

VII Encuentro Nacional de Investigación en Enfermedades Infecciosas

EPIDEMIOLOGIA Y SALUD PUBLICA

AO-37 Análisis epidemiológico del sistema de vigilancia de *Streptococcus pneumoniae* en niños colombianos menores de cinco años, entre 1994 y 2009

Olga Marina Sanabria, Carolina Duarte, María Elena Realpe, Jaime Moreno, Diana Carolina Cáceres
Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C. osanabria@ins.gov.co

Introducción y Objetivos. *Streptococcus pneumoniae* es una de las principales causas de enfermedades invasoras, principalmente en niños menores de cinco años. El objetivo de este trabajo fue realizar el análisis de los datos obtenidos a través del programa de vigilancia de *S. pneumoniae* en niños colombianos menores de cinco años, entre 1994 y 2009.

Materiales y métodos. Se analizó la información de 1.703 aislamientos de *S. pneumoniae*, recuperados de menores de cinco años, que tenían datos epidemiológicos, clínicos, patrones de sensibilidad (CLSI 2009) y serotipificación por Quellung. Se hizo un análisis univariado para determinar frecuencias, tendencia y dispersión, y bivariado, utilizando la prueba de ji al cuadrado y el test exacto de Fisher, y se estimaron riesgos relativos (RR) e intervalos de confianza [IC95%], usando los programas Epi-Info 2000 y SSS1.

Resultados. El 40,8% de los aislamientos se recuperaron de pacientes con meningitis, 30,9% con neumonía y 17,3% con sepsis. La neumonía fue más frecuente entre los 6 y 35 meses de edad. Se encontró mayor riesgo de presentar meningitis en los menores de 12 meses (RR=1,84). La frecuencia de la enfermedad fue mayor en el sexo masculino. La resistencia a la penicilina fue de 33,5% en la meningitis y de 8,1% en otras infecciones. El serotipo más frecuente fue el 14 (34%), seguido del 6B (10,3%), el 1 (8,0%) y el 23F (7,4%). El cubrimiento teórico de las vacunas conjugadas sería de 64,8%, 79,9% y 89,1% para la vacuna heptavalente, decavalente y trecevalente, respectivamente.

Conclusiones. Estos resultados proporcionan la información necesaria para el diseño y la implementación de estrategias de prevención de la enfermedad neumocócica en nuestro país.

AP-15 Epidemiología de las infecciones puerperales en Bogotá, 2007-2009

Diana Bermúdez, Jorge A. Cortés, Andrés Callamand, Patricia Reyes, Nancy Barrera
Clínica Colsánitas y Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.

Introducción y Objetivos. Las infecciones puerperales generan gran morbilidad en las mujeres. El objetivo del estudio fue identificar y describir la prevalencia de las infecciones intrahospitalarias derivadas de la atención del parto en una clínica de Bogotá.

Materiales y métodos. Se tomaron los datos de la vigilancia de la infección intrahospitalaria en pacientes puérperas atendidas en un hospital de tercer nivel en Bogotá, entre el 1º enero de 2007 y el 31 de diciem-

bre de 2009. Las pacientes fueron seguidas prospectivamente por vigilancia activa, para detectar las infecciones intrahospitalarias asociadas con la atención del parto (endometritis posterior al parto o a la cesárea).

Resultados. Entre el 1º de enero de 2007 y 31 de diciembre de 2009, se atendieron 8.308 partos vaginales y se practicaron 4.708 cesáreas. Se documentaron 205 (1,6%) infecciones intrahospitalarias, la de mayor prevalencia fue la infección del sitio operatorio posterior a la cesárea (44,3%). La proporción de endometritis posterior al parto fue de 0,9% y varió entre 0,0% y 3,4% (DE=0,7%), mientras que la proporción de endometritis posterior a la cesárea fue de 0,7% y varió entre 0,0% y 2,5% (DE=0,7%). La infección del sitio operatorio de las cesáreas se encontró en 1,9% y varió entre 0,0% y 5,6% (DE=2,9%). La mayoría (82,4%) fueron superficiales y tan sólo 4,4% correspondieron a órgano-espacio. No se documentó mortalidad materna asociada con la infección.

Conclusiones. En una institución de tercer nivel en Bogotá, la frecuencia de la infección intrahospitalaria es baja, mayor en las pacientes con cesárea y con baja mortalidad.

AO-21 Búsqueda bacteriológica y molecular de portadores de *Salmonella enterica* en cuatro regiones de Colombia

Hernán Darío Carvajal, Miryan Margot Sánchez, Jaime Moreno, Sergio Díaz-Rodríguez, Nora María Cardona
Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Universidad CES, Medellín, Antioquia; Grupo de Microbiología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C.; Grupo de Cirugía, Universidad CES, Medellín, Antioquia

Introducción y Objetivos. *Salmonella* spp. es un patógeno involucrado en enfermedades transmitidas por alimentos y animales. Los humanos pueden ser reservorios y fuentes de transmisión, ya que la bacteria resiste la acción de la bilis, permanece en la vesícula biliar y se excreta en la materia fecal por más de un año. Colombia es endémica para la salmonelosis. Las fuentes de infección son difíciles de establecer en los casos esporádicos y en los epidémicos. Se realizó la búsqueda de portadores de *Salmonella enterica* en la población general de cuatro municipios con antecedentes de brotes durante 2008-2009.

Materiales y métodos. Se estudiaron 667 muestras de materia fecal de Quibdó (Chocó) (144 muestras), Apartadó (Antioquia) (200 muestras), Guachené (Cauca) (204 muestras) y Granada (Meta) (119 muestras). Se recolectaron, también, 148 muestras de bilis de pacientes de Quibdó (2 muestras), Apartadó (22 muestras), Medellín (55 muestras), Turbo (5 muestras) y otros municipios de Antioquia (64 muestras). A cada una se le realizó cultivo y PCR para la detección del gen *hliA* de *S. enterica*; además, a los aislamientos se les hicieron pruebas bioquímicas confirmatorias y PCR múltiple para identificar el serotipo.

Resultados. A partir de materia fecal, se obtuvo el aislamiento de *Salmonella* spp. en 9 muestras (1,35%). Por municipio, los resultados fueron: Quibdó, 2 *S. Uganda*; Apartadó, 2 *S. Anatum*, 1 *S. Sinstorf* y 1 *S. enterica*; y en Granada, 3 *S. enterica*. En bilis se detectó por PCR, *S. enterica* en cinco muestras de Medellín y del área metropolitana.

Conclusiones. Estos resultados demuestran la presencia de *S. enterica* en portadores en diferentes regiones de Colombia, posibles fuentes de infección en casos endémicos y epidémicos.

AO-32 Incidencia de la bacteriemia por *Acinetobacter baumannii* y *Pseudomonas aeruginosa* en hospitales colombianos

Jorge A. Cortés, Kateir Contreras, Giancarlo Buitrago, María Angélica Pabón, Aura Lucía Leal, Fabio Varón, Carlos Gómez
Universidad Nacional de Colombia, Fundación Cardio-Infantil y Hospital Universitario San Ignacio, Bogotá, D.C.

Introducción y Objetivos. Se desconoce la carga de enfermedad por bacteriemia por *Pseudomonas aeruginosa* y *Acinetobacter baumannii* en hospitales colombianos. El objetivo fue describir su incidencia en hospitales colombianos. **Materiales y métodos.** En seis hospitales del tercer nivel se obtuvo la información sobre egresos y estancia en la unidad de cuidados intensivos y, con base en la información de laboratorio, se calculó la densidad de incidencia de bacteriemia por *P. aeruginosa* y *A. baumannii*. **Resultados.** La densidad de incidencia de bacteriemia por *A. baumannii* osciló entre 0 y 4 por 1.000 días de estancia. Hubo variaciones grandes entre los hospitales y se encontraron agrupamientos que sugerían la presencia de brotes. Globalmente, la densidad de incidencia de bacteriemia por *P. aeruginosa* osciló entre 0 y 2,8 por 1.000, aunque en las instituciones se observaron valores hasta de 12 por 1.000. Se observó un incremento en el 2007, con una tendencia a disminuir en el 2008. Se observaron hospitales en los que la incidencia de *P. aeruginosa* y *A. baumannii* aumentó concomitantemente, lo cual sugiere brotes de los dos microorganismos. **Conclusiones.** En las unidades de cuidados intensivos de los hospitales colombianos, la incidencia de bacteriemia por *A. baumannii* es variable y parece presentarse en brotes. La incidencia de *P. aeruginosa* tuvo menores variaciones y se incrementó en el 2007 para disminuir nuevamente.

AO-33 Incidencia de la bacteriemia por *Staphylococcus aureus* y *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina en las unidades de cuidados intensivos de hospitales colombianos

Jorge A. Cortés, Kateir Contreras, Giancarlo Buitrago, Aura Lucía Leal, Ricardo Sánchez, Fabio Varón
Universidad Nacional de Colombia y Fundación Cardio-Infantil, Bogotá, D.C. jorgecortes@yahoo.com

Introducción y Objetivos. Se desconoce la carga de la enfermedad por bacteriemia por *Staphylococcus aureus* en los hospitales colombianos. El objetivo fue describir la incidencia de la bacteriemia por *S. aureus* y *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina (SARM) en los hospitales colombianos, y hacer una predicción de su comportamiento. **Materiales y métodos.** Se obtuvo la información sobre egresos y estancia en la unidad de cuidados intensivos de seis hospitales colombianos de tercer nivel y, con la información de laboratorio, se calculó la densidad de incidencia de bacteriemia por *S. aureus* y SARM. Se desarrollaron análisis de series de tiempo para cada una de las instituciones y para la serie agrupada. Se propusieron y se escogió el mejor modelo (ARIMA, Box-Jenkins). Se hizo un pronóstico a un año con una confianza del 95%. **Resultados.** Las series de bacteriemia por *S. aureus* y SARM en cada institución no presentaron diferencias entre ellas. La serie de bacteriemia por *S. aureus* osciló entre 0 y 35,9 por 1.000 días-paciente. La serie fue estable y no presentó estacionalidad. El mejor modelo fue un ARIMA (0,1,1) y predice una densidad de incidencia alrededor de 4,2 por 1.000 días-paciente (IC95% 0,7-7,7). La serie de bacteriemia por SARM osciló entre 0 y 17,4 por 1.000 días-paciente. La tendencia

global es hacia el descenso y no presenta estacionalidad. El mejor modelo es un ARIMA (0,1,1) con constante y predice una incidencia al cabo de un año cercana a 1,5 por 1.000 días-paciente (IC95% 0-3,33).

Conclusiones. En las unidades de cuidado intensivo de hospitales colombianos, la incidencia de bacteriemia por *S. aureus* es alta y parece ser estable, mientras que la incidencia de SARM parece estar en descenso.

AO-9 Impacto de un programa de prevención en bacteriemia relacionada al catéter en una unidad de cuidados intensivos de un hospital universitario

Sandra Liliana Valderrama, Claudia Yaneth Linares, Carlos Hernando Gómez, Jorge Oswaldo Suárez, Gloria González, José Roberto Támara, Iván Riaño, Carlos Arturo Álvarez
Hospital Universitario San Ignacio, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C.

Introducción y Objetivos. La bacteriemia asociada al catéter es una de las causas más importantes de la infección intrahospitalaria. El objetivo de este estudio fue mostrar el resultado de un programa para su prevención en una unidad polivalente de cuidados intensivos. **Materiales y métodos.** A partir de junio de 2005 se inició un programa de intervención para la prevención de bacteriemia asociada al catéter en la unidad de cuidados intensivos, que incluía componentes educativos, asistenciales y administrativos. Se diseñó un estudio de intervención, evaluando y comparando las tasas de bacteriemia por 1.000 días-catéter, antes y después de la intervención durante el periodo de 2004 a 2009, mediante el análisis del *odds ratio* (OR) y de su intervalo de confianza (IC). Durante cada uno de los años se evaluó el promedio de edad, el sexo, la estancia, la mortalidad promedio y los microorganismos causantes de la bacteriemia asociada al catéter en los pacientes hospitalizados en la unidad de cuidados intensivos. **Resultados.** Se incluyeron 11.568 pacientes con una edad media de 58,7 años, una estancia promedio de 11 días y una mortalidad promedio de 16,36%. No se encontraron diferencias significativas en edad, sexo, estancia y mortalidad a través de los años. Se encontró un efecto protector de la intervención con OR de 0,43 (IC 95% 0,24-0,80; $p=0,009$). Antes y después de la intervención, las tasas fueron de 7,95 y 1,5 por 1.000 días-catéter, respectivamente. **Conclusiones.** En esta unidad de cuidados intensivos, se encontró una disminución de la tasa de bacteriemia asociada a catéter de 2004 a 2009, después de haberse iniciado un programa integral de prevención. Las estrategias de la prevención de dicha bacteriemia garantizan una mejor calidad en la atención y una mayor seguridad para el paciente.

AP-12 Agentes etiológicos de las infecciones intrahospitalarias en un hospital de cuarto nivel de atención

Mónica Cecilia Cuartas, Olga Lucía Molina, Ana Cristina Restrepo, Gloria Patricia Marín, Luz María Mazo, Marisol Bedoya, Mónica Valderrama, Ana Lucía Correa, Jaime Alberto López
Hospital Pablo Tobón Uribe, Medellín, Antioquia

Introducción y Objetivos. El conocimiento de los microorganismos causantes de las infecciones intrahospitalarias permite la elaboración de guías de manejo basadas en la epidemiología local. El objetivo fue conocer los microorganismos causantes de las infecciones intrahospitalarias en el Hospital Pablo Tobón Uribe, entre 2002 y 2007. **Materiales y métodos.** Los microorganismos se identificaron utilizando pruebas bioquímicas elaboradas en el Laboratorio de Microbiología. Todos los microorganismos cultivados se ingresaron a la base de datos WHONET y se clasificaron como provenientes de pacientes con infecciones intrahospitalarias, de acuerdo con las guías de los *Centers for Disease Control and Prevention* (CDC).

Resultados. En 2.841 muestras se cultivó, al menos, un microorganismo, 2.271 (80%) de las cuales provenían de pacientes con 16 años de edad o más; se aislaron 4.116 gérmenes (1,4 por muestra positiva), clasificados así: *Staphylococcus aureus*, 628 (15%); *Escherichia coli*, 623 (15%); *Klebsiella pneumoniae*, 442 (11%); *Staphylococcus coagulasa negativa*, 440 (11%); *Pseudomonas aeruginosa*, 373 (9%); *Enterococcus spp.*, 342 (8%); *Enterobacter cloacae*, 170 (4%); *Acinetobacter baumannii/calcoaceticus*, 140 (3%), y otros, 958 (23%).

Conclusiones. En sólo tres géneros bacterianos se agrupó el 52% de los agentes etiológicos de las infecciones intrahospitalarias y un número importante de las infecciones fueron polimicrobianas, de acuerdo con el promedio de aislamientos por muestra.

AP-13 Principales microorganismos cultivados en las muestras más frecuentemente positivas, recolectadas en pacientes con infecciones intrahospitalarias en un hospital de cuarto nivel de atención

Mónica Cecilia Cuartas, Olga Lucía Molina, Ana Cristina Restrepo, Gloria Patricia Marín, Luz María Mazo, Marisol Bedoya, Mónica Valderrama, Ana Lucía Correa, Jaime Alberto López
Hospital Pablo Tobón Uribe, Medellín, Antioquia

Introducción y Objetivos. El conocimiento de los microorganismos causantes de las infecciones intrahospitalarias permite la elaboración de guías de manejo basadas en la epidemiología local. El objetivo fue conocer los microorganismos cultivados en las muestras más frecuentemente positivas, recolectadas en pacientes con infecciones intrahospitalarias en el Hospital Pablo Tobón Uribe, entre 2002 y 2007.

Materiales y métodos. Todos los microorganismos cultivados se ingresaron a la base de datos WHONET y se clasificaron como provenientes de pacientes con infecciones intrahospitalarias de acuerdo con las guías de los *Centers for Disease Control and Prevention* (CDC).

Resultados. En 3.122 muestras se cultivó, al menos, un microorganismo, 2.464 (79%) de las cuales provenían de pacientes con 16 años o más de edad; se aislaron 4.948 gérmenes. Las muestras más frecuentemente positivas y los principales microorganismos cultivados en pacientes con 16 o más años de edad, fueron, en orina: *Escherichia coli*, 41%; *Klebsiella pneumoniae*, 14%, y *Pseudomonas aeruginosa*, 7%; en sangre: *E. coli*, 20%; *Staphylococcus aureus*, 17%, y *K. pneumoniae*, 15%; en el sitio quirúrgico: *S. aureus*, 22%; *E. coli*, 17%, y *P. aeruginosa*, 9%; en aspirado traqueal: *S. aureus*, 20%; *K. pneumoniae*, 19%, y *P. aeruginosa*, 18%. En pacientes con 15 años o menos se encontró, en sangre: *Staphylococcus coagulasa negativa*, 25%; *S. aureus*, 17%, y *K. pneumoniae*, 15%; en orina: *E. coli*, 35%; *P. aeruginosa*, 16%, y *K. pneumoniae*, 10%; en aspirado traqueal: *K. pneumoniae*, 23%; *S. aureus*, 15%, y *Enterobacter cloacae*, 12%; y en el sitio quirúrgico: *S. aureus*, 24%; *E. coli*, 22%, y *Staphylococcus coagulasa negativa*, 10%.

Conclusiones. Las principales muestras positivas coinciden con las principales infecciones intrahospitalarias reportadas y en unas pocas especies se agrupa el mayor porcentaje de los aislamientos.

AP-34 Impacto de un programa de prevención en la neumonía asociada al respirador en una unidad de cuidados intensivos de un hospital universitario

Sandra Lilibiana Valderrama, Claudia Yaneth Linares, Luis Carlos Triana, Gloria González, Carlos Hernando Gómez, Jorge Suárez, José Roberto Támara, Carlos Álvarez
Hospital Universitario San Ignacio, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C. sandra.valderrama@gmail.com

Introducción y Objetivos. La neumonía asociada al respirador es una de las causas más importantes de infección intrahospitalaria. El objetivo de este estudio fue mostrar el impacto de instaurar la estrategia "cero neumonías asociadas al respirador" en una unidad polivalente de cuidados intensivos.

Materiales y métodos. El diseño del estudio fue de antes y después. A partir de enero de 2009, se inició la introducción del siguiente paquete de medidas: 1) cabecera del paciente a 45°; 2) lavado de la cavidad oral con clorhexidina al 0,12%; 3) suspensión de la sedación y evaluación diaria de pertinencia del respirador; 4) medida y control de la presión del manguito del tubo orotraqueal, y 5) lavado de manos. Esto se acompañó de capacitación permanente y aplicación diaria de listas de chequeo. Se compararon las tasas de neumonía asociada al respirador por 1.000 días-respirador, durante el periodo 2008 (antes) y 2009 (después), mediante el análisis de *odds ratio* (OR).

Resultados. Se incluyeron 3.146 pacientes; no se encontraron diferencias significativas en edad, sexo, estancia y mortalidad entre los dos periodos. Las tasas fueron de 9,6 en el 2008 Vs. 2,7 en el 2009, por 1.000 días-respirador, y se encontró un efecto protector de la intervención con OR de 0,27 (IC95% 0,13-0,53; p=0,0001).

Conclusiones. En esta unidad de cuidados intensivos se encontró un impacto positivo de la estrategia "cero neumonías asociada al respirador" y se lograron tasas de neumonía asociada al respirador por debajo del percentil 50 (según el *National Healthcare Safety Network*, NHSN), mediante el seguimiento de herramientas básicas que no generan inducción de resistencia o alto costo para la institución.

AP-36 Perfil epidemiológico de las complicaciones de las infecciones odontogénicas en el Hospital Pediátrico de La Misericordia en el periodo 2008-2009

Clara Patricia Acuña, Claudia Patricia Peña, Yeimy Hernández
Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.
cpacunar@bt.unal.edu.co

Introducción y Objetivos. El objetivo fue identificar las características epidemiológicas y clínicas de las infecciones de origen odontogénico de los pacientes del Hospital Pediátrico de La Misericordia, en el periodo de 2008-2009. La infección odontogénica se produce en el diente o en sus tejidos adyacentes, se disemina por los espacios aponeuróticos, y puede comprometer la salud general del paciente.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio descriptivo retrospectivo basado en la revisión los casos de las infecciones de origen odontogénico hospitalizados en el Hospital Pediátrico de La Misericordia, de 51 niños, 60% de sexo masculino y 40% de sexo femenino, con una edad promedio de 4,8 años. Las infecciones fueron más frecuentes en niños entre 1 y 4 años (55 % del total), y entre 5 y 8 años (35%).

Resultados. La complicación más frecuente (94%) fue la celulitis, y la maxilar fue la de mayor frecuencia. La etiología de la infección era la caries, con mayor frecuencia. Las complicaciones sistémicas, como adenitis cervical, osteomielitis y celulitis periorbitaria, se presentaron en pocos casos. Se identificaron factores de comorbilidad de importancia. El tratamiento antibiótico (80,0%) consistió en amoxicilina oral o penicilina G más clindamicina intravenosa por seis días en promedio.

Conclusiones. La infección de origen odontogénico sigue siendo un factor de morbilidad importante en la población pediátrica. El último estudio nacional de salud reportó un aumento en la caries. Por lo tanto, tanto para el odontólogo como para el médico, es importante el entrenamiento para lograr un abordaje muy temprano de estas complicaciones.

AO-6 Impacto del diagnóstico etiológico en los costos del manejo de la neumonía adquirida en la comunidad que requiere hospitalización

Aurelio Mejía, Zulma Vanessa Rueda, María Elena Mejía, Lázaro Agustín Vélez
University of York, York, UK, y Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia, Colombia aemejiamejia@gmail.com

Introducción y Objetivos. El diagnóstico juicioso y rutinario de los microorganismos causantes de la neumonía adquirida en

la comunidad disminuye el uso inadecuado de los antibióticos.

