenémicos, que correspondían a *Acinetobacter baumannii*. El 14% (n= 5) de las infecciones presentaron cultivos negativos. De los resultados de Gram 68% (n= 30) fueron negativos en pacientes con cultivos positivos. De los Gram con resultados positivos que fueron el 31,8% (n= 14), de ellos 12 se correlacionaron con el resultado del cultivo

Conclusiones: El germen más frecuente fue *S. aureus*, sin embargo, la presencia de Gram negativos y polimicrobianas ameritan la necesidad de búsqueda microbiológica para orientar el manejo antibiótico específico. Para el cubrimiento empírico de estas infecciones, un resultado negativo del Gram no excluye infección

250. Estudio inmunológico y patológico de placenta en sífilis gestacional: un abordaje metodológico innovador.

Lady Giovanna Ramírez Hincapié, María Alejandra Castrillón, Nora Guarín, Julie Moore, Doménico Mavilio, Rodolfo Trujillo, Juan Pablo Garcés, Juan Carlos Salazar, Adriana Raquel Cruz.
CIDEIM. Cali, Colombia. Igramirez@cideim.org.co

Introducción: La OMS estima cada año 1.4 millones de mujeres con Sífilis Gestacional (SG) y 500.000 casos de Sífilis Congénita (SC). Es clara la alta transmisibilidad del *T. pallidum* (Tp) de madre-hijo, sin embargo, se desconoce si factores del huésped contribuyen a la patogénesis de la infección. Estudios en sífilis secundaria demostraron alteraciones en la célula Natural Killer (NK), célula principal en el desarrollo de placenta. Nos preguntamos si alteraciones en células NK inducidas por Tp, tienen relevancia en SG/SC. El objetivo de este trabajo fue compartir la metodología para responder la pregunta de investigación.

Materiales y métodos: Se estudiaron pacientes con SG y controles sanas en el parto en dos hospitales de Cali. La placenta fue transportada a CIDEIM, donde se perfundió con PBS/Heparina para obtención de células del espacio

intervelloso placentario (IVBMCs). Por citometría de flujo (CF) se caracterizaron subpoblaciones de NK y sus receptores de activación/inhibición. Se hicieron estudios de funcionalidad (producción de IFN- γ y citotoxicidad). Se hizo estudio inmunohistopatológico de placenta, con microscopía de luz y fluorescencia. El estudio fue aprobado por el comité de ética CIDEIM/HUV.

Resultados: Con el método de perfusión se obtiene en promedio 200 x 10⁶ IVBMCs (90% viabilidad) que permite caracterizar 4 sub-poblaciones de NK y sus receptores de activación e inhibición. Se identifican poblaciones de NK productoras de IFN γ . Estudios inmunopatológicos de placenta muestran hallazgos compatibles con SG/SC, células NK/macrófagos deceduales y Tp.

Conclusiones: Estos métodos para estudio inmunopatológico de SG/SC permiten recuperar células de calidad para su evaluación, identificando poblaciones celulares y sus posibles alteraciones inducidas por la sífilis. Adicionalmente, permite estudiar la capacidad invasora del Tp y su relación con células de la respuesta inmune innata presentes en el tejido placentario.

251. Diagnóstico serológico de Infección por Hantavirus en un paciente febril en Córdoba, Colombia.

Salim Mattar, Denisses Garzón, Luiz Tadeu Moraes, Álvaro Faccini, James Mills.

Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia. mattarsalim@hotmail.com

Introducción: El Síndrome Pulmonar por Hantavirus (SPH) es una zoonosis transmitida por roedores a menudo fatal, causada por al menos 20 genotipos distribuidos en toda América. Aunque el SPH ha sido documentado en varios países limítrofes, no ha sido reportado en Colombia. Aquí reportamos la seroconversión a hantavirus en un paciente febril hospitalizado de Montería, departamento de Córdoba.

Materiales y métodos: El paciente fue admitido en un estudio clínico de fiebres hemorrágicas realizado por la Universidad de Córdoba. Las muestras de suero fueron recolectadas al momento de la admisión y el egreso. Pruebas serológicas para *Plasmodium*, *Leptospira*, *Salmonella*, Virus Dengue, *Brucella*, *Rickettsia*, VIH y Virus de Hepatitis se realizaron en fase aguda y convalecencia.

Resultados: Ensayos con la prueba ELISA del Virus Sin Nombre mostraron seroconversión para IgM e IgG entre las muestras pareadas. El paciente vivía en un hábitat natural rural rodeado de áreas cultivadas donde roedores y humanos conviven y las condiciones sanitarias son deficientes. Al ingreso, el paciente se encontraba febril (40°C), frecuencia cardíaca 76 lpm, frecuencia respiratoria 23 rpm, escleras ictericas, sin adenopatías, auscultación cardíaca y pulmonar normal, esplenomegalia dolorosa, sin erupción y examen neurológico normal. La radiografía de tórax fue normal y pancitopenia e hiperbilirrubinemia fueron los hallazgos de laboratorios relevantes. Las pruebas para todos los agentes endémicos regionales fueron negativas. El paciente permaneció hospitalizado por tres días, el día 5 fue dado de alta sin diagnóstico definitivo. La Prueba ELISA realizada en las muestras recolectadas en la admisión y egreso muestran seroconversión IgG e IgM seroconversión para SNV.

Conclusiones: El hallazgo de este primer caso clínico de infección por Hantavirus en Colombia es consistente con la alta prevalencia de anticuerpos humanos contra Hantavirus en la región y con la exposición del paciente a roedores. La presentación clínica es similar a casos vecinos en Panamá.

252. Frecuencia de bacterias anaerobias aisladas de muestras de hueso procedentes de pacientes de una clínica de alta complejidad de Medellín

Clara Lina Salazar G, Patricia Sierra V, Diana Molina C, Angel Gonzalez M.

Universidad de Antioquia, Escuela de Microbiología. Medellín, Colombia. clarlin27@gmail.com

Introducción: Las bacterias anaerobias, aunque poco diagnosticadas, pueden ser responsables de osteomielitis y pueden encontrarse asociadas con bacterias aerobias y/o facultativas. El propósito de este estudio fue determinar la frecuencia de bacterias anaerobias aisladas de muestras de hueso procedentes de pacientes de una clínica de alta complejidad de Medellín.

Materiales y métodos: Un total de 767 muestras de hueso enviadas al laboratorio entre enero de 2010 y diciembre de 2013 fueron procesadas. Las muestras se cultivaron en medios Bacteroides Bilis Esculina-BBE, agar brucella y fenil etil alcohol suplementados, e incubaron entre 2 y 7 días a 36°C en condiciones anaerobias. Las bacterias aisladas se identificaron siguiendo

los protocolos del manual de bacteriología anaerobia Wadsworth-KTL y ASM's Clinical Microbiology Procedures Handbook

Resultados: De las 767 muestras analizadas, 97 (13%) fueron positivas para bacterias anaerobias. Los géneros y especies más frecuentes fueron: Grupo *Bacteroides fragilis* 54%, *Prevotella spp.* 9,3%, *Peptoestreptococcus spp.* 6,2%, otros Cocos Gram positivos 9,3%, *Clostridium spp.* 4,1%, otros bacilos Gram negativos anaerobios 3.1%, *Fusobacterium necrophorum* 2,1%, *Fusobacterium spp.* 2,1%, *Peptoniphilus asaccharolyticus* 2,1%, *Bifidobacterium spp.* 2,1%, y frecuencias del 1% para *Streptococcus constellatus*, *Finegoldia magna*, *Pophyromonas spp.* y *Gemella morbillorum*. El 67% (65/97) de los cultivos fue polimicrobiano. Se aislaron simultáneamente *B. fragilis* y *Escherichia coli* en el 22% de ellos, *B. fragilis* y *Proteus spp.* en el 5%, *B. fragilis* y *Staphylococcus spp.* en el 5%, *Prevotella spp.* y *Staphylococcus aureus* en el 5%, *B. fragilis* y *Clostridium spp.* 6,5%, en un 12% se aislaron ≥ 3 bacterias.

Conclusiones: La bacterias anaerobias identificadas en su mayoría hacen parte de la microbiota intestinal y oral humana, y permite inferir el origen endógeno de estas infecciones en hueso. Similar a los reportes de la literatura, *B. fragilis* fue el agente aislado más frecuente

253. Respuesta clínica a la Tobramicina inhalada en adultos con bronquiectasias no debidas a fibrosis quística. Revisión sistemática.

Beatriz Elena Porras Pedroza, Manuel Andrés Garay Fernández.
Hospital Santa Clara ESE. Bogotá, Colombia. beporras@yahoo.com

Introducción: Los antibióticos inhalados actúan directamente sobre el órgano diana lo que permite menores dosis, concentración elevada en la zona de infección, menor tiempo de latencia entre administración y efecto terapéutico y menores efectos sistémicos. Se realizó una revisión sistemática de la literatura para determinar las respuestas clínica y microbiológica y los cambios en pruebas de función pulmonar en adultos con bronquiectasias no debidas a fibrosis quística en tratamiento con tobramicina inhalada.

Materiales y métodos: Revisión sistemática incluyendo ensayos clínicos controlados ciegos o doble ciegos, aleatorizados, de pacientes adultos con bronquiectasias no debidas a fibrosis quística, con antibióticoterapia inhalada con tobramicina para tratamiento de colonización crónica o infección aguda por cualquier microorganismo. Se realizó la búsqueda en bases de datos entre Enero 1970 a Mayo 2013. Búsqueda y selección de los artículos por dos revisores.

Resultados: Tres artículos cumplieron con la calidad metodológica. En dos estudios se pudo establecer la respuesta clínica incluyendo a 127 pacientes: OR 1,25 IC 95% (0,63 - 2,48). El índice I2 fue utilizado para la ver la heterogeneidad entre estudios en el desenlace de respuesta clínica y fue del 84%. En tres estudios se pudo establecer la erradicación de *Pseudomonas aeruginosa* incluyeron a 149 pacientes: OR 5,62 IC 95% (2,43 - 12,97).

Conclusiones: La tobramicina inhalada no mostró una mejor respuesta clínica en el grupo de intervención. La tobramicina inhalada demostró su utilidad en la mejoría microbiológica: erradicación de *Pseudomonas aeruginosa* cuando fue usada en monoterapia y en terapia combinada. No se pudieron determinar, con los estudios seleccionados, los cambios en la función pulmonar por la diferencia en el reporte de los datos por los diversos autores.

PARASITOLOGÍA 2 - PRESENTACIONES ORALES

254. Validación de un método de detección de protozoos en agua (*Giardia* y *Cryptosporidium*) y su aplicación en tres plantas de tratamiento del eje cafetero.

Fabiana María Lora Suarez, Raul Eduardo Rivera Quiroga, Jessica Triviño, Jorge Enrique Gómez Marín.
Centro Investigaciones Biomédicas, Universidad Del Quindío. Armenia, Colombia. fabisuarez@hotmail.com

Introducción: *Cryptosporidium* y *Giardia* son los protozoos más frecuentes transmitidos por el agua. Los métodos de monitoreo para determinar la presencia de estos protozoos en las muestras de agua son costosos. Nosotros evaluamos un método de concentración para detectar *Giardia sp.*, *Blastocystis sp.* y *Cryptosporidium sp.* en agua para consumo humano.

Materiales y métodos: Nosotros aplicamos un método de concentración de cloroformo/éter con muestras con diferentes concentraciones de cada protozoo (10, 100, 1000, 2000 quistes u oquistes) en un volumen de 10 litros de agua. La detección de *Giardia* y *Cryptosporidium* se realizó por ensayos de inmunofluorescencia, esto se aplicó a todas las muestras. Para determinar

la viabilidad de las formas quísticas se utilizó la coloración de azul tripano. Fueron analizadas un total de 321 muestras para el análisis de muestras ante, durante y después del tratamiento para agua potable.

Resultados: El límite de detección del método de concentración formol/éter para las muestras de agua fue de 10 quistes u oquistes con un porcentaje de recuperación del 92%. En 63 muestras de agua tomadas antes de la planta de tratamiento, 39% fueron positivas para *Giardia*, 24% para *Cryptosporidium* y 33% para *Blastocystis*. En 81 muestras tomadas en las tres plantas de tratamiento, 17% fueron positivas para *Giardia*, 7% para *Cryptosporidium* y 75% para *Blastocystis*. En 177 muestras que se tomaron en la red de distribución, 19% fueron positivas para *Giardia*, 7% para *Cryptosporidium*, y 72% para *Blastocystis*. Algunos resultados fueron confirmados por amplificación de ADN por PCR.

Conclusiones: Este método es simple con un límite de detección similar a otros métodos previamente usados, la frecuencia de *Giardia* y *Cryptosporidium* fue reducida durante el tratamiento del agua; menos para *Blastocystis* que se incrementó. El monitoreo de estos protozoos provee una nueva información sobre como los procesos de tratamiento de agua pueden afectar la presencia de protozoos en agua para consumo humano.

255. Inmunodetección de la enzima deubiquitinadora RPN11 en *Giardia Intestinalis*.

Eliana Patricia Calvo Tapiero, Eliana Espinosa, Moisés Wasserman.
Universidad Nacional-Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia. calvoeliana@unbosque.edu.co

Introducción: En células eucariotas, la degradación específica de proteínas es llevada a cabo por el sistema ubiquitina-proteosoma, este sistema se encarga de la marcación de la proteína blanco con la señal de ubiquitina, el reconocimiento de la proteína por el proteosoma 26S, la remoción de la señal de ubiquitina por enzimas deubiquitinadoras (DUBs) y la degradación por el proteosoma. El interés de este trabajo fue contribuir al estudio del sistema Ub-P de *G. intestinalis*, dado que este sistema podría ser fundamental en los procesos de diferenciación del parásito: enquistación y exquistación. Se seleccionó RPN11 puesto que es una enzima deubiquitinadora localizada en y fundamental para la actividad del proteosoma 26S en otros eucariotes.

Materiales y métodos: El gen *rpn11* fue amplificado por PCR y clonado en el vector de expresión PinPointXa, La proteína recombinante producida se purificó por solubilización de cuerpos de inclusión y fue utilizada para inmunizar ratones. Los sueros inmunes fueron utilizados para la detección de la proteína en extractos proteicos mediante western blot y determinar la localización subcelular por inmunofluorescencia.

Resultados: Se obtuvo la proteína recombinante GI-RPN11 de ~53 kDa. Esta proteína se encontró en la fracción insoluble por lo cual fue purificada mediante lavados con urea y Tritón y utilizada para la inmunización de ratones y generación de anticuerpos. La proteína RPN11 fue detectada por western blot como una banda de 39 kDa y por inmunofluorescencia como focos discretos distribuidos en el citoplasma de trofozoitos, quistes y células enquistantes.

Conclusiones: Se produjo un anticuerpo policlonal específico contra RPN11, Este anticuerpo es una herramienta útil para detectar y localizar no solo RPN11 sino también el proteosoma 26S de *Giardia intestinalis*, dado que el antígeno es parte integral del proteosoma 26. RPN11 se detectó, en los dos estadios de desarrollo del parásito: quiste y trofozoito y durante el proceso de enquistación.

256. Modelamiento estructural, clonación y expresión de la proteína ROP39 de *Toxoplasma gondii*.

Mateo Murillo León, Diego Alejandro Molina Lara, Diego Mauricio Moncada Giraldo, Ailan Farid Arenas Soto, Néstor Ivan Cardona, Jorge Enrique Gómez Marín.
Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. mmurillo@uqvirtual.edu.co

Introducción: Durante la invasión, *Toxoplasma gondii* secreta dentro de la célula hospedera un grupo de proteínas específicas llamadas ROP quinasas. Dos de estas proteínas, la ROP16 y ROP18 son factores de virulencia, ya que pueden modular la expresión de genes o aumentar la virulencia por la disrupción de la función de algunas proteínas del hospedero. La proteína ROP39 presenta perfiles de expresión similares a estos dos factores de virulencia. Realizar el modelamiento estructural, clonación y expresión del gen de ROP39 de la cepa RH de *Toxoplasma gondii*.

Materiales y métodos: La secuencia de la proteína se obtuvo de la base de datos ToxoDB (código de acceso: TGGT1_262050); el modelo tridimensional se realizó en el servidor en línea I-TASSER. Se extrajo ARN total de taquizoitos de la cepa RH de *T. gondii*, con el cual se realizó una RT-PCR con un par de cebadores específicos para el gen TgROP39. Se realizó una ligación del producto de la RT-PCR al vector pEXP5-CT. Se transformaron células competentes *E. coli* DH5 α y *E. coli* AI con el plásmido recombinante obtenido. Las colonias transformadas se verificaron por PCR y secuenciación. La expresión de la proteína se realizó con el Inductor IPTG y se verificó a través de western-blot.

Resultados: Se encontró que la secuencia que codifica para ROP39 presenta un dominio quinasa, entre los aminoácidos Gly212 - Val 588. El C-score del modelo fue -0,11. El producto de la RT-PCR fue de 1700 pb. A través de PCR y secuenciación se evidenció que el plásmido pEXP5-CT-TgROP39 fue construido y transfectado exitosamente a células *E. coli*. Las condiciones de expresión de la proteína ROP39 fueron: 1 mM de IPTG, 37 °C y 0,7 OD y se verificó la expresión de la proteína con un western-blot con anticuerpo anti-His donde se observó una banda de 72 kD

Conclusiones: En este trabajo se realizó el primer modelo estructural por homología y la clonación y expresión de la proteína recombinante ROP39, lo cual contribuirá a realizar próximos ensayos de interacción proteína-proteína.

257. Modelamiento estructural del dominio quinasa de la proteína ROP19 de *Toxoplasma gondii*

Mónica Vargas Montes, Alejandro Zamora Vélez, Diego Moncada Giraldo, Mateo Murillo León, Néstor Ivan Cardona, Aylan Farid Arenas Soto, Jorge Enrique Gómez Marín.
Universidad del Quindío. Armenia, Colombia.
mvargas@uqvirtual.edu.co

Introducción: *Toxoplasma gondii* secreta proteínas ROP quinasas durante el proceso de invasión de la célula hospedera. De ellas ROP16 y ROP18 son reconocidos factores de virulencia, ya que causan disrupción de la señalización celular y de los mecanismos de defensa del hospedero, pero poco se sabe de otras como ROP19 que presenta niveles de expresión similares a los de estas dos proteínas. El objetivo del trabajo fue realizar el modelamiento estructural del dominio quinasa de la proteína ROP19.