Objetivo. Evaluar los costos adicionales que produce incluir exámenes de diagnóstico etiológico no convencionales en el manejo usual de los pacientes hospitalizados por neumonía adquirida en la comunidad.

Materiales y métodos. Se llevó a cabo un estudio de compensación de costos, en el cual se compararon los costos incurridos con los costos ahorrados por una intervención. Se construyó un modelo de decisiones con dos alternativas: pacientes con neumonía adquirida en la comunidad a quienes se les aplicó un protocolo de diagnóstico etiológico y pacientes tratados de acuerdo con las guías IDSA/ATS-2007. Después de identificar los recursos que consumían ambas alternativas, se procedió a medirlos y valorarlos en pesos colombianos del 2009. Se consideraron tres categorías de costos: estancia hospitalaria, exámenes diagnósticos y medicamentos.

Resultados. Los costos medios esperados por paciente tratado de acuerdo con las guías IDSA/ATS-2007 fueron de \$ 3'489.150 y los del protocolo de diagnóstico etiológico, \$ 3'314.163. En el análisis de sensibilidad se determinó que, cuando las pruebas diagnósticas empleadas permitían identificar el agente causal en más del 50,4% de los pacientes y el costo de las mismas era inferior a \$1'400.000, el protocolo de diagnóstico etiológico era la alternativa más barata. Al comparar ambos protocolos se observó que la inclusión del diagnóstico etiológico aumentaba los costos en esta categoría, pero reducía los costos de medicamentos y hospitalización, lo que generaba un menor costo total. Los costos ahorrados por el protocolo de diagnóstico etiológico se mantuvieron en diferentes situaciones.

Conclusiones. La utilización del protocolo de diagnóstico etiológico permite administrar antibióticos específicos según el germen identificado sin incrementar el costo total del tratamiento hospitalario de la neumonía adquirida en la comunidad.

AO-31 Evaluación del tipo de muerte de los monocitos como factor pronóstico de enfermar por tuberculosis en convivientes de pacientes bacilíferos

Diana M. Marín, Nancy Marín, María E. Ramírez, Lucelly López, Sara París, Helena del Corral, Hanna M. Henao, Teresita Martínez, María C. Oquendo, Carlos Rojas, Jaime Robledo, Luis F. García, Mauricio Rojas, María P. Arbeláez

Grupo de Epidemiología, Grupo de Inmunología Celular e Inmunogenética, y Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia; Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín, Colombia, y Centro Colombiano de Investigación en Tuberculosis, Medellín, Colombia

Introducción. El control de la tuberculosis continúa siendo un problema mundial de gran magnitud para la salud pública. Estudios básicos han demostrado que la muerte de las células fagocíticas es un evento importante en la defensa y la patogénesis de la tuberculosis y, como tal, es un blanco potencial para estrategias terapéuticas y preventivas; sin embargo, su significación epidemiológica en la población se desconoce. **Objetivo.** Evaluar el tipo de muerte de los monocitos como factor pronóstico para la activación de la tuberculosis durante los dos primeros años después de la exposición a una fuente bacilífera.

Métodos. Se realizó un estudio de cohorte en convivientes de pacientes bacilíferos en Medellín, entre 2005 y 2008. Se evaluó al ingreso la apoptosis y la necrosis espontánea y por estímulo al PPD. Se utilizó GEE para evaluar los factores asociados a la muerte de las células fagocíticas. Se estimó el riesgo relativo (RR) crudo \pm IC95%, y se realizó el análisis de supervivencia por Kaplan-Meier y por la regresión de Cox. **Resultados.** Los convivientes expresaron apoptosis y necrosis. Se encontró un efecto protector significativo de la apoptosis de 80% en quienes estaban vacunados con BCG, HR=0,20 (IC95% 0,1-0,5), mientras que, en aquéllos sin vacunación se encontró una tendencia

negativa, no estadísticamente significativa, HR=1,87 (IC95% 0,2-15,2).

Conclusión. Éste es el primer estudio de población en mostrar cómo la respuesta celular guarda relación con aspectos críticos de la salud pública en tuberculosis, como son las condiciones de vida, la nutrición y los programas de prevención y control, entre ellos la vacunación con BCG, la cual mostró un efecto protector significativo asociado con la apoptosis.

Proyecto financiado por Colciencias, código 1115-04-16335 y contrato RC N° 233-2004 (Centro Colombiano de Investigación en Tuberculosis).

AP-30 Descripción y análisis de los conocimientos, actitudes, prácticas y educación que sobre la tuberculosis tienen los estudiantes de último año de los programas de pregrado de una facultad de salud

Esther Cecilia Wilches, Nasly Lorena Hernández, Olga Marina Hernández, Carlos Mario Pérez

Grupo de Investigación, Ejercicio y Salud Cardiopulmonar, Universidad del Valle, Cali, Valle del Cauca

Introducción y Objetivos. Las facultades de salud tienen un gran potencial para desarrollar estrategias de educación en la lucha contra la tuberculosis. Reconociendo la importancia que éstas pueden jugar en la prevención y el control de esta enfermedad, se realizó una investigación con el objetivo de describir y analizar los conocimientos, actitudes, prácticas y educación que sobre la tuberculosis tienen los estudiantes de último año de pregrado de la facultad de salud de una universidad pública de la ciudad de Santiago de Cali y determinar la tasa de positividad de la prueba cutánea de tuberculina (PCT-PPD) por cada programa.

Materiales y métodos. Es un estudio observacional de corte transversal. Consta de una muestra intencional de 193 estudiantes de medicina, enfermería, atención prehospitalaria, terapia ocupacional, fonoaudiología, fisioterapia, bacteriología y odontología. Se utilizó una encuesta autodiligenciada, con 7 secciones y 33 preguntas, construida a partir de grupos focales y validada con la participación de expertos en tuberculosis, docentes y estudiantes de la facultad. La PCT-PPD se le aplicó a 151 estudiantes mediante la técnica de Mantoux. Se hizo un análisis descriptivo univariado. **Resultados.** El 44% (85/193) de los estudiantes no identifica los factores de riesgo para la tuberculosis, 54,4% (105/193) no identificó la tasa de incidencia de la tuberculosis en Colombia, 51,3% (99/193) no conocía la estrategia TAES, sólo 31,3% (60/193) identificó la utilidad de la PPD, 49,2% (95/193) identificó la prueba diagnóstica para la tuberculosis y el 32 % (49/151) tuvo PCT-PPD positiva. **Conclusiones.** Los resultados permitirán generar recomendaciones para mejorar la enseñanza de la tuberculosis en los programas académicos de la facultad, favoreciendo la prevención, el control y la vigilancia.

AO-22 Estudio de la transmisión de la lepra en áreas endémicas de Colombia mediante herramientas moleculares y geográficas

Nora María Cardona, Juan Camilo Beltrán, Vara Vissa
Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Universidad CES, Medellín, Antioquia

Introducción y Objetivos. La transmisión de la lepra continúa a pesar de que, desde 1985, se suministra la poliquimioterapia (rifampicina-dapsona-clofazimida), lo cual impacta la prevalencia mas no de igual forma la incidencia: el número de casos por año no ha disminuido como se esperaba (300.000 a 500.000). En Colombia, la prevalencia es menor de 1 por 10.000, pero el número de casos por año es de 400 a 500. El desconocimiento de las causas de transmisión abre nuevos campos para dilucidar este fenómeno. Se estudió la transmisión de la lepra en áreas endémicas de Colombia, combinando herramientas geográficas y moleculares en aislamientos de *Mycobacterium leprae* de pacientes, con el fin de conocer más de ella.

Materiales y métodos. Se incluyeron pacientes con lepra multibacilar de la región andina (Antioquia, Cundinamarca, Norte de Santander, Santander y Tolima) y atlántica (Atlántico, Bolívar, La Guajira y Magdalena). Se tomaron muestras de linfa y biopsias de piel. La localización de cada paciente fue documentada por coordenadas geográficas usando un sistema de posicionamiento global (GPS). Se genotipificaron 175 aislamientos de *M. leprae* por PCR (VNTR) 27-5 y 12-5 y un SNP (*single-nucleotide polymorphism*) en el gen *gyrA*. La distribución de los aislamientos por genotipo y localización se analizó usando los *software Biodiversity Pro* y *Google Earth*. **Resultados.** Se encontró una relación estadística entre cada marcador molecular y el origen geográfico ($p < 0,001$). Se encontraron ocho haplotipos combinando los tres marcadores; dos fueron más comunes, uno en el área andina y otro en la atlántica ($p < 0,05$). **Conclusiones.** La distribución de los haplotipos de *M. leprae* en Colombia sugiere dos orígenes diferentes para su circulación, hallazgo soportado por la historia de la colonización colombiana.

AP-53 Prevalencia de la lepra en el municipio de Armenia: impacto de una enfermedad vigente

Gilberto González, Natalia Ramírez, Jorge Enrique Gómez, Nelson Enrique Arenas, Liliana Quintero
Secretaría de Salud de Armenia, Universidad del Quindío, Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío. natalia.ramirez.giron@gmail.com

Introducción y Objetivos. A pesar de la reducción de la prevalencia global de la lepra, la meta de eliminación no ha sido posible. Esto se evidencia por la transmisión de *Mycobacterium leprae* entre los convivientes de los casos índice y la incidencia vigente de esta enfermedad en algunas zonas endémicas de Colombia. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la prevalencia de lepra en Armenia, desde el año 2001 hasta la fecha. **Materiales y métodos.** El registro de la información se realizó a partir de las fichas de notificación, el resumen de la historia clínica de los pacientes y las actas de las visitas domiciliarias. Se estableció una base de datos con la información de tipo sociodemográfico, criterios diagnósticos, antecedentes quimioterapéuticos y procedencia de casos. **Resultados.** La lepra presentó una mayor frecuencia en hombres (relación hombres-mujeres de 5:1), la edad promedio fue de 57 años y en el 25% de los casos estuvieron relacionados con actividades productivas del campo. El régimen de afiliación de los pacientes fue: subsidiado en 67%, contributivo en 25% y vinculado en 8%. Según la clasificación de los casos, 58% fue lepra multibacilar; 17%, paucibacilar, y 25% no tenía registro. Se presentó 8% de recidivas y el contagio a nivel familiar se notificó en 17% de los casos. La tasa de curación fue de 17%. La prevalencia de la lepra ha disminuido de 0,71 a 0,35 casos por 100.000 habitantes en los últimos seis años. **Conclusiones.** Aunque la prevalencia de la lepra en Armenia (menos de 0,40 casos por 100.000 habitantes) y la carga de la enfermedad son bajas, se deben promover directrices encaminadas a fortalecer las estrategias de prevención, vigilancia y control de la lepra en el municipio.

AO-72 Epidemiología de la cisticercosis porcina en el área rural de Mercaderes, Cauca

Luis Reinel Vásquez, Piedad M. Agudelo, Julio César Giraldo, Diego Vergara, Diana Samper, Diana Lucía Nieto, Omar A. Ramos, Lina Mabel Bonilla, Víctor Hugo Campo
Universidad INCCA de Colombia, Bogotá, D.C.

Introducción y Objetivos. El complejo teniasis/cisticercosis es un problema de salud pública en los países de América Latina como Colombia, debido a diversos factores como la presencia de pacientes con tenias, la crianza no tecnificada del cerdo y la deficiencia sanitaria y educativa, entre

otros. Se llevó a cabo un estudio seroepidemiológico para determinar la prevalencia de la cisticercosis porcina en el área rural de Mercaderes, Cauca.

Materiales y métodos. Se muestrearon exhaustivamente los cerdos del área rural del municipio de Mercaderes comprendidos en siete corregimientos; con consentimiento informado, se tomó una muestra de sangre y se determinaron los anticuerpos anticisticercosis por medio de la técnica ELISA con la fracción de 53 kDa. Se hizo una encuesta estructurada. **Resultados.** Se realizaron 166 serologías en la determinación de los anticuerpos anticisticercosis, de las cuales, 16,3% (27) resultaron positivas; la seropositividad estuvo relacionada con la procedencia, el sistema de crianza y la fuente de agua. Se ha hecho control de esta parasitosis de forma empírica por parte de los pobladores, pero no se ha logrado su control ni su erradicación. **Conclusiones.** El complejo teniasis/cisticercosis es un problema de salud pública en Mercaderes. Para su control, debe existir mayor voluntad política por parte de las autoridades locales.

Este trabajo se realizó en el marco de un proyecto de Colciencias (contrato 307), cofinanciado por la Universidad del Cauca, la Universidad INCCA y la Universidad CES; además, con recursos proporcionados por la Vicerrectoría de Investigaciones de la Universidad del Cauca con código id2287.

AO-16 Estudio multicéntrico nacional de toxoplasmosis neonatal: resultados en el primer año

Gómez-Marín JE, Angel-Muller E, Rubio JA, Arenas J, Osorio E, Nuñez L, Pinzon L, Mendez LC, Bustos A6, de-la-Hoz I6, Silva P7, Beltran M8, Chacon L9, Marrugo M10, Manjarres C, Baquero H, de-la-Torre A, Lora F, Torres E, Zuluaga OE, Estrada M, Moscote L, Najera S, Silva MT, Rivera R, Sanabria A, Ramirez ML, Alarcón C, Restrepo N, Rodríguez T.
Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Colombia. Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia. Laboratorio de Salud Pública, Secretaría de Salud de Bogotá. Instituto Materno Infantil. Hospital de Engativá. Clínica Medilaser, Florencia. Universidad de Santander. Universidad Autónoma de Bucaramanga. Laboratorio Salud Pública de Santander. Universidad del Norte, Barranquilla. Hospital Universitario San Juan de Dios de Armenia. Hospital Nuestra Señora de los Remedios, Riohacha. Hospital Erasmo Meoz, Cúcuta. Clínica Colombia, Colsanitas, Bogotá. Hospital Simón Bolívar, Bogotá

Introducción. En Colombia no existe un estudio lo suficientemente grande y representativo que nos permita conocer la incidencia real de la toxoplasmosis congénita en el país y evaluar su impacto en la salud de nuestros niños. Este proyecto tuvo como objetivo determinar la prevalencia de la toxoplasmosis congénita en los recién nacidos de seis ciudades de Colombia. **Materiales y métodos.** Entre marzo y diciembre de 2009, se recolectaron 14.027 muestras de sangre de cordón umbilical, sobre las cuales se realizó la prueba para detección de IgM anti-*Toxoplasma* por el método ELISA. En una submuestra de 1.350 niños, con resultados negativos para IgM, se hizo una prueba para IgA anti-*Toxoplasma* por el método ISAGA. **Resultados.** De 14.027 muestras, se encontraron 66 positivas para IgM (0,47%) y de 1.350, 11 positivas para IgA (0,8%). La prevalencia de IgM por ciudad fue: Bogotá, 0,57%; Bucaramanga, 0,03%; Barranquilla, 0,04%; Armenia, 1,8%; Cúcuta, 0%; Florencia, 1,7%; y Riohacha, 0%. Para la IgA anti-*Toxoplasma*, fue: Bogotá, 1%; Bucaramanga, 0,78%; Barranquilla, 1,2%; Armenia, 0%; Florencia, 0%; y Riohacha, 0%. Se han confirmado 10 casos, dos de ellos mortinatos. **Conclusiones.** Los resultados demuestran la presencia de la toxoplasmosis congénita en varias regiones de Colombia. En las ciudades con altos niveles de prevalencia de IgM, no hay IgA, y en las ciudades donde hay baja frecuencia para IgM, la IgA es mucho más frecuente. Para un programa de tamización de toxoplasmosis congénita es esencial realizar la medición de ambas inmunoglobulinas.

Proyecto financiado por Colciencias, código 1113-04-18247

AO-29 Detección de toxoplasmosis neonatal en cuatro instituciones prestadoras de salud en Bogotá: resultados del primer año de seguimiento

Lilian Núñez, Diego Aranda, Elkin Osorio, Jorge Enrique Gómez-Marín

Laboratorio de Salud Pública de Bogotá, Bogotá, D.C.

Introducción y Objetivos. La toxoplasmosis puede generar efectos irreversibles en el desarrollo del feto. Este hecho y las posibilidades tecnológicas para su identificación y manejo temprano, la hacen de especial interés para los servicios de salud pública. El distrito capital de Colombia, en el contexto de un estudio multicéntrico nacional, pretendió establecer la magnitud del evento determinando la prevalencia en recién nacidos de cuatro instituciones representativas de la ciudad. **Materiales y métodos.** Entre marzo y diciembre de 2009, se recolectaron 5.035 muestras de sangre de cordón umbilical, a las cuales se les practicó la prueba presuntiva para detección de IgM anti-*Toxoplasma* por el método ELISA y, en una submuestra de 395 niños, se midió la IgA anti-*Toxoplasma* por el método de referencia ISAGA. **Resultados.** Se encontraron 29 muestras positivas para IgM (0,57%) y 36 dudosas (0,71%); para IgA, se encontraron cuatro muestras positivas (1%). El seguimiento clínico y de laboratorio permitió confirmar dos casos, uno de ellos con coriorretinitis y calcificaciones cerebrales, y otro que presentó esplenomegalia. Se establece, al momento, una prevalencia de toxoplasmosis congénita, al menos, de 1 por cada 2.517 nacimientos. **Conclusiones.** Los resultados demuestran la presencia de la toxoplasmosis congénita en la ciudad y la necesidad de incluirla en los programas de tamización de los recién nacidos y de vigilancia de las enfermedades congénitas en el distrito capital de Colombia.

AO-5 Frecuencia de *Demodex* spp. en pacientes con rosácea

Luis Nevio Jaramillo, Gilberto González, Alejandra De la Torre, Joaquín Berrío, Jorge Enrique Gómez

Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío. nevio@uniquindio.edu.co

Introducción y Objetivos. Se ha postulado que los ácaros *Demodex folliculorum* y *Demodex brevis* son agentes causales de foliculitis y determinantes de rosácea cuando se encuentran en la piel con una densidad mayor o igual a 5 parásitos por cm². Esta densidad se asume como válida para confirmar el diagnóstico en los países europeos, Asia, Medio Oriente y Australia; no obstante, en Colombia no existen reportes sobre su frecuencia y densidad en personas con rosácea y sin ella. **Materiales y métodos.** Se estudiaron pacientes con signos y síntomas de rosácea, definidos por los dermatólogos por la presencia de eritema, pápulas-pústulas, nódulos indurados o telangiectasias superficiales, y que fueron remitidos al Centro de Investigaciones Biomédicas de la Universidad del Quindío. La muestra fue tomada en la mañana sobre el sitio de la lesión sin lavar, mediante la técnica modificada de la biopsia estandarizada de la superficie de la piel. **Resultados.** Se analizaron muestras de 124 pacientes con impresión diagnóstica de rosácea y remitidos por dermatólogos y 7 controles sin lesiones dermatológicas. La prevalencia de *Demodex* sp. en los casos con rosácea fue de 87% (106 con *D. folliculorum* y 2 con *D. brevis*), y en los controles, de 28%. La concentración media de ácaros en los pacientes con rosácea fue de 7 parásitos por cm² (rango 0 a 184), mientras que en los controles fue de 0 parásitos por cm² (rango 0 a 2). **Conclusiones.** Existe una alta prevalencia de *Demodex* sp. en los pacientes con rosácea. Se hace importantes el seguimiento y el control del tratamiento con este método diagnóstico, que resulta poco costoso y de sencilla realización, y en el que debería estar entrenado el personal médico y de salud relacionado.

AO-38 Factores asociados a la mortalidad por dengue en los países americanos, 1995-2008

Fredi Alexander Díaz, Eliseu Alves

Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil

Introducción y Objetivos. Aunque la mortalidad por dengue se considera prevenible, durante los últimos años se ha incrementado de manera importante en América Latina. Se tuvo como objetivo estimar el efecto de factores sociodemográficos y ambientales sobre la mortalidad por dengue en América. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio observacional ecológico, analizando LOS datos de los años 1995 a 2008 publicados por organizaciones internacionales (OPS, FAO y UNDP). Las unidades de análisis fueron los países latinoamericanos en cada año y la variable dependiente fue el coeficiente de mortalidad. Se empleó la regresión de Poisson para evaluar la tendencia de la mortalidad en el tiempo (incluyendo la variable "año" como independiente continua) y la influencia de variables como serotipos circulantes, porcentaje de floresta, precipitación, densidad de la población e índice de desarrollo humano. **Resultados.** Los mayores coeficientes de mortalidad se registraron en el Caribe hispano (1,9 por millón de habitantes-año), el Caribe inglés-francés-holandés (1,4) y la región andina (0,4). En promedio, los coeficientes de mortalidad aumentaron 7% por año (razón de coeficientes [RC]=1,07; IC95%:1,06-1,09). En el modelo multivariado se asociaron a una mayor mortalidad: la circulación del serotipo 2 (RC=1,78; IC95%:1,44-2,22), el porcentaje del territorio cubierto por floresta (RC por cada 10%:1,96; IC95%:1,78-2,17), el índice de precipitación pluviométrica (RC por billón de m³: 1,13; IC95%:1-1,27) y la densidad de la población (RC por 10 habitantes/km²:1,1; IC95%:1,09-1,12). El índice de desarrollo humano se asoció negativamente con la mortalidad por dengue (RC por cada 0,1 unidad: 0,77; IC95%: 0,65-0,9). **Conclusiones.** Este trabajo resalta la importancia de los factores biológicos, ambientales y sociodemográficos que han sido determinantes en la mortalidad por dengue.

AP-39 Etiología del síndrome febril agudo inespecífico en un área urbana colombiana endémica para dengue

Luis Ángel Villar, Gustavo Valbuena, Marylin Hidalgo, Martha González, Gloria Rey, Ruth Martínez, Carolina Coronel, Diana Tiga, Fredi Díaz, Piedad Agudelo

Grupo de Epidemiología Clínica, Centro de Investigaciones Epidemiológicas, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Colombia; Center of Biodefense and Emerging Infectious Diseases, The University of Texas Medical Branch, Galveston, Texas; Facultad de Microbiología, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C., Colombia; Grupo de Virología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia; Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Medellín, Colombia

Introducción. Aunque este arbovirus se asume como causa, en realidad, se desconoce la etiología del síndrome febril agudo inespecífico en las ciudades de Colombia endémicas para dengue. **Métodos.** Para establecerla, se condujo un estudio de cohorte prospectiva (2003-2008) en pacientes con 5 años o más con síndrome febril agudo inespecífico en Bucaramanga. Las etiologías se definieron así: 1) negativo para dengue, prueba negativa de IgM específica (ELISA) en suero convaleciente; 2) influenza, seroconversión o aumento en cuatro veces de los títulos de anticuerpos anti-influenza A o B de suero en etapa aguda a convaleciente o títulos mayores de 1:40 (inhibición de la hemoaglutinación) en este último; 3) leptospira, títulos de 1:50 o mayores por técnica de microaglutinación; 4) rickettsias, cuadruplicación de títulos de suero agudo a convaleciente (IFI); 5) rubéola y sarampión, seroconversión de IgM específica (ELISA); 6) virus inusuales, por cultivo celular se descartó in-

fección por Flavivirus (fiebre amarilla, encefalitis de San Luis), Arenavirus (grupo Tacaribe), Bunyavirus (Oropuche) y Alfavirus (encefalitis equina venezolana). **Resultados.** Entre marzo de 2003 y agosto de 2008, se siguieron 2.063 pacientes con síndrome febril agudo inespecífico. De ellos, 1,124 fueron negativos para dengue. De éstos, 228 (20,2%) tuvieron como etiología la influenza y 52 (4,6%), *Leptospira* spp. En las pruebas confirmatorias, 11 casos presuntivos de rubéola y 7 de sarampión fueron negativos. Ninguno fue positivo para rickettsias o virus inusuales. La mayoría (454, 40,3% del total) no tuvo etiología definida. Del suero agudo de 27 casos considerados inicialmente negativos para dengue, se cultivó este virus. **Conclusión.** En una ciudad endémica para dengue en Colombia, otros agentes diferentes a este virus prevalecen como etiología del síndrome febril agudo inespecífico.

AP-50 Caracterización de los casos atendidos por sospecha de virus pandémico de la influenza AH1N1/2009 en un hospital de nivel III: una mirada epidemiológica

Sonia Villegas, Daniel Echeverri, Christian José Pallares, Dolly Villegas, Ernesto Martínez
Unidad de Epidemiología y Control de Infecciones, Hospital Universitario del Valle Evaristo García, ESE, Cali, Valle del Cauca. zolovian@gmail.com

Introducción y Objetivos. En Colombia, se han reportado 3.572 casos confirmados de virus pandémico de la influenza AH1N1/2009 y 139.430 casos sospechosos, con 205 muertes, principalmente en Cundinamarca, Antioquia y Valle, a febrero de 2010. El objetivo fue caracterizar las variables epidemiológicas de los pacientes atendidos en el Hospital Universitario del Valle y con sospecha de AH1N1/2009. **Materiales y métodos.** Se analizaron 126 fichas epidemiológicas de influenza desde el 29 de abril al 31 de diciembre de 2009. Se excluyeron tres por clínica incompatibles, 15 por falta de información y 18 trabajadores de salud expuestos en la institución, para un total de 90 casos. La confirmación por laboratorio se recibió del Instituto Nacional de Salud por RT-PCR influenza A. **Resultados.** El 50% de los casos se presentaron entre la segunda y la cuarta décadas de la vida, 52 procedentes de Cali, 25 del Valle, 3 de otros departamentos y 8 extranjeros; 56,6% eran de sexo femenino; 61% se clasificaron al ingreso como "caso sospechoso" y 21% como "probable", y 18% estaban sin datos. Hubo 11 muertes (9,9%); tres descartadas como AH1N1/2009, cuatro con autopsias por otras causas de muerte, cuatro sin estudios (una paciente embarazada). De 60 muestras enviadas, 6 fueron positivas, 22 fueron negativas, 30 no se reportaron (incluyendo tres fallecidos) y 2 fueron inadecuadas. Se caracterizaron los síntomas y el tiempo de evolución. **Conclusiones.** La clasificación de los casos fue inadecuada. No se pudo establecer correlación clínica con el diagnóstico molecular por falta de pruebas confirmatorias o resultado negativo, y se presentó exposición institucional a pesar de las recomendaciones. El abordaje de una pandemia requiere educación continua y acceso amplio y oportuno a los métodos diagnósticos apropiados.

AO-18 Frecuencias alélicas del antígeno leucocitario humano clase I en el cáncer de cuello uterino

Jehidys Montiel, Armando Baena, Viviana Escarpetta, Víctor Flórez, Astrid Bedoya, Santiago Martínez, Carlos Córdoba, Mauricio Borrero, Cristiam Álvarez, Gloria Sánchez
Grupo Infección y Cáncer, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia

Introducción y Objetivos. La infección persistente por genotipos oncogénicos del virus del papiloma humano (VPH) es la causa

necesaria para el desarrollo del cáncer de cuello uterino. Sin embargo, solo una pequeña fracción de mujeres infectadas desarrolla cáncer de cuello uterino, lo cual sugiere que otros factores pueden mediar el riesgo de la infección persistente o progresión a cáncer. El antígeno leucocitario humano clase I (HLA-I) puede actuar como cofactor, pues media la presentación de antígenos del VPH al sistema inmunitario. Actualmente se desconoce si las frecuencias alélicas de HLA-I en las mujeres colombianas con cáncer de cuello uterino difieren de las reportadas en la población general. El objetivo fue determinar las diferencias entre las frecuencias alélicas de HLA-I en mujeres con cáncer de cuello uterino y sin él. **Materiales y métodos.** Se evaluaron 102 casos de cáncer de cuello uterino y 102 controles; se les tomó muestra de sangre periférica para la tipificación de HLA-A y HLA-B con una técnica de baja resolución. Se aplicó el test de Fisher para determinar diferencias entre las frecuencias alélicas de casos y controles. **Resultados.** En los casos, los alelos más frecuentes en el locus HLA-A fueron A*24 (25,5%) y A*02 (19,5%). En el locus HLA-B, fueron B*35 (18,5%), B*44 (13%), B*40 (11,4%) y B*51 (8,2%). Sólo hubo diferencias significativas entre casos y controles para estos últimos tres alelos ($p=0,0499$). **Conclusiones.** Los hallazgos sugieren que los alelos HLA B*35, B*51, B*44 y B*40 están asociados al cáncer de cuello uterino en esta población. Un análisis más extensivo nos permitirá identificar biomarcadores de sensibilidad o resistencia al cáncer de cuello uterino.

AO-27 Virus del papiloma humano en carcinoma escamocelular de cabeza y cuello

Gabriel Andrés Giraldo, Katherine Quintero, Carolina Urán, Carolina Escobar, Mary Luz Uribe, Efraín del Cristo Álvarez, Gloria I. Sánchez
Grupo Infección y Cáncer, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia; Departamento de Patología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia; Cirujano Maxilofacial Facultad de Odontología Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia

Introducción y Objetivos. El cáncer de cabeza y cuello se ha asociado a múltiples factores de riesgo, como el tabaco y el alcohol, y, además, a la infección por el virus del papiloma humano (VPH), el cual se ha encontrado en lesiones de carcinoma escamocelular de cabeza y cuello, principalmente en la orofaringe. El objetivo fue determinar la prevalencia de VPH en el carcinoma escamocelular de cabeza y cuello en Medellín y su zona de confluencia. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio transversal retrospectivo que incluyó 151 casos de carcinoma escamocelular de cabeza y cuello, identificados en los libros de registros de diagnósticos patológicos de tres laboratorios de Medellín. Una vez reconfirmado el diagnóstico en la lámina del archivo, se cortaron de nuevo los bloques de parafina y se utilizaron para la tinción con hematoxilina eosina y para la extracción de ADN. Para la genotipificación del VPH se utilizó una PCR GP5/GP6 e hibridación inversa. **Resultados.** De los 151 casos recolectados, 29,8% eran de la cavidad bucal, 19,87% de orofaringe y 50,33% de laringe. El 34,4% pertenecían a mujeres y el 65,6% a hombres. En la cavidad bucal no se detectó infección con VPH; en orofaringe, la prevalencia encontrada fue de 11,5%; en cáncer de laringe, la prevalencia encontrada fue de 1,67%. Todas las infecciones fueron por VPH16. **Conclusiones.** Al igual que en otros lugares del mundo, en este estudio se observó al VPH16 como agente etiológico del cáncer de cabeza y cuello. Estos resultados son la base para el diseño de estudios que permitan evaluar el papel del VPH en el carcinoma escamocelular de cabeza y cuello.

AO-20 Primera evidencia de circulación de *Chlamydomydia psittaci* (*Chlamydia psittaci*) en aves silvestres en Colombia: posible riesgo de salud pública

Salim Máttar, Santiago Monsalve, Jorge Miranda
Universidad de Córdoba, Facultad de Medicina Veterinaria, Instituto e Investigaciones Biológicas del Trópico, Montería, Córdoba

Introducción y Objetivos. La psitacosis es una enfermedad infecciosa primaria de aves y mamíferos producida por *Chlamydomydia psittaci*. El hombre se infecta por la inhalación de aerosoles a partir de las secreciones, las excretas o los tejidos de aves con sintomatología clínica o sin ella. El objetivo fue establecer la seroprevalencia de *C. psittaci* en las aves de algunos zoológicos y centros de atención y la valoración de la fauna silvestre (CAV) del país. **Materiales y métodos.** Se realizó una prueba ELISA indirecta, con el antígeno rMOMP y un conjugado *rabbit anti-chicken/turkey* IgG marcado con biotina. Se incluyeron 138 ejemplares de aves del género *Amazona* spp. (*A. amazónica*, *A. ochrocephala*, *A. autumnalis* y *A. farinosa*) y 24 ejemplares de otras especies de aves. **Resultados.** De los 162 sueros estudiados, 140 (86,4%) resultaron positivos. De los sueros estudiados del género *Amazona* spp. del Zoológico de Cali, 21 (84%) resultaron positivos y 4 (16%) negativos; del CAV Torre 4 de Caldas, 36 (90%) resultaron positivos y 4 (10%) negativos; del CAV Victoria del oriente caldense, 19 (79%) resultaron positivos y 5 (21%) negativos; del CAV Montería, 28 (85%) resultaron positivos y 5 (15%) negativos; y en el zoológico de Barranquilla, 14 muestras (87%) fueron positivas y 2 (13%) negativas. En los ejemplares aviares silvestres que no pertenecían al género *Amazona*, 22 (91%) sueros fueron positivos y 2 (9%) negativos. **Conclusiones.** La alta seroprevalencia de *C. psittaci* (86,4%) en aves representa la primera evidencia de la circulación de este microorganismo en Colombia. Su presencia debe tenerse en cuenta en el diagnóstico diferencial de los cuadros respiratorios agudos. El riesgo de infección en humanos es muy posible y el tráfico de fauna podría contribuir al incremento de la enfermedad.

AO-24 Estandarización de una PCR para la determinación de *Leptospira interrogans* en muestras de orina de cerdo

Lourdes Varela, Samir Bolívar, Alfredo Lagares
Grupo de Inmunología y Biología Molecular, Universidad del Atlántico, Barranquilla, Atlántico

Introducción. La leptospirosis es una enfermedad zoonótica de distribución mundial y es considerada como una de las enfermedades bacterianas de mayor importancia desde el punto de vista reproductivo en cerdos. El objetivo fue estandarizar una PCR para la determinación de *Leptospira interrogans* en muestras de orina de cerdo. **Metodología.** Para la extracción de ADN de *Leptospira* sp. se utilizó un protocolo estandarizado previamente; para la amplificación se utilizaron los iniciadores previamente descritos por Merien: iniciador en sentido 5'GGCGGCGCTTAAACAT3', iniciador anti-sentido 5'TCCCCCATGAGCAAGATT3'. Para determinar la sensibilidad de la prueba, se tomó un cultivo de *L. interrogans* serovar Pomona, previamente cuantificado con un contenido aproximado de $1,4 \times 10^5$ bacterias por ml. A partir de éste, se prepararon diluciones seriadas con factor de 10, desde 10^5 hasta 10^2 bacterias por ml, para luego someterlas a extracción de ADN bacteriano y posterior amplificación por PCR. Se tomaron cinco muestras de orinas diferentes. La especificidad se determinó inoculando muestras de orina con bacterias relacionadas con *Leptospira* sp. y no relacionadas. Como controles negativos, se utilizaron muestras sin inocular. **Resultados.** Se comprobó la alta sensibilidad de la PCR, la cual evidenció un umbral mínimo de detección para la técnica de 10^3 bacterias por ml. También, se comprobó la alta especificidad al no haber amplificación con otras bacterias. **Conclusiones.** La técnica de PCR resultó ser un método útil para la detección de *L. interrogans*, y se comprobaron altas especificidad y sensibilidad. Esto la convierte en una herramienta importante para la determinación de leptospirosis en diferentes tipos de muestras.

AP-35 Vigilancia epidemiológica de *Leptospira* spp. en granjas de porcicultura de los municipios de Montería, Cereté y Ciénaga de Oro, departamento de Córdoba, Colombia

Germán Javier Arrieta, Alfonso Calderón, Virginia Rodríguez, Salim Máttar
Universidad de Córdoba, Montería, Córdoba arrietager@yahoo.es

Introducción y Objetivos. La leptospirosis es la zoonosis más ampliamente distribuida en el mundo. La enfermedad es de gran incidencia en regiones tropicales debido a factores ambientales, climáticos y sociales que favorecen la transmisión. El objetivo fue realizar una vigilancia epidemiológica de *Leptospira* sp. en granjas porcinas de los municipios de Montería, Cereté y Ciénaga de Oro, en el departamento de Córdoba. **Materiales y métodos.** Se realizó un muestreo serológico a 383 porcinos, 51 perros y 72 humanos en 18 granjas porcinas. Todos los sueros se analizaron por microaglutinación utilizando 14 serovariedades de *Leptospira interrogans*. Se recolectaron 54 muestras de agua, 171 muestras de orina de cerdos y 51 muestras de orina de perros, para el cultivo y aislamiento de *Leptospira* spp. **Resultados.** La seroprevalencia en porcinos fue de 86,6%, con mayor reacción serológica al serovar *L. canicola* (62,4%). La seroprevalencia en perros fue de 36,7%, y el serovar más frecuente fue *L. australis* (23,5%). En humanos, la seroprevalencia fue de 74,07% y el serovar más frecuente fue *L. canicola* (65,57%). Se aislaron siete leptospirosis patógenas: tres de cerdos, dos de perros y dos de aguas. Los aislamientos se confirmaron por PCR, utilizando iniciadores específicos para las especies patógenas de *Leptospira*. **Conclusiones.** Los resultados obtenidos muestran una alta seroprevalencia de leptospirosis porcina en los municipios estudiados, lo que genera un impacto económico en el sector de la porcicultura y riesgo para la salud pública. Se encontró una alta prevalencia en humanos (77,04%), trabajadores de granjas porcinas, por lo que la zona de estudio se puede considerar endémica para la leptospirosis.

AO-23 Prevalencia por PCR de *Leptospira interrogans* en la población porcina del municipio de Baranoa, Atlántico, Colombia

Samir Bolívar, Lourdes Varela, Alfredo Lagares
Grupo de Inmunología y Biología Molecular, Universidad del Atlántico, Barranquilla, Atlántico

Introducción. La leptospirosis es una enfermedad zoonótica de distribución mundial y es causada por espiroquetas del género *Leptospira*; infecta animales domésticos y de vida libre, siendo los cerdos uno de los principales reservorios. Les produce infección renal crónica, con excreción de grandes cantidades de bacterias en la orina. **Objetivo.** Determinar la prevalencia de *Leptospira interrogans* mediante PCR, en la población porcina del municipio de Baranoa, Atlántico. **Materiales y métodos.** El tamaño de la población porcina de Baranoa era de 3.617 cabezas de cerdos, de las cuales, 1.265 correspondían a casa-fincas y 2.352 a fincas. Se tomaron muestras de orina de micciones espontáneas de la mañana. Se utilizó un protocolo de extracción de ADN previamente estandarizado (*fenol: cloroformo-alcohol isoamílico-lisozima-proteinasas K*) y enseguida se realizó la amplificación por PCR de un fragmento de 331 pb. **Resultados.** De las 337 muestras de orina analizadas, 34% resultaron positivas para *L. interrogans*. En casa-fincas se encontró una prevalencia de 45% y, en las fincas, de 27%. En las casa-fincas la prevalencia de la bacteria fue de 28,17% en machos y de 16,53% en hembras, mientras que en las fincas fue de 21,2% en machos y de 6,2% en hembras. **Conclusiones.** Se encontró una alta prevalencia de *L. interrogans*, especialmente en los lugares donde se cría el cerdo de forma no tecnificada. Estos resultados demuestran que el cerdo es un portador importante de *Leptospira* sp. lo cual representa un alto riesgo para la salud pública de las personas vinculadas a las actividades de porcicultura.

AP-8 Infección por *Rickettsia* spp. en chigüiros (*Hydrochoerus hydrochaeris*), modelo de vigilancia de las fiebres manchadas de una zona rural del municipio de Montería, departamento de Córdoba

Jorge Luis Miranda, Salim Máttar, Verónica Contreras Cogollo, Yesica Negrete, Marcelo Labruna
Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de Córdoba, Montería, Córdoba mattarsalim@hotmail.com

Introducción y Objetivos. Las enfermedades transmitidas por vectores son importantes en el trópico colombiano, con importantes tasas de morbimortalidad. Los chigüiros (*Hydrochoerus hydrochaeris*) son abundantes en las zonas húmedas del Caribe colombiano y actúan como huéspedes primarios para la garrapata *Amblyomma cajennense*, principal vector de las rickettsias del grupo de las fiebres manchadas en Suramérica. El objetivo fue detectar anticuerpos contra *Rickettsia* spp. del grupo de las fiebres manchadas en chigüiros de una zona rural de Montería (Córdoba). **Materiales y métodos.** Durante el año 2009 se capturaron 36 chigüiros de una reserva natural de 16 hectáreas, aproximadamente, del municipio de Montería. Se extrajo una muestra de sangre por punción de la vena femoral. Para la detección de anticuerpos (IgG) se realizó inmunofluorescencia indirecta (IFI). Los antígenos de *Rickettsia rickettsii* (cepa Taiacu), los sueros controles (positivo y negativo) y el conjugado (anti-IgG-capibara marcada con isocianato de fluoresceína), fueron preparados en la Universidad de São Paulo, Brasil. **Resultados.** De los 36 sueros de chigüiros analizados, siete (20%) presentaron anticuerpos contra *Rickettsia* spp.: tres sueros con título de 1:64, tres con título de 1:128, y un suero con titulación de 1:512. Todas las pruebas fueron reconfirmadas tres veces. **Conclusiones.** Éste es el primer estudio que se realiza en Colombia en el que se utilizan los chigüiros, o capibaras, como modelo centinela para evaluar la infección por *Rickettsia* spp. La aparición de brotes de rickettsiosis en Córdoba y otras zonas rurales del país, indica la circulación de una especie de *Rickettsia* del grupo de las fiebres manchadas y este estudio lo confirma.

AP-51 Cumplimiento de la higiene de manos en los cinco momentos del personal de salud de una institución de nivel III

Dolly Villegas, Elsa Yasmín Vente, Sandra Liliana Ossa, Hilda Mary Gómez, Évila De la Cruz, Magnolia Díaz, Janeth Quiñónez, Suleima Cañas
Unidad de Epidemiología y Control de Infecciones, Hospital Universitario del Valle Evaristo García, ESE, Cali, Valle del Cauca. dvillegas@huv.gov.co

Introducción y Objetivos. La higiene de manos es la medida más efectiva para el control de la infección. La práctica de la higiene de manos es un desafío para el área de epidemiología hospitalaria del Hospital Universitario del Valle. El cumplimiento de este procedimiento en el personal del hospital no se ha determinado mediante una medición metodológica. El objetivo del siguiente trabajo fue determinar la observancia de la higiene de manos de los trabajadores de salud del hospital. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo observacional, bajo la modalidad de sombra, a los trabajadores de la salud. Para el tamaño de la muestra se trabajó con una prevalencia de 50%. La variable observada fue higiene de manos en los cinco momentos, según la OMS. Se realizó por turnos, cargos y día de la semana. **Resultados.** Se hicieron 1.101 observaciones de oportunidades a 399 personas, con un promedio de tres observaciones. Se evidenció un cumplimiento de 19% (209); el personal de enfermería cumplió más que el resto de las profesiones (OR=1,95; IC95% 1,34-2,84; p<0,05); en la tarde y la noche hubo mayor cumplimiento que en

la mañana (OR=1,41; IC95% 1,02-1,95; p: 0,029); El momento más observado fue después de tener contacto con el paciente y el de mayor cumplimiento fue antes de realizar una tarea aséptica (32%). **Conclusiones.** El cumplimiento de la higiene de manos en el Hospital Universitario del Valle es bajo. Se requiere la implantación de medidas encaminadas a reforzar el conocimiento y la práctica de esta estrategia.