Materiales y métodos: La secuencia de la proteína se obtuvo de la base de datos ToxoDB (código de acceso: TGME49_242240). Las regiones funcionales se identificaron en los servidores PROSITE y PROFUNC, la estructura terciaria se evaluó en el servidor en línea I-TASSER y se usó como plantilla el modelo cristalográfico de TgROP18 (PDB: 4jrn) de *T. gondii*. La calidad estereo química del modelo se evaluó en PROCHECK.

Resultados: ROP19 presenta un dominio quinasa entre los aminoácidos Thr 237-Leu 541. El C-score del modelo fue -0,46, la cobertura del modelo respecto a la plantilla fue de 84,6%, con un Tm-score de 0,795. El gráfico de RAMACHANDRAN indicó que el 87,9% de los aminoácidos se encuentran en regiones permitidas. El modelo tridimensional del dominio quinasa presenta la estructura bi-lobular característica de las proteínas quinasas, con un lóbulo N-terminal y uno C-terminal compuestos principalmente por láminas β y α ; hélices, respectivamente. La triada catalítica está formada por los aminoácidos Lys 271, Asp 397 y Asp 415. De lo anterior se infiere que TgROP19 podría realizar la actividad catalítica de las proteínas quinasas, debido a la alta similitud estructural de su dominio quinasa con la plantilla (TgROP18) y que los aminoácidos necesarios para la actividad quinasa se encuentran en un ambiente químico favorable.

Conclusiones: El modelo podría contribuir hacia la identificación de un posible inhibidor e incluso de un posible sustrato para la proteína. Así mismo el modelo puede ser utilizado para la predicción de epítomos B.

258. Modelamiento estructural e identificación del gen codificante para la proteína (ROP 11) a partir de la secuencia putativa TGGT1_227810 de *Toxoplasma gondii*

Juan Manuel Rodríguez Salazar, Mateo Murillo León, Diego Alejandro Molina Lara, Diego Mauricio Moncada Giraldo, Ailan Farid Arenas Soto, Néstor Ivan Cardona, Jorge Enrique Gómez Marín.
Universidad del Quindío. Armenia, Colombia.
jmrodriguez@uqvirtual.edu.co

Introducción: Las ROPs quinasas de *Toxoplasma gondii* son proteínas claves para el proceso de infección intracelular de este protozoo de gran im-

portancia médica. El objetivo de este trabajo fue realizar una aproximación de la estructura tridimensional de una de ellas, la proteína ROP11, y obtener la proteína recombinante.

Materiales y métodos: La secuencia de interés se descargó de la base de datos ToxoDB. Por medio del servidor bioinformático I-TASSER se generó la estructura tridimensional de ROP11, utilizando como restricción el modelo estructural de la proteína ROP18 generada del banco de proteínas (PDB). La identificación del gen se realizó con RT-PCR a partir de ARN total de taquizoito (cepa RH) y primers específicos. Se utilizó el vector pEXP5-CT/TOPO® en el cual se hizo la inserción de la secuencia de ADN de interés y se procedió a la transformación en células *E. coli* TOP10.

Resultados: En el modelamiento estructural se identificaron los aminoácidos necesarios para la actividad enzimática de la proteína. Se identificaron 12 subdominios particulares de estas proteínas quinasas. A partir de la RT-PCR se logró insertar la secuencia del gen de 1458 pb, clonarla y expresarla. Se confirmó la correcta clonación de ROP11 en el plásmido recombinante por secuenciamiento, con identidad de 100%.

Conclusiones: Se reporta por primera vez la expresión del gen de la proteína quinasa ROP11 de *Toxoplasma gondii*. Esta información es la base para estudiar esta proteína como blanco farmacológico para este parásito.

259. Estrategia racional de búsqueda para epítomos inmunogénicos que inducen respuesta de IFN- γ en células humanas contra *Toxoplasma gondii*

Néstor Ivan Cardona Perez, Diego Moncada, Jorge Enrique Gomez Marín.
Universidad del Quindío. Armenia, Colombia.
nicardonap@uqvirtual.edu.co

Introducción: La vacuna ideal para prevenir la toxoplasmosis en humanos sería aquella compuesta por antígenos que estimulen la activación de una respuesta citotóxica protectora. Hasta la fecha se han reportado epítomos inmunogénicos con alta afinidad por diferentes haplotipos del HLA, que inducen una buena respuesta de IFN- γ en PBMCs. Sin embargo, la selección de las proteínas para los antígenos inmunogénicos no se basa en una estrategia racional de búsqueda. En este trabajo de reporto el uso de una tubería bioinformática para selección de péptidos que estimulan una fuerte respuesta de IFN- γ en PBMCs humanas.

Materiales y métodos: Se obtuvieron secuencias de péptidos de *Toxoplasma* que previamente fueron reportados como inductores de IFN- γ en PBMCs humanas desde la base de datos IEDB. Para el alineamiento de las secuencias y para la búsqueda de aminoácidos conservados y sus frecuencias se utilizaron los servidores MUSCLE y WebLogo. ToxoDB y la herramienta "Protein Motif Pattern" se usaron para encontrar proteínas con un patrón específico de búsqueda. El servidor NetMHCcons 1.0 se utilizó para generar péptidos de 9 residuos con alta afinidad por el haplotipo HLA-A*02 y por último se utilizó MAPP para predecir corte por proteosoma. Para medir la inducción de IFN- γ estimulada por los péptidos seleccionados se utilizó ELISPOT con PBMCs humanas HLA-A*02.

Resultados: Se encontraron 65 genes de los cuales se seleccionaron 9 proteínas para predecir péptidos. Se observaron residuos hidrofóbicos y alifáticos conservados en posiciones 2 y 9 y particularmente en la posición 6 de cada epítomo. Los péptidos de 9 residuos seleccionados presentaron afinidades de 2 a 21 nM los cuales fueron probados por ELISPOT. Se encontraron 4 péptidos que inducen niveles elevados de IFN- γ en un rango desde 252 a 1.763 SFC/1e6.

Conclusiones: Estos resultados sugieren que nuestra estrategia racional de búsqueda de epítomos inmunogénicos podría ser utilizada para la selección de péptidos candidatos para una vacuna contra la toxoplasmosis.

260. Análisis bioinformático del dominio reductasa similar a óxido nítrico sintetasa de *Toxoplasma gondii*

Alcibiades Aranda Hoyos, Jhoan Fitzgerald Ortiz, Mishelle Salas Rivadeneira, Diego Mauricio Moncada Giraldo, Jorge Enrique Gómez Marín.
Universidad del Quindío. Armenia, Colombia.
mishelalasalas@gmail.com

Introducción: El óxido nítrico actúa como segundo mensajero ya que participa en una amplia gama de mecanismos celulares y sistémicos. Se ha encontrado una proteína similar a NOS de *Toxoplasma gondii* que se expresa principalmente en ooquistes. Se desconoce su estructura y función en el

parásito, ya que su secuencia difiere de las secuencias canónicas de las demás óxido nítrico sintetasa convirtiéndose en una proteína de interés para realizar estudios de funcionalidad o como blanco terapéutico.

Materiales y métodos: Se obtuvo un modelo de la proteína código de acceso ToxoDB: TGGT1_209585. Se realizó predicción de la estructura secundaria en el servidor Profunc y la estructura terciaria en el servidor QUARK. Los dominios conservados se predijeron en la herramienta Prosite, la visualización del modelo se ejecutó en el programa CHIMERA 1.9 y la calidad del modelo se evaluó en PROCHECK.

Resultados: Se usó como secuencia pregunta los 81 aminoácidos de la secuencia genómica y se encontró homología con el dominio reductasa código P560001 en Prosite. El dominio en la NOS de *Toxoplasma* se encuentra en las posiciones 28 a 35. El modelo tuvo un QMEAN de 0,575 y el 90% de los aminoácidos se encuentran en regiones favorables, con dos alfa hélices en su estructura y teniendo como ortólogo estructural las NOS bovina código 3NLF.

Conclusiones: En este trabajo se describe por primera vez un dominio reductasa de óxido nítrico sintetasa de *Toxoplasma gondii*. La descripción de este dominio es el primer paso para entender la actividad de la NOS en el contexto celular del parásito.

261. Evaluación de secuencias parciales de las regiones ITS 1 y 2 como marcadores moleculares para *Toxoplasma gondii*

Katherine Chacón Vargas, Natalia Rivera Rincoón, Jhon Alejandro Acosta Dávila, Jorge Enrique Gomez Marín.
Universidad del Quindío. Armenia, Colombia.
kchaconv@uqvirtual.edu.co

Introducción: *Toxoplasma gondii* es un parásito zoonótico de distribución global, considerado como una especie clonal. Los estudios para caracterizar la especie se han basado en su mayoría en RFLP diferenciando tres linajes predominantes, tipo I, II y III, sin embargo su alta similaridad hace que estos marcadores sean de poca resolución. El progreso en la genotipificación de la especie requiere utilizar marcadores moleculares adicionales que puedan abordar de mejor manera la variación que presentan los aislados. Los marcadores más utilizados actualmente son los microsatélites y SNPs dadas sus características de mutación y versatilidad, sin embargo las regiones no codificantes espaciadoras internas de genes ribosomales (ITS) no se han evaluado en *Toxoplasma*. Estas tienen la ventaja de la ausencia de presiones de selección. El propósito de este estudio fue evaluar el ITS1 y 2 del ARNr como marcador molecular de alta resolución en cepas representativas de *Toxoplasma*: ME49, GT1, VEG.

Materiales y métodos: Se usaron secuencias parciales de los ITS y el ribosomal bajadas de ToxoDB y NCBI, estas secuencias fueron alineadas por ClustalW, luego se importaron a MEGA 6v y al programa TNT respectivamente. Para los ITS los árboles se construyeron por el método de Maximun likelihood, con modelo para el cálculo de distancias pareadas PWD (p-distancia); para el ribosomal se utilizó una matriz de distancias por Neighbor-Joining, con modelo Jukes y Cantor, y bootstrap de 1000 para ambos casos.

Resultados: En el ITS la separación entre ME49 y GT1 y VEG fue muy marcada, mientras que hay una agrupación entre GT1 y VEG. La separación entre los linajes muestra que los ITS tienen una buena resolución para la genotipificación de la especie.

Conclusiones: Se hace necesario trabajar con las secuencias completas que brinden mayor información para identificar diferencias más informativas entre los aislados.

MICOBACTERIAS 3 - PRESENTACIONES ORALES

262. Detección de resistencia cruzada a isoniazida y etionamida en *Mycobacterium tuberculosis* multifármaco-resistente (MTB-MDR).

Johana Rueda Flórez, Teresa Realpe Quintero, Gloria Isabel Mejía, Jaime Alberto Robledo Restrepo.
Corporación para Investigaciones Biológicas. Medellín, Colombia.
jrueda@cib.org.co

Introducción: Se ha observado resistencia a etionamida (ETH) en aislamientos clínicos de *Mycobacterium tuberculosis* multifármaco-resistente (MTB-MDR). Es importante determinar si la resistencia a isoniazida (INH) y ETH son eventos independientes o cruzados; lo anterior podría llevar a reevaluar los criterios de administración de ETH en pacientes con MTB-MDR.

Materiales y métodos: Se amplificaron y secuenciaron los genes katG, ndh, ethA, ethR, mshA, inhA y el promotor inhA en 30 aislamientos clínicos de MTB-MDR resistentes a ETH. Se determinó la susceptibilidad a bajas y altas concentraciones de INH y ETH utilizando el equipo BACTEC™ MGIT™ 960®. Se utilizó el kit comercial Genotype® MTBDRplus para evaluar la presencia de mutaciones en el gen katG y en el promotor inhA.

Resultados: El 100% de los aislamientos de MTB-MDR resistentes a ETH fueron resistentes a INH por mutaciones en los genes katG y/o ndh. La concentración inhibitoria mínima (CIM) de INH para todos los aislamientos, excepto para uno fue alta (>0.5 µg/ml). El 93% de los aislamientos fueron resistentes a ETH por mutaciones en los genes ethA y/o mshA, de los cuales el 70% tenía alta CIM de ETH (≥ 25 µg/ml). Se observó resistencia cruzada en el 43% de los aislamientos debido a la presencia de mutaciones en el gen inhA y/o promotor inhA. La concordancia entre los pruebas de susceptibilidad a INH y ETH y la secuenciación fue de 1, mientras que la concordancia entre los resultados de secuenciación y Genotype® fue de 0.77.

Conclusiones: La alta frecuencia de resistencia cruzada con INH sugiere la necesidad de confirmar la sensibilidad a ETH antes de considerarla para el tratamiento de pacientes con MTB-MDR. El Genotype® MTBDRplus puede usarse como una prueba de tamizaje adicional para la detección de resistencia cruzada a ETH en aislamientos con resistencia a INH.

263. Prevalencia de coresistencia Isoniazida - Etionamida en una cohorte de pacientes con tuberculosis multidrogorresistente y resistente a Isoniazida en Colombia 2012 - 2013.

Diego Alberto Molina Ramirez, Claudia Regina Llerena Polo, Raquel del Pilar Medina Vallejo, Sandra Marina Ariza, Martha Murcia Aranguren.
Universidad Nacional de Colombia, Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia. damolinar@unal.edu.co

Introducción: determinar la prevalencia de coresistencia a Isoniazida - Etionamida mediada por mutaciones en el gen inhA en cepas de *Mycobacterium tuberculosis* multidrogorresistente y resistente a isoniazida en Colombia durante el periodo comprendido entre Enero de 2012 a Mayo de 2013

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo de cohorte transversal, tomando las cepas ya cultivadas con expresión de multidrogorresistencia y resistencia a isoniazida, realizando repiques en medio de cultivo sólido (Lowestein Jensen) con etionamida a concentraciones estandarizadas (20 y 30 µg/ml). Se valoró la expresión del gen inhA (responsable de la resistencia cruzada Isoniazida - etionamida) mediante técnicas de biología molecular (GenoType®MTBDR plus). Se revisó la ficha de notificación epidemiológica para las características clínicas básicas. Se determinaron las medidas de concordancia entre pruebas de sensibilidad moleculares y fenotípicas a etionamida

Resultados: se reporta una prevalencia del 8,6% para coresistencia isoniazida etionamida en las cepas analizadas dada por la expresión de mutaciones en el gen inhA, se encontró un índice de Kappa del 0,6 entre la presencia del gen inhA y la resistencia a etionamida, la mutación asociada es la C15T

Conclusiones: la prevalencia encontrada sugiere que la etionamida es un medicamento antituberculoso útil en el país en los esquemas de multidrogorresistencia

264. Análisis comparativo del genoma de 6 aislamientos clínicos de *Mycobacterium tuberculosis* con fármacorresistencia múltiple

Juan Sebastian Solano Solano Gutierrez, Hector Alejandro Rodríguez, François, Rouzaud, Jaime Robledo.
Corporación para Investigaciones Biológicas-CIB, Medellín, Colombia. juanssolano2@gmail.com

Introducción: a pesar de numerosos esfuerzos al nivel mundial, la tuberculosis sigue siendo uno de los principales problemas de salud pública. Para mejorar las estrategias de control se necesita desarrollar el conocimiento de la biología del patógeno. La genómica comparativa puede suministrar información en la caracterización de la secuencia nucleotídica de *Mycobacterium tuberculosis* (MTB), siendo útil para aportar conocimiento de genes esenciales en la supervivencia del patógeno y para establecer secuencias que sirvan como marcadores moleculares en el seguimiento de la transmisión de un aislamiento. El objetivo de este estudio fue realizar el análisis comparativo del genoma de 6 aislamientos clínicos de MTB.

Materiales y métodos: se realizó secuenciamiento con tecnología Illumina de 6 genomas de aislamientos de MTB farmacoresistentes. Los datos de las secuencias fueron corregidos con Quake y ensamblados con SOAPdenovo. Se finalizó la reconstrucción del genoma con el software ABACAS y se anotó con el programa RATT. Por último, para la comparación de los genomas se realizó un alineamiento múltiple con el programa MAUVE.

Resultados: Se ensamblaron genomas por encima de los 4,4 mega pares de bases con deleciones particulares del elemento de inserción IS6110 en cada uno de los 6 aislamientos. Además, en tres aislamientos se evidenció la deleción de los genes RV2271 a RV2279 conteniendo genes que codifican para proteínas hipotéticas, un sistema toxina-antitoxina *mazf8* y el citocromo *cyp121*.

Conclusiones: La metodología establecida servirá para el desarrollo de futuros estudios de genomas ya que fue eficiente en el ensamblaje y comparación del genoma de los 6 aislamientos de MTB, encontrado deleciones particulares de IS6110 en cada aislamiento y aportando evidencia de la no esencialidad del gen *cyp121* en MTB.

265. Prevalencia de la resistencia a fármacos de segunda línea en pacientes con tuberculosis farmacoresistente en Colombia 2012 - 2013.

Claudia Llerena Polo.

Instituto Nacional de Salud, Bogotá, Colombia. cllarena@ins.gov.co

Introducción: La Organización Mundial de la Salud notificó para el año 2012 6,1 millones de personas enfermas de TB; 1,1 millones se presentaron en personas con TB/VIH de los cuales 320.000 murieron por esta causa y 450.000 casos fueron tuberculosis multirresistente. La presencia de resistencia a los medicamentos antituberculosos dificulta las acciones de los programas de control nacionales, por tal motivo es importante que los países trabajen en realizar una vigilancia rutinaria de la resistencia a fármacos antituberculosos, que permita una detección oportuna de los casos. El objetivo fue determinar la prevalencia de la resistencia de *M. tuberculosis* a los fármacos antituberculosos de segunda línea kanamicina, amikacina, capreomicina y ofloxacina en una cohorte de pacientes con tuberculosis farmacoresistente en Colombia durante los años 2012 a 2013.

Materiales y métodos: Estudio descriptivo de corte transversal, incluyó 484 aislamientos de *M. tuberculosis* de casos diagnosticados con resistencia a isoniazida y/o rifampicina, fueron evaluados los fármacos kanamicina, amikacina, capreomicina y ofloxacina por la técnica Bactec MGIT 960®, se calculó el porcentaje de resistencia en casos y nuevos previamente tratados para cada uno de los fármacos evaluados y la resistencia global en cada grupo.