AO-71 Seroprevalencia de infecciones zoonóticas: toxoplasmosis, leptospirosis y cisticercosis humana en el área rural de Mercaderes, Cauca

Luis Reinel Vásquez, Piedad M. Agudelo, Julio C. Giraldo, Diego Vergara, Diana Samper, Diana L. Nieto, Omar Ramos, Lina M. Bonilla, Víctor H. Campo
Centro de Estudios en Microbiología y Parasitología, CEMPA, Departamento de Medicina Interna, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Cauca; Universidad CES, Medellín, Antioquia; Grupo de Investigación en Parasitología y Microbiología Tropical, Universidad INCCA, Bogotá, D.C.; SISIMPRO, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad del Cauca, Popayán, Cauca; FTP, Departamento de Ciencias Fisiológicas, Facultad Ciencias de la Salud, Universidad del Cauca, Popayán, Cauca. lreinel@unicauca.edu.co

Introducción. La infecciones zoonóticas son consideradas un problema de salud pública y en el departamento del Cauca son escasos los estudios. Se realizó un estudio seroepidemiológico para determinar la prevalencia de toxoplasmosis, leptospirosis y cisticercosis humana en el área rural de Mercaderes, Cauca. **Metodología.** Con un muestreo en el área rural de Mercaderes de siete corregimientos, con el consentimiento informado, se solicitó una muestra de sangre a los pacientes y se determinaron anticuerpos anti-*Toxoplasma*, anti-*Leptospira* y anticisticerco por medio de técnicas ELISA, MAT e IFI. Se llevó a cabo una encuesta estructurada. **Resultados.** La seroprevalencia en 665 pacientes fue de 63,6% (423) para toxoplasmosis, de 6% (40) para leptospirosis –los serovares más prevalentes fueron *Bratislava* e *Icterohemorragiae*– y de 28,4% (189) para cisticercosis. La seropositividad se relacionó con la edad, la procedencia, la escolaridad, la ocupación, el tipo de carne de consumo, las fuentes de agua, el lugar donde se bañan, la visión y el mareo. **Conclusiones.** Éste es el primer estudio realizado en Mercaderes en humanos y demuestra una alta prevalencia de infecciones zoonóticas. Se deben mejorar las actividades de control de estas parasitosis por parte de las autoridades locales, con mayor presencia e inversión. Debemos iniciar actividades encaminadas a la promulgación de decretos para la vigilancia y el control, y continuar con investigaciones para dar continuidad y sostenibilidad a las actividades para la erradicación o control. Este trabajo lo financió Colciencias (contrato 307) y fue cofinanciado por la Universidad del Cauca, la Universidad INCCA y la Universidad CES y la Vicerrectoría de Investigaciones de la Universidad del Cauca con código id2287.

Trabajos completos

AT-7 Detección de bacterias con potencial probiótico provenientes de la microflora intestinal y su relación con la presencia de virus y bacterias entéricas en niños con gastroenteritis aguda

Karem Prunella Fernández, María Fernanda Gutiérrez, Gloria Isabel Solano
Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C. kfernandez@javeriana.edu.co

La enfermedad diarreica aguda es una enfermedad que afecta a niños en todo el mundo y anualmente se calcula que ocurren 2,4 a 2,8 millones de muertes en niños menores de cinco años. Entre los agentes virales causantes de diarrea se encuentran los rotavirus, con un 35%

de prevalencia, responsables de cerca de 600.000 muertes de niños menores de cinco años, y los norovirus, con una prevalencia de 10%. Los agentes bacterianos responsables de cuadros diarreicos con mayor frecuencia son *Salmonella* spp., *Shigella* spp., *Campylobacter* spp., *Escherichia coli* y *Helicobacter pylori*. Hasta el momento, como medidas de control para la enfermedad diarreica aguda, lo más empleado han sido los protocolos para la prevención de la deshidratación y las medidas preventivas asociadas con la cultura higiénica, además de los tratamientos alternativos, como la administración de bacterias probióticas que han demostrado una reducción de la diarrea. En este trabajo se hizo la detección de bacterias probióticas en la microflora intestinal de niños sanos y con enfermedad diarreica aguda, para determinar la relación con la presencia virus y bacterias entéricas. Para la detección de los microorganismos, se realizaron pruebas microbiológicas tradicionales, PCR, PCR en tiempo real y ELISA, y se encontró una relación entre la edad, la presencia de microorganismos patógenos y la presencia de cepas probióticas ($p < 0,05$). De esta manera se contribuye al estudio de las cepas probióticas y su posible efecto en la disminución o prevención de la diarrea en niños.

AT-41 Títulos de IgG para rubéola y potenciales factores asociados en un estudio de población, Medellín, 2009

Doracelly Hincapié, Viviana Lenis, Nilton Montoya, Marta Arroyave, César Higuaita, Marta Ospina, Rubén Darío Gómez, Francisco J. Díaz, Rita Almanza, Nora Hoyos, Morelia Cadavid, Consuelo Lopera, Matilde Jaramillo
Facultad Nacional de Salud Pública, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia doracely@gmail.com

Objetivo. Establecer los títulos de los anticuerpos IgG para rubéola y explorar la posible asociación con aspectos biológicos y socioeconómicos. **Métodos.** En el 2009 se realizó un estudio transversal con una muestra aleatoria, representativa, de 2.124 hombres y mujeres de 6 a 64 años de edad de las zonas urbana y rural de Medellín. Previo consentimiento informado, se practicó flebotomía, se aplicó una encuesta estructurada, y se obtuvo el peso y la talla. Se utilizó la prueba Rubella IgG® (Abbot) para la titulación de los anticuerpos. Las muestras con valores entre 5 y 20 UI/ml se procesaron, además, con VIDAS RUB IgG II® (Biomerieux). Se construyó un índice socioeconómico mediante el análisis de los componentes principales con las variables de edad, años de estudio, personas por dormitorio, índice de masa corporal, años de residencia en el hogar, tiempo de ocio y sueño efectivo en horas. **Resultados.** El 85,8% de los individuos seleccionados al azar aceptaron participar. El promedio de títulos de anticuerpos fue de 90,1 UI/ml (IC95% 86,0-90,4) y de 87,6 UI/ml (IC95% 81,5-93,6) en las mujeres en edad fértil. La mediana fue de 58,5 UI/ml. El rango promedio de anticuerpos fue mayor en la zona urbana, en no vacunados, en obesos y en quienes nacieron antes de la vacunación masiva en 1995. Por cada unidad del índice socioeconómico, los anticuerpos IgG para rubéola aumentaron en 0,03 UI/ml ($p=0,000$) y disminuyeron por cada dosis de vacuna anti-rubéola en 7,5 UI/ml ($p=0,051$). **Conclusión.** Los títulos de anticuerpos se asociaron con el índice socioeconómico y las dosis de vacuna.

AT-65 Comparación entre tres estrategias no farmacológicas para prevenir la diseminación del virus de influenza A H1N1 en Colombia

Carlos Enrique Rodríguez Martínez, Carlos Arturo Alvarez Moreno, Jorge Cortés, Mónica Patricia Sossa Briceño, Gustavo Aristizabal.
Organización Clínica Infantil Colsubsidio. Universidad El Bosque. Universidad El Rosario, Bogotá D.C. - Colombia

Objetivo. Determinar cuál es la estrategia de distanciamiento social más costo-efectiva para prevenir la diseminación del virus de la influenza A H1N1 en Colombia. **Métodos.** El modelo estudiado fue el de la infección por virus de la influenza A de subtipo nuevo H1N1. Se hizo una simulación de eventos discretos con el Software Arena Edición Profesional 11. Se realizaron simulaciones de 365 días de duración, iniciadas a partir de la existencia de un primer caso infectado por el virus, tomando como población susceptible a la población total de Bogotá, según el último censo realizado por el DANE (7'155.052 habitantes), para comparar tres estrategias de distanciamiento social aplicadas en trabajadores con remuneración salarial: 1. Sin incapacidad, sólo medidas de higiene en el sitio de trabajo (lavado de manos y tapabocas); 2. Incapacidad laboral de tres días; 3. Incapacidad laboral de siete días. **Resultados.** La estrategia más costo-efectiva en nuestra población es la de dar incapacidad durante tres días. Para esta estrategia, se calculó un total de 1'862,331 pacientes infectados y una tasa de mortalidad de 1,0%; las pérdidas por productividad se calcularon para un período de seis días y el costo fue de 155 dólares por paciente. **Conclusión.** El modelo utilizado, matemáticamente muy fuerte, permite aseverar que los costos asociados con la pérdida de días laborales o de incapacidad laboral, son inferiores con una estrategia de aislamiento voluntario por tres días, que las alternativas de sin aislamiento o de aislamiento por siete días.

AT-76 Caracterización clínico-epidemiológica de los casos de dengue reportados por el Sistema de Vigilancia en Salud Pública (SIVIGILA) 2008-2010 y evaluación de una medida de intervención en el municipio de Sincelejo

Wilmer Ernesto Villamil, Carlos Villarreal, Robinson José Álvarez ESE San Francisco de Asís, Secretaría de Salud, Universidad de Pamplona, Sincelejo, Sucre. wvillamil07@gmail.com

Introducción. La tendencia del dengue en los últimos diez años ha sido ascendente; se ha caracterizado por picos cada tres o cuatro años y es un importante problema de salud pública. **Objetivos.** Determinar las características clínico-epidemiológicas del dengue en el municipio de Sincelejo reportado al sistema de vigilancia en salud pública durante el periodo 2008-2010 y evaluar una medida de intervención. **Materiales y métodos.** Se trató de un estudio descriptivo-retrospectivo, de intervención; para ello, se revisaron las fichas epidemiológicas físicas y la base de datos reportadas al SIVIGILA, analizando las variables de tiempo, lugar y persona, y utilizando los programas SIVIGILA 2008, Microsoft Excel y Epiinfo 2000. **Resultados.** La mayor incidencia se presentó en el 2009, con una tasa acumulada de 230,4 por cien mil habitantes, seguido del año 2010 (tasa de incidencia de 145,2). La población más afectada fue el grupo de menores de 15 años; 96,8% de los casos cumplía con la definición clínica contenida en el protocolo de vigilancia y 80,7% de los casos tuvo, además de la fiebre, dos a cuatro signos adicionales. Se realizó una intervención en la comuna 4 del municipio, reduciendo los índices de infestación en 63%, sin llegar a causar un impacto en la incidencia de la enfermedad. **Conclusiones.** La monitorización sistemática de los casos de dengue, confirmados y probables, puede utilizarse en la predicción del comportamiento de la incidencia de la enfermedad e indicar la progresión hacia una situación de brote. La falta de cumplimiento del protocolo de vigilancia en salud pública está creando un subregistro de información, el cual podría subestimar la epidemia y epidemia de la enfermedad y aumentar el riesgo de complicaciones y muerte.

AT-80 Determinación de la seroprevalencia de algunas infecciones virales y parasitarias en diferentes grupos etarios en el municipio de Armenia

Martha C. Mejía, Jhon Carlos Castaño
Universidad del Quindío, Armenia, Quindío

Objetivo. Determinar la presencia inmunoglobulinas G (IgG) séricas, anti-hepatitis, anti-*Toxoplasma gondii*, anti-virus herpes simple tipo 1 y 2, anti-*Helicobacter pylori*, anti-*Chlamydia pneumoniae* y anti-citomegalovirus, en los diferentes grupos etarios y asociarlos a los posibles factores de riesgo. **Metodología.** Se realizó un estudio de corte transversal prospectivo en la población de Armenia, considerando como universo la población de los diferentes grupos etarios (5 a 84 años). Se hizo un muestreo probabilístico con 95% de confianza y 8% de error, en 157 individuos. Se realizó ELISA específico para cada uno de estos agentes infecciosos, utilizando estuches comerciales ELISA disponibles. **Resultados.** Las 157 personas mostraron la siguiente distribución por sexo: 38,9% de sexo masculino y 61,2% de sexo femenino. El 54% de la población era de estrato 1; 28%, de estrato 2; 12%, de estrato 3, y 6%, de estrato cero. El nivel de educación fue: 47%, primaria; 28%, secundaria; 6%, universitarios, y 19%, sin estudio. Se determinó que la población presentaba una prevalencia de 98,1% para virus herpes simple tipo 1, seguido del virus herpes simple tipo 2 (94,9%); 87,9% presentaba anticuerpos para *H. pylori*, 72,6% para toxoplasmosis, 88,8% para citomegalovirus, 47,8% para *C. pneumoniae* y 39,7% para hepatitis A. **Conclusión.** En nuestra región existe una tendencia con el paso de los años, al incremento de la seropositividad en las enfermedades infecciosas estudiadas, atribuible a una mayor posibilidad de exposición a los agentes infecciosos.

FARMACOLOGÍA

BP-6 Evaluación de la prescripción apropiada de ampicilina-sulbactam

Carlos A. Rodríguez, Elizabeth Vanegas, Andrés F. Zuluaga
Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia.
crodriguez@medicina.udea.edu.co

Introducción y Objetivos. Aproximadamente, 33% de los pacientes hospitalizados reciben antibióticos y algunos reportes sugieren que, con frecuencia (hasta de 65%), son prescritos incorrectamente. El uso inapropiado de los antibióticos puede aumentar la frecuencia de las reacciones adversas, los costos de tratamiento y la resistencia. Comúnmente, en las instituciones de primero y segundo nivel se prescribe ampicilina-sulbactam para las infecciones polimicrobianas, pero aún no se ha determinado la calidad de su prescripción. Nuestro objetivo fue determinar y caracterizar la prevalencia del uso inapropiado de ampicilina-sulbactam mediante un índice validado internacionalmente: el índice de medicación apropiada (*Medication Appropriateness Index*, MAI). **Materiales y métodos.** Se llevó a cabo de un estudio retrospectivo de corte, aleatorio, que incluyó 102 pacientes tratados con ampicilina-sulbactam en un período de 12 meses en una institución de segundo nivel de Medellín. El uso apropiado se evaluó aplicando a los datos recolectados los criterios del MAI: indicación, eficacia, dosis, prescripción, aplicabilidad, interacciones, duplicación, duración y costo; y se definió como el cumplimiento de todos los criterios (puntaje=0). **Resultados.** Globalmente, al 75% de los pacientes (59% mujeres, edad mediana de 46 años, estancia hospitalaria de 6 días) se les prescribió ampicilina-sulbactam de manera inapropiada (mediana del puntaje 3,0, IQR 1,0-6,5). La mayoría de las prescripciones fueron empíricas (96%) y los criterios con más fallas fueron duración (46%), dosis e intervalo (29% y 34%), aplicabilidad (27%), indicación (16%) y costo (16%).

Conclusiones. La prescripción inapropiada de ampicilina-sulbactam es muy frecuente y supera lo reportado para otros antibióticos. En futuras intervenciones, para mejorar la prescripción de este antibiótico, se debe tratar de reducir el uso empírico y asegurar la duración, la dosis y el intervalo correctos.

BP-7 Inducción de infección por *Enterococcus* spp. en un modelo de ratón

Alexis Santamaría, Carlos A. Rodríguez, Andrés F. Zuluaga
Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia.
andreszuluaga@une.net.co

Introducción y Objetivos. Además de las dudas sobre el rol patógeno del enterococo, las opciones terapéuticas son limitadas; peor aún, son escasos los modelos animales que favorecen la replicación bacteriana activa, asunto indispensable para adelantar estudios farmacodinámicos. Nuestro objetivo fue desarrollar un modelo de infección por enterococo en el muslo de ratón que garantizara un crecimiento (G) neto $\geq 2 \log_{10}$ UFC/g. **Materiales y métodos.** Se inocularon intramuscularmente ratones neutropénicos UdeA:ICR(CD-1), con 0,1 ml de una suspensión que, según el grupo, varió de: (a) cepa (*Enterococcus faecalis* ATCC29212 Vs. *Enterococcus faecium* GRP0043), (b) atmósfera de incubación, (c) tamaño de inóculo (5 a $8 \log_{10}$ UFC/ml) y (d) adición de suplementos (mucina porcina al 5%). Los animales se sacrificaron 0, 1, 2, 14 y 26 horas después de la infección (n=10 por grupo) y sus muslos se homogenizaron y sembraron para contar las colonias. El crecimiento (G) se determinó restando el conteo obtenido a diferentes intervalos (por ejemplo, G2-26h) y, mediante regresión no lineal ajustada a la ecuación de Gompertz, obtuvimos tres parámetros (nadir, cenit y tasa de crecimiento) que comparamos entre grupos por análisis del ajuste de curva. **Resultados.** Independiente de la cepa, un inóculo de $\sim 6 \log_{10}$ UFC/ml en anaerobiosis y con suplemento de mucina produce el mejor crecimiento versus el mismo tamaño pero incubado en aire y sin suplementos (G2-26=2,47 Vs. $0,48 \log_{10}$ UFC/g), con un cenit significativamente mayor ($8,74 \pm 0,08$ Vs. $6,35 \pm 0,41 \log_{10}$ UFC/g, $P < 0,0185$), menor dispersión ($Sy.x = 0,14$ Vs. $0,64$) y adecuada bondad de ajuste al modelo ($R^2 = 0,99$ Vs. $0,51$). **Conclusiones.** La anaerobiosis y la mucina son elementos clave para desarrollar el modelo de infección en el muslo por enterococo y su ausencia explicaría algunos fracasos previos.

BP-10 Aplicación de un modelo matemático para describir el crecimiento de *Enterococcus faecalis* en un modelo animal

Alexis Santamaría, Carlos A. Rodríguez, Andrés F. Zuluaga
Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia.
azuluaga@medicina.udea.edu.co

Introducción y Objetivos. Definir el crecimiento bacteriano (G) es necesario en los modelos animales de infección pero, usualmente, su cálculo se restringe a expresar la diferencia del conteo bacteriano entre dos puntos (por ejemplo, G2-26h), lo cual limita la comparación del impacto *in vivo* de la modificación de ciertos factores externos (por ejemplo, adicionar suplementos al inóculo). Los modelos matemáticos se han aplicado exitosamente *in vitro*; ahora pretendemos determinar su utilidad para describir y facilitar la comparación del crecimiento bacteriano *in vivo* tras modificar factores externos. **Materiales y métodos.** Se inyectaron intramuscularmente ratones neutropénicos con $6 \log_{10}$ UFC/ml de *Enterococcus faecalis* ATCC29212 que, según el grupo, fue incubado bajo: aerobiosis, anaerobiosis, anaerobiosis con suplemento de mucina porcina o mucina más contenido cecal esterilizado. Para el conteo bacteriano, se obtuvieron más de 10 muestras por grupo (0 a 26 horas después de la infección). Se calculó el clásico G2-26h; el nadir, el cenit y la tasa de crecimiento

se obtuvieron mediante regresión no lineal ajustada a la ecuación de Gompertz y previo cálculo de la fase *lag* mediante la ecuación de Buchanan, y se compararon mediante la prueba global de coincidencia. **Resultados.** El G2-26h osciló entre 1,26 y 2,84 log₁₀ UFC/g. No hubo diferencias en el nadir ni en la tasa de crecimiento entre los grupos (P>0,5063), pero la comparación del cenit entre los grupos 1 y 2 versus 3 y 4 fue significativa (C=6,56±0,29 Vs. 9,01±0,06, P<0,0001); incluso, los dos primeros grupos exhibieron una mayor dispersión y menor ajuste del modelo (Syx=>0,59, R²=<0,71), asunto que se corrigió con la adición de los suplementos (Syx<0,16, R²=0,99). **Conclusiones.** Los modelos matemáticos permiten describir y comparar mejor el impacto *in vivo* de la modificación de ciertos factores sobre el crecimiento bacteriano.

BP-11 Inducción de meningoencefalitis por *Enterococcus faecalis* en un modelo animal

Alexis Santamaría, Carlos A. Rodríguez, Andrés F. Zuluaga
Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia.
azuluaga@medicina.udea.edu.co

Introducción y Objetivos. En la actualidad, las opciones terapéuticas para el tratamiento de la meningitis por enterococo son limitadas. Este tipo de infección se asocia a condiciones neuroquirúrgicas, como el trauma. Nuestro objetivo fue desarrollar un modelo en ratón de meningoencefalitis por enterococo que fuera práctico, reproducible, confiable (crecimiento>2 log₁₀ UFC/g) y económico, y que permitiera en el futuro estudiar *in vivo* nuevas opciones terapéuticas. **Materiales y métodos.** Los ratones neutropénicos, cepa UdeA:ICR(CD-1), se inocularon intracerebralmente por vía retroorbitaria derecha con 0,3 ml de suspensión entre 3 y 7 log₁₀ UFC/ml de *Enterococcus faecalis* ATCC 29212 que pudo incubarse en aire, en anaerobiosis o con suplemento de mucina porcina al 5%. Se sacrificaron tres ratones 0, 1, 2, 8, 14 y 26 horas después de la infección, y sus encéfalos se extrajeron, homogenizaron y sembraron para el conteo de colonias. Los experimentos se hicieron por duplicado. Se calculó el crecimiento neto en 0 a 26 horas (G) y, mediante el análisis de regresión no lineal ajustado a la ecuación de Gompertz, se obtuvieron los parámetros de crecimiento *in vivo* (nadir, cenit y tasa de crecimiento), los cuales se compararon entre los grupos mediante la prueba global de coincidencia. **Resultados.** El mejor crecimiento *in vivo*, determinado por el mayor crecimiento (G=3,06), cenit (7,86±0,11 log₁₀ UFC/g) y mejor ajuste al modelo (Syx=0,26, R²=0,98), se obtuvo con un inóculo de 5,52 log₁₀ UFC/ml (nadir=3,71±0,15 log₁₀ UFC/g) incubado en aerobiosis y sin adición de suplementos. **Conclusiones.** Se logró desarrollar un modelo simple, reproducible, económico y confiable de meningoencefalitis por *E. faecalis* con crecimiento neto mayor de 3 log₁₀ UFC/g, adecuado para futuros estudios farmacodinámicos.

BP-13 Demostración de falla terapéutica en un modelo de meningoencefalitis por *Pseudomonas aeruginosa* de un producto genérico de imipenem con equivalencia farmacéutica

M. Agudelo, S. Franco, J. J. Cardenio, G. Roncancio, J. M. Robledo, M. F. Álvarez, J. A. Pérez, O. Vesga
Grupo Investigador de Problemas en Enfermedades Infecciosas, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia.
omer.vesga@siu.udea.edu.co

Introducción y Objetivos. El objetivo fue evaluar en ciego y simultáneamente la equivalencia farmacéutica y la terapéutica

de un producto genérico de imipenem respecto al innovador. **Materiales y métodos.** La eficacia *in vitro* se determinó mediante la concentración inhibitoria mínima (CIM) y la concentración bactericida mínima (CBM) por microdilución en caldo; la concentración y la potencia, por ensayo microbiológico; la estabilidad a 4°C, 25°C y 37°C, mediante espectrofotometría y ensayo microbiológico; y la equivalencia terapéutica, con el modelo de ratón neutropénico de meningoencefalitis bacteriana por *Pseudomonas aeruginosa* con tres perfiles distintos de susceptibilidad. Como el código del ciego permaneció cerrado, los productos se denominaron A y B. Se calcularon los parámetros farmacodinámicos de las curvas dosis-efecto mediante regresión no lineal basada en el modelo sigmoideo de Hill; las regresiones de A y B se compararon mediante análisis de ajuste de curvas. **Resultados.** No hubo diferencias en la sensibilidad de las distintas cepas, en la magnitud de los parámetros farmacocinéticos, ni en la concentración o potencia de imipenem A y B. Sin embargo, B fue menos estable que A. *In vivo*, se presentaron diferencias significativas en la eficacia, en la medida en que los ratones fueron infectados con cepas cada vez menos sensibles. El producto B fue inferior al producto A, tanto en eficacia (E_{max}=5,5148 Vs. 6,4280, respectivamente, P<0,0001) como en potencia (ED₅₀=156,5 Vs. 85,7, respectivamente, P<0,0001). **Conclusiones.** La equivalencia farmacéutica no predice la equivalencia terapéutica de los genéricos de imipenem.

BO-5 Ácido hipocloroso: una alternativa desinfectante para microorganismos patógenos en cavidad oral

Gloria Inés Lafaurie, Lina Viviana Millán, Diana Marcela Castillo, María del Rosario Aya, Silie Arboleda, Andrea Escalante, Justo Leonardo Calderón, Blanca Nieves Ruíz
Universidad El Bosque, Bogotá, D.C. institutouibo@gmail.com

Introducción y Objetivos. La cavidad oral es un microambiente adecuado para el crecimiento de microorganismos de la flora normal, bacterias transeúntes e incluso con potencial patogénico. Se han desarrollado diversos antisépticos con el fin de disminuir significativamente la formación de biopelícula. La clorhexidina ha demostrado ser la sustancia antimicrobiana más efectiva en el control de la placa dental; sin embargo, muchos efectos colaterales limitan su uso clínico. Se propone el ácido hipocloroso (HOCl) como alternativa para la inhibición de la formación de placa dental y como sustancia antimicrobiana no antibiótica, 2para uso en infecciones de origen odontogénico. El objetivo fue evaluar el efecto desinfectante del ácido hipocloroso sobre los microorganismos patógenos en cavidad oral. **Materiales y métodos.** Se evaluó el efecto desinfectante del ácido hipocloroso sobre cepas bacterianas ATCC y sobre *Candida albicans* ATCC 90028. Las concentraciones de ácido hipocloroso probadas fueron de 125, 250, 500, 1.000 y 1.500 ppm, a tiempos de 1, 5, 10 y 15 minutos. Se empleó la técnica de Kelsey Maurer, para verificar la presencia o la ausencia de crecimiento bacteriano. **Resultados.** El ácido hipocloroso fue efectivo a una concentración de 500 ppm durante un minuto, para *Streptococcus sanguis*, *Streptococcus mutans*, *Enterococcus faecalis*, *Eikenella corrodens*, *Campylobacter rectus*, *Fusobacterium nucleatum*, *Aggregatibacter actinomycetemcomitans*, *Porphyromonas gingivalis*, *Enterobacter cloacae*, *Klebsiella oxytoca* y *Klebsiella pneumoniae*. La inhibición de *C. albicans* se produjo con una concentración de 500 ppm en 10 minutos, lo que indica bajo poder antifúngico. **Conclusiones.** El ácido hipocloroso se constituye como una alternativa antimicrobiana para bacterias en la cavidad oral. Sin embargo, se requieren estudios clínicos para evaluar la efectividad del ácido hipocloroso *in vivo*.

BO-2 Esquemas de tratamiento para toxoplasmosis ocular en Colombia

Alejandra De la Torre, Juan David Zuluaga, José Fernando Gómez, Jorge Enrique Gómez
Universidad del Quindío, Armenia, Quindío. expelius@hotmail.com

Introducción y Objetivos. El objetivo de este trabajo fue determinar los esquemas de tratamiento para la toxoplasmosis ocular más utilizados por los oftalmólogos en Colombia, una causa frecuente de consulta en esta especialidad. **Materiales y métodos.** Se aplicó a 304 oftalmólogos una encuesta aleatoria mixta con una pregunta abierta y diez de opción dicotómica única. Los resultados se analizaron en el programa de EpiInfo 6.04 (CDC) y se presentaron en tablas de contingencia y gráficos de barras. **Resultados.** Se encontraron nueve esquemas de monoterapia y 17 esquemas combinados de medicamentos utilizados por los oftalmólogos. El 32,4% recomendó un tratamiento combinado, y el más común fue el uso de clindamicina más trimetoprim-sulfametoxazol (10,9%), seguido por pirimetamina más sulfadoxina (4,3%) y clindamicina más corticoides (2,6%). En cuanto al uso de esteroides subconjuntivales como alternativa en casos de vitreítis intensa, 62,2% respondió de forma afirmativa. Referente a los aspectos epidemiológicos, 59,2% no consideraba el agua como medio importante para el contagio con el parásito y, respecto al consumo de carne de pollo mal cocido, sólo 26,1% lo consideraba como medio de transmisión importante de la toxoplasmosis. **Conclusiones.** Dada la gran diversidad de esquemas utilizados, de los cuales muy pocos se basan en estudios controlados e incluso algunos se ha demostrado que pueden aumentar el daño (por ejemplo, la inyección subconjuntival de esteroides), en Colombia es necesaria la elaboración de una guía basada en la evidencia con el fin de aclarar el panorama.

BO-4 Determinación de actividad antifúngica de las fracciones cromatográficas de *Lantana camara*

Ana Karina Pardo, Jhon Jairo Arenas, Milton Gómez, Jorge Enrique Gómez, Fabiana María Lora
GEPAMOL, Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío; Laboratorio de Búsqueda de Principios Bioactivos, Facultad de Ciencias Básicas y Tecnologías, Armenia, Quindío
gepamol2@uniquindio.edu.co

Introducción y Objetivos. El objetivo de este estudio fue realizar una tamización fitoquímica de las partes más representativas de la planta *Lantana camara* para identificar metabolitos secundarios, como esteroides, tripterenoides, flavonoides, antocianidinas, taninos y lactonas terpénicas. **Materiales y métodos.** Se obtuvieron los extractos etanólicos totales por el método de percolación y se hizo el fraccionamiento cromatográfico de los extractos con eluentes de diferente polaridad. Se caracterizaron los grupos funcionales mediante espectroscopia infrarroja. Se hizo el ensayo de concentración letal media en el crustáceo *Artemia salina*. La actividad antifúngica se evaluó frente a seis especies de *Candida* sp. (*C. albicans*, *C. dubliniensis*, *C. krusei*, *C. guilliermondii*, *C. tropicalis*, *C. parastilopsis* y un aislado primario de *C. albicans*). La prueba de inhibición del crecimiento se realizó con un ensayo en suero humano, observando las curvas de crecimiento en microplaca de 96 pozos a una absorbancia de 600 nm. **Resultados.** Se encontró que la fracción 6 extraída de las hojas y eluida en metanol, fue positiva para flavonoides e inhibió el crecimiento de *C. albicans* en la concentración de 250 µg por ml. A esta misma concentración, inhibió el crecimiento del aislado primario. También, la fracción 1 a 12, eluida en acetato de etilo-metanol de los tallos, inhibió *C. albicans* y *C. guilliermondii* a la concentración de 500 y 250 µg por ml. La concentración letal media fue de 175 ppm. **Conclusiones.** Se encontraron fracciones de flavonoides no tóxicas y con efecto antifúngico para *C. albicans* en hojas de *L. camara*.

Trabajo completo

BT 12 Modelado del sitio activo de la enzima OXA-23 de *Acinetobacter baumannii* mediante la interacción molecular con sulbactam

María Consuelo Jaramillo, Cristina Lucía Mora, Andrés F. Zuluaga
Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia.
azuluaga@medicina.udea.edu.co

Objetivo. Proponer el mecanismo molecular de resistencia de *Acinetobacter baumannii* productor de OXA-23, mediante la interacción molecular con un inhibidor de betalactamasas activo contra el microorganismo. **Metodología.** La optimización de la geometría de los complejos enzimáticos se realizó con el programa Gaussian 98 y, el estado de transición, usando Spartan-Pro. **Resultados.** El residuo Ser128 es el responsable del inicio de la catálisis enzimática con la donación de un protón al carbonilo del anillo β-lactámico del sulbactam y el residuo Ser81 es el responsable del ataque nucleofílico para la formación del complejo acil-enzima. **Conclusiones.** Se determinó el posible mecanismo de catálisis de la enzima OXA-23, que se utilizaría para el diseño de nuevos compuestos con actividad inhibitoria o antibiótica.

VIROLOGÍA

MO-1 Estandarización de una técnica microbiológica para el aislamiento de bacteriófagos específicos para *Escherichia coli* a partir de aguas residuales

Gabriel Alonso Gaviria, Jhon Carlos Castaño
Grupo de Inmunología Molecular, Universidad del Quindío,
Armenia, Quindío. cool578@gmail.com

Introducción y objetivo. Los bacteriófagos son virus que infectan específicamente bacterias. Fueron descubiertos por los microbiólogos Twort (1915) y Héréle (1917). Son virus abundantes en la naturaleza. Aunque en la actualidad no se cuenta con gran experiencia en estas metodologías y no se ha reportado obtención de fagos a partir de aguas negras en nuestra región, se pretende estandarizar la técnica para el aislamiento de bacteriófagos a partir de aguas servidas. **Materiales y métodos.** Con el propósito de obtener bacteriófagos a partir de aguas servidas, se tomaron como base el método 1601 de la *Environmental Protection Agency* de los Estados Unidos y el método de obtención de enterovirus a partir de aguas negras propuesto por Sobsey *et al.* **Resultados.** Se realizaron múltiples pruebas utilizando como control el fago T4. De estos experimentos, se observaron las unidades formadoras de placa (UFP). Con esta observación se obtuvo la titulación de bacteriófagos presentes en cada uno de los cultivos de *Escherichia coli*. Con estos resultados se encontraron las relaciones que existen entre el tratamiento de control y el tratamiento experimental y las respectivas características de las calvas en cada uno de los experimentos realizados. **Conclusiones.** Con el resultado de este trabajo se sugiere que, al obtener fagos a partir de aguas negras, este estudio constituye una herramienta que se ubica dentro de las perspectivas del mejoramiento de los tratamientos y la terapéutica clínica de las enfermedades de tipo bacteriano.

MP-32 Cuantificación por PCR en tiempo real de la carga viral en pacientes infectados con virus del dengue

Carolina Quintero-Gil, Luisa Fernanda Arbeláez, Luis Ángel Villar, Marlén Martínez-Gutiérrez
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia; Grupo de Epidemiología Clínica, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Santander; Escuela de Microbiología, Medellín, Antioquia. mmartinezg@pecet-colombia.org

Introducción y Objetivo. Debido a que no existe una vacuna licenciada o una terapia específica para controlar el dengue, el diagnóstico temprano y específico es de vital importancia para el manejo de la enfermedad. Las técnicas moleculares, como la PCR en tiempo real (RT-qPCR) agilizan el diagnóstico y podrían ayudar a pronosticar la evolución de la enfermedad. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue validar una técnica de RT-qPCR para la cuantificación de la carga viral en los sueros de pacientes infectados.

Materiales y métodos. Las muestras se recolectaron en Bucaramanga, con consentimiento informado. Se realizó la extracción de ARN para obtener posteriormente ADNc, a partir del cual se realizó la qPCR, utilizando iniciadores específicos para cada uno de los serotipos. En paralelo, se amplificaron plásmidos que contenían las regiones específicas de cada serotipo, para poder interpolar los resultados, y obtener así la carga viral. En todos los casos, como control positivo, se utilizaron sobrenadantes de cultivos infectados con cada uno de los serotipos.

Resultados. El 90% de los sueros evaluados (positivos por aislamiento viral o por detección de IgM/IgG) fueron positivos para DENV por la técnica de PCR en tiempo real. Además, pudimos serotipificar las muestras, identificando en algunos casos sueros positivos para dos serotipos simultáneamente. En todos los sueros se logró cuantificar la carga viral, que varió entre $6,5 \times 10^3$ y $6,5 \times 10^9$ copias genómicas.

Conclusiones. La PCR cuantitativa es una herramienta útil en la identificación del serotipo viral y en la cuantificación de la carga viral en pacientes infectados con DENV.

MO-17 Asociación de anticuerpos antiplaquetarios con la trombocitopenia mediada por dengue

Yenny Montenegro, Jurg Niederbacher, Luz Aída Rey, Luis Ángel Villar, Ruth Martínez Vega, Fredi Alexander Díaz
Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Santander
luzaidarey@gmail.com

Introducción y Objetivos. En el dengue grave, la destrucción plaquetaria se ha asociado a la presencia de anticuerpos antiplaquetarios. Sin embargo, no se ha evaluado la presencia de anticuerpos específicos contra epítopos de la superficie plaquetaria en esta infección. **Objetivo.** Evaluar la relación entre los anticuerpos antiplaquetarios específicos y la trombocitopenia inducida por el dengue.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio de casos y controles anidado en una cohorte de pacientes con síndrome febril agudo. Se seleccionaron los pacientes que durante el seguimiento presentaron trombocitopenia intensa (< 50.000 plaquetas/mm³) con dengue confirmado (n=48) o descartado (n=15). Al azar, se escogieron tres grupos de pacientes control: 1) con dengue y de 50.000 a 150.000 plaquetas/mm³ (n=63); 2) con dengue y más de 150.000 plaquetas/mm³ (n=63), y 3) con síndrome febril agudo no dengue y $y = 200.000$ plaquetas/mm³ (n=38). La detección de anticuerpos se realizó en suero obtenido entre 48 y 96 horas de la enfermedad, utilizando un ELISA comercial (Pak-AUTO®, GTI Brookfield, WI), que detecta IgG, IgM e IgA dirigidos contra epítopos de las glucoproteínas plaquetarias IIb/IIIa, Ia/IIa e Ib/IX. Los grupos se compararon usando regresión logística.

Resultados. Los grupos con trombocitopenia profunda (dengue y no dengue) presentaron mayor frecuencia de anticuerpos contra la glicoproteína Ia/IIa comparados con el grupo de síndrome febril agudo no dengue y sin trombocitopenia (OR=5,35; IC95% 1,11-25,85; OR=12; IC95% 2,07-69,69, respectivamente). No se identificaron anticuerpos contra glucoproteínas plaquetarias Ib/IX. En los pacientes con 2 dengue no se observó un gradiente de frecuencia de anticuerpos antiplaquetarios según la gravedad de la trombocitopenia.

Conclusiones. Los anticuerpos antiplaquetarios específicos parecen estar involucrados en la trombocitopenia profunda en el dengue y otras causas de síndrome febril agudo.

MO-19 La inhibición de las enzimas histona deacetilasas modifica la expresión de los genes de citocinas en células infectadas por dengue.

Félix Giovanni Delgado, Jaime Eduardo Castellanos
Grupo de Virología, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C.
delgadofelix@unbosque.edu.co

Introducción y Objetivos. Durante la infección con el virus del dengue (DENV) se produce un aumento de la expresión de citocinas tales como FNT-alfa e IL-6, las cuales son importantes en la patogenia. Además, se ha descrito que la inhibición de las enzimas histona deacetilasas (HDAC) por tricostatina A (TSA), puede regular la respuesta inmunitaria en varios modelos de enfermedad inflamatoria. El objetivo fue evaluar el efecto de la inhibición de las HDAC por TSA en la expresión de FNT-alfa e IL-6 en células mononucleares de sangre periférica infectadas con el virus del dengue.

Materiales y métodos. Las células mononucleares de sangre periférica fueron pretratadas por tres horas con TSA (100, 200 o 400 nM) y, posteriormente, infectadas con DENV2 o tratadas con lipopolisacárido (100 ng/ml) como control positivo, por tres horas adicionales. Posteriormente, se extrajo el ARN y se hizo el análisis cuantitativo por RT-PCR para los genes de beta-actina, FNT-alfa e IL-6.

Resultados. La infección por DENV indujo aumento de más de 10 veces en la expresión de los ARNm para FNT-alfa e IL-6. La inhibición de HDAC con TSA logró inhibir de manera significativa la transcripción de FNT-alfa, aunque sólo la mayor concentración indujo disminución en la expresión del mensajero de IL-6.

Conclusiones. Estos resultados sugieren, por primera vez, que la inhibición de las HDAC durante la infección con DENV podría tener un efecto regulador importante en la expresión de citocinas proinflamatorias como FNT-alfa e IL-6, convirtiéndose en una posible estrategia terapéutica que merece más estudios.

MP-27 Diferencias en la capacidad de replicación *in vitro* de los serotipos 2 y 3 del virus del dengue, provenientes de aislamientos clínicos

Carolina Quintero-Gil, Marlén Martínez-Gutiérrez, Alexander Uribe, Marta Ospina, Francisco Díaz, Jorge Osorio
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia; Department of Pathobiological Sciences, School of Veterinary Medicine, University of Wisconsin, Madison, USA; Grupo de Inmunovirología. mmartinezg@pecet-colombia.org

Introducción y Objetivo. Los estudios filogenéticos con cepas provenientes de aislamientos clínicos de virus del dengue (DENV) de Medellín, demuestran que existe un alto grado de evolución entre ellas, lo cual podría significar diferencias en su potencial epidémico. Además, el aumento del número de casos de dengue en Colombia puede estar relacionado con la circulación concomitante y constante de los cuatro serotipos. El objetivo de este trabajo fue evaluar la capacidad de replicación en células de mosquito, de dos aislamientos clínicos de Medellín de DENV2 y DENV3.

Materiales y métodos. Se inocularon células C6/36 HT con una misma concentración de virus ($2,5 \times 10^8$ copias genómicas) de cada uno de los aislamientos clínicos: DENV2 (469/95 y 3986/07) y de DENV3 (15859/02 y 3832/06). Se evaluó la eficiencia en la replicación de cada cepa viral por qPCR, 96 horas después de la infección. Los valores obtenidos para cada cepa se compararon mediante la prueba t de Student.

Resultados. Al evaluar el número de copias de genoma viral, no se encontraron diferencias significativas entre los aislamientos de DENV2 ($p > 0,05$) o entre los aislamientos de DENV3 ($p > 0,05$). Sin embargo, al comparar entre los serotipos, encontramos diferencias significativas

entre ellos ($p < 0,05$), siendo mayor la cantidad de copias genómicas de DENV2 respecto a DENV3. **Conclusiones.** El hecho de no encontrarse diferencias entre las cepas del mismo serotipo sugiere que los cambios filogenéticos no tienen efecto sobre su potencial epidémico. Sin embargo, el que DENV2 replique mejor *in vitro* que DENV3 puede ser de gran importancia epidemiológica ya que DENV2 se asocia comúnmente con una mayor virulencia que los demás serotipos y está implicado en formas graves de la enfermedad.

MP-28 Comparación de la capacidad de replicación de cepas del virus del dengue serotipo 2 en líneas celulares de diferentes orígenes

Carolina Hernández-Castro, Andrea Isabel Trujillo-Correa, Marlén Martínez-Gutiérrez
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia.
mmartinezg@pecet-colombia.org

Introducción y Objetivo. La búsqueda de los antivirales contra el virus del dengue (DENV) involucra el uso de modelos celulares adecuados que repliquen eficientemente el virus, sin inducir daño celular significativo. Con el fin de identificar el mejor modelo de infección, comparamos en líneas celulares de diferentes orígenes, la capacidad de replicación de dos cepas de DENV2 de referencia: la cepa Nueva Guinea (NGC, dengue clásico) y la cepa 16681 (dengue hemorrágico).