Resultados: De los 484 aislamientos, 436 fueron casos nuevos, de éstos el 89,9% fue sensible a los fármacos evaluados, la resistencia global fue de 10,1%; 45 pacientes previamente tratados, de los cuales 55,6% era sensible. La resistencia global fue 44,4%

Conclusiones: Estos datos permiten considerar que la presencia de resistencia a los medicamentos de segunda línea en casos nuevos no es un problema de salud pública, mientras que en los casos previamente tratados se evidencia una mayor resistencia, dificultando la selección de un esquema de tratamiento adecuado.

VIROLOGÍA 3 - PRESENTACIONES ORALES

266. Evaluación de la descarga viral de VHS-1, VHS-2, CMV y VEB en la saliva de los pacientes de la Unidad de Trasplante de Precusores Hematopoyéticos de la Fundación Hospital de la Misericordia.

Sonia del Pilar Bohórquez Ávila, Juliana Díaz Osorio, Claudia Milena Rincón Bermúdez, Flor Marcela Estupiñán Peñalosa, Mauricio Chaparro Alzogaray, Ana María Low Calle, Jaime Eduardo Castellanos Parra.

Facultad de Odontología, Universidad Nacional de Colombia. Bogotá, Colombia. spbohorqueza@unal.edu.co

Introducción: El trasplante de precursores hematopoyéticos (TPH) requiere un régimen de acondicionamiento que predispone al desarrollo de complicaciones infecciosas en el receptor. Las infecciones por virus de la familia herpesviridae como herpes simple 1 (VHS-1), herpes simple 2 (VHS-2), Citomegalovirus (CMV) y Epstein-Barr (VEB), son causa importante de morbimortalidad en estos pacientes. Estos virus se caracterizan por el establecimiento de latencia y la reactivación de las infecciones latentes puede generar

descargas virales asintomáticas, detectadas en saliva. La detección de estas descargas permite reconocer el comportamiento de estas infecciones virales en pacientes trasplantados y puede contribuir en el diagnóstico temprano de la reactivación. Objetivo: Evaluar el comportamiento de la descarga viral de VHS-1, VHS-2, CMV y VEB en la saliva de los pacientes que ingresaron a la Unidad de TPH de la Fundación HOMI entre enero y noviembre de 2012 y correlacionar esta descarga con el tipo de trasplante y el recuento leucocitario.

Materiales y métodos: Se evaluaron mediante PCR convencional, muestras de saliva estimulada de 17 pacientes, tomadas semanalmente, para establecer la presencia de ADN de VHS-1, VHS-2, CMV y VEB. Se recolectaron datos del tipo de trasplante y del recuento leucocitario semanalmente.

Resultados: Se detectó ADN de VHS-2 en la saliva de 4 pacientes; ADN de CMV en 4 pacientes y de VEB en 9 pacientes. Un paciente presentó descarga de los tres virus, cuatro pacientes descarga de CMV y VEB y un paciente fue positivo para VHS-2 y VEB. No se detectó ADN de VHS-1. De los 10 pacientes con descargas virales positivas, 8 recibieron trasplante alogénico y en estos 10 pacientes los recuentos leucocitarios estuvieron por debajo de 4500 cel./uL.

Conclusiones: Mediante PCR convencional se demostró descarga asintomática en saliva de VHS-2, CMV y VEB, asociada al trasplante alogénico y a recuentos leucocitarios bajos

267. Caso de polio post vacunal en Colombia, 2013.

Amparo Liliana Sabogal Apolinar, José Orlando Castillo Pabón, Dioselina Peláez Carvajal

Instituto Nacional de Salud, Bogotá, Colombia. asabogal@ins.gov.co

Introducción: En 1994 la Comisión Internacional para la Certificación de la Erradicación de la Poliomielitis declaró las Américas libre de polio; en 1991 se presentó el último brote de poliovirus salvaje en Colombia en el municipio de Arjona (Bolívar); desde 1994 y hasta 2013 fueron reportados 4 casos de poliomielitis paralítica asociada a la vacuna. El último fue notificado en el año 2013 procedente de Montería (Córdoba).

Materiales y métodos: Estudio descriptivo de caso con los datos obtenidos de la historia clínica, investigación de campo, carnet de vacunación, paraclínicos y valoraciones neurológicas practicadas al paciente.

Resultados: Lactante de 4 meses de edad con cuadro de disminución de la movilidad en los miembros inferiores, fiebre subjetiva, irritabilidad, rinorrea, tos. Antecedente de vacunación con segunda dosis de vacuna oral de polio 15 días antes. Menor con hipotonía e hiporreflexia de predominio en miembros inferiores. Electromiografía anormal compatible con una lesión del plexo lumbar a nivel preganglionar agudo de carácter severo o una lesión a nivel radicular anterior desde L3 hasta S1 o medular anterior; neuroconducciones motoras y sensitivas de miembros inferiores y superiores con bloqueo de la conducción nerviosa motora en el miembro inferior izquierdo nervios tibial y peroneo izquierdo. TAC normal y LCR con glucosa baja, proteínas alta y mononucleares 89%, sin bacterias. El análisis de identificación intratípica de poliovirus por rRT-PCR realizado en el laboratorio de virología del INS fue poliovirus tipo 3 Sabin-like (100% vacunal). Las valoraciones de 30 y 60 días posteriores a la parálisis reportan secuelas grado 2 en miembro inferior izquierdo y leve en el derecho.

Conclusiones: Se confirma un nuevo caso de polio post-vacunal luego de 11 años del último reportado en Bogotá, Colombia. Cumple con criterios de clasificación de un caso asociado a la vacuna oral de polio, la cual es capaz de ocasionar enfermedad paralítica en uno de cada 5,9 millones de dosis aplicadas para la segunda dosis. La circulación activa de virus salvaje de polio en otras regiones del mundo y la futura política de cambiar la vacuna atenuada por la inactivada y exige intensificar la vigilancia de casos de parálisis flácida en el país.

MEDICINA TROPICAL 3 - PRESENTACIONES ORALES

268. Primera detección molecular de *Anaplasma phagocytophilum* y *Ehrlichia chaffeensis* en garrapatas de Córdoba, Colombia.

Jorge Luis Miranda Regino, Salim Mattar Velilla, Germán Arrieta Bernate, Alfonso Rodríguez Morales

Universidad de Córdoba. Montería, Colombia.

jorgemire@hotmail.com

Introducción: La anaplasmosis granulocítica (AGH) producida por *Anaplasma phagocytophilum* y la ehrlichiosis monocítica humana (EMH) por *Ehrlichia chaffeensis*, son transmitidas por garrapatas frecuentes animales

domésticos. Tienen una clínica similar y en las pruebas de laboratorio, la trombocitopenia aparece en un 91%, leucopenia 73% y es frecuente el incremento de las transaminasas. En Colombia, no hay casos confirmados por PCR de anaplasmosis ni ehrlichiosis en humanos. El objetivo de este estudio fue el de detectar la presencia de *Ehrlichia sp.* y *Anaplasma sp.* en garrapatas de equinos, caninos y bovinos en municipios de Córdoba.

Materiales y métodos: Estudio descriptivo (2011-2013), se capturaron garrapatas de bovinos, equinos y caninos en siete municipios de Córdoba (Montería, Planeta Rica, Los Córdoba, Ciénaga de Oro, Sahagún, Carrizal y Pelayito). Los vectores se identificaron hasta especie y fueron agrupados (332 grupos). Para la detección molecular, se utilizaron los iniciadores: GE2: F (5-GTTAGTGGGAGACGGGTGAGT-3) y HE3: R (5-TATAGGTACCGT-CATTATCTCCCTAT-3), que amplifican un fragmento gen 16s rRNA de la familia *Anaplasmataceae*. Los productos amplificados fueron secuenciados y analizados (BLAST) para determinar la especie.

Resultados: Se recolectaron 1.105 garrapatas: 679 (61,5%) *Rhipicephalus microplus* de 226 bovinos, 353 (32%) *Rhipicephalus sanguineus* de 87 caninos y 73 (6,6%) *Dermacentor nitens* de 19 equinos. De los 332 grupos analizados por PCR, 1 de la especie *D. nitens* de equinos resultó positivo para *Anaplasma sp.*, el análisis de la secuencia mostró una identidad del 99% con *A. phagocytophilum* (Genbank; GU111741). Otro grupo de garrapatas de bovinos se detectó *Ehrlichia* y su secuencia mostró una identidad del 100% con *E. chaffeensis* (Genbank TN074500).

Conclusiones: Este es el primer estudio que demuestra en la presencia de *E. chaffeensis* y *A. phagocytophilum* en Colombia. Existe un riesgo potencial de transmisión a humanos y es necesario establecer una vigilancia epidemiológica para estos agentes.

269. Primera detección molecular de *Coxiella burnetii* en bovinos y seroprevalencia en trabajadores rurales de Montería, Córdoba, Colombia.

Verónica Contreras, Marco González, Jaime Álvarez, Oscar Vergara, José A. Oteo, Salim Mättar.

Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico, IIBT. Universidad de Córdoba. Montería, Colombia. verocontreras.helios@gmail.com

Introducción: Los rumiantes domésticos son los principales reservorios de *C. burnetii*, causante de fiebre Q en humanos, la cual es una zoonosis no notificable y subdiagnosticada debido a su presentación clínica variable. En Colombia se han reportado algunos casos humanos pero no hay estudios previos en rumiantes domésticos. El objetivo fue detectar *C. burnetii* en bovinos y establecer la seroprevalencia en trabajadores de rurales de Montería, Córdoba.

Materiales y métodos: Entre 2011 y 2013, se estudiaron 19 fincas ganaderas de Montería. Se colectaron muestras de leche y 336 hisopados vaginales de bovinos, las cuales se analizaron por PCR para detectar un fragmento del gen transposasa (IS1111) de *C. burnetii*. Las muestras positivas fueron secuenciadas. De otro lado, se analizaron 144 sueros de trabajadores rurales y residentes de las fincas estudiadas. Mediante inmunofluorescencia indirecta se detectaron anticuerpos IgG en fase II. Se colectaron datos epidemiológicos y un consentimiento informado de los participantes, y datos de las características de las fincas, los cuales se analizaron por el test de χ^2 .

Resultados: El 37% (7/19) de las fincas tenían al menos un animal infectado o una muestra de leche con ADN de *C. burnetii*. El 2,67% de las leches y el 0,89% (3/336) de los hisopados vaginales fueron positivos por PCR. Las secuencias obtenidas fueron sometidas al Genbank. De otro lado, el 50% de las personas estudiadas presentaron anticuerpos contra la bacteria (IgG Fase II $\geq 1/64$). Se encontró dependencia entre la frecuencia de anticuerpos con el tipo de contacto con bovinos, actividades anteriores en otras fincas y dolor de cabeza reciente ($p \leq 0,05$). No se encontró relación entre las características de las fincas y la frecuencia de infección en las mismas.

Conclusiones: Este es el primer estudio en Colombia que detectó la presencia de *C. burnetii* en bovinos. La presencia de ADN de *Coxiella* en leches y la alta prevalencia en trabajadores de las fincas estudiadas, podría convertirse en un problema de salud pública.

PARASITOLOGÍA 3 - PRESENTACIONES ORALES

270. Estandarización de una PCR en tiempo real para la detección de *Strongyloides stercoralis* en muestras de materia fecal.

Laura Campo Polanco, Humberto Zapata, Ana María Ricón, Mauricio Hernández, Luz Elena Botero, Lina Gutiérrez.

Grupo de Investigación Biología de Sistemas, Facultad de Medicina, Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín, Colombia.

laura.campolanco@gmail.com

Introducción: el diagnóstico de *Strongyloides stercoralis* se realiza de manera rutinaria en los laboratorios clínicos; sin embargo, su detección se dificulta debido a baja excreción parasitaria, tendencia a la cronicidad de la infección y baja sensibilidad de las pruebas parasitológicas empleadas. El objetivo fue estandarizar una PCR en tiempo real (qPCR) para la detección de *Strongyloides stercoralis* en muestras de materia fecal.

Materiales y métodos: Se evaluó la especificidad analítica mediante análisis BLASTn de secuencias obtenidas de muestras positivas para *S. stercoralis*. La sensibilidad analítica se determinó mediante diluciones seriadas de muestras que contenían larvas de *S. stercoralis* obtenidas por cultivo en placa de agar; además se valoró la ocurrencia de posibles reacciones cruzadas con otros parásitos. Se incluyó control positivo interno de Applied Biosystems® para evaluar presencia de posibles inhibidores en las muestras.

Resultados: se optimizó la amplificación mediante qPCR de un fragmento de 101 pb del gen 18s del rRNA. El valor de Ct obtenido para muestras positivas osciló entre 23-29, estableciéndose un Ct ≤ 35 como punto de corte. El análisis BLASTn a partir de las secuencias obtenidas mostró un porcentaje de identidad de 98% con secuencias 18s rRNA de *S. stercoralis* reportadas en el NCBI. El límite inferior de detección de esta qPCR es de 0,9 ng/ul. Se comprobó la ausencia de reacciones cruzadas con *Ascaris lumbricoides*, *Trichuris trichiura*, *Ancylostoma duodenale/Necator americanus*, *Hymenolepis nana*, *Entamoeba histolytica/E. dispar*, *Entamoeba hartmanni*, *Giardia intestinalis* e *Iodamoeba bütschlii*. No se detectaron inhibidores en las muestras de materia fecal.

Conclusiones: la qPCR optimizada es específica para la detección de *S. stercoralis*; sin embargo, aún no es posible interpretar la utilidad clínica. El proceso de validación de esta qPCR se realizará en tres grupos de participantes con diferentes condiciones epidemiológicas para la estrongiloidiasis

271. Papel de la proteína disulfuro isomerasa en el proceso de invasión de *Toxoplasma gondii*

Mónica Gómez Yepes, Andrea Correa Holguín, Alejandro Hernández de los Ríos, Jorge Andrés Cuellar Gil, Alejandro Acosta, Jorge Enrique Gómez Marín.

Universidad del Quindío, Armenia, Colombia.

mgomez@uqvirtual.edu.co

Introducción: La proteína disulfuro isomerasa (PDI) es una de las proteínas de *Toxoplasma gondii* aparentemente involucradas en la fase inicial de la invasión de la célula huésped. En *T. gondii* la proteína PDI fue identificado como el principal antígeno reconocido por los anticuerpos de IgA en las lágrimas humanas. En *Neospora caninum* se identificó como implicados en la interacción con la célula huésped. El objetivo de este estudio fue identificar si la proteína disulfuro isomerasa (PDI) promueve la invasión de *Toxoplasma gondii* en las células gliales de retina humana de Müller.

Materiales y métodos: se realizó extracción de ARN de *Toxoplasma gondii*. Los transcritos del parásito *T. gondii* se amplificaron por RT-PCR, los cuales fueron aislados y clonados en *Escherichia coli* para obtener proteína recombinante de disulfuro isomerasa (rPDI). Las células de Müller (retina humana) fueron infectadas con taquizoitos de *T. gondii* de la cepa RH y sincronizados en fase G1 con amonio pirrolidina-ditiocarbamato (PDTTC). El porcentaje de invasión se determinó por citometría de flujo y el número de vacuolas por célula se determinó por microscopía de fluorescencia, en cultivos infectados con o sin rPDI.

Resultados: se clonó y se purificó la rPDI en una concentración de 120 $\mu\text{g/ml}$. Se identificó un mayor número de vacuolas parasitóforas por célula cuando los parásitos fueron tratados con 50 $\mu\text{g/ml}$ de rPDI, mostrando 50 vacuolas más en comparación con el grupo control ($p < 0,001$). El porcentaje de invasión luego de una hora de infección fue de 8,4% en cultivos infectados con rPDI, mientras que en cultivos sin la rPDI fue 4,3%.

Conclusiones: PDI recombinante facilita la invasión de *T. gondii* en las células de Müller cuando se añade a un cultivo celular en una concentración de 50 $\mu\text{g/ml}$.

272. Factores asociados a la malaria complicada en Colombia.

Sandra Martínez, Elizabeth Borrero, Beatriz Porras, Jesica Ramírez, Angelica Cendales.

Fundación Santa Fe de Bogotá. Bogotá, Colombia.

sanmartinez@fsfb.org.co

Introducción: A pesar de que existe una tendencia en la disminución del número de defunciones por malaria, el país ha presentado un aumento en la incidencia de las complicaciones pasando de 14.68 por 1.000 en 2012 a 21.19 por 1.000 en 2013.

Objetivo: Identificar los factores asociados a la malaria con criterios de complicación en tres municipios de Colombia.

Materiales y métodos: Se llevó a cabo un estudio de casos y controles retrospectivo relación 1:2, para identificar los factores asociados a la complicación de la malaria. Se definió como caso de malaria complicada aquellos pacientes que cumplieran con los criterios de complicación de la Guía Nacional para la atención clínica integral del paciente con malaria, adicionando como criterio transaminasas por encima de 80 UI/L. Se definió como control todo paciente sin criterios de complicación diagnosticado por gata gruesa o cualquier otra prueba diagnóstica de laboratorio. La información se recolectó en Tumaco, Buenaventura y Cali entre 2009 a 2013. Se recolectó información sobre examen físico al ingreso de la institución de salud, anamnesis, paraclínicos al ingreso y durante la estancia hospitalaria, revisión por sistemas, medicamentos, seguimiento, complicaciones, remisiones. Se utilizó la regresión logística condicional para calcular las razones de disparidad con sus respectivos intervalos de confianza al 95%, controlando por factores de confusión y analizando posibles interacciones entre las variables.

Resultados: En el análisis bivariado se identificaron como factor de riesgo venir remitido de otra institución de salud, presentar escalofríos, la presencia de coluria, ictericia y trombocitopenia menor de 100.000 plaquetas/mm³. En el análisis multivariado continuaron como factores de riesgo la presencia de escalofríos OR: 7,24, ictericia OR: 4,86 y trombocitopenia menor de 100.000 plaquetas/mm³ OR: 5,95.