Materiales y métodos. Se infectaron cultivos celulares de líneas VERO (fibroblastos), EA-hy926 (endoteliales), SH-SY5Y (neuronales), U937 (monocitos/macrófagos), HEP-G2 (hepáticas) y C6/36 (*Aedes albopictus*), con dos cepas de referencia de DENV2 a una MOI de 10. Los sobrenadantes se recolectaron 48 horas después de la infección para cuantificación por qRT-PCR y reducción de placa o del título viral. Además, se realizó un ensayo de viabilidad celular por MTT y se detectó antígeno viral por Cell-ELISA e inmunofluorescencia. **Resultados.** Encontramos que ninguna de las cepas de DENV 2 inducía muerte celular a las 48 horas. Al comparar la cantidad de partículas virales infecciosas y genoma viral, encontramos que la replicación fue más eficiente en células VERO, HEP-G2 y U937. Este resultado se correlaciona con la expresión del antígeno viral observado por fluorescencia y con la cantidad de proteína viral cuantificada. Además, en todas las líneas de células se encontró que la replicación de la cepa de origen hemorrágico era más eficiente que la replicación de la cepa de origen clásico. **Conclusiones.** Identificamos que las células VERO, HEP-G2 y U937 son los mejores modelos celulares de infección para DENV2 y además, que la replicación de la cepa 16681 es más eficiente con respecto a la cepa NGC.

MO-22 Cambios en la expresión del FNT alfa durante la neuroinfección experimental por dengue

Myriam Lucía Velandia, Nadia Yadira Castañeda, Laura Riveros, Camilo Rojas, Jaime Eduardo Castellanos
Universidad El Bosque, Bogotá, D.C.
velandiamyriam@unbosque.edu.co

Introducción y Objetivo. Es cada vez más frecuente que aparezcan manifestaciones neurológicas en los pacientes con cuadros de dengue grave. No se conoce cuáles son los eventos implicados en el daño estructural y funcional del sistema nervioso durante estos episodios. El objetivo fue evaluar los cambios en la expresión de FNT-alfa (ARNm y proteína) durante la neuroinfección experimental por dengue en ratones de diferentes edades. **Materiales y métodos.** Se inocularon intraperitonealmente con virus del dengue neuroadaptado (DVUB-na) gru-

pos de 8 a 10 ratones Balb/C de 2, 7, 14 y 21 días de edad. A los 6 días después de la infección, los animales se sacrificaron, se homogenizó el cerebro y se purificaron el ARN y las proteínas solubles, con el fin de cuantificar por PCR en tiempo real el ARNm para el FNT-alfa y la citocina por citometría de flujo, usando el método de captura en perlas. **Resultados.** En los cuatro grupos de edad, se encontró aumentada en más de dos veces la expresión del ARNm para FNT-alfa. La citocina se detectó en mayor concentración solamente en los animales de 2, 7 y 14 días de edad (85,34, 102,46 y 162,77 pg/ml, respectivamente). En los animales control no se detectaron ni el mensajero ni la proteína. **Conclusiones.** La expresión de FNT-alfa varió de acuerdo con el desarrollo inmunitario y neurológico de los animales infectados. El aumento en la expresión del FNT-alfa en los cerebros de los ratones más jóvenes sugiere un papel importante en la neuropatogénesis de la encefalitis causada por el virus neuroadaptado.

MO-25 Producción y caracterización de un virus del dengue neuroadaptado

Myriam Lucía Velandia, Jaime Eduardo Castellanos
Universidad El Bosque, Bogotá, D.C.
velandiamyriam@unbosque.edu.co

Introducción y Objetivos. Los casos de dengue con manifestaciones neurológicas sugieren que, directa o indirectamente, el sistema nervioso es infectado y alterado por el virus del dengue (DENV). Sin embargo, no se conocen los aspectos que le confieren el neurotropismo y la capacidad neuropatológica al virus. **Objetivo.** Producir y caracterizar un virus del dengue adaptado a tejido nervioso que permita identificar aspectos que favorecen la neuroinfección. **Materiales y métodos.** Tras realizar varios pasajes seriados del DENV *in vitro* e *in vivo*, se evaluaron: i) la infección clínica en animales de 2, 7, 14 y 21 días postnatales; ii) la adsorción y la penetración *in vitro* de las cepas; y iii) la cinética y la producción de virus en tejidos y células, y la capacidad de infección en tejidos extraneurales. **Resultados.** Tras los pasajes de adaptación, las cepas virales obtenidas cambiaron el patrón de adsorción-penetración *in vitro* con respecto a la cepa parental y se volvieron más sensibles a la heparina. El virus obtenido infectó únicamente los animales de 2 y 7 días de nacidos; es muy neurotrópico, neuroinvasivo, con altos niveles de replicación en cerebro y con inducción de daños neurológicos. No se evidenció replicación en bazo o hígado. Se encontraron cambios en la secuencia genómica en los genes estructurales y no estructurales. **Conclusiones.** La cepa de DENV neuroadaptado (DVUB-na) adquirió modificaciones genéticas y fenotípicas que le confirieron la capacidad de infectar y replicarse en el sistema nervioso, causando alteraciones neurológicas. El DVUB-na permitirá describir aspectos inmunológicos y neurobiológicos de la neuropatogénesis del DENV.

MO-15 Inclusiones inusuales en hígados de pacientes infectados con virus del dengue

Aura Caterine Rengifo
Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C.
arengifo@ins.gov.co

Introducción y Objetivos. El dengue es la enfermedad viral transmitida por artrópodos de mayor importancia a nivel mundial. La incidencia del dengue en Colombia durante los últimos cinco años ha sido de 925 por cada 100.000 habitantes en riesgo. A pesar de estas cifras, son pocos los estudios sobre la distribución del virus del dengue en tejidos y sólo existen reportes de hallazgos ultraestructurales del virión *in vitro*. Los objetivos de este estudio fueron encontrar la partícula viral del dengue

en tejido hepático humano y caracterizar los cambios morfológicos producidos por la presencia del virión. **Materiales y métodos.** Se seleccionaron post mórtem cinco fragmentos de tejido hepático de pacientes que habían sido reportados como positivos para la infección por dengue, entre los años 2004 y 2009. El diagnóstico se hizo mediante técnicas de histopatología, que incluían inmunohistoquímica, y técnicas moleculares como RT-PCR. Parte de los tejidos fueron incluidos en resina epóxica para su posterior estudio de ultraestructura. **Resultados.** Se observaron núcleos con la cromatina y el nucléolo rechazado hacia la periferia y un halo electrolúcido que rodeaba una estructura circular u ovoide, no visible con la hematoxilina eosina. Se pensó que la estructura correspondía a la partícula viral, pero una prueba posterior de PAS-diestasa permitió corroborar que se trataba de glucógeno intranuclear. **Conclusiones.** Es la primera vez que se reportan tales inclusiones en pacientes enfermos con dengue. La determinación de la incidencia de tales inclusiones podría permitir establecer nuevas vías y mecanismos en la comprensión de la patogénesis del flavivirus dengue.

MO-2 La estatina de última generación, rosuvastatina, aumenta la supervivencia de ratones infectados con virus del dengue serotipo 2

Marlén Martínez-Gutiérrez, Juan Carlos Gallego-Gómez, Jaime Eduardo Castellanos-Parra, Jorge Emilio Osorio
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia; Department of Pathobiological Sciences, School of Veterinary Medicine, University of Wisconsin, Madison, USA; Grupo de Virología, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C., Colombia
mmartinezg@pecet-colombia.org

Recientemente, hemos postulado que las estatinas afectan el proceso de maduración del virus del dengue (DENV), disminuyendo su salida de las células infectadas. El objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto de dos estatinas (lovastatina y rosuvastatina) sobre la viremia y la supervivencia de ratones *knockout* AG129 infectados con DENV-2. Grupos de seis ratones AG129 fueron sometidos a diferentes esquemas de tratamiento (antes y después de la infección) con estas estatinas (200 mg/kg por día) por vía oral. La infección se produjo por vía intraperitoneal (1×10^6 UFP/ml). A los tres días después de la infección, se cuantificó la viremia en sueros y se hizo seguimiento de la supervivencia a los siete y nueve días posteriores a la infección. Ninguna de las estatinas disminuyó de manera significativa la viremia; sin embargo, la supervivencia se favoreció significativamente. En los grupos tratados con lovastatina, la supervivencia a los siete y nueve días posteriores a la infección fue de 57% y 16% comparada con el grupo control sin fármaco y, en los grupos tratados con rosuvastatina, la supervivencia fue de 100% y 85%, respectivamente. Estos resultados nos permiten plantear que, al afectarse el proceso de maduración viral, también en el modelo *in vivo*, la salida del virus a la sangre se retardaría, lo que permitiría que la respuesta inmunitaria controle eficazmente la infección. Así, se evitaría o se retardaría la muerte en los animales tratados. Las estatinas de primera y última generación (lovastatina y rosuvastatina) retardan el proceso de infección y promueven la supervivencia de ratones AG129 infectados con DENV-2; este efecto es más pronunciado con la rosuvastatina.

MO-33 Inhibición de la entrada del virus dengue a la célula por extractos naturales colombianos

Andrea Trujillo-Correa, Fredy Díaz-Castillo, Sara Robledo-Restrepo, Marlén Martínez-Gutiérrez
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia; Laboratorio de Investigaciones Fitoquímicas y Farmacológicas, LIFFUC, Universidad de Cartagena, Cartagena, Bolívar;
mmartinezg@pecet-colombia.org

Introducción y Objetivos. El conocimiento de algunos pasos del ciclo de replicación del virus del dengue (DENV) en la célula huésped y de algunas características estructurales y funcionales de las proteínas virales, ha promovido el estudio de diversos blancos antivirales potenciales. Los inhibidores de la entrada viral son interesantes, ya que representan una barrera que impide la interacción de la glucoproteína de envoltura con el receptor presente en la membrana, obstruyendo la unión y la internalización del virus en la célula.

Materiales y métodos. Se trataron células VERO con diferentes concentraciones de 15 extractos naturales, 48 horas antes de la infección. Posteriormente, se realizó la infección con DENV serotipo 2 y 48 horas después se cuantificó la cantidad de virus producido por reducción de placa o del título viral ("plaqueo") y, la cantidad de proteína viral intracelular, por medio de una técnica de Cell-ELISA. Además, se determinó la citotoxicidad por un ensayo de MTT. En todos los extractos se determinó el índice de selectividad (concentración efectiva 50/concentración citotóxica 50). **Resultados.** Se encontró que cinco de los 15 extractos evaluados tienen un potencial efecto antiviral; los extractos de las familias *Amaranthaceae*, *Euphorbiaceae*, *Capparidaceae*, *Burseraceae* y *Curcubitaceae* fueron los más promisorios. Estos extractos mostraron una actividad antiviral significativa con porcentajes de inhibición de la proteína viral y la producción de virus entre el 70% y el 90%. **Conclusiones.** Los extractos evaluados demostraron un potencial antiviral promisorio, por inhibición del proceso de entrada del virus a la célula. Los ensayos en curso de fraccionamiento biodirigido de cada extracto, nos permitirán identificar las moléculas implicadas en el efecto antiviral

MO-41 Evaluación del efecto de la curcumina en la infección por el virus del dengue en un modelo celular *in vitro*

Leonardo Padilla, Jhon Carlos Castaño, María Mercedes González
Universidad del Quindío, Armenia, Quindío
leopadsa@yahoo.com

Introducción y Objetivo. La curcumina es una sustancia de color amarillo (diferuloimetano) que se extrae de los rizomas de *Curcuma longa*; se ha utilizado en la cultura oriental para el tratamiento de muchas enfermedades y, actualmente, se ha observado que altera la infección de diferentes virus, como el de Epstein-Barr, el VIH, el Coxsackie y el de la encefalitis japonesa, entre otros. El objetivo de este proyecto fue evaluar el efecto de la curcumina en la infección por virus del dengue en un modelo celular *in vitro*.

Materiales y métodos. Se realizaron tratamientos a concentraciones de 10, 20, 30 μM de curcumina por 24 horas, en células con infección previa, a una concentración constante de virus (MOI 1); luego, se tomaron los sobrenadantes y se realizaron conteos virales por la técnica de reducción de placa o del título viral. La toxicidad de la curcumina se verificó por microscopía, conteo en cámara de Neubauer y ensayo con el colorante AlamarBlue®. De igual manera, se determinó la alteración del proteosoma, por Western blot. **Resultados.** Las concentraciones tóxicas de curcumina se evidenciaron a partir de 40 μM ; también, se observó una disminución en el número de unidades formadoras de placa (UFP), pasando de 100 a 400 en los controles tratados con DMSO a 0 UFP en las células tratadas con curcumina. De igual manera, se observó un aumento en las proteínas de ubiquitina a concentraciones de 50 o 60 μM . **Conclusiones.** La curcumina inhibe la producción de viriones infectivos de dengue e inhibe el proteosoma. Las concentraciones tóxicas de curcumina se encuentran en 40 μM o mayores.

MP-34 Evaluación del potencial antiviral de extractos naturales provenientes de la planta *Annona squamosa* sobre la replicación del virus del dengue

Andrea Trujillo-Correa, Deisi Janeth Rave-Pérez, Sara Robledo-Restrepo, Fredy Díaz-Castillo, Marlén Martínez-Gutiérrez
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia; Laboratorio de Investigaciones Fitoquímicas y Farmacológicas, LIFFUC, Universidad de Cartagena, Cartagena, Bolívar; Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia. mmartinezg@pecet-colombia.org

Introducción y Objetivo. A pesar de la alta prevalencia de la infección producida por el virus del dengue (DENV), aún no existe una vacuna licenciada y no se dispone de antivirales específicos para su tratamiento. Una de las prioridades de investigación mundial es la búsqueda de fármacos antivirales, razón por la que el objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto antiviral de extractos naturales colombianos en células previamente infectadas con DENV. **Materiales y métodos.** Se evaluaron diferentes concentraciones de 20 extractos naturales, los cuales fueron adicionados a células VERO previamente infectadas con DENV serotipo 2. La cantidad de virus producido por un ensayo de reducción de placa o del título viral y la cantidad de proteína viral intracelular por medio de una técnica de Cell-ELISA, se cuantificaron 48 horas después del tratamiento. Además, se determinó la citotoxicidad por un ensayo de MTT. En todos los extractos se determinó el índice de selectividad (concentración efectiva 50/concentración citotóxica 50). **Resultados.** De los 20 extractos evaluados, seis mostraron un efecto inhibitorio significativo (en concentraciones inferiores a 50 µg/ml), lo que indica que estos extractos podrían estar afectando algunos pasos del ciclo de replicación viral posteriores a la entrada dentro de la célula. El extracto más promisorio fue derivado de la planta *Annona squamosa*, con un porcentaje de inhibición viral cercano a 80%. **Conclusiones.** Algunos de los extractos evaluados, provenientes de la flora colombiana, demostraron tener actividad antiviral contra DENV en momentos posteriores a la infección. Los ensayos en curso de fraccionamiento biodirigido de cada extracto nos permitirán identificar las moléculas implicadas en el efecto antiviral.

MP-29 Potencial efecto antiviral de una tetraciclina de segunda generación contra la infección por virus del dengue

Oladier Hoyos-Bastidas, Andrea Isabel Trujillo-Correa, Luis Ángel Villar, Marlén Martínez
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia; Grupo de Epidemiología Clínica, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Santander; Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia mmartinezg@pecet-colombia.org

Introducción y Objetivo. El dengue es la enfermedad viral transmitida por artrópodos más importante en el mundo y es causada por el virus del dengue (DENV). La búsqueda virtual de blancos terapéuticos ha permitido postular que algunas tetraciclinas se unen a la proteína de la envoltura viral, lo que permite pensar que sirven como inhibidores de la infección. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue evaluar el efecto antiviral *in vitro* de la doxiciclina en cultivos de células VERO infectadas con DENV2. **Materiales y métodos.** Se evaluó la citotoxicidad de diferentes concentraciones de doxiciclina (tetraciclina de segunda generación) por el método de MTT. La actividad antiviral se evaluó en diferentes momentos del ciclo de replicación por varias técnicas, cuantificando la proteína viral, las partículas virales infecciosas y el genoma viral. **Resultados.** Se encontró que las concentraciones de doxiciclina

inferiores a 500 µM no son citotóxicas. Además, la cantidad de proteína viral se reduce de manera moderada en los cultivos tratados. Finalmente, se encontró que el número de partículas virales infecciosas y de copias genómicas virales se reduce de manera significativa con los diferentes esquemas de tratamiento (antes, durante y después de la infección). **Conclusiones.** El efecto antiviral de la doxiciclina en células VERO infectadas con DENV2 puede estar dado por el cambio en la conformación que genera en la proteína de la envoltura, impidiendo la unión y la fusión con la membrana celular. Sin embargo, también se podrían estar afectando algunos procesos posteriores de replicación y salida. Por ser un fármaco licenciado, su evaluación clínica a corto plazo es más factible.

MO-3 Circulación de enterovirus en la población infantil menor de un año en Armenia, Quindío

María Mercedes González, Jhon Carlos Castaño, Luis Sarmiento, Liliana Quintero, Alejandra Giraldo
Universidad del Quindío, Armenia, Quindío

Introducción. Los enterovirus constituyen un gran género dentro de la familia Picornaviridae, de los cuales se han descrito más de 88 serotipos. No se conocen estudios previos en Colombia que proporcionen información sobre el comportamiento de los enterovirus, ni particularmente en el departamento del Quindío. **Objetivos.** Estimar la prevalencia de la circulación de enterovirus e identificar los principales serotipos de enterovirus circulantes en la región. **Materiales y métodos.** Se tomaron 320 muestras de heces de niños menores de un año de edad. La presencia del virus en las heces se determinó mediante un método RT-N-RCP. Las muestras que resultaron positivas fueron inoculadas en cultivos de células Vero y células RD. Los aislamientos con ECP fueron identificadas por la técnica de neutralización del ECP, según el esquema de Lim Benyesh-Melnick que permite identificar 42 serotipos diferentes. **Resultados.** Se obtuvieron secuencias específicas de ácidos nucleicos de enterovirus en 43 de las 320 muestras de heces, lo que representa 13,3% de casos positivos. De las 43 muestras positivas mediante RT-N-PCR, se obtuvo aislamiento de enterovirus en 53%. Los serotipos identificados correspondieron a virus Coxsackie B1, Coxsackie B3, Coxsackie B5, Echovirus 6 y Echovirus 30. **Conclusiones.** La prevalencia de circulación de enterovirus en la región del Quindío es de 13%, razón por la cual las autoridades de salud pública deben considerar la posibilidad de que se presenten en Colombia epidemias producidas por estos agentes.

MO-37 Potencial antiviral contra el virus de la fiebre amarilla del componente mayoritario del aceite esencial de *Lippia alba* y *Lippia citriodora*

Luz Ángela Gómez, Raquel Elvira Ocazonez, Elena Stashenko
Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Santander luzango@gmail.com

Introducción y Objetivos. El aceite esencial de plantas del género *Lippia* tiene efecto virucida sobre el virus de la fiebre amarilla, pero se desconoce si se debe a su componente mayoritario. El objetivo fue determinar el efecto inhibitorio *in vitro* sobre el virus de la fiebre amarilla del citral y limoneno, componente de *Lippia alba* (pronto alivio) y *Lippia citriodora* (yerba Luisa), respectivamente. **Materiales y métodos.** La concentración citotóxica 50 (CC₅₀), inhibitoria 50 (CI₅₀) y el índice de selectividad (IS=CI₅₀/CC₅₀) se determinaron para el componente y su aceite esencial. La CC₅₀ por el método de MTT y el efecto inhibitorio antes de la adsorción y durante la replicación viral por reducción de placa o del título viral ("plaqueo"). Se consideró potencial antiviral cuando la CC₅₀ era de 100 µg/ml o mayor, junto con inhibición a CI₅₀ de 100 µg/ml o menor e IS de 2 o mayor. **Resultados.** La CC₅₀ del citral fue de 29,3 versus 80,4 µg/ml del aceite esencial y ambos inhibieron el virus de la fiebre amarilla antes y durante la replicación a CI₅₀ de 17,7 y 22,5 µg/ml (IS: 1,6 y 1,3) del

citral *versus* 25,1 y 33,7 µg/ml (IS: 3,2 y 2,3) del aceite esencial. La CC₅₀ del limoneno fue 909,5 *versus* 123,5 µg/ml del aceite esencial, pero el primero no tuvo efecto antiviral (CI₅₀ >800 µg/ml), como sí se observó con el aceite esencial a CI₅₀ de 64,7 y 63,9 µg/ml (IS=2,0).

Conclusiones. El componente mayoritario de los aceites esenciales seleccionados no porta potencial antiviral contra el virus de la fiebre amarilla, según los parámetros del estudio. La evaluación de otros componentes es necesaria.

MO-4 Identificación y caracterización genética parcial de un nuevo hantavirus de la zona de Urabá

Andrés Felipe Londoño, Juan David Rodas, Silvana Levis, Francisco Javier Díaz

Grupos Centauro e Inmunovirología, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia franciscodiaz314@gmail.com

Introducción y Objetivo. Los hantavirus americanos son agentes asociados a roedores y causantes del síndrome pulmonar por hantavirus, una enfermedad de gran letalidad, presente en muchos países de América. En Colombia se ha informado la presencia de anticuerpos anti-hantavirus en agricultores de la región atlántica, pero no se ha reportado el síndrome pulmonar por hantavirus ni se han identificado los agentes ni los reservorios de esta infección. En este estudio se pretendía estimar la frecuencia de infección por hantavirus en roedores de la zona de Urabá, Antioquia, e identificar el agente asociado a dichos roedores. **Materiales y métodos.** Durante 2008 y 2009, se realizaron capturas mensuales de roedores en tres municipios. Los roedores fueron probados para anticuerpos IgG contra los hantavirus sin nombre y Maciel. Los seropositivos fueron analizados por RT-PCR para la presencia de ARN viral. Algunos de los reactivos en esta prueba fueron parcialmente secuenciados para la identificación del agente.

Resultados. De 283 roedores pertenecientes a especies potencialmente asociados a hantavirus, 15 (5,3%) fueron seropositivos para IgG anti-hantavirus. De éstos, 11 fueron reactivos por RT-PCR. Algunos fueron secuenciados en varias regiones de su genoma. La comparación de estas secuencias con las de otros hantavirus y el análisis filogenético de las mismas mostraron que el agente detectado correspondía a un hantavirus diferente a los previamente identificados.