Conclusiones: Las variables que se asociaron a la complicación fueron la presencia de escalofríos, ictericia y trombocitopenia menor de 100.000 plaquetas/mm³

MICROBIOLOGÍA 3 - PRESENTACIONES ORALES

273. Vigilancia nacional por laboratorio de la tos ferina en Colombia 2011-2013.

Efraín Andrés Montilla Escudero, Fabiola Rojas Baquero, Andrea Patricia Villalobos Rodríguez.
Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia. frojas@ins.gov.co

Introducción: A nivel mundial se observa una reemergencia de la tos ferina, debido entre otras causas a una disminución de la inmunidad a una mejor vigilancia epidemiológica y técnicas diagnósticas. El objetivo es determinar la frecuencia de casos confirmados por el laboratorio con las técnicas de inmunofluorescencia directa (IFD) y PCR, a partir de muestras nasofaríngeas.

Materiales y métodos: Análisis descriptivo y retrospectivo de los registros de las bases de datos del SIVIGILA y del consolidado de las muestras procesadas por IFD y PCR (IS481, IS1001 y ptxS1) para tos ferina, procedentes de las 36 entidades territoriales entre 2011-2013.

Resultados: En 2011, 2012 y 2013 se notificaron 3.574, 11.332 y 13.278 casos, de los cuales tuvieron un resultado positivo 714 (20%), 1904 (17%) y 1365 (10%) respectivamente, el número de muestras positivas y procesadas con las dos técnicas fueron 197 (28%), 683 (36%) y 321 (24%), donde la PCR obtuvo el mayor rendimiento con un 53%, 58% y 59% en cada año, respectivamente. Los departamentos que aportaron el mayor número de casos confirmados fueron Bogotá y Antioquia entre el 51-76%. Del total de registros por el laboratorio encontrados en el SIVIGILA la cobertura diagnóstica fue del 74 al 83% cubiertos por los Laboratorios de Bogotá, Nariño, Antioquia, Cundinamarca y el Instituto Nacional de Salud.

Conclusiones: En el 2013 se observó un incremento en los casos notificados y en 2012 el mayor número de muestras positivas, siendo Bogotá y Antioquia los que más confirmaron. Se observó una baja correlación de muestras positivas entre las dos técnicas de diagnóstico, siendo la PCR la que más confirmó casos. El mayor el número de muestras procesadas está centralizado en 5 laboratorios, sin embargo existe un porcentaje en el cual se desconoce tanto los laboratorios que realizan éste diagnóstico como las técnicas utilizadas. El mejoramiento de la vigilancia, cambio en la definición de caso, el comportamiento cíclico de la bacteria y el uso de la PCR influyeron en el aumento de la notificación de casos en el periodo analizado.

TRABAJOS COMPLETOS - PRESENTACIÓN EN POSTER

274. Detección de bacterias enteropatógenas, por reacción en cadena de la polimerasa, en niños menores de cinco años con enfermedad diarreica aguda. Unidad Vida Infantil, Turbo-Antioquia. 2012-2013.

Yenny Patricia Gonzalez Sánchez, Jorge Eliecer Botero, María Isabel Lalinde Angel, Harold Eduardo Durango Galván.
Universidad de Antioquia. Medellín, Antioquia.
yennygonzalez20@hotmail.com

Introducción: La enfermedad diarreica aguda (EDA) es la segunda causa de muerte y una de las principales causas de malnutrición en niños menores de cinco años en el mundo; la de origen infeccioso es frecuente en países en desarrollo y se asocia a bajos niveles de saneamiento e higiene personal. El objetivo fue identificar los microorganismos causantes de EDA por métodos convencionales y PCR, a partir de muestras de materia fecal, en menores de cinco años que consultaron a la Unidad Vida Infantil de Turbo-Antioquia, durante el periodo 2012-2013.

Materiales y métodos: Estudio de corte transversal con enfoque analítico por comparación de dos grupos de niños menores de 5 años (EDA vs Sanos). Se aplicó encuesta epidemiológica y clínica. En las muestras de materia fecal se realizó Gram modificado, Ziehl-Neelsen modificado, coprograma, detección de Rotavirus y Adenovirus, cultivo en medios bacteriológicos convencionales y reacción en cadena de la polimerasa-PCR para *Salmonella spp*, *Shigella spp*, *Yersinia spp*, *Vibrio spp*, *Aeromonas spp* y *Plesiomonas spp*.

Resultados: El estudio incluyó 106 niños con EDA y 94 sanos. La edad promedio fue de 18 meses (rango: 4-59 meses). En niños con EDA se encontraron bacterias enteropatógenas en el 24,5% vs 3,2% en los niños sanos (p= 0,000). Por métodos convencionales se identificó en el grupo con EDA: *Campylobacter spp* en 13,2% y *Salmonella spp* en 1% y en el grupo sano *Campylobacter spp* en el 3,6%. A través de PCR se identificó en los niños con EDA: *Shigella spp* en 9,2%, *Salmonella spp* en 3,1%, *Plesiomonas shigelloides* en 3,1% y *Vibrio cholerae* en el 1%.

Conclusiones: La detección en materia fecal de bacterias enteropatógenas por métodos convencionales y PCR es una herramienta útil para el diagnóstico de EDA. La PCR es además un método rápido para el diagnóstico de la etiología bacteriana en EDA y que permite conocer la verdadera epidemiología de bacterias enteropatógenas en nuestro medio.

275. Expresión, actividad enzimática y modelamiento *in silico* de una fosfolipasa A2 de *Toxoplasma gondii*.

Diego Moncada-Giraldo, Aylan Arenas-Soto, Diego Molina-Lara, Mateo Murillo-León, Nestor Cardona, Jorge Enrique Gómez-Marín.
Grupo de Investigación GEPAMOL, Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío. Armenia, Colombia.
dmmoncadag@uqvirtual.edu.co

Introducción: describir la actividad fosfolipasa A2 de la proteína recombinante obtenida a partir de la secuencia TGGT1_273620 de *Toxoplasma gondii*

Materiales y métodos: se realizó un modelo *ab initio* con el servidor QUARK de la proteína y se amplificó el fragmento codificante con el estuche *SuperScriptTM III One-Step RT-PCR (INVITROGEN)*. La construcción del plásmido se llevó a cabo con el estuche *pEXP5-TOPO[®]TA Expression Kits*. Se usó *Escherichia coli* BL21 DE3 como vector de expresión. El ensayo de actividad enzimática se hizo con el estuche *sPLA2 Assay Kit* (CaymanChemical). Se realizaron ensayos de invasión añadiendo la proteína recombinante a células VERO infectadas con *Toxoplasma gondii*- GFP cepa RH a través de citometría de flujo.

Resultados: El modelo estructural obtuvo un valor QMEAN= 0,584. Se encontró la presencia de la diada catalítica H175 y D176. Se obtuvo una proteína recombinante con un peso molecular de ~20 kDa, a partir de la región codificante- 540 pb del gen TGGT1_273620. La secuenciación del plásmido utilizado para producir la proteína recombinante demostró homología de 100% con esta región. La proteína recombinante purificada tuvo actividad fosfolipasa A2 en el ensayo colorimétrico, con una velocidad de formación de producto Vmax=0,2992 y una Km=0,441. Los ensayos de invasión mostraron disminución de la invasión de taquizoítos a células con tratamientos exógenos de 8 y 4 µg/ml de proteína recombinante (inhibición competitiva).

Conclusiones: se identificó por primera vez la presencia de un dominio fosfolipasa a2 funcional con centro activo de histidina en *Toxoplasma gondii*. La actividad fosfolipasa podría intervenir en la fusión de membranas célula

hospedera-parásito y la producción de mediadores lipídicos como eicosanoides y lisofosfolípidos. Este trabajo es el paso inicial para un entendimiento biológico, bioquímico y estructural del mecanismo molecular por el cual participa esta enzima en el proceso de infección de este protozoario.

276. Utilidad de la presepsina como marcador de sepsis.

Tatiana Castaño, Sigifredo Ospina, Lina Echeverri, María Gabriela Becerra, Andrés Castillo, Luz Mary Arévalo.
Hospital Universitario de San Vicente Fundación, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. tjcs@sanvicentefundacion.com

Introducción: la presepsina (PSP) es un subtipo soluble de la glicoproteína CD14 que hace parte de la membrana de los leucocitos y está relacionada con el mecanismo de la proinflamación. Se ha propuesto como marcador de sepsis. Este trabajo tuvo como objetivo evaluar su desempeño frente a otros marcadores para esta condición clínica como la proteína C reactiva (PCR) y la procalcitonina (PCT).

Materiales y métodos: estudio descriptivo prospectivo en 60 pacientes con sepsis en un hospital de alta complejidad de Medellín. Al momento del diagnóstico se realizaron mediciones de PCR, PCT y PSP, y hemocultivos. La presepsina se repitió a las 24 y 72 horas.

Resultados: se encontraron valores aumentados de PSP y PCR en más del 95% de los pacientes y de PCT en el 65,5%. La mediana de PSP disminuyó a lo largo del tiempo, en relación con la mejoría de los pacientes. En los pacientes que no mejoraron o murieron se observaron niveles de PSP > 300 pg/ mL, con diferencia significativa frente a los que mejoraron. Todos los pacientes con hemocultivos positivos tenían valores aumentados de PCR y PSP y el 75% de PCT. Se encontraron valores de PSP más altos en los pacientes con hemocultivos positivos que en los negativos sin significancia estadística.

Conclusiones: los resultados, en concordancia con otros estudios realizados, sugieren que la presepsina junto con los hallazgos clínicos podría ser una ayuda útil en el diagnóstico y pronóstico de sepsis.

277. Caracterización epidemiológica y molecular de la infección por dengue en el municipio de Sincelejo (Sucre), 2014

Wilmer Villamil- Gómez, Julio Padilla-Rodríguez, Katheryn Urzola Romero, Alfredo Pacheco-Mercado y Efraín Suarez.
Programa de Medicina Tropical, Universidad de Cartagena, Universidad del Atlántico, Hospital Universitario de Sincelejo, Ministerio de Salud y Protección, Secretaría de Salud Departamental de Sucre, SAMESU. Sincelejo, Colombia. wvillamil07@gmail.com

Introducción: el espectro clínico en dengue varía desde infecciones asintomáticas hasta dengue grave. Se estima que sólo entre 20 y 25%, de las infecciones dengue, son registradas. Las encuestas serológicas permiten establecer con mucha precisión el estado inmunitario de una población que ha estado expuesta a un agente infeccioso en un lugar y tiempo determinado y establecer con exactitud la dispersión, la intensidad de la transmisión y el grado de subregistro en la notificación de casos en el sistema de vigilancia rutinarios. Los casos asintomáticos indican que existe una interacción del vector y el virus en un lugar definido y si hay un control inadecuado de individuos virémicos que son responsables de mantener el ciclo de transmisión y las condiciones de endemicidad. Se planteó como objetivo determinar la seroprevalencia y la caracterización molecular de la infección dengue en la población del municipio de Sincelejo (Sucre), 2014.

Materiales y métodos: se realizó un estudio descriptivo de corte transversal en el casco urbano del municipio de Sincelejo (Sucre) entre enero y febrero de 2014. Se estimó una muestra aleatoria representativa de 250 individuos de la zona urbana. Se utilizó un diseño polietápico por conglomerados y estratificado por edad. A los individuos incluidos en el estudio se les tomó una muestra de sangre para detección de anticuerpos IgM e IgG de captura. Los seropositivos se analizaron para detección de proteína viral NS1 y de ARN viral por RT-PCR. Simultáneamente, se aplicó un instrumento de recolección de las variables de persona, lugar y tiempo definidas y el formato de consentimiento informado. Los datos obtenidos de los participantes y los resultados de la serología se recopilaron en una base de datos para su procesamiento en Microsoft Excel® y los análisis estadísticos se realizaron con SPSS utilizando las medidas de frecuencias absolutas y relativas respectivas acordes al plan de análisis de la información y las pruebas estadísticas de tendencia central o dispersión para datos cuantitativos, análisis uni o bivariados respectivos y la aplicación de las pruebas de intervalos IC95%.

Resultados: La prevalencia general de infección dengue en Sincelejo fue de 428 por 1.000 habitantes y la frecuencia de infecciones recientes fue 228 por 1.000 habitantes (IC95% 219 - 232). Las infecciones antiguas registran una prevalencia de infección de 200 por 1.000 habitantes (IC95% 189 - 212), similar a la frecuencia de infecciones secundarias. Los grupos mayores de 60 años registraron mayor porcentaje de positividad a la IgM e IgG (17,2%). El 21,7% (55/253) de las muestras fueron IgM positivas. El 13,8% (n=35) fueron positivas para IgG de captura y todas fueron negativas para NS1. De las 56 muestras que fueron positivas en alguna de las serologías y que fueron procesadas para RT-PCR, se encontró ARN viral en 7 de ellas (12,5%). Los serotipos identificados fueron DENV-1 (n=4), DENV-2 (n=12) y DENV-4 (n=1). En una muestra se encontró co-infección (DENV-1 y DENV-2). De acuerdo con los resultados de pruebas serológicas y RT-PCR, el 21,7% fueron casos probables, el 2,7% casos confirmados, el 5,9% tenían infección reciente y el 59,2% fueron negativos. No se encontraron diferencias estadísticamente significativas entre infección por dengue y la edad o el sexo ($p=0,779$ y $p=0,413$).

Conclusiones: las infecciones asintomáticas son un gran problema, pues los individuos, están sirviendo de reservorios y amplificadores del virus, que en presencia del vector y población susceptible pueden causar grandes epidemias y mayor severidad por los antecedentes de infecciones con otros serotipos virales. De las siete muestras en las que se detectó ARN viral, la mayor parte correspondieron a DENV-1. De manera muy interesante se detectó una coinfección DENV-1 y DENV-2, lo cual hasta el momento no había sido reportado en Colombia.

278. Alteraciones de la tomografía cerebral en toxoplasmosis congénita: serie de casos en Quindío (Colombia), 2004-2014.

Carlos Fernando Moreno Rendón, Jorge Enrique Gómez Marín.
Grupo GEPAMOL, Centro de investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. cfmoreno96@hotmail.com

Introducción: Existen pocos estudios que analicen la imagenología cerebral en la toxoplasmosis congénita y en ocasiones se hacen diagnósticos presuntivos basados en las características de ellas, llevando a errores en tratamiento y falta de diagnóstico oportuno.

Materiales y métodos: Se analizaron las historias de 85 pacientes con diagnóstico confirmado de toxoplasmosis congénita que consultaron al centro de salud de la Universidad del Quindío, en el periodo comprendido desde el año 2004 hasta 2014. De ellos se seleccionaron los que tuvieron estudios de tomografía cerebral (TAC). Se analizó el tipo y frecuencia de lesiones y su localización.

Resultados: Se encontraron 25 pacientes con tomografía cerebral. En 19 (69,2%) hubo alguna alteración imagenológica. De ellos: 5 (26,3%) tuvieron calcificación aislada, uno (5,3%) hidrocefalia + otros hallazgos, 4 (21,1%) no presentaron calcificaciones ni hidrocefalia, pero sí otros hallazgos; 2 (10,5%) tenían calcificaciones + hidrocefalia; uno (5,3%) tenía calcificaciones + otros hallazgos diferentes a hidrocefalia y 6 (31,6%) presentaron calcificaciones + hidrocefalia + otros hallazgos. En un caso se encontró hidranencefalia (5,3%). En un paciente se presentaron calcificaciones exclusivamente periventriculares (5,3%). El tratamiento postnatal con pirimetamina-sulfadoxina se asoció con mejoría al año en la imagen cerebral en 4 pacientes (21,1%).

Conclusiones: Las lesiones más frecuentes fueron del tipo calcificaciones parenquimatosas difusas. El tratamiento postnatal con pirimetamina-sulfadoxina en 4 casos se asoció con reducción en tamaño de calcificaciones. Las calcificaciones periventriculares aisladas también se encuentran en toxoplasmosis congénita.

279. Infecciones oportunistas en pacientes con VIH en el hospital universitario de Neiva, Colombia. 2007-2012

Stefany Agudelo-Gonzalez, Felix Murcia-Sanchez, Johanna Osorio, Diego Salinas.
Universidad Surcolombiana, Unidad de Infectología. Hospital universitario Hernando Moncaleano Perdomo. Neiva, Colombia. stefyagudelo92@hotmail.com

Introducción: Las infecciones oportunistas (IO) son una complicación frecuente en los pacientes infectados por VIH en nuestro país. El objetivo de este trabajo fue describir el perfil sociodemográfico, clínico, paraclínico y microbiológico de los pacientes con VIH e IO en nuestro medio.

Materiales y métodos: Estudio observacional, descriptivo y retrospectivo en el Hospital Universitario Hernando Moncaleano Perdomo de Neiva durante

el periodo 2007-2012. Se recolectó la totalidad de historias clínicas de archivo de pacientes con VIH: 390 registros que fueron codificados y procesados en EPI info7 para analizar porcentaje y medidas de tendencia central. En 286 se cumplían con los criterios de inclusión: pacientes VIH/SIDA e infección oportunista, mayores de 18 años y no ser pacientes obstétricas.

Resultados: El promedio de edad fue de 38,6 años. El 72,7% correspondían al género masculino, el 76,5% tenían diagnóstico de VIH previo al ingreso y el 45,6% de ellos no tenía TARGA. Los motivos de consulta más frecuentes fueron: fiebre (58%), cefalea (38,46%) y tos (35,31%). Al ingreso, el 39% de los pacientes presentaban leucopenia, 11% neutrofilia, 39% anemia, 15% falla renal, 70% conteos de LTCD4 menores a 200 cell/mm³ y el 64% viremias mayores a 100.000 copias/mm³. Los diagnósticos de egreso más frecuentes fueron: toxoplasmosis cerebral (52%), candidiasis orofaríngea (25%) tuberculosis pulmonar (19%), neumocistosis (15%) y criptococosis meníngea (13,29%). Los principales microorganismos presentes: *Toxoplasma gondii* (40,9%), *Mycobacterium tuberculosis* (25,8%) y *Cryptococcus neoformans* (13,4%).

Conclusiones: La mayoría de pacientes incluidos en el estudio se encuentran en estadios avanzados y no recibían terapia antirretroviral cuando acudieron al servicio de urgencias. El principal motivo de consulta se debió por infecciones oportunistas, entre las cuales la más importante es la toxoplasmosis cerebral.