Conclusiones. Existe un hantavirus asociado a roedores silvestres en el Urabá antioqueño. La extensión geográfica de esta infección y su impacto en la salud humana deberían ser investigados.

MO-38 Evidencia serológica y molecular de la circulación del virus de la hepatitis E en Medellín

Julio César Rendón, María Cristina Navas, María Cristina Hoyos, Fabián Mauricio Cortés, Gonzalo Correa, María Elsa Sepúlveda, Nora Yepes, Sergio Jaramillo, John Jairo Zuleta, Rita Almanza

Grupo de Gastrohepatología, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia biorruna@gmail.com

Introducción y Objetivo. El estudio se llevó a cabo dada la observación de una gran proporción de casos con diagnóstico clínico de hepatitis viral aguda sin marcadores para hepatitis A (VHA), B (VHB) o C (VHC) y la evidencia de circulación del virus de la hepatitis E (VHE) en Latinoamérica. El objetivo fue determinar la frecuencia de infección por VHE, en pacientes entre 15 y 40 años con diagnóstico clínico de hepatitis viral aguda, atendidos en cinco centros de salud de Medellín, entre abril de 2008 y junio 2009. **Materiales y métodos.** Setenta y siete pacientes voluntarios permitieron la toma de muestras de suero y facilitaron muestras de materia fecal. Las muestras de suero fueron tamizadas para detectar los marcadores de VHA, VHB y anti-VHE tipo IgG e IgM (MP Diagnostics®). En las 18 muestras de materia fecal obtenidas se determinó la presencia de ARNA viral y se secuenció la región superpuesta del ORF2/3 del VHE.

Resultados. De las 77 muestras de suero, 29 fueron positivas para VHA, 8 para VHB y 37 negativas para ambos; de éstas, 17 (46%) fueron positivas para anti-VHE tipo IgM y 4 (11%) para IgG. En las ocho muestras de materia fecal correspondientes a pacientes negativos para VHA y VHB, se pudo amplificar y secuenciar una región del genoma viral que correspondía al genotipo 3 de VHE. **Conclusiones.** Este trabajo permite, por primera vez, confirmar la circulación del virus de la hepatitis E del genotipo 3 en Colombia, lo que puede sugerir la transmisión zoonótica de VHE de cerdos a humanos.

MO-16 Evaluación de la actividad antiviral del interferón beta en cultivos primarios de ganglio del trigémino infectados con virus herpes simple tipo 1

Ana María Low-Calle, Jeanette Prada-Arismendy, Jaime E. Castellanos

Patogénesis Viral, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.; Instituto de Virología, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C. jecastellanos@unal.edu.co

Introducción y Objetivos. El virus herpes simple tipo 1 (HSV-1) se replica en células epiteliales y se disemina al ganglio del trigémino, estableciendo una infección latente. El HSV-1 presenta mecanismos de evasión al interferón (IFN) descritos en diferentes células, excepto en neuronas trigeminales. El objetivo fue valorar la actividad de IFN-β frente al HSV-1 en cultivos primarios de ganglio del trigémino de ratón, caracterizando los cambios en la viabilidad celular, la replicación viral y la expresión de genes.

Materiales y métodos. Los cultivos primarios de ganglio del trigémino de ratón, enriquecidos en neuronas, se trataron con IFN-β² y se infectaron con HSV-1. Se evaluaron la viabilidad celular y los títulos virales, y se cuantificó la expresión de genes estimulados por IFN-β² y genes virales mediante la PCR en tiempo real.

Resultados. Los cultivos infectados mostraron disminución de la viabilidad celular (45,5%), que aumentó de manera dependiente de la dosis, con 1, 100 y 1.000 U/ml de IFN-β² (48,3%, 76,1% y 100%, respectivamente). Además, el IFN-β² disminuyó los títulos virales en 33,3%, 77,4% y 86,6%, y estimuló la expresión de Oas1a, Pkr y RNasaL, aun sin infección, aunque en los cultivos infectados no tratados no se produjo expresión exagerada. El IFN-β² también disminuyó la expresión de los genes virales (ICP0, timidina-cinasa y glucoproteína B) en los tiempos evaluados. **Conclusiones.** En los cultivos de trigémino ocurre replicación viral lítica evidenciada por la disminución de la viabilidad celular, la obtención de partículas virales infecciosas y la expresión de genes virales, pero la replicación viral disminuye con el IFN-β². Además, en el cultivo sin tratamiento, la infección inhibe la expresión de genes inducidos por IFN.

MP-18 Desarrollo de un modelo en ratones de infección por herpes simple a través de la mucosa oral

Edgar Beltrán, Leydi Bastidas, Jeanette Prada-Arismendy, Lina María Marín, Sonia Bohórquez, Jaime Castellanos

Grupo de Patogénesis Viral, Universidad Nacional, Bogotá, D.C., y Grupo de Virología, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C. castellanosjaime@unbosque.edu.co

Introducción y Objetivos. El virus del herpes simple tipo 1 (HSV1) provoca infecciones en el epitelio oral, seguida por su diseminación hacia el ganglio del trigémino, donde establece una infección latente potencialmente recurrente. A pesar de la frecuencia de esta infección en boca, no se ha descrito un modelo animal de infección a través de mucosa oral. **Objetivo.** Establecer un modelo de infección por HSV1 *in vivo* a través de la mucosa oral del ratón para

describir la infección en el ganglio del trigémino. **Materiales y métodos.** Se inocularon ratones ICR con HSV1 en el fondo vestibular de la mucosa oral tras escarificación. A los tres, cinco y siete días después de la infección, se disecaron los ganglios del trigémino y se evaluó la presencia del antígeno viral por inmunohistoquímica y ácidos nucleicos virales. Además, se cuantificó el título viral por reducción de placa. **Resultados.** A los tres días después de la infección, se encontraron antígeno, ADN y partículas virales infecciosas en el ganglio del trigémino. Al quinto día después de la infección, el antígeno viral se encontró en fibras nerviosas; igualmente, se encontraron ADN viral y partículas virales. A los siete días después de la infección hubo células similares a macrófagos positivas para el antígeno viral y menor cantidad de ADN viral, y no se detectaron partículas virales. Además, se pudo amplificar el transcrito asociado a latencia. No se encontró A22RNm viral. **Conclusiones.** Este modelo permitió evaluar por diversas técnicas la cinética de la infección por HSV1 y replicar la patogénesis de la misma cuando se inicia en la mucosa oral, con el fin de adelantar estudios sobre virología e inmunología.

MO-26 Caracterización *in vitro* de aislamientos colombianos del virus del herpes bovino-1

Julián Ruiz-Sáenz, Jairo Jaime, Víctor Vera
Grupo de Microbiología y Epidemiología, Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C. julianruizsaenz@gmail.com

Introducción y Objetivos. El virus del herpes bovino-1 (BHV-1) afecta a los bovinos, provocando graves pérdidas económicas. El presente trabajo pretendió caracterizar *in vitro* y molecularmente aislamientos colombianos del BHV-1. **Materiales y métodos.** Los 18 aislamientos realizados en cinco zonas del país (Córdoba, Llanos Orientales, Bogotá, Antioquia y Valle del Cauca) y las dos cepas de referencia, fueron confirmados por PCR y titulados por dosis infecciosa (DICC₅₀) y unidades formadoras de placa (UFP). Finalmente, se realizaron curvas de crecimiento a partir de monocapas y sobrenadantes para caracterizar el crecimiento en células MDBK infectadas y se evaluó el fenotipo de placa por UFP. **Resultados.** Previa confirmación por PCR y usando la DICC₅₀, se encontraron títulos virales entre 1x10^{-4,5} y 1x10^{-8,25} DICC₅₀; los títulos más bajos fueron los de las cepas del Valle del Cauca y los más altos los de Córdoba. En las UFP los títulos estuvieron entre 650 y 2,4x10⁸ UFP/ml, y fue mayor el título para las cepas de Córdoba y Medellín y menor para las cepas del Valle del Cauca. Los títulos de las cepas de referencia Iowa (alta capacidad patógena) y la cepa Colorado (capacidad patógena media) fueron 1x10^{-7,37} y 1x10^{-5,87}, DICC₅₀ y 1,86x10⁸ y 2,02x10⁷ UFP, respectivamente. Se encontró una diferencia importante en el fenotipo de placa entre los aislamientos del Valle del Cauca, y éstas fueron más pequeñas (<1 mm) Vs. los demás aislamientos y las cepas de referencia (1-2 mm). **Conclusiones.** Algunas cepas tienen comportamiento de cepas de alta capacidad patógena (Córdoba y Medellín), mientras que otras (Valle del Cauca) parecen estar naturalmente atenuadas o ser cepas de baja capacidad patógena. Estas cepas serán útiles para desarrollar vacunas con cepas nativas.

MP-43 Análisis descriptivo de los casos de influenza AH1N1 en una clínica universitaria de Bogotá

Patricia Reyes, Diana Constanza Bermúdez, Jorge Cortés
Clínica Universitaria Colombia, Bogotá, D.C.
jirafavelozmed@yahoo.com

Objetivo. Describir las características demográficas, clínicas y epidemiológicas de los pacientes con casos confirmados para el virus de influenza AH1N1, en una clínica de tercer nivel de Bogotá. **Materiales y métodos.** Se revisó la base de datos de los pacientes con infección respiratoria aguda que consultaron en el periodo comprendido entre el 27 de abril de 2009 y el 31 de enero de 2010. Se seleccionaron los casos con hisopado faríngeo positivo para virus AH1N1 por rRT-PCR. Las variables cualitativas se presentan en proporciones y las cuantitativas en promedios. **Resultados.** De 2.594 pacientes con criterios para infección respiratoria aguda, se procesaron 1.366 muestras, de las cuales, se recibió reporte en 33% (n=451). En total, 36 (8%) presentaron prueba positiva (rRT-PCR) para influenza AH1N1. De éstos, 66% eran mujeres; la mediana de edad fue de 30,6 años, con rango de un mes a 62 años. La duración promedio de los síntomas fue de 3,4 días, y los más frecuentes fueron: la tos (80%), la fiebre (61%) y el malestar general (30%). El 44% tenía, al menos, un factor de riesgo, y el más común fue ser trabajador de la salud (13,4%). La radiografía de tórax fue anormal en 79% de los casos y se documentó neumonía en 34,5%. Sólo 12,5% de los pacientes requirieron manejo en la unidad de cuidados intensivos. Se presentó un caso de mortalidad. **Conclusiones.** Las características demográficas y los síntomas reportados en esta serie coinciden con lo reportado en la literatura. Es llamativo que la radiografía tórax fue anormal en 79% de los casos, valor muy superior a lo reportado previamente.

MO-10 Genotipos del virus del papiloma humano en la papilomatosis respiratoria recurrente en Colombia

Gloria Sánchez, Gustavo Cuello, Roberto Jaramillo, Katherine Quintero, Adriana O'Byrne, Antonio Reyes, Consuelo Santamaría, Harold Cuello, Ana María Arrunátegui, Nubia Muñoz
Grupo Infección y Cáncer, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia; 2 Centro Médico Imbanaco, Cali, Colombia; 3 Departamento de Patología, Fundación Valle del Lili, Cali, Colombia; 4 Departamentos de Otorrinolaringología y Pediatría, Universidad del Valle, Cali, Colombia; 5 Laboratorio de Patología, Hospital Universitario del Valle, Cali, Colombia; 6 Instituto Nacional de Cancerología, Bogotá Colombia. k_thy01@hotmail.com

Introducción y Objetivos. La papilomatosis respiratoria recurrente es una neoplasia benigna de la laringe asociada a la infección con virus del papiloma humano (VPH). En este estudio se estimó la prevalencia de los genotipos de VPH en los casos de papilomatosis respiratoria recurrente de Cali y Medellín. **Materiales y métodos.** De los laboratorios de patología de Cali y Medellín se recolectaron los bloques de parafina de los casos de papilomatosis respiratoria recurrente diagnosticados entre 1985 y 2009. Se hicieron cinco cortes de cada bloque. El primero y el último se usaron para tinción con hematoxilina eosina y los tres restantes, para disecar la lesión y extraer el ADN. El VPH se determinó mediante la prueba de SPF 10 LiPA y la calidad del ADN, amplificando un segmento de 209 pb de betaglobina. **Resultados.** Se identificaron 358 registros de papilomatosis respiratoria recurrente y se encontraron 140 bloques primarios. Un caso no presentaba ninguna lesión y nueve fueron negativos para betaglobina. La edad media de los 130 casos incluidos fue de 33 años; 46,2% eran mayores de 17 años en el momento del diagnóstico y 60% eran hombres. El 94,6% fueron positivos para VPH. El VPH6 y VPH11 se detectaron en 67,7% y 26,9% de los casos, respectivamente, y en nueve casos (6,9%) se detectó VPH16. En siete casos se detectó VPH 11/6 y VPH 16/6; en tres casos se encontraron simultáneamente VPH 6/52 y VPH 6/54. **Conclusiones.** El VPH6 y el VPH11 se encontraron en 95% de los casos de papilomatosis respiratoria recurrente en Colombia. Una vacuna profiláctica contra estos genotipos tendría un gran impacto en la incidencia de esta enfermedad.

MO-14 Prevalencia de virus del papiloma humano en mujeres que asisten a centros de diagnóstico citológico de Medellín

Mary Luz Uribe, Gloria Inés Sánchez, Armando Baena, Jehidys Estella Montiel, Víctor Alfonso Flórez, Santiago Martínez, Astrid Milena Bedoya, Víctor Andrés Vanegas, Ruth Elena Arboleda

Grupo Infección y Cáncer, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
umaryluz@gmail.com

Introducción y Objetivos. La infección por el virus del papiloma humano (VPH) en mujeres con citología normal varía entre 1,4% y 25,6%. Las diferencias en los programas de tamización y la exposición a diferentes factores de riesgo marcan cambios geográficos en la prevalencia y distribución del VPH, importantes para la implementación de programas de vacunación. **Objetivos.** Estimar la prevalencia del VPH y sus genotipos, e identificar posibles factores relacionados con esta infección en mujeres que asisten a centros de diagnóstico citológico de Medellín. **Materiales y métodos.** Se analizaron 1.110 muestras de raspados cervicales. El ADN viral se detectó por medio de PCR GP5+/GP6+, seguido de hibridación inversa. Se estudió la relación entre la infección por VPH y algunas variables, utilizando modelos de regresión logística y *odds ratio* (OR). **Resultados.** La infección por VPH se encontró en 113 mujeres (10,2%), 93 (8,4%) con genotipos de alto riesgo y 20 (1,8%) de bajo riesgo; los más prevalentes fueron VPH16 (2,3%), VPH18 (1,7%) y VPH56 (1,4%). La infección por VPH se relacionó con tener dos o más parejas sexuales (OR=1,95, IC95% 1,07-3,57) y con tener un resultado de citología anormal (OR=2,76, IC95% 1,05-7,25). **Conclusiones.** La prevalencia general del VPH fue baja con respecto a la reportada en otros estudios, pero la distribución por edad y los genotipos más frecuentes fueron similares. En estas mujeres, tener múltiples parejas sexuales y presentar un resultado anormal en la citología, se encuentran asociados a la infección por VPH.

MO-8 Expresión de TLR 4 y TLR 9 en lesiones preneoplásicas y cáncer de cuello uterino

Astrid Milena Bedoya, César Julián López, Roberto Jaramillo, Armando Baena, Carolina López, Maryluz Uribe, Víctor Flórez, Gloria Inés Sánchez

Grupo Infección y Cáncer, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
astridbedoya@une.net.co

Introducción y Objetivo. El virus del papiloma humano (VPH) interfiere con la expresión de receptores tipo *toll* (TLR) y la expresión baja de estos receptores se ha asociado con la progresión a cáncer. La expresión de TLR9 y TLR5 es importante en la progresión a neoplasia de cuello uterino y, por lo tanto, puede utilizarse como marcador de transformación celular. El objetivo del estudio fue evaluar la expresión de TLR4 y TLR9 en lesiones preneoplásicas y en cáncer de cuello uterino. **Materiales y métodos.** Se obtuvieron 53 bloques de parafina de casos de NIC1, NIC2, NIC3 y cáncer escamocelular. La expresión de TLR4 y TLR9 se evaluó por inmunohistoquímica y la infección por el VPH se determinó con la técnica GP5+/GP6+-RLB. Se realizó la prueba de Fisher para comparar la frecuencia de expresión de TLR en los diferentes estadios de la enfermedad. **Resultados.** Un caso de NIC1 (1/6) fue positivo para VPH16, 10/22 casos de NIC2 para VPH, 3/16 casos de NIC3 para VPH y, en cáncer, 3/7 casos para VPH. La frecuencia de expresión de TLR9 en el estroma fue mayor en NIC1/NIC2, comparado con cáncer ($p=0,0011$). Las mujeres con NIC1/NIC2 expresaron TLR4 en el epitelio; por el contrario, ninguna mujer con cáncer lo expresó

($p=0,0349$). Al realizar los mismos análisis en mujeres seropositivas para VPH, los resultados fueron similares para TLR9 en el estroma pero no fueron significativos ($p=0,4667$). **Conclusiones.** Fue muy baja la frecuencia de mujeres con cáncer de cuello uterino (*in situ* e invasivo) que expresaron TLR9 en el estroma y TLR4 en el epitelio. Se sustenta la necesidad de adelantar estudios posteriores con TLR9 y TLR4 para predecir la progresión hacia cáncer.

MP-11 Virus del papiloma humano en casos de cáncer escamocelular en Antioquia

Arianis Tatiana Ramírez, Katherine Quintero, Mary Luz Uribe, Viviana Escarpeta, Mónica Marcela Gaviria, Armando Baena, Astrid Milena Bedoya, Jorge Castaño, Natalia López, Gloria Inés Sánchez

Grupo de Infección y Cáncer, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
arianis3030@gmail.com

Introducción y Objetivo. El virus del papiloma humano (VPH) es el factor necesario para el desarrollo de cáncer de cuello uterino. De los cánceres invasores del cuello uterino, entre 90% y 95% corresponden a carcinomas de células escamosas. La infección persistente con el VPH16 es la causante de cerca de 50% de los cánceres escamocelulares. El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia de VPH en cáncer escamocelular. **Materiales y métodos.** Se obtuvieron muestras de bloques de parafina y de biopsias de cáncer escamocelular de diferentes centros de diagnóstico en Antioquia. El ADN de los bloques se extrajo por tratamiento con proteínas k y, el de biopsias, utilizando el kit Wizard. La calidad del ADN se evaluó mediante amplificación de un fragmento del gen de betaglobina. Para la genotipificación se utilizó el método PCR-GP5+/GP6+-RLB. **Resultados.** Se recolectaron 278 bloques de parafina y 82 biopsias frescas de cáncer escamocelular y se confirmaron histológicamente. Se excluyeron del análisis 165 casos con bloque de parafina por ser negativos para betaglobina. De los 113 casos en parafina, 42,5% (IC95% 33,8-51,7) fueron positivos para cualquier genotipo de VPH; 32,5% (IC95% 24,6-41,6), para VPH16; 3,5% (IC95% 1,4-8,7), para VPH18, y 6,3% (IC95% 3,1-12,4), para otros genotipos. De los 82 casos con biopsia, 73,2% (IC95% 62,7-81,6) fueron positivos para cualquier genotipo de VPH; 58,5% (IC95% 47,7-68,5), para VPH16; 8,5% (IC95% 4,2-16,5), para VPH18, y 6,2% (IC95% 2,7-13,6), para otros genotipos. **Conclusiones.** Los genotipos de alto riesgo 16 y 18 son los más frecuentes en cáncer escamocelular. El porcentaje de muestras positivas en biopsias fue significativamente mayor que en bloques de parafina ($p<0,001$).

MP-12 Virus del papiloma humano en casos de adenocarcinoma de cuello uterino en Antioquia

Mónica Marcela Gaviria, Arianis Tatiana Ramírez, Katherine Quintero, Víctor Flórez, Viviana Escarpeta, Jorge Castaño, Natalia López, Astrid Milena Bedoya, Armando Baena, Gloria Inés Sánchez

Grupo de Infección y Cáncer, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
mkmqck@gmail.com

Introducción y Objetivo. Entre 10% y 20% de los casos de cáncer de cuello uterino corresponden al adenocarcinoma. Al igual que el cáncer de cuello uterino escamocelular, el adenocarcinoma de cuello uterino se ha encontrado asociado a la infección por el virus del papiloma

humano (VPH). Se ha evidenciado un incremento en la incidencia de adenocarcinoma de cuello uterino en mujeres jóvenes y la distribución de los genotipos del VPH en este tipo de cáncer ha sido poco estudiada. El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia de los genotipos de VPH en mujeres con adenocarcinoma de cuello uterino en Antioquia. **Materiales y métodos.** Se obtuvieron muestras de bloques de parafina y de biopsias de adenocarcinomas de diferentes centros de diagnóstico en Antioquia. El ADN de bloques se extrajo por tratamiento con proteinasa K y, el de biopsias utilizando, el kit Wizard. La calidad del ADN se evaluó mediante amplificación de un fragmento del gen de betaglobina. Para la genotipificación se utilizó el método PCR-GP5+/GP6+-RLB. **Resultados.** Se recolectaron 109 bloques de parafina y 4 biopsias frescas de adenocarcinoma de cuello uterino y se confirmaron histológicamente. Se excluyeron del análisis 52 casos con bloque de parafina por ser negativos para betaglobina. De los 61 casos incluidos para el análisis, 59 (96,7%) (IC95% 88,8-99,1) fueron positivos para cualquier genotipo de VPH; 80,3% (IC95% 68,7-88,4), para VPH16; 14,8% (IC95% 8,0-25,8), para VPH18, y 1,6% (IC95% 0,3-8,7), para otros genotipos. Sólo dos casos presentaron infecciones concomitantes (VPH 16/18). **Conclusiones.** El porcentaje de infección por VPH fue significativamente mayor para el genotipo 16 en comparación con otros genotipos.