280. Ligandos del G-cuádruplex: potentes inhibidores de la actividad telomerasa y de la proliferación celular de *Plasmodium falciparum*

Eliana Patricia Calvo Tapiero.
Clínica Universitaria Colombia. Bogotá, Colombia.
epcalvot@unal.edu.co

Introducción: el ADN telomérico está compuesto por secuencias cortas ricas en guanina que se repiten una tras otra. La cadena rica en G se extiende hacia el extremo 3' formando un extremo protuberante o 3' *overhang* el cual se puede plegar y adquirir una conformación conocida como G-cuádruplex. Los ligandos que estabilizan esta conformación son potentes inhibidores de la actividad telomerasa. En ausencia de telomerasa, los telómeros se acortan luego de un determinado número de divisiones celulares, la célula entra en un estado de senescencia y finalmente muere. En presencia de actividad telomerasa los telómeros se mantienen y las células alcanzan un estado de replicación indefinida o inmortalización.

Materiales y métodos: En el presente estudio se analizó el efecto de dos ligandos del G-cuádruplex (TMPyP4 y Telomestatin) sobre la actividad telomerasa de *Plasmodium falciparum* y sobre la proliferación celular, dado que este parásito presenta una alta tasa de proliferación y una capacidad de replicación casi indefinida. El efecto de los ligandos sobre la actividad telomerasa, se evaluó mediante el ensayo de actividad o TRAP (*Telomere Repeat Amplification Protocol*) se realizó en presencia de concentraciones crecientes de cada uno de ellos.

Resultados: en este ensayo, el TMPyP4 fue el que presentó mayor efecto inhibitorio, alcanzándose una inhibición del 50% con una concentración de 5 µM. En cuanto a la proliferación, los dos ligandos afectaron drásticamente el crecimiento del parásito, pero el Telomestatin tuvo un efecto superior. Luego de tres días de tratamiento, el crecimiento del parásito disminuyó en un 90%.

Conclusiones: los resultados sugieren que este ligando se asocia con otras estructuras además del ADN telomérico y que interfiere con otras rutas vitales para el parásito y no solo con la elongación del ADN telomérico vía telomerasa.

281. Susceptibilidad microbiológica de los uropatógenos aislados en la comunidad en Colombia periodo 2009 - 2013

Santiago Sánchez Pardo, Patricia Reyes Pabón, Diana Bermudez.
Fundación Universitaria Sanitas, Clínica Universitaria Colombia.
Bogotá, Colombia. sasanchez21@hotmail.com

Introducción: La infección de vías urinarias es la infección bacteriana más común en el contexto ambulatorio en el mundo. La mayoría los casos son causados por las enterobacterias en especial *Escherichia coli* con aproximadamente 86-90% de los aislamientos. La resistencia antimicrobiana de los uropatógenos ha aumentado en los últimos años con porcentajes cercanos al 20 % para trimetoprim/sulfametoxazol y cefalosporinas, 50 % para amoxicilina y ampicilina y casi 35% para las quinolonas.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo, retrospectivo en el cual se revisaron los aislamientos de urocultivos de los pacientes de los centros de atención de consulta externa de todo el país de la Organización Sanitas Internacional durante los años 2009 - 2013.

Resultados: Se revisaron un total de 33.819 urocultivos positivos con un promedio de 6.763 urocultivos por año. *E. coli* se presentó en el primer lugar (73,6%), presenta un porcentaje bajo de expresión de beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE) con un promedio de 5,36%. La tasa de resistencia a quinolonas presentó un promedio de 28,44 % y al trimetoprim - sulfametoxazol del 39,2%. *K. Pneumoniae* se aisló en (6,5%), con porcentajes de resistencia a fluoroquinolonas del 8,94% para ciprofloxacina, y de 18.36% para trimetoprim-sulfametoxazol con producción de BLEE en 11,58%. *P. Mirabilis* se presentó en (6,06%) de los aislamientos, por último se presentaron *P. Aeruginosa* en (1,2%) con resistencia a ciprofloxacina del 15,1% y a meropenem del 4,6%.

Conclusiones: *E. coli* sigue siendo el primer agente infeccioso causante de infección urinaria ya que se presentó aproximadamente en el 73% de los aislamientos. La alta tasa de resistencia a ciprofloxacina y trimetoprim-sulfametoxazol limita el uso empírico de estos agentes en IVU, quedando como alternativas terapéuticas el cefuroxime, nitrofurantoina y fosfomicina los cuales presentan tasas de sensibilidad altas con 92,8, 90,4 y 99% respectivamente. La tasa de resistencia a quinolonas y trimetoprim-sulfametoxazol ha aumentado a lo largo de los años según los presentes resultados limitando el uso empírico de estos antimicrobianos en esta entidad.

282. Utilidad de una prueba de reacción en cadena de la polimerasa para la detección de *Clostridium difficile*

Gabriela Becerra, Sigifredo Ospina, Santiago Atehortua, Julián Bustamante, Carolina Atehortua, Andrés Londoño, Noris Alarcon.
Hospital Universitario de San Vicente Fundación, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. mgba@elhospital.org.co

Introducción: *Clostridium difficile* es un microorganismo que causa con frecuencia infección asociada al cuidado de la salud, y cuyo diagnóstico no es fácil dado que presenta manifestaciones clínicas muy variadas. El propósito de este estudio es evaluar la utilidad de una técnica de biología molecular tipo Reacción en Cadena de la Polimerasa en tiempo real (PCR) en comparación con una prueba de inmunoensayo enzimático, para la detección de toxina de *C. difficile*, en pacientes hospitalizados en un hospital universitario.

Materiales y métodos: se realizó un estudio descriptivo prospectivo, en 151 pacientes, a quienes el médico tratante, por factores clínicos y epidemiológicos consideró el diagnóstico y le solicitó estudio microbiológico para *Clostridium difficile*.

Resultados: La PCR detectó 32 casos mientras que el inmunoensayo solo detectó 20. El 11,3% (17) de las muestras fueron positivas tanto por inmunoensayo como por PCR y el 74,8%(113) fueron negativas por ambas pruebas, para una concordancia del 86% (130/151). De las pruebas positivas por PCR se encontró que el 18,7% (6/32) tenían resultados probablemente correspondientes a la cepa hipervirulenta O27/NAP/B1 de *Clostridium difficile*.

Conclusiones: La prueba de PCR tuvo una mayor positividad que el inmunoensayo enzimático y adicionalmente permitió identificar cepas presuntamente hipervirulentas, que es de gran utilidad para tomar medidas de control epidemiológico y manejo dirigido de la infección.

283. Evaluación de un método molecular para la detección y monitoreo de protozoos de importancia en salud pública en muestras de agua del Departamento del Quindío.

Fabiana Lora-Suarez, Raúl Eduardo Rivera-Quiroga, Jessica Triviño, Jorge Enrique Gómez- Marín
Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia Quindío Colombia

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. En Colombia desde el año 2007, una nueva regulación del ministerio de Salud, hace obligatoria la vigilancia de los protozoarios en el agua para el consumo humano, pero los métodos actuales son dispendiosos y de alto costo. Por lo tanto es necesario nuevos métodos asequibles para este monitoreo.

Materiales y métodos: se evaluaron diversos protocolos para la extracción de ADN. El límite de detección de la PCR se determinó mediante di-

luciones seriadas de ADN de los protozoos evaluados. La especificidad se determinó mediante el uso de ADN de diferentes protozoos. Finalmente, 46 muestras tomadas antes, durante y después de la planta de tratamiento se analizaron por microscopía óptica e inmunofluorescencia con anticuerpos específicos, en condiciones estandarizadas.

Resultados: El mejor método de extracción de ADN de protozoos del agua fue la lisis mecánica. El límite de detección por PCR fue de 10 formas parasitarias para todos, excepto para *Blastocystis*, que tuvo un límite de detección de 100 quistes. Cuando se analizaron las muestras de agua de campo con estos protocolos, el ensayo de PCR fue positivo en: 12 % para *Toxoplasma*, 4,2 % para *Cryptosporidium*; 2 % para *Giardia* y el 0,5 % para *Blastocystis*. La frecuencia de cada uno se reduce después del tratamiento en la planta, excepto *Toxoplasma*, que se detecta en muestras recolectadas en hogares.

Conclusiones: Los ensayos de PCR fueron sensibles, específicos y de bajo costo. Se detectó ADN del parásito en muchos puntos de muestreo en agua tratada y en la red de distribución. Los ensayos de PCR son útiles para el monitoreo de protozoos en agua potable.

284. Infecciones del sistema nervioso central en pacientes críticos con lesión cerebral, con y sin antecedente de manejo neuroquirúrgico.

J.D. Charry, F. García, N. Ortega, J. Osorio.
Facultad de Salud - Universidad Surcolombiana, Hospital Universitario de Neiva-Hernando Moncaleano Perdomo. Neiva, Colombia.
danielcharry06@gmail.com

Introducción: las infecciones del sistema nervioso central (SNC) son una complicación que se presenta en los servicios de salud y se consideran una emergencia médica pues su alta morbilidad y mortalidad requieren un diagnóstico y tratamiento oportuno. Los objetivos de este estudio fueron identificar las características clínicas, condiciones predisponentes y los principales agentes microbiológicos que generan infecciones del SNC en pacientes con lesión cerebral en la unidad de cuidados intensivos (UCI).

Materiales y métodos: estudio descriptivo observacional de los pacientes con condiciones neurológicas que presentaron infección del SNC durante su estancia en la UCI entre el 1 de marzo de 2011 a 1 de marzo de 2013.

Resultados: se incluyeron 238 pacientes que ingresaron a la UCI por lesión cerebral; los principales diagnósticos fueron trauma craneoencefálico, herida por arma de fuego, neoplasias y evento cerebrovascular. Se presentaron 21 casos de neuroinfección, principalmente en hombres; 85,7% tuvo manejo quirúrgico previo. Las condiciones predisponentes más importantes fueron: ventriculostomía, fístula de líquido cefalorraquídeo (LCR) y catéter venoso central. En 85% de las infecciones se aisló un microorganismo en los cultivos de Líquido Cefalorraquídeo. *Staphylococcus aureus* fue el agente que más neuroinfecciones produjo (33,3%), seguido por *Klebsiella pneumoniae* (28,6%) y *Pseudomonas aeruginosa* (19%). La terapia antibiótica más utilizada fue cefepime + vancomicina.

Conclusiones: las infecciones del SNC se pueden presentar como complicación en los pacientes con lesión cerebral; incluso en aquellos que no han sido intervenidos quirúrgicamente durante su hospitalización, por lo cual se debe mantener un alto índice de sospecha clínica y conocer la epidemiología local con el fin de ofrecer un manejo oportuno y apropiado para esta condición.

285. Eficacia inmunológica a la vacunación contra el virus de la hepatitis b (VHB) en la población infantil de 1 a 18 años viviendo con infección por el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) en Barranquilla, Colombia, 2010-2011.

Luz Marina Contreras Wilches, Osmar Pérez Pérez, Ella Guardo García, José Joaquín Vivas.
Universidad Metropolitana. Barranquilla, Colombia.
luzmacon22@hotmail.com

Introducción: determinar la eficacia inmunológica a la vacunación contra el virus de la Hepatitis B, en la población infantil de 1 a 18 años vivientes con el virus de la inmunodeficiencia humana en la ciudad de Barranquilla, mediante la medición de anticuerpos postvacunales.

Materiales y métodos: estudio observacional, descriptivo, transversal, ambispectivo. Se tomó población Infantil viviendo con VIH y vacunados contra la hepatitis B. Se recolectó información de 51 niños, de los cuales se excluyeron 8 niños, quedando una muestra de 43 niños. La fuente de información fue secundaria y se realizó un formulario con las distintas variables. Se tomó los reportes de las pruebas de laboratorio. Se consideró que

existían títulos protectores para el VHB si los valores eran >10 mu/ml. Para la tabulación de la información, se utilizó el programa Epi - Info 2000. A nivel ético, esta investigación se acoge a las normas de buenas prácticas clínicas. Financiado por la Universidad Metropolitana. No hay conflictos de interés.

Resultados: los niveles de anticuerpos protectores contra el virus de la hepatitis B (10-100 mu/ml) se encontraron en 16,28%, predominando los niveles no protectores (<10 mu/ml) en la mayoría de la población en un 83,72%. El mayor nivel de anticuerpos protectores fue en el 1er año de vida con un 4,65% y éste porcentaje disminuía al aumentar la edad de la población.

Conclusiones: en niños viviendo con infección por el VIH se reduce la frecuencia de anticuerpos específicos luego de vacunación para hepatitis B.

286. Características clínicas y de laboratorio de la histoplasmosis pediátrica en Colombia: Estudio de 45 casos.

Luisa Fernanda López Cano, Yorlady Valencia Álzate, Ángela María Tobón Orozco, Oscar Jaime Velásquez Gaviria, Cristian David Santa Escobar, Diego Hernando Cáceres Contreras, Ángela Restrepo Moreno, Luz Elena Cano Restrepo.

Grupo de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Hospital La María, Departamento de Pediatría, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Universidad Nacional de Colombia, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. lula.cano@hotmail.com

Introducción: La histoplasmosis es una micosis endémica del Continente Americano. En personas jóvenes con inmunodeficiencias, la infección suele ser severa y con tendencia a la diseminación. Este trabajo describe las características epidemiológicas, clínicas y de laboratorio de la histoplasmosis pediátrica, con el fin de orientar de una manera más precisa sobre la sospecha clínica y así confirmar su diagnóstico.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo de una serie de 45 casos de histoplasmosis pediátrica reportados en la Corporación para Investigaciones Biológicas y el Instituto Nacional de Salud, entre enero de 1984 y abril de 2010. La población analizada fue clasificada en 4 grupos: lactantes, preescolares, escolares y niños mayores. Fueron utilizadas herramientas estadísticas para identificar asociaciones.

Resultados: La edad promedio de los pacientes fue de 7 años y el 60% fueron niños. El principal factor de riesgo fue la desnutrición (37%), seguido por exposición ocupacional y sida. Los hallazgos clínicos más relevantes fueron: infiltrados pulmonares (83%), fiebre (76%), tos, síntomas constitucionales y dolor de cabeza. El 64% de los pacientes presentaron diseminación y el 48% de éstos mostraron compromiso neurológico. El compromiso de médula ósea y los síntomas respiratorios se encontraron asociados principalmente al grupo de lactantes. Los síntomas constitucionales fueron más frecuentes en lactantes y preescolares, y el compromiso meníngeo se presentó principalmente en los escolares. Las pruebas de inmunodifusión y fijación de complemento fueron reactivas en el 95% y 88% de los pacientes, respectivamente; el cultivo fue positivo en el 80% de los casos.

Conclusiones: Desde nuestro conocimiento, a la fecha es éste el reporte con mayor número de casos de histoplasmosis pediátrica, cuyo análisis estadístico permitió identificar signos y síntomas específicos y señaló herramientas diagnósticas que usadas adecuadamente, pueden llevar a un diagnóstico rápido y acertado de esta micosis en niños.

287. Estandarización y validación en Colombia de una metodología de cromatografía líquida de alta eficiencia (HPLC) para la cuantificación de niveles séricos de voriconazol, posaconazol, itraconazol e hidroxitraconazol.

Diego H. Cáceres, Sinar D. Granada, Camilo Rendón, Catalina de Bedout, Luz E. Cano, Tonny W. Naranjo.

Unidad de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Unidad de Fitosanidad y Control Biológico, Corporación para Investigaciones Biológicas (CIB), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Escuela de Ciencias de la Salud, Universidad Pontificia Bolivariana. Medellín, Colombia.
tnaranjo@cib.org.co

Introducción: actualmente en nuestro país no se cuenta con un servicio especializado que permita la medición de niveles séricos de antifúngicos en pacientes bajo terapia antimicótica, los cuales por lo regular son considerados como de alto riesgo. Lamentablemente, el tratamiento de las Infecciones Fúngicas Invasoras (IFI) se ha destacado por las pocas opciones tera-

pépticas disponibles en el mercado, las interacciones medicamentosas, así como por la alta toxicidad de algunos de ellos; esto implica que muchos de los pacientes bajo este tipo de tratamientos sean expuestos a terapias inadecuadas que generen una posible prolongación innecesaria de hospitalización y por ende, sobrecostos al sistema de salud. El objetivo de este trabajo fue estandarizar una metodología de Cromatografía Líquida de Alta Eficiencia (HPLC), para la cuantificación de antifúngicos en suero.

Materiales y métodos: se utilizaron estándares puros de calidad HPLC, tanto de voriconazol (VCZ), posaconazol (PCZ), itraconazol (ITZ) e hidroxitraconazol (OH-ITZ). Mediante un sistema HPLC, equipo Agilent serie 1200, detector UV-DAD y columna analítica C18, se estandarizaron las condiciones cromatográficas en cuanto al método, flujo, volumen, temperatura y tiempos de corrido. Para la preparación de las muestras se utiliza un método de precipitación por solventes.

Resultados: Se logró la estandarización de tres protocolos de HPLC, para la cuantificación de VCZ, PCZ, ITZ e OH-ITZ, cumpliendo los parámetros de selectividad, linealidad, exactitud y precisión. Adicionalmente se demostró estabilidad de las muestras control a diferentes temperaturas durante 72h de almacenamiento.

Conclusiones: la implementación una nueva tecnología de laboratorio, altamente sensible y específica, para la determinación de niveles séricos de antifúngicos, permitirá al personal médico contar con una herramienta que le facilite la toma de decisiones de forma confiable, en pro del bienestar del paciente. Esta metodología, podría influir directamente en la reducción de costos causados al sistema de salud por modificación en esquemas de tratamiento, manejo de complicaciones y prolongación innecesaria de los tiempos de hospitalización de los pacientes.

288. Frecuencia de bacteriuria significativa, uropatógenos responsables, perfiles de sensibilidad y resistencia y los factores de riesgo asociados en gestantes entre las 35 -37 semanas pertenecientes al régimen subsidiado del departamento del Atlántico.

N. Ortega, M. Campo, L. Gomez.
Universidad Metropolitana. Barranquilla, Colombia. mscmicrobiologia@unimetro.edu.co

Introducción: La sintomatología de infección urinaria en el embarazo suele ser menos llamativa, de ahí la necesidad de incrementar las posibilidades de detección de la patología.

Objetivo: determinar la presencia de bacteriuria significativa, uropatógenos responsables, perfiles de sensibilidad y resistencia y los factores de riesgo asociados en gestantes entre las 35 -37 semanas pertenecientes al régimen subsidiado del departamento del Atlántico.

Materiales y métodos: estudio descriptivo, prospectivo de corte transversal en el cual se incluyeron 226 gestantes que asistieron al control ginecobstétrico. Se recolectó orina para urocultivo previo lavado de genitales. Para el aislamiento y recuento bacteriano, se utilizó el medio cromogénico Hicrom UTI (Oxoid inc.) e considero bacteriuria significativa: células epiteliales escasas, presencia en el gram sin centrifugar de bacterias y recuentos mayores o iguales a 105UFC de un solo germen. Para la identificación y determinación del perfil de sensibilidad y resistencia se utilizó el sistema de microbiología automatizado BD Phoenix.

Resultados: el 10,6% (24) de las gestantes presentaron bacteriuria significativa; el 54.2% de gérmenes aislados fueron bacterias grampositivas (13) predominando el *E. faecalis* en un 20,8%. El 45.8% correspondieron a gérmenes gramnegativos con una distribución del 25% para *E. coli*. Con relación a la sensibilidad y resistencia in vitro de las cepas aisladas, el 60% de las bacterias fueron resistentes a la ampicilina; 12% a la nitrofurantoina y 41.6% al TMS. El análisis estadístico arrojó que existen diferencias significativas frente a las variables estado civil ($p=0,04$) relaciones anales ($p=0,032$), por tanto la presencia de una de estas variables tiene injerencia en el evento.

Conclusiones: es importante conocer la epidemiología local para el manejo clínico del evento teniendo en cuenta la resistencia natural de las bacterias aisladas más frecuentemente.

MICROBIOLOGÍA - PRESENTACIÓN EN POSTER

289. Secuenciamiento genómico y análisis preliminar de *Mycoplasma hyorhinis*, un contaminante encontrado en la línea celular MDCK en Medellín.

Juan Pablo Isaza Agudelo, Angela Janeth Arévalo Arbeláez, Ana María Olave Velandia, Juan Fernando Alzate Restrepo.
Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
angelajarevalo@gmail.com

Introducción: Las bacterias del género *Mycoplasma* se encuentran en la microbiota de los humanos y pueden ser patógenos oportunistas. Asimismo, es común encontrarlos como contaminantes de cultivos celulares

Materiales y métodos: El genoma de una cepa local circulante *M. hyorhinis* fue secuenciado (454). Se realizaron ensamblajes *de novo* y mapeo. Se identificó la subunidad pequeña ribosomal 16S y se hizo su clasificación taxonómica, para esto se alineó con 17 secuencias del 16S de diferentes especies de *Mycoplasma*. Se construyó un árbol filogenético de máxima verosimilitud. Para el mapeo se utilizó el programa NEWBLER y como genoma de referencia se utilizó *M. hyorhinis* MCLD. Los *contigs* se ordenaron utilizando ABACAS y se realizó la anotación automática con RATT

Resultados: en el secuenciamiento se obtuvieron 207.822 *reads* (72.822.570b). El ensamblaje *de novo* generó 828.239 b en 82 *contigs* con un N50 de 34.502b, el *contig* más grande fue de 58.252b. El 99% de las bases tienen un valor de calidad > Q40 y su profundidad media fue de 88x. La filogenia de la subunidad ribosomal 16S, agrupó este genoma con *M. hyorhinis*. En el mapeo se ensamblaron 826.466b en 19 *contigs* con un N50 de 137.651b, el *contig* más grande fue 162.806b, el 99% de las bases tiene un valor de calidad > Q40. El %GC de los *contigs* ensamblados fue de 26%. Los análisis posteriores se realizaron utilizando el ensamblaje mapeado y 18 de sus *contigs* fueron reordenados en un pseudo-cromosoma. Quedaron 3591 "N" en 18 gaps y 4 ambigüedades que corresponden al 0,43% del genoma. Se anotaron 762 CDS de los 778 anotados en el genoma de referencia.

Conclusiones: Actualmente la curación manual y los análisis comparativos se encuentran en proceso.

290. Prevalencia de *Chlamydia trachomatis* en población femenina asintomática que acude a los servicios de citología de tres instituciones prestadoras de servicios de salud de la ciudad de Medellín.

Nataly Orozco, Armando Baena, Elkin Hernandez, Gloria Sanchez, Eliana Restrepo.
Grupo Bacterias y Cáncer, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. naty3013@gmail.com

Introducción: La infección de transmisión sexual causada por *Chlamydia trachomatis* es la más frecuente de etiología bacteriana en el mundo, la prevalencia reportada varía entre un 0.2% y 28% según la población de estudio y la técnica diagnóstica utilizada. Según datos de la Organización Mundial de la Salud (OMS), se estima que al año ocurren 98 millones de casos nuevos. El objetivo principal de este estudio fue determinar la prevalencia de *Chlamydia trachomatis* y su asociación con factores demográficos, infecciosos, de conducta sexual y consumo de cigarrillo en mujeres asintomáticas que asistieron a los servicios de citología de tres instituciones prestadoras de servicios de salud de la ciudad de Medellín durante los años 2008-2010

Materiales y métodos: La infección de transmisión sexual causada por *Chlamydia trachomatis* es la más frecuente de etiología bacteriana en el mundo, la prevalencia reportada varía entre un 0.2% y 28% según la población de estudio y la técnica diagnóstica utilizada. Según datos de la Organización Mundial de la Salud (OMS), se estima que al año ocurren 98 millones de casos nuevos. El objetivo principal de este estudio fue determinar la prevalencia de *Chlamydia trachomatis* y su asociación con factores demográficos, infecciosos, de conducta sexual y consumo de cigarrillo en mujeres asintomáticas que asistieron a los servicios de citología de tres instituciones prestadoras de servicios de salud de la ciudad de Medellín durante los años 2008-2010

Resultados: La prevalencia total de la infección por *C. trachomatis* en la población entre las mujeres incluidas en el estudio fue de 4.1% (IC 95%, 2.9-5.3). Después de ajustar por la edad, no se encontró asociación entre las variables de conducta sexual, factores infecciosos, resultado de la citología ni con edad del primer embarazo y uso de condón con el riesgo de infección por *C. trachomatis* en la población estudiada

Conclusiones: Este es el primer estudio que reporta la prevalencia de *C. trachomatis* en la población femenina de Medellín, Colombia utilizando la técnica de PCR. La prevalencia general para la población fue acorde a lo esperado, con un punto máximo en el grupo de edad entre los 20 y los 25 años.

291. Validación de una PCR múltiple para el diagnóstico de *Mycoplasma pneumoniae*, *Chlamydia pneumoniae* y *Legionella pneumophila* en pacientes con neumonía adquirida en la comunidad que requieren hospitalización.

Mariana Herrera, Zulma Rueda, Yudy Aguilar, Lázaro Vélez.
Grupo Investigador de Problemas en Enfermedades Infecciosas, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
marianah8@hotmail.com

Introducción: *Legionella pneumophila* (Lp), *Mycoplasma pneumoniae* (Mp) y *Chlamydia pneumoniae* (Cp) están presentes en aproximadamente 24% de los pacientes con neumonía adquirida en la comunidad (nac) en Medellín. Su diagnóstico es complejo y usualmente recae en la serología. El objetivo fue validar una PCR múltiple (mPCR) para el diagnóstico de Lp, Mp y Cp y determinar las características operativas de la prueba en pacientes con y sin nac.

Materiales y métodos: Se amplificaron los genes mip1 de Lp, p1 de Mp y Pst1 de Cp. Se determinó sensibilidad, especificidad, valores predictivos y concordancia (coeficiente Kappa) de la mPCR respecto a la serología pareada y PCR comerciales. Se incluyeron niños y adultos con y sin nac a quienes se les realizaron la serología, la mPCR y dos PCRs (SpeedOligo® y Seeplex®Pneumobacter). Las PCRs se evaluaron en hisopado (HNF) o aspirado nasofaríngeo (ANF) en adultos, y en esputo inducido (EI) e HNF en niños.

Resultados: Se incluyeron 225 individuos, entre ellos 10 con evidencia serológica de infección por Lp, 30 por Mp, 18 por Cp y 20 personas sin nac (10 sanas y 10 con enfermedades reumatológicas). Con respecto a la serología pareada, la sensibilidad y especificidad de cada una de las PCRs evaluadas en las diferentes muestras fueron respectivamente: mPCR (HNF) 23% y 97%, mPCR (EI) 57% y 78%, Seeplex®Pneumobacter (EI) 52% y 93%, y SpeedOligo®(ANF/HNF) 11% y 96%. En general, el índice Kappa entre las pruebas fue <0,4, excepto entre la mPCR y el estuche comercial en EI (0,67). En los individuos sin nac se presentaron reacciones positivas tanto en las serologías como en las PCRs.

Conclusión: la mPCR tuvo alta especificidad y baja sensibilidad. Aunque la sensibilidad en EI fue mejor que en HNF/ANF, la imperfección de las pruebas de referencia y la positividad de la serología pareada y la mPCR en personas sin nac obligan a investigar y/o perfeccionar las técnicas existentes para el diagnóstico de estas tres bacterias. Proyecto financiado por la Fundación Rodrigo Arroyave y la Fundación ISIS.

PEDIATRÍA - PRESENTACIÓN EN POSTER

292. Análisis de las tendencias en la distribución de serotipos de *Streptococcus pneumoniae* 1994 - 2013 menores de 5 años.

Aura Lucia Leal Castro, Anita María Montañez Ayala, Giancarlo Buitrago, Jaime Patiño, Grupo Neumocolombia.
Asociación Colombiana de Infectología. Bogotá, Colombia.
allealc@gmail.com

Introducción: aproximadamente 20 serotipos se relacionan con 80% de las enfermedades neumocócicas invasivas; los cambios en las prevalencias de estos de varía por el tiempo, huésped, grupo de edad, inclusión de las vacunas en cada país y a la distribución geográfica. En Colombia, en el 2008, el Ministerio de salud introdujo la vacuna conjugada contra neumococo (PCV7), su objetivo era disminuir la morbimortalidad por la enfermedad neumocócica. Desde 1993 el país cuenta con un programa regional de vigilancia de hospitales y laboratorio centinelas (SIREVA) que provee información de la distribución de los serotipos y perfiles de Susceptibilidad de *S. pneumoniae*. El objetivo es presentar un análisis de las tendencias de los principales serotipos en menores de 5 años, con atención en las intervenciones generadas por la introducción de vacunas en el año 2008.

Materiales y métodos: Estudio de series de tiempo, basados en los datos del sistema de vigilancia de aislamientos invasores de *S. pneumoniae* en Colombia entre 1994 - 2013 por el grupo de microbiología del Instituto Nacional de Salud en menores de 5 años

Resultados: 2218 aislamientos fueron recuperados desde 1994 a 2013. La distribución general del total de aislamientos no es homogénea y con tendencia a la disminución desde el 2011. El serotipo 14 fue el más frecuente en 31% de los aislamientos (n=687), con una tendencia a la disminución desde el 2010. El serotipo 19A tiene un incremento desde el año 2009 con porcentajes aproximados 10% en el 2013. El serotipo 23F muestra incremento desde el 2010. Los Serotipos 3, 6 y 19A presentan los mayores cambios, el 19A muestra una tendencia al incremento desde el 2004 superiores a 15%, el serotipo 3 reporta desde 2008 una tendencia al incremento hasta del 10%. El serotipo 6 muestra una tendencia a la disminución desde el 2006.

Conclusiones: Se observa un cambio importante en la distribución de los serotipos desde el año de inclusión de la vacunación masiva en el país.

VIROLOGÍA - PRESENTACIÓN EN POSTER

293. Estandarización de toma de muestra para inmunocitoquímica p16INK4a/Ki-67, detección de las oncoproteínas E6/E7 y prueba de VPH para la detección de lesiones cervicales en mujeres referidas a un centro de colposcopia en Medellín, Colombia.

Arianis Tatiana Ramirez Pineda, Carolina Lopez, Carlos Arturo Buitrago, Gloria Ines Sanchez.
Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia.
arianis3030@gmail.com

Introducción: El cáncer de cuello uterino es la tercera causa de muerte a nivel mundial entre las mujeres. Se ha demostrado que la expresión simultánea de p16INK4a y la proteína Ki-67, así como la expresión continua de los oncogenes E6/E7 del virus del papiloma humano (VPH) en células epiteliales cervicales, es signo de malignidad de la infección por VPH oncogénico. Es necesario evaluar la utilidad clínica de la inmunocitoquímica de p16INK4a/Ki-67 y la detección de E6/E7 como posible estrategia de triage de mujeres VPH positivo

Materiales y métodos: Se incluyeron 195 mujeres con citologías anormales referidas a colposcopia. Antes de aplicar ácido acético y tomar biopsia, se tomó una muestra de exfoliado cervical con el citocepillo Cervex-Brush®. El frotis fue extendido sobre portaobjetos Superfros/Plus-Fisherbrand® e inmediatamente fijados. El mismo citocepillo se transfirió a un medio de transporte para la posterior detección de ADN del VPH y oncoproteínas E6/E7. Se estimaron los porcentajes de pruebas positivas de acuerdo al diagnóstico histopatológico

Resultados: El porcentaje de positividad de VPH de acuerdo al diagnóstico histopatológico fue: NIC1 49%, NIC1 69%, NIC2 90%, NIC3 92% y cáncer cervical 100%. El 51% de las muestras fueron positivas para p16INK4a/Ki67 y el porcentaje de acuerdo al diagnóstico histopatológico fue: NIC 27%, NIC1 31%, NIC2 79%, NIC3 90% y 100% en cáncer. El porcentaje de positividad de E6/E7 de acuerdo al diagnóstico histopatológico fue: NIC1 9%, NIC2 29%, NIC3 0% y 25% en NIC2 o más

Conclusiones: El porcentaje de positividad de VPH de acuerdo al diagnóstico histopatológico fue: NIC1 49%, NIC1 69%, NIC2 90%, NIC3 92% y cáncer cervical 100%. El 51% de las muestras fueron positivas para p16INK4a/Ki67 y el porcentaje de acuerdo al diagnóstico histopatológico fue: NIC 27%, NIC1 31%, NIC2 79%, NIC3 90% y 100% en cáncer. El porcentaje de positividad de E6/E7 de acuerdo al diagnóstico histopatológico fue: NIC1 9%, NIC2 29%, NIC3 0% y 25% en NIC2 o más

294. Basiliximab versus Timoglobulina en receptores de trasplante renal seropositivos para citomegalovirus: efectividad de la terapia anticipativa en dos centros de trasplante en Colombia

Nancy Yomayusa, Camilo Montero, Milciades Castillo, Rodolfo Torres, Juan Carlos Gallo, Guillermo Aldana, Andres Acevedo, Johanna Echeverri, MariaRios, Zuly Yepes, Jorge Cortes, Carlos Alvarez, Jorge Perez, Adriana Silva, Diana Gayon.
Grupo de Trasplante Renal. Clínica Colsanitas. Grupo de Investigación Traslacional. Universidad Sanitas. Clínica Colsanitas. Clínica Universitaria Colombia. Laboratorio de Biología Molecular. Clínica Colsanitas. Grupo de Investigación en Enfermedades Infecciosas, Universidad Nacional de Colombia.
nyomayusanyomayusa@colsanitas.com

Introducción: Nuestro estudio evaluó la efectividad de la estrategia anticipativa en receptores seropositivos para citomegalovirus (CMV), inducidos con Basiliximab o Timoglobulina, en la prevención de enfermedad y enfermedad tardía por citomegalovirus

Materiales y métodos: estudio de cohorte analítico, conformado por 132 pacientes de trasplante renal de donante cadavérico o vivo. Recibieron terapia de inducción con Basiliximab 84 pacientes y Timoglobulina 48 pacientes. Los desenlaces principales fueron infección, enfermedad por CMV, enfermedad tardía por CMV, rechazo agudo, función renal, mortalidad, parámetros virológicos y hallazgos histológicos en la biopsia renal.

Resultados: En las variables demográficas, tipo de tratamiento recibido, causa de enfermedad renal y características del donante, no se encontró diferencias significativas entre las cohortes. La infección por CMV fue mayor significativamente en timoglobulina (77.1% vs. 16.7%, p<0.001); sin diferencias en enfermedad por CMV (0% vs. 3,6%, p=0,538) y no se identificaron casos

con síndrome o infección tardía luego de 90 días del trasplante. La presencia de viremia fue mayor significativamente en timoglobulina (85.4% vs. 27.4%, RR=3,120, IC 95%: 2,160-4,504, p<0,001). En los diferentes puntos de corte de carga viral se encontró diferencias significativas mayor en timoglobulina (4000, 10000, 20000 y 25000, p<0,001; 50000, p=0,002, 100000, p=0,018). No se encontraron diferencias significativas en los hallazgos histológicos en la biopsia renal, excepto en el compromiso de la íntima vascular y cerca de las diferencias en fibrosis intersticial. De acuerdo al índice CADI no se demostraron diferencias según la terapia de inducción (Basiliximab: 2,65±2,42; med=2 vs. Timoglobulina 2,02±1,91, med=1,5; p=0,110) ni por la presencia o no de viremia (2,29±2,07, med=2 vs. 2,48±2,41, med=2; p=0,298). La función renal al año no mostró diferencias (p=0,475).

Conclusiones: La terapia anticipativa es efectiva en la prevención de enfermedad por CMV en el primer año post trasplante en receptores seropositivos para CMV, sin impacto en términos de rechazo agudo o subclínico

295. Comportamiento de la Función Sexual De Mujeres Que Viven Con Vih/Sida En Colombia

Leonardo Arevalo.
EPS Sura. larevalom79@hotmail.com

Introducción: Determinar la función sexual de mujeres con el virus de inmunodeficiencia humana (VIH) en un programa de atención especializado colombiano, posterior al diagnóstico de VIH con o sin manejo antirretroviral, de tal manera que se pueda estimar un indicador de riesgo al existir cambios en su comportamiento dados por la condición de vivir con el virus.

Materiales y métodos: Se realizó un estudio analítico de corte transversal, por medio del instrumento-cuestionario de Función Sexual de la Mujer (FSM©), donde se evalúa los diferentes aspectos relacionados con la función sexual y su alteración a partir del momento del diagnóstico de VIH o se presente el síndrome de inmunosupresión adquirida (SIDA). Ciento dieciocho mujeres realizaron el cuestionario de autodiligenciamiento de manera anónima en las principales ciudades del país como fueron: Barranquilla, Bogotá, Bucaramanga, Cali y Medellín.

Resultados: Se encontró una prevalencia en alteración de la función sexual del 79% en mujeres con diagnóstico de VIH/SIDA (p=0,0000) con mayores trastornos en la iniciativa sexual (59,7%) como aspecto relacionado a la relación sexual y al deseo sexual en el ciclo de respuesta sexual (30,5%). Se pudo identificar que a mayor edad hay un riesgo de presentar disfunción sexual en especial entre el grupo de 46 a 55 años. No se encontraron diferencias estadísticamente significativas con las variables independientes socioeconómicas y de salud.

Conclusiones: Este trabajo nos permite concluir la existencia en el estado de vivir con el virus de inmunodeficiencia humana como un factor de riesgo para que se vea afectada la función sexual femenina.

296. Profilaxis antibiótica direccionada por factores de riesgo en pacientes sometidos a cirugía cardiovascular

Ricardo Arturo Martínez García, Ángela María Valencia Mondragón, Francisco Luis Ochoa Jaramillo.
Departamento de Medicina Interna, Servicio de Epidemiología y Enfermedades Infecciosas Clínica Comfamiliar Risaralda, Servicio de Epidemiología y Enfermedades Infecciosas Clínica Comfamiliar Risaralda. Departamento de Epidemiología CES, Medellín. Pereira, Colombia. ricardoamartinezg@hotmail.com

Introducción: La infección del sitio operatorio (ISO) es una de las complicaciones que se presenta en pacientes sometidos a cirugía cardiovascular, con incidencia reportada de hasta 3,5%, recomendándose profilaxis antibiótica con cefalosporinas de primera generación. Contrario a lo anterior, la elevada incidencia (12,5%), tasas de resistencia microbiológica y diferentes factores de riesgo poblacionales reportadas por los dos centros cardiovasculares referentes del presente trabajo durante los años 2008 a 2010, obligó a modificar la profilaxis antimicrobiana

Materiales y métodos: Se realizó un estudio de cohortes prospectivo entre pacientes sometidos a cirugía cardiovascular, por dos grupos quirúrgicos referentes entre enero del 2011 y diciembre de 2012, siendo cohorte expuesta la sometida de nueva profilaxis, desenlace a estimar: desarrollo de ISO

Resultados: La nueva profilaxis se comportó como factor protector contra el desarrollo de ISO RR= 0,095 (IC95% 0,026 - 0,344 p 0,000) disminuyendo su incidencia de 12,5 a 2,7% Fueron factores de riesgo: tiempo de interna-

ción hospitalaria previo a cirugía superior a 14 días RR=21,4 (IC95% 6,5-70,7 p 0,000), alto riesgo anestésico preoperatorio RR= 15,2 (IC95% 3,9-58,6 p 0,000) y diabetes mellitus RR 7,5 (IC95% 1,7 - 29,5 p 0,000).

Conclusiones: Diferencias en características poblacionales hacen necesario considerar individualizar guías y protocolos de manejo, direccionando intervenciones como profilaxis antibiótica acorde a factores de riesgo de cada grupo de pacientes

297. El péptido Lucilina como factor antimicrobiano en las larvas de la mosca *Lucilia sericata* y su potencial como antimicrobiano contra Bacterias Gram negativas.

Germán Alberto Téllez-Ramírez, Jessica Alejandra Zapata, Jhon Carlos Castaño-Osorio.
Grupo de Inmunología Molecular. Facultad de ciencias de la salud. Universidad del Quindío. Armenia, Colombia. gymol@uniquindio.edu.co

Introducción: En el presente trabajo nos propusimos localizar la producción del péptido Lucilina en los tejidos, hemolinfa y secreciones de las larvas de *Lucilia sericata*, evaluar su actividad antimicrobiana y toxica in vitro; y diseñar una proteína recombinante basados en este péptido.

Materiales y métodos: Se identificó y cultivo la mosca en el laboratorio, se desarrolló un suero en ratón con anticuerpos policlonales contra el péptido lucilina. Se realizó una inmunolocalización del péptido Lucilina en los tejidos, fluidos y secreciones de las larvas por ELISA e inmunohistoquímica. Se diseñó una proteína recombinante con el péptido Lucilina y se obtuvo en un plásmido con el gen correspondiente para esta, se clonó en bacterias *E. coli* BL21, se determinaron las condiciones de producción y purificación de la proteína recombinante, se evaluó su actividad: antimicrobiana por microdilución en placa, hemolítica sobre eritrocitos humanos y citotóxica en células vero.

Resultados: el péptido lucilina fue inmunolocalizado en la hemolinfa, excreción-secreción, cuerpo graso, glándulas salivales y en menor intensidad en el intestino. La proteína recombinante GWLK-Lucilina-CPD-His8 fue activa contra bacterias Gram negativas con MICs desde 6,5 a 50µg/ml y no fue tóxico para los eritrocitos humanos, ni las células Vero in vitro a las concentraciones evaluadas.

Conclusiones: El péptido lucilina cumple un papel importante en el sistema inmune de la larva *Lucilia sericata* y probablemente en la actividad antimicrobiana de la larvaterapia. Es posible el diseño de proteínas recombinantes quiméricas con dominios basados en péptidos antimicrobianos y que conserven dicha actividad.

298. Factores de riesgo asociados a complicaciones por *Bordetella pertussis* en la fundación Hospital de la Misericordia, 2009-2013.

María del Pilar Montilla Velásquez, Germán Camacho Moreno, Karen Susana Gómez, Sandra Romero.
Universidad Nacional de Colombia, Fundación Hospital de la Misericordia. Bogotá, Colombia. mpmontillav@unal.edu.co

Introducción: Caracterizar factores de riesgo asociados a complicaciones en los pacientes con tos ferina en la Fundación Hospital de la Misericordia, 2009-2013.

Materiales y métodos: Estudio de Casos y Controles. Identificación de factores de riesgo asociados a complicaciones en pacientes con *Bordetella pertussis*, confirmados con reacción en cadena polimerasa.

Resultados: Se caracterizaron 96 pacientes. 76% menores de 6 meses, media de 4,56 +/-6,8 meses. 58,3% niños y 41,5% niñas. 51% tuvo alguna complicación. 58% se hospitalizo en cuidado crítico. 9,4% tuvo sepsis y 14,6% requirió ventilación asistida. 4,2% fallecieron. La media de estancia en cuidado crítico fue de 8,75 días(+/- 85) y hospitalaria de 13,92d (+/-12,81). Se identificaron los siguientes factores de riesgo asociados a complicación: Antecedentes: Noción de contagio OR 2,20, ausencia de vacunación OR 3,31. Clínica: cianosis OR 4,07, deshidratación OR 2,72, taquicardia OR 2,64, taquipnea OR 3,94, desaturación OR 3,34. Paraclínica: confección bacteriana OR 7,66, linfocitosis OR 3,18, trombocitosis OR 3,038.

Conclusiones: Los antecedentes, clínica y paraclínicos pueden definir pacientes en riesgo de complicaciones e ingreso a de cuidado crítico.

299. Alteración *in vitro* de la barrera hematoencefálica ocasionada por la infección con el virus del dengue.

María Angélica Calderón-Peláez, Jaime E. Castellanos, Myriam L. Velandia.
Grupo de Virología, Universidad El Bosque. Bogotá, Colombia. mangelicp@hotmail.com

Introducción: El aumento en la permeabilidad vascular es un signo de alteración de la barrera hematoencefálica (BHE), evidenciado tras la infección con dengue (DENV). Esta alteración podría favorecer el ingreso del DENV al tejido nervioso (TN), por lo anterior es necesario evaluar si el daño de la BHE es uno de los mecanismos que utiliza el DENV para ingresar y dispersarse en el TN. El objetivo fue evaluar en un modelo *in vitro* de BHE, la alteración del endotelio cerebrovascular inducido por el DENV.

Materiales y métodos: se obtuvieron cultivos primarios de células endoteliales y astrocitos de ratón lactante, caracterizados por inmunofluorescencia (IF) y se evaluó la susceptibilidad a la infección utilizando un virus neuroadaptado y su parental. Adicionalmente, se establecieron dos modelos de BHE (Monocapa y Co-cultivo) para evaluar los daños en la integridad de la barrera (TEER, ensayos de permeabilidad) asociados a la infección, la expresión de algunas moléculas de adhesión (IF y PCR) y la trans migración de macrófagos J774.

Resultados: Los cultivos presentaron un 95% de pureza y solamente las células endoteliales fueron susceptibles a la infección con ambos virus. En los modelos de BHE se evidenció la expresión de diferentes proteínas de unión estrecha, moléculas de adhesión y citoquinas. Por su parte, a las 10 horas post-infección (hpi) -con ambos virus-, se observó una disminución en la TEER correlacionada con un aumento en la permeabilidad de la barrera y a las 24 hpi se evidenció la trans migración de macrófagos.

Conclusiones: Se estandarizó un modelo *in vitro* de BHE de ratones lactantes, con las características morfológicas, estructurales y funcionales típicas de modelos previamente reportados. Se evidenció la infección con ambos DENV en células endoteliales, la cual parece tener efecto sobre la integridad del modelo, evidenciado en la disminución de la TEER, el aumento en la permeabilidad y el paso de células inmunes en el modelo.

MICOLOGÍA - PRESENTACIÓN ORAL

300. Perfil de sensibilidad antifúngica a la terbinafina, nistatina y fenticonazol de dermatofitos aislados como agentes etiológicos de onicomicosis de dos regiones de Colombia

Isaura Patricia Torres Gómez, Alvaro Rua Giraldo, Oscar Gómez Guzman, Ana María Aristizabal Hoyos, Catalina de Bedout, Ana María García Cepero.

Unidad de Biología Celular Molecular, Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín, Colombia. Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. isaurap10@gmail.com

Introducción: La onicomicosis es una infección micótica de la uña y el lecho ungueal, producida por levaduras, dermatofitos y mohos no dermatofitos. Los tratamientos tradicionales como antifúngicos tópicos y la cirugía, ofrecen una pobre resolución de la enfermedad. En nuestro país, pocos estudios han abordado la susceptibilidad de estos agentes a la nueva generación de antifúngicos. En este estudio se determinó el perfil de sensibilidad antifúngica de dermatofitos aislados como agentes de onicomicosis en dos regiones de Colombia, a la terbinafina, la nistatina y el fenticonazol.

Materiales y métodos: Los especímenes fueron obtenidos de pacientes con diagnóstico de onicomicosis y su identificación fue realizada según los métodos clásicos. Se evaluó un total de 17 aislamientos (*Trichophyton mentagrophytes* (n=6), *Trichophyton rubrum* (n=6) y *Epidermophyton floccosum* (n=5)). Para todos los géneros y antifúngicos ensayados se evaluó la concentración inhibitoria mínima (CIM), concentración fungicida mínima (CFM) y la curva del tiempo letal (TL).

Resultados: La terbinafina fue el antifúngico más potente contra los dermatofitos. El fenticonazol y la nistatina mostraron baja actividad contra *T. rubrum* y *E. floccosum* y la nistatina no tuvo efecto contra *T. mentagrophytes*, la CFM mostró actividad fungistática de todos los antimicóticos contra todos los microorganismos ensayados, excepto la nistatina que no tuvo efectos contra *T. mentagrophytes*. Estos resultados fueron confirmados por el TL, con un porcentaje de inhibición del crecimiento menor del 96%, en todos los tiempos de exposición a los antimicóticos.

Conclusiones: *T. mentagrophytes*, *T. rubrum* y *E. floccosum* juegan un papel importante como agentes causales de onicomicosis en nuestro país. Nuestros resultados sugieren que una identificación micológica apropiada y un ensayo de susceptibilidad a antifúngicos son una herramienta útil para la asistencia clínica y determinación de una terapia adecuada y efectiva contra las onicomicosis. Patrocinado por Laboratorios Tecnoquímicas S.A.

301. Papel de la oxidasa alternativa en la homeostasis celular de *Paracoccidioides brasiliensis*

Orville Hernández, Diana Tamayo, Angela López, Juan McEwen, Carlos Peláez, Agostinho Almeida.

Unidad de Biología Celular y Molecular, Corporación para Investigaciones Biológicas Medellín, Colombia. Instituto de Biología, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. Grupo Interdisciplinario de Estudios Moleculares, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. Facultad de Ciencias de la Salud, Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia. Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. orvillehr@hotmail.com

Introducción: Como todos los hongos dimórficos patógenos humanos, *Paracoccidioides brasiliensis*, tiene que adaptarse a diferentes condiciones durante su ciclo de vida, tanto en el medio ambiente, como en el hospedero humano; esta adaptación tiene lugar mediante el cambio morfológico de la conidia (forma infectante) a levadura, (forma tisular) donde tiene que responder a diferentes condiciones de estrés como el cambio mismo de temperatura y el estrés oxidativo inducido por el hospedero. En este estudio evaluamos el papel de la Oxidasa Alternativa de *P. brasiliensis* (PbAOX) en la homeostasis celular durante el crecimiento en un medio de cultivo y durante la transición morfológica de este hongo.

Materiales y métodos: Utilizamos aislamientos de *P. brasiliensis* con disminución en la expresión del 70% en el gen que codifica para la oxidasa alternativa (PbAOX-aRNA), obtenidos por nuestro grupo mediante la implementación de la tecnología RNA-antisentido.

Resultados: Nuestros resultados indican que PbAOX juega un importante papel en la viabilidad y vitalidad celular durante el crecimiento del hongo en un medio de cultivo, observándose un incremento significativo en el pH del medio de cultivo de los aislamientos PbAOX-aRNA; adicionalmente, en estos aislamientos, se observó disminución en la expresión de genes que codifican para otras enzimas involucradas en la detoxificación de especies reactivas de oxígeno (PbY20 y PbSOD1). Por otro lado, nuestros resultados demuestran que PbAOX juega un papel importante durante la transición morfológica de *P. brasiliensis*, evento esencial para el establecimiento de la infección.

Conclusiones: Nuestros hallazgos soportan la hipótesis que PbAOX contribuye al mantenimiento de la homeostasis celular, manteniendo el balance redox durante el crecimiento y transición morfológica del hongo.

302. Diversidad mitocondrial intraespecífica en *Paracoccidioides brasiliensis*

Elizabeth Misas Rivas, Jose Fernando Muñoz, Juan Esteban Gallo, Juan G. McEwen, Oliver K. Clay.

Corporación para Investigaciones Biológicas CIB. Medellín, Colombia. elizabeth.misas@gmail.com

Introducción: Recientemente se han descrito varias interacciones entre las funciones mitocondriales de hongos patógenos para humanos y su virulencia, principalmente por asociación de mutaciones en el genoma mitocondrial con la resistencia a antibióticos, en este estudio se propone conocer los patrones de diversidad mitocondrial intraespecífica en *P. brasiliensis*.

Materiales y métodos: Se secuenciaron 10 cepas de *P. brasiliensis* usando Illumina HiSeq 2000. Los fragmentos secuenciados (reads) de cada cepa se alinean a un genoma mitocondrial de referencia de la cepa Pb18, AY955840 (Cardoso 2007), usando el programa BWA. Para la identificación de los SNPs, se usó el programa PILON y se propone probar otros programas o estrategias como por ejemplo GATK. Se recuperan a partir de los "reads" las secuencias de 5 genes mitocondriales, nadh4, atp6, nadh6, cox3 y cox2 cuya longitud de secuencia es consistente en las anotaciones disponibles entre las cepas Pb01, Pb03, Pb18 reportados por el Instituto Broad y AY955840, a partir de estos genes se construyen alineamientos y árboles filogenéticos o genealogías génicas.

Resultados: Se obtuvieron "paired end reads" de 150 pares de bases. Para la cepa Pb113 de 31,031,954 "reads" alinearon a la secuencia mitocondrial de referencia 845,084 "reads" y se identificaron 621 SNPs y 259 inserciones/ deleciones. El anterior análisis de SNPs se realizará para 9 cepas más de diferente origen geográfico, que incluyen cepas provenientes de Brasil, Argentina y Colombia, distribuidas en las tres especies filogenéticas S1, PS2 y PS3, que se determinaron por análisis de genes nucleares.

Conclusiones: las secuencias disponibles del genoma mitocondrial de hongos elucidan la existencia de variaciones en los genomas entre especies. Este trabajo pretende contribuir al análisis de variación mitocondrial a nivel intraespecífico. Financiado por Colciencias 12256933575, 2013-2016 y el Programa de Sostenibilidad 2013-2014 Universidad de Antioquia.

303. La depleción de neutrófilos en los estadios crónicos de la paracoccidiodiomicosis pulmonar experimental se asocia con una disminución de la respuesta inflamatoria y un mejor control de la infección.

Juan David Puerta Arias, Paula Andrea Pino Tamayo, Damaris Lopera, Ángel González.

Grupo de Micología Médica y experimental, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Corporación para Investigaciones Biológicas-CIB; Grupo de Investigación en Microbiología Básica y Aplicada (MICROBA), Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. juanda_894@hotmail.com

Introducción: La paracoccidiodiomicosis (PCM) es una micosis de importancia en Latinoamérica. Los estadios crónicos de ésta infección se caracterizan por la aparición de lesiones infiltrativas compuestas por células mononucleares y neutrófilos (PMN), que promueven el desarrollo de secuelas fibróticas y la pérdida de la función respiratoria en el 50% de los pacientes. En el presente estudio se evaluó el papel del PMN durante los estadios crónicos de la PCM pulmonar experimental utilizando un anticuerpo monoclonal (AcM) específico anti-PMN

Materiales y métodos: Se utilizaron ratones machos BALB/c inoculados i.n. con 1.5x10⁶ levaduras de *Paracoccidiodioides brasiliensis* o PBS. Cada grupo experimental se dividió en subgrupos: no tratados, tratados con un isotipo control y tratados con el AcM anti-PMN. El tratamiento fue administrado en la semana 4 y 8 post-infección cada 48h durante dos semanas. Los animales se sacrificaron a la semana 4, 8 y 12 post-infección para análisis histopatológico, celularidad y citoquinas a nivel pulmonar, así como la carga fúngica en pulmón, hígado y bazo

Resultados: En los animales infectados y tratados con el AcM anti-PMN se observó una disminución significativa de: i) PMNs y otras poblaciones celulares (LTCD4+, LB y CD); ii) niveles de carga fúngica en los diferentes órganos estudiados; y iii) la mayoría de quimioquinas y citoquinas proinflamatorias evaluadas (p<0,05). Finalmente, los resultados preliminares de los análisis histopatológicos en este grupo evidenciaron una recuperación de la arquitectura pulmonar comparado con los animales infectados control

Conclusiones: La depleción de PMNs durante los periodos crónicos de la infección por *P. brasiliensis* se asoció con un control de la carga fúngica y una disminución de la respuesta inflamatoria, sugiriendo un papel inmunomodulador importante de éstas células en el desarrollo de la respuesta inmune y en el control de la infección. Estudio financiado por Colciencias (proyecto No.183-2010)

304. *Paracoccidiodioides brasiliensis* induce la producción de trampas extracelulares de neutrófilos (NETs)

Susana Pamela Mejía de los Ríos, Luz Elena Cano Restrepo, Juan Alvaro Lopez, Orville Hernandez, Angel Gonzalez ro.

Corporación para Investigaciones Biológicas. Medellín, Colombia. susanap_mejia@hotmail.com

Introducción: Los polimorfonucleares neutrófilos (PMNs) juegan un papel importante como células efectoras e inmunomoduladoras en la infección por *Paracoccidiodioides brasiliensis*; estas células tienen la capacidad de producir trampas extracelulares (NETs) en respuesta a hongos de importancia médica como *Aspergillus spp*, *Candida albicans* y *Cryptococcus gattii*. Hasta el momento, la producción de NETs frente a *P. brasiliensis* no se ha estudiado

Materiales y métodos: Se realizaron co-cultivos de PMNs humanos con propágulas de *P. brasiliensis*, y se hicieron análisis por microscopía de fluorescencia, cuantificación de DNA por espectrofluorometría y unidades formadoras de colonias (UFC) del hongo

Resultados: se demostró que los PMNs humanos producen NETs contra conidias y levaduras de *P. brasiliensis*. El uso del DPI, un inhibidor de la NADPH oxidasa y de especies reactivas de oxígeno (ROS), inhibió parcialmente la producción de NETs frente a levaduras pero no frente a las conidias del hongo. La adición de DNasa a los co-cultivos inhibió la formación de NETs, mientras que el uso de citocalasina-D (un inhibidor de la fagocitosis) e IFN- γ no tuvieron ningún efecto en la producción de estas estructuras. Adicionalmente, cuando se utilizó una cepa mutante de *P. brasiliensis* con expresión disminuida del gen que codifica para una oxidasa alternativa (AOX), se observó que las levaduras de esta cepa indujeron un mayor nivel de NETs en comparación con la cepa silvestre. Finalmente, la cuantificación de UFC no mostró diferencias significativas cuando los PMNs fueron tratados con los diferentes inhibidores (DPI, DNasa y Citocalasina-D)

Conclusiones: Estos datos demuestran que los PMN humanos producen NETs contra levaduras de *P. brasiliensis* mediante mecanismos dependientes e independientes de ROS; pero las conidias lo hacen solo por mecanismo

independiente de ROS. Sin embargo, las NETs parecen no ser efectivas en la eliminación del hongo. Financiación: Colciencias (proyecto No.183-2010) y UdeA (Estrategia de Sostenibilidad 2013-2014)

MICOBACTERIAS - PRESENTACIÓN ORAL

305. Utilidad de la PCR Xpert MTB/RIF como herramienta diagnóstica en una cohorte de niños menores de 15 años con sospecha de tuberculosis pulmonar en un hospital de alta complejidad.

Jonathan Rendón, Sandra Cárdenas, Santiago Atehortúa Muñoz, José William Cornejo, Catalina Arango Ferreira.

Hospital Universitario San Vicente Fundación - Universidad de Antioquia. Medellín, Colombia. jonre12@hotmail.com

Introducción: La tuberculosis (TB) es un problema global. El diagnóstico en niños es complejo por dificultad en recolección de muestras e infección paucibacilar. Se basa en sumar criterios clínico, epidemiológico, tuberculínico, histológico, microbiológico y radiológico. Sin embargo, la confirmación microbiológica es escasa, demorada y su ausencia no descarta enfermedad. Existen pruebas moleculares como PCR Xpert MTB/RIF avaladas por OMS como ayuda diagnóstica en niños. Este estudio pretendió describir la utilidad de PCR Xpert MTB/RIF en el diagnóstico de TB en niños en un hospital de alta complejidad. Estudio retrospectivo de cohorte en el HUSVF, Medellín, Colombia.

Materiales y métodos: Se incluyeron niños menores de 15 años con PCR Xpert MTB/RIF entre junio/12 a diciembre/13 en muestras respiratorias. Se tomaron datos epidemiológicos, clínicos, tuberculínicos, radiológicos y microbiológicos. Se excluyeron niños con tratamiento antiTB, sin compromiso pulmonar y con pruebas moleculares diferentes. Se definieron como TB confirmada, probable, latente o descartada según OMS. El análisis estadístico se realizó en SPSS 20 y EpiDat 3.1.

Resultados: Se revisaron 116 registros, 83 cumplieron criterios de inclusión. Hubo como TB confirmada 8 casos (10%), probables 16 (19%) y descartados 59 (71%). Xpert MTB/RIF fue positiva en 7, baciloscopia en 1 y cultivo en 8; de éstos, la PCR fue positiva en 4 e identificó 3 casos adicionales a los cultivos. La PCR obtuvo una S del 50%, E 96%, VPP 57,14% y VPN 94,7% en cultivos positivos y para el total de pacientes confirmados y probables la S fue del 29% y E 100%. El tiempo promedio de resultado del cultivo fue 32 días y de la PCR 1 día. Adicionalmente, ésta detectó una cepa resistente a rifampicina

Conclusiones: Xpert MTB/RIF para el diagnóstico de TB pulmonar en pediatría aumenta la detección de casos, acorta el tiempo de diagnóstico y determina sensibilidad a rifampicina. Sin embargo, en niños el diagnóstico sigue siendo por sumatoria de criterios y una PCR negativa no descarta la infección.

306. Prevalencia de corresponsencia isoniazida - etionamida en una cohorte de pacientes con tuberculosis multidrogorresistente y resistente a isoniazida en Colombia 2012 - 2013.

Diego Alberto Molina Ramirez, Claudia Regina Llerena Polo, Raquel del Pilar Medina Vallejo, Sandra Marina Ariza, Martha Murcia Aranguren.

Universidad Nacional de Colombia - Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia. damolinar@unal.edu.co

Introducción: determinar la prevalencia de corresponsencia a isoniazida - etionamida mediada por mutaciones en el gen *inhA* en cepas de *Mycobacterium tuberculosis* multidrogorresistente y resistente a isoniazida en Colombia durante el periodo comprendido entre Enero de 2012 a Mayo de 2013

Materiales y métodos: se realizó un estudio descriptivo de cohorte transversal, tomando las cepas ya cultivadas con expresión de multidrogorresistencia y resistencia a isoniazida, realizando repiques en medio de cultivo sólido (Lowestein Jensen) con etionamida a concentraciones estandarizadas (20 y 30 μ g/ml), adicionalmente se valoró la expresión del gen *inhA* (responsable de la resistencia cruzada isoniazida - etionamida) mediante técnicas de biología molecular (GenoType®MTBDR plus). Se revisó mediante la ficha de notificación epidemiológica las características clínicas básicas. Finalmente se realizaron medidas de concordancia entre pruebas de sensibilidad moleculares y fenotípicas a etionamida

Resultados: se reporta una prevalencia del 8,6% para corresponsencia isoniazida etionamida en las cepas analizadas dada por la expresión de mutaciones en el gen *inhA*, se encontró un índice de Kappa del 0,6 entre la presencia del gen *inhA* y la resistencia a etionamida, la mutación asociada es la C15T

Conclusiones: la prevalencia encontrada sugiere que la etionamida es un medicamento antituberculoso útil en el país en los esquemas de multidrogorresistencia.

RESISTENCIA BACTERIANA - PRESENTACIÓN ORAL

307. Frecuencia de *Clostridium difficile* en hospitales de tercer nivel en Medellín y perfil de susceptibilidad a metronidazol, vancomicina y clindamicina.

Clara Lina Salazar, María Isabel Orozco, Walter Zea, Santiago Athortua, Ma Gabriela Becerra, Patricia Sierra, Margarita M. Correa, Angel Gonzalez.

Escuela Microbiología, U. de A. Medellín, Colombia.
clarlin27@gmail.com

Introducción: *Clostridium difficile* es el responsable de altas tasas diarreicas asociadas al uso de antimicrobianos en pacientes hospitalizados. En Colombia no hay estudios que reporten la frecuencia y/o la susceptibilidad de esta bacteria a los antimicrobianos. El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia de *C. difficile* en pacientes hospitalizados en tres instituciones de alta complejidad en Medellín entre 2013-2014, y la susceptibilidad a metronidazol (MTZ), vancomicina (VAN) y clindamicina (CLM).

Materiales y métodos: Se recolectaron muestras de materia fecal de pacientes con sospecha clínica de infección por *C. difficile* (EACD), se determinó la presencia de las toxinas A/B por ensayo inmunoenzimático, y se cultivaron en el medio selectivo Cefoxitin Cicloserina Fructosa Agar. La concentración inhibitoria mínima (CIM) a MTZ y VAN se determinó por el método de dilución en agar y a CLM por el método de espilometría. Los puntos de corte para la CIM se establecieron según la CLSI (documento M100-23SE).

Resultados: un total de 574 muestras fueron evaluadas. La frecuencia de la toxina A/B en pacientes con sospecha clínica de EACD fue de 6.3%, 16% y 6.9% para los hospitales A, B y C, respectivamente. El perfil de susceptibilidad se analizó en 63 aislamientos de *C. difficile*. Todos los aislamientos fueron susceptibles a VAN, el 1,6% con susceptibilidad intermedia a MTZ, mientras que el 54% fueron resistentes a CLM.

Conclusiones: Los resultados indican que la frecuencia de EACD es inferior a lo reportado en otros estudios a nivel mundial, y que *C. difficile* es susceptible a la primera opción terapéutica (MTZ o VAN), mientras la resistencia a CLM es inferior a otros reportes en el mundo. No obstante, se sugiere estar atentos y establecer protocolos de vigilancia para esta infección bacteriana. Proyecto financiado por Colciencias contrato 4852012

308. Caracterización fenotípica de resistencia de *Pseudomonas aeruginosa* en un hospital infantil en la ciudad de Bogotá 2006-2014.

Jailier Arango Alvarado, German Camacho Moreno, Aura Lucia Leal Castro, María del Pilar Montilla Velasquez.

Universidad Nacional de Colombia - Fundación Hospital de la Misericordia - HOMI. Bogotá, Colombia. jjarangoa@unal.edu.co

Introducción: El reto del clínico en la infección por *P. aeruginosa*, es la existencia de una alta presión de selección de resistencia por parte de los antibióticos. Se describirá el comportamiento de sensibilidad de la *P. aeruginosa* y mediante el análisis de todos los antibiogramas acumulados, inferir los mecanismos predominantes, responsables de los factores de resistencia.

Materiales y métodos: estudio descriptivo, corte transversal. Escenario y participantes: Informes de antibiogramas, positivos para *P. aeruginosa*, almacenados en la base de datos de WHONET, de pacientes internados en un hospital infantil en la ciudad de Bogotá, junio 2006 a febrero 2014. Se describen algunas características epidemiológicas de los pacientes, mediante un análisis descriptivo por distribución de frecuencias.

Resultados: Se obtuvo 483 aislamientos, de los cuales 155 presentaban algún mecanismo de resistencia (31,8%). Las muestras más frecuentes provenían de: sangre 24,4%, orina 23.8 y secreción bronquial 16,6%. Una relación hombre mujer 1.6:1. Edad más frecuente: 0 a 2 años de edad (64,%), preescolares (14,4%). Lugares de aislamiento más frecuentes UCIP (30,2%) y hospitalización general (27,3%). La lectura de los resultados evidenció como mecanismos de resistencia más probablemente implicados según la lectura interpretada en los datos de susceptibilidad fue: sensible (63,2%), des-represión parcial de Amp C (8%) y pérdida de porina -OprD- (5,7%). Deducción de fenotipo de resistencia más frecuentes en UCIP: pérdida de porina OprD (14%), des-represión parcial de AmpC (8%) y en hospitalización general des-represión parcial de AmpC (9,2%)

Conclusiones: los datos anteriores demuestran que el fenotipo inferido de *P. aeruginosa* más frecuente fue sensible, pero varía según el estado clínico de los pacientes, la edad y el tejido implicado, siendo el más frecuente des-represión parcial de AmpC y pérdida de porina OprD.

VIROLOGÍA - PRESENTACIÓN ORAL

309. Hallazgos clínicos y de laboratorio de una serie de casos febriles agudos con diagnóstico presuntivo de infección por virus dengue. Quindío-Colombia.

Carlos Andres Rodriguez Salazar, Delia Piedad Recalde Reyes, Juan Carlos Gallego, María Mercedes Gonzales, Liliana Quintero, Jhon Carlos Castaño Osorio.

Universidad del Quindío. Armenia, Colombia.
carodriguez@uniquindio.edu.co

Introducción: El dengue es una infección viral sistémica causada por el virus Dengue, el cual puede producir una enfermedad sin complicaciones o presentar anomalías en la hemostasia y un incremento en la permeabilidad vascular llevando a complicaciones hemorrágicas, daño de órganos e incluso ocasionar la muerte del individuo, el principal problema se presenta en el manejo de la enfermedad debido a que no es fácil distinguir esta arbovirosis de otras entidades infecciosas, debido a su similitud clínica.

Materiales y métodos: se realizó un estudio de incidencia en pacientes con sospecha clínica de dengue en el periodo comprendido entre enero-agosto de 2013, en algunos centros hospitalarios del Departamento del Quindío. Se tomaron muestras de sangre para diagnóstico: dengue, *Leptospira*, malaria, Hepatitis-B, y rickettsiosis. Como pruebas confirmatorias para Dengue se realizó aislamiento viral en células C6/36HT y serotipificación para Dengue por RT-PCR. Además se realizaron pruebas de función hepática, cuadro hemático y niveles de citocinas.

Resultados: De 149 casos el 43% presentó infección por Dengue, 4,05% *Leptospira*, 6,8% rickettsias, un caso de malaria y uno de hepatitis-B. Se obtuvieron 5 aislados del DENV-2 y 3. Mediante la RT-PCR, se evidenció co-circulación de serotipos 2, 3 y 4. Encontramos que las enzimas AST/ALT, el conteo de plaquetas la erupción y dolor abdominal, son buenos marcadores de infección por Dengue, mientras la ictericia y el dolor lumbar describen mejor la leptospirosis. Los valores de citocinas mostraron que la IL-10 y TNF α variaron significativamente en casos con dengue frente a otros diagnósticos y la IL-17 α , presentó diferencias significativas en individuos con dengue grave.

Conclusiones: el diagnóstico etiológico confirmado como causa de síndrome febril ictero-hemorrágico en nuestra región fue el Dengue, pero la leptospirosis y la rickettsiosis tienen también una participación importante. En el 44% de los casos nos se pudo determinar su causa.

310. Co-infección viral en Infección Respiratoria Aguda en Colombia, enero de 2013 a abril de 2014

Héctor Julio Amaya Santiago, Juliana Barbosa Ramirez.

Universidad Nacional de Colombia, Instituto Nacional de Salud. Bogotá, Colombia. hjamayas@unal.edu.co

Introducción: La etiología de la Infección Respiratoria Aguda (IRA) varía según el grupo etario, en la que se supone una causa viral en la mayoría de los casos, sin embargo, el porcentaje de aislamientos virales es bajo. La IRA viral no siempre es causada por un solo virus, pues se describen casos de etiología múltiple; teniendo en cuenta la posibilidad de tener más de un agente etiológico se plantea describir la frecuencia de co-infección viral en los casos de IRA.

Materiales y métodos: estudio descriptivo retrospectivo. Se incluyeron pacientes con IRA, cuyas muestras (hisopados faríngeos, aspirados nasofaríngeos, biopsias de tejido (pulmón, bronquio, tráquea) fueron remitidas al Grupo de Virología del Instituto Nacional de Salud entre enero 2013 hasta abril de 2014 y en las que se detectaron por RT-PCR en tiempo real virus respiratorios: influenza A (H1N1) pdm09 y A (H3N1), influenza B (fluB), virus sincitial respiratorio (VSR), parainfluenza (PIV 1, 2, 3 y 4), adenovirus (ADV), rinovirus (RV), metapneumovirus humano (hMPV), bocavirus (BoV), enterovirus (EV) y coronavirus 229 E, OC43, NL63 y HKU1 (CoV).

Resultados: en 4.672 muestras estudiadas, el 10,4% fueron positivas por rRT-PCR y de éstas, en el 13,9% se documentó más de un virus. Los grupos etarios más afectados: individuos entre 1-4 años (27,9%), menores de un año (26,4%) y 30-39 años (13,2%). Las co-infecciones más frecuentes fueron: VSR+hMPV 11,7%, VSR+BoV 10,2%, VSR+ADV 8,8%; en el 11,7% se documentaron 3 agentes virales. VSR se presentó en el 52,9% de las co-infecciones, seguido por hMPV: 30,8%, PIV: 30,8% y BoV 23,52%. La mortalidad de los individuos con co-infección fue 16.17% afectando principalmente a los adultos. La co-infección más frecuente fue VSR+PIV1 (36,3%). En el 50% de los casos fatales se aisló VSR.

Conclusiones: El porcentaje de IRA viral confirmado por laboratorio es bajo. El 14% de los casos de IRA viral es causado por más de un agente viral. La mortalidad por co-infección es más frecuente en adultos. VSR se documenta hasta en el 50% de los casos de co-infección y mortalidad.