MP-5 Identificación de un segmento genético de norovirus humano a partir de muestras de porcinos domésticos

María Fernanda Gutiérrez, Juan Carlos Ulloa Rubiano, Ulloa Rubiano Ruíz, Geimnir Jazmín López
Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C.
geimnir.lopez@javeriana.edu.co

Introducción y Objetivo. Los norovirus humanos (NoV) son la mayor causa en el mundo de gastroenteritis producida por alimentos. Las secuencias humanas se han encontrado en animales y, de esta forma, se ha contribuido a la incidencia de la enfermedad en humanos, aunque esto no sea muy claro. Los norovirus pertenecen al genogrupo II, los cuales muestran relación genética y antigenética con las secuencias aisladas de animales porcinos. Este estudio buscaba determinar la presencia de NoV humanos en las muestras diarreas de cerdos lechones, recolectadas en un pueblo, donde los humanos y los porcinos comparten el mismo espacio. **Materiales y métodos.** Se recolectaron 77 muestras diarreas de niños menores de cinco años y 39 muestras diarreas de lechones de dos meses de nacidos. Para el estudio, se realizó extracción de las muestras por medio del método Trizol Reagent; posteriormente, se les hizo RT-PCR y PCR y, finalmente, se hizo la secuenciación y construcción del árbol filogenético. **Resultados.** De las 77 muestras de niños, seis fueron positivas, y de las 39 muestras de porcino lechón, una muestra fue positiva. **Conclusiones.** Un análisis filogenético determinó la estrecha relación entre el NoV humano y el porcino aislados. El resultado y el análisis del árbol filogenético confirman la presencia de esta clase de NoV en ganado y sugieren que la población porcina puede estar actuando como reservorio, lo que incrementa el riesgo de una transmisión zoonótica. Por ello, se deben tomar acciones con la población humana que convive con porcinos en espacios comunes.

MP-40 Pluviosidad y actividad de los virus del oeste del Nilo y de San Luis en el Caribe colombiano

Jaime de Jesús Álvarez, Marco González, Ader Aleman, Nick Komar, Salim Máttar
Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico, Universidad de Córdoba, Montería, Colombia; CDC, Fort Collins, CO, USA
jalvarezpt@yahoo.com, mattarsalim@hotmail.com

Introducción y Objetivo. Los virus del oeste del Nilo y de San Luis se mantienen en su ciclo enzoótico entre aves y mosquitos. Las infecciones en humanos suelen ser asintomáticas o se caracterizan por enfermedad febril leve y, ocasionalmente, pueden causar encefalitis y meningoencefalitis. El objetivo fue establecer el comportamiento de los virus del oeste del Nilo y de San Luis frente a condiciones pluviométricas en el Caribe colombiano. **Materiales y métodos.** El estudio se realizó en los departamentos de Magdalena, Atlántico, Bolívar, Sucre y Córdoba, entre 2006 y 2007. Se utilizaron 971 équidos, los cuales se muestrearon trimestralmente durante un año. Los sueros se analizaron por ELISA de bloqueo para flavivirus. Los positivos se analizaron con la misma técnica para la detección de anticuerpos específicos para virus del oeste del Nilo y de San Luis, confirmada por PRNT90. Las muestras positivas se correlacionaron con la pluviosidad en los diferentes tiempos de muestreo. **Resultados.** Al inicio del estudio, se encontró una seroprevalencia para virus del oeste del Nilo y de San Luis de 5% y 3%, respectivamente, y de 8% y 4,5% al final, lo que sugiere una seroconversión. El departamento de Bolívar mostró actividad para estos virus durante los cuatro muestreos; la pluviosidad osciló entre 70 y 200 mm en esta área durante el periodo de estudio. En contraste, las otras zonas no evidenciaron actividad y el rango de pluviosidad fue menor o mayor del encontrado en Bolívar. **Conclusiones.** Los resultados sugieren la circulación del virus del oeste del Nilo y de San Luis, probablemente en ciclo enzoótico. Se observó un patrón de circulación similar en los dos virus. Los niveles de pluviosidad relacionados favorecieron las condiciones de reproducción y diseminación del vector.

Trabajo completo

MT-39 El serotipo 2 del virus del dengue se replica de manera más eficiente en células de *Aedes aegypti*: estudio *in vitro* e *in vivo*.

Carolina Quintero-Gil, Marlén Martínez-Gutiérrez, Marta Ospina, Francisco Díaz, Jorge Osorio
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia; Department of Pathobiological Sciences, School of Veterinary Medicine, University of Wisconsin, Madison, USA; Grupo de Inmunovirología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia
carolina_quintero@pecet-colombia.org

Introducción y Objetivo. Durante la última década se han caracterizado cepas filogenéticamente distantes de los serotipos 2 y 3 del virus del dengue (DENV) aisladas en Medellín y, puesto que el alto grado de evolución entre ellas podría significar diferencias en su potencial epidémico, el objetivo de este trabajo fue evaluar la replicación *in vivo* e *in vitro* de dos cepas filogenéticamente distantes de DENV-2 y DENV-3 aisladas en Medellín. **Materiales y métodos.** Se infectaron células C6/36 HT con 2×10^8 copias genómicas/ml de las dos cepas y 96 horas después de la infección se evaluó su capacidad de replicación. Además, se alimentaron artificialmente mosquitos *Aedes aegypti* con 2×10^8 copias genómicas/ml de las dos cepas de cada serotipo en inóculos individuales o mixtos; los controles negativos consistieron en sangre sin virus. En diferentes días después de la alimentación, se cuantificó el genoma viral por RT-qPCR y se detectó antígeno viral por inmunofluorescencia. **Resultados.** No se encontraron diferencias en la capacidad de replicación de cepas del mismo serotipo, pero sí entre cepas de los serotipos en células C6/36HT infectadas. Al evaluar la replicación de estas cepas en *A. aegypti*, se encontraron diferencias significativas entre los serotipos, pero no entre las cepas, siendo mayor tanto la cantidad de antígeno como de genoma viral para DENV-2. En infecciones mixtas también se replicó mejor la cepa de DENV-2. **Conclusión.** Estos resultados son de gran importancia si se considera la epidemiología de la infección por DENV, puesto que se sabe que la frecuencia de infección por DENV-2 es mayor respecto a las demás.

MICOLOGÍA

HO-26 Infecciones del torrente sanguíneo por agentes micóticos en hospitales en Colombia

Jorge A. Cortés, Patricia Reyes, Giancarlo Buitrago, Carlos Gómez, Aura Lucía Leal
Universidad Nacional de Colombia y Hospital Universitario San Ignacio, Bogotá, D.C.
jorgecortes@yahoo.com

Introducción y Objetivos. Las infecciones micóticas han aumentado en pacientes críticamente enfermos con una alta morbilidad y mortalidad. El objetivo fue determinar la frecuencia de presentación y las especies de hongos responsables de las infecciones del torrente sanguíneo en una red de vigilancia de hospitales de tercer nivel en varias ciudades de Colombia, en el periodo entre 2001 y 2007. **Materiales y métodos.** Los datos se obtuvieron a partir de los laboratorios de microbiología de 27 hospitales de cinco ciudades colombianas. Estos datos fueron incorporados en una base creada en Whonet® versión 5.4 de la OMS. Se analizaron los datos de fungemias de acuerdo con la localización (unidad de cuidados intensivos o un servicio diferente) y se describió la tendencia en el tiempo. **Resultados.** En 27 hospitales de la red, las fungemias correspondieron a 4,1% de los hemocultivos positivos y las candidemias representaron 3,7% y 5,2% de todos los aislamientos en los servicios de cuidado intensivo y otros diferentes, respectivamente. Más de 99% fueron levaduras y *Candida albicans* fue el microorganismo más identificado, tanto en la unidad de cuidados intensivos como fuera de ella, con una tendencia a la disminución en los últimos años. En la unidad de cuidados intensivos de adultos y en los otros servicios, el segundo microorganismo más frecuente fue *C. tropicalis*, mientras que, en la unidad de cuidado intensivo pediátrica y la neonatal, fue *C. parapsilopsis*, cuya tendencia global es al incremento. *Cryptococcus neoformans* fue el cuarto organismo micótico más frecuentemente identificado. **Conclusiones.** En Colombia la epidemiología de las infecciones micóticas parece estar cambiando. *C. albicans* es el principal agente causal de fungemias, pero se observa un incremento en las especies diferentes a *C. albicans* y una alta frecuencia de *C. neoformans*.

HO-8 Detección molecular de hongos en tejidos fijados en formalina y embebidos en parafina: comparación de cinco métodos de extracción del ADN fúngico utilizando tres PCR universales

César Orlando Muñoz, Samantha Rudd, Sherif Zaki, Mitesh Patel, Stephen Moser, Mary E. Brandt, Beatriz L. Gómez
Mycotic Diseases Branch and Infectious Diseases Pathology Branch, Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta, GA, USA; Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín, Colombia; Department of Pathology
cmunoz@cib.org.co

Introducción y Objetivos. Dado el aumento en la incidencia de las infecciones fúngicas invasoras, es esencial identificar rápidamente y con precisión los agentes etiológicos en tejidos fijados en formalina y embebidos en parafina. Los métodos descritos son tediosos y logran amplificar ADN en menos del 80%. Es necesario optimizar la detección e identificación moleculares en estas muestras. **Materiales y métodos.** A 81 tejidos fijados en formalina y embebidos en parafina de la colección del CDC con coloraciones de plata metenamina positiva, se les extrajo ADN por cinco métodos comerciales modificados. Se usaron como controles dos genes constitutivos, β -globina y actina. Las muestras positivas se sometieron a tres diferentes PCR universales que amplificaban las regiones ITS 1-2

del rADN fúngico. Se secuenciaron y se analizaron los productos de PCR (GenBank) hasta clasificar la especie del agente etiológico. Se compararon los protocolos de extracción con respecto a costo, tiempo y sensibilidad de las PCR para genes constitutivos y universales. **Resultados.** En los cinco protocolos, la calidad del ADN (PCR constitutivas positivas/muestras extraídas) varió de 60,5% a 91,4%. La eficiencia de las tres PCR universales (PCR universal positiva/número de PCR constitutivas positivas) estuvo entre 57,8% y 93,2%. La región ITS2 fue la más amplificada. **Conclusiones.** De los cinco protocolos, dos mostraron resultados similares; uno de ellos reveló mejor relación costo-efectividad, identificando 74 de 81 tejidos fijados en formalina y embebidos en parafina. Factores como costo, tiempo y sensibilidad permiten seleccionar el método más apropiado según las necesidades de cada laboratorio.

HP-13 Análisis de costo-efectividad de voriconazol Vs. anfotericina b deoxicolato en aspergilosis invasiva pulmonar

Elkin Lemos, Carlos Izquierdo, Heidy A. Cáceres, Jorge Cortés,
Fundación para el Desarrollo y Apoyo en Salud Internacional (FUDASAI), Bogotá, D.C.; LACER CO, Houston, TX, USA; Pfizer Colombia, Bogotá, D.C.; Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C. elkin799@yahoo.com

Introducción y Objetivos. Calcular la costo - efectividad del voriconazol vs anfotericina B deoxicolato como tratamiento de la Aspergilosis Invasiva Pulmonar en pacientes inmunosuprimidos en Colombia. **Materiales y métodos.** Se desarrollo un árbol de decisiones en una cohorte hipotética de pacientes con inmunosupresión de base (posttrasplante de células madre, posttrasplante de órganos sólidos, diabetes, SIDA entre otros). La perspectiva es la del segundo y tercer pagador. Se incluyeron los costos de los medicamentos, la estancia hospitalaria, los eventos adversos secundarios al uso de los medicamentos, las valoraciones médicas y paraclínicos en su seguimiento. El horizonte temporal fue de 12 semanas. El modelo fue desarrollado por un equipo de médicos clínicos Internistas, Infectólogos y Hemato-Oncólogos, con asesoría de especialistas en Economía de la Salud en el año 2009. **Resultados.** La diferencia de efectividad clínica a favor de Voriconazol es de 0.67 AVGÁ's (1.61 vs 0.94 AVGÁ's). Teniendo en cuenta los costos (\$470,785 vs \$54,900 por dosis diaria respectivamente) y los desenlaces de los dos medicamentos; la alternativa de voriconazol es de elección sobre anfotericina B deoxicolato con una Tasa de Costo Efectividad Incremental (ICER) de Col\$10¹⁵17.557 / AVG, por debajo del umbral de disponibilidad a pagar por el sistema de salud Colombiano de \$16.400.00 pesos colombianos / AVG. Los resultados fueron robustos en el modelo excepto cuando el costo diario del voriconazol en vía oral es superior a \$251.000 pesos colombianos. **Conclusiones.** Voriconazol constituye una alternativa costo-efectiva frente a anfotericina B para el tratamiento empírico y de primera línea de la Aspergilosis Invasiva Pulmonar en Colombia.

HO-1 Métodos diagnósticos en candidemia: una revisión sistemática de la literatura con metanálisis

Jorge A. Cortés, Alejandro Concha, Luis Eduardo Cediell, Juan Sebastián Castillo
Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.

Introducción. La candidemia es una condición con alta morbilidad y mortalidad, especialmente en los sometidos a servicios de cuidado crítico. El diagnóstico precoz permite realizar un tratamiento temprano. **Objetivo.** Realizar una revisión sistemática de la literatura para establecer cuáles son las pruebas de laboratorio con mejor rendimiento diagnóstico y operativo para el diagnóstico de candidemia

en la unidad de cuidado intensivo. **Materiales y métodos.** Se hizo una revisión sistemática de la literatura disponible en PubMed y el meta-análisis de estudios de pruebas serológicas en MetaDisc-Beta 1.1.1. **Resultados.** Se incluyeron cuatro estudios de 1.286 revisados, tres de pruebas serológicas y uno de PCR-RT. La sensibilidad y la especificidad fueron de 87% y 100% para PCR-RT, de 47,5% y 82,6% para pruebas de anticuerpos, y de 96% y 81% para pruebas de antígeno y anticuerpo. La ORD de antigenemia fue 1,51 (IC95%=0,032-70,964; $p=0,001$). **Conclusiones.** La PCR-RT tiene mejor rendimiento diagnóstico, la medición de antigenemia más anticuerpos mejora sensibilidad, especificidad, *likelihood ratio* positivo y negativo. No hay suficiente evidencia que soporte esto.

HP-19 Frecuencia y factores predictores de mortalidad asociados a candidemia en pacientes con cáncer (1999-2009)

Ricardo Sánchez, Pilar Rivas, Sonia Isabel Cuervo, Jorge Alberto Cortés
Instituto Nacional de Cancerología y Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C. pilyrivasp@yahoo.com

Objetivo. Determinar incidencia, frecuencia de resistencia antifúngica y factores de riesgo de mortalidad, asociados a la presencia de candidemia en pacientes oncológicos. **Materiales y métodos.** Es un estudio de cohorte retrospectiva, identificando las variables que mejor predicen la mortalidad, mediante análisis de riesgos proporcionales de Cox, en 164 especies de *Candida* aisladas de hemocultivos, durante el periodo de 1999 a 2009. **Resultados.** La tasa de mortalidad fue 2,4/100 personas/día, y la proporción de mortalidad global fue de 52,4%. Las frecuencias de aislamiento fueron: *C. tropicalis* (42%), *C. albicans* (38%), *C. parasilopsis* (8%), *C. krusei* (4%), y *Candida* spp. (8%). *C. tropicalis* y *C. albicans* presentaron sensibilidad disminuida al itraconazol (72,47% y 56,45%), fluconazol (17,39% y 11,29%), voriconazol (4,84% y 13,04%) y anfotericina B (1,45% y 1,54%), respectivamente. No se encontró asociación entre mortalidad y la especie aislada ($p=0,250$). Los factores de riesgo de mortalidad asociada a candidemia fueron: tumor hematológico (HR=2,328, IC95% 1,449-3,740), SRIS (HR=3,275, IC95% 1,769-6,061); como factores protectores se encontraron: remoción del catéter intravenoso (HR=0,538, IC95% 0,025-0,313), infección micótica previa (HR=0,514, IC95% 0,305-0,864), tratamiento antimicótico dirigido (HR=0,382, IC95% 0,220-0,664), recuperación de neutrófilos (HR=0,117, IC95% 0,420-0,327) y aislamiento de especies *albicans* o *tropicalis* (HR=0,185, IC95% 0,040-0,843). Al estratificar el análisis por especie, los factores que incrementaron el riesgo por *C. albicans* y *C. tropicalis* fueron: tumor hematológico, sensibilidad disminuida a azoles, cambio de antimicótico, esteroides, SRIS y diseminación fúngica. Los que lo disminuyeron fueron: tratamiento dirigido, recuperación de neutrófilos y remoción del catéter intravenoso. **Conclusiones.** La etiología y la frecuencia de resistencia antifúngica encontradas fueron mayores a las reportadas mundialmente, con factores predictores de mortalidad muy similares, a excepción de aquéllos asociados a la especie.

HP-20 Tendencia en la frecuencia y susceptibilidad *in vitro* a agentes antimicóticos de aislamientos de *Candida* spp. a partir de hemocultivos en pacientes con cáncer (1999-2009)

Pilar Rivas, Sonia Isabel Cuervo, Ricardo Sánchez
Instituto Nacional de Cancerología y Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.
pilyrivasp@yahoo.com

Introducción y Objetivo. Este estudio enfatiza la importancia de la evaluación mediante pruebas de susceptibilidad antimicótica y de la

aparición de cepas levaduriformes resistentes a los diferentes antimicóticos, que permitan un diagnóstico certero y una elección adecuada de la terapia antifúngica. **Materiales y métodos.** Se determinó la actividad antimicótica *in vitro* a fluconazol, itraconazol, anfotericina B, voriconazol y caspofungina, de 164 aislamientos micóticos obtenidos a partir de hemocultivos, entre los años 1999 y 2009. Se utilizó el método comercial E-test. **Resultados.** Las frecuencias de aislamiento fueron: *Candida tropicalis* (42%), *C. albicans* (38%), *C. parasilopsis* (8%), *C. krusei* (4%) y *Candida* spp. (8%). El perfil de resistencia global fue de 37,80% para itraconazol, de 11,59% para fluconazol y de 3,66% para voriconazol, y hubo una menor sensibilidad, de 1,83%, para anfotericina B. En general, el antifúngico más activo fue la anfotericina B (MG 0,033 µg/ml), seguido de caspofungina (MG 0,075 µg/ml), voriconazol (MG 0,087 µg/ml) y fluconazol (MG 3,088 µg/ml); el menos activo fue itraconazol, con un perfil sensible dependiente de la dosis (MG 0,537 µg/ml). En la relación específica para la especie, *C. tropicalis* y *C. albicans* presentaron los espectros de sensibilidad disminuida más altos frente a itraconazol (72,47% y 56,45%), fluconazol (17,39% y 11,29%), voriconazol (13,04% y 4,84%) y anfotericina B (1,54% y 1,45%), respectivamente. *Candida* spp. presentó sensibilidad disminuida a la caspofungina (15,38%). **Conclusiones.** Los resultados revelan la emergencia de la resistencia antifúngica asociada al agente etiológico y la disminución en la actividad farmacológica de los antifúngicos ensayados, además del cambio en el papel predominante de *C. albicans* como agente causal de candidemia.

HP-23 Utilidad clínica de la detección del antígeno de manano para diagnóstico de candidiasis invasiva en pacientes oncológicos

Edna Margarita Marín, Tatiana Rincón, Pilar Rivas, Sonia Isabel Cuervo, Ricardo Sánchez, Gerson Arias
Instituto Nacional de Cancerología, Universidad Nacional de Colombia y Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C.
pilyrivasp@yahoo.com

Introducción y Objetivo. Determinar el valor de la detección del antígeno de manano para el diagnóstico precoz de la candidiasis invasiva en pacientes oncológicos. **Materiales y métodos.** Es un estudio de tipo prospectivo de pruebas diagnósticas, donde se realizó la prueba de detección cuantitativa de antígeno de manano contra *Candida* por un método inmunoenzimático, durante el periodo de enero a junio de 2009, en un total de 227 pacientes. Los títulos serológicos se determinaron como negativo, menor de 0,25 ng/ml, y como positivo, mayor de 0,5 ng/ml. **Resultados.** Al evaluar las características operativas de la técnica, se encontró: sensibilidad de 62% (IC95% 3,19-65,1); especificidad de 98,6% (IC95% 96,1-99,7); valor diagnóstico positivo de 40% (IC95% 5,27-85,3), y valor diagnóstico negativo de 97,3% (IC95% 65,1-94,2); estas características mejoraron al considerar el tipo de *Candida* aislada. Se aislaron nueve especies de *Candida* a partir de sangre; seis de estos pacientes presentaron títulos serológicos positivos, que antecedieron al aislamiento micótico y mostraron una relación directa con el agente etiológico y la enfermedad oncológica de base. Los factores de riesgo asociados a los títulos serológicos y la presencia de candidemia, fueron: estancia en unidad de cuidados intensivos (OR=6,31, IC95% 1,494-26,639), SRIS (OR=6,84, IC95% 1,574-29,752), choque séptico (OR=5,656, IC95% 1,192-26,818) y antecedentes de cirugía (OR=3,322, IC95% 1,069-10,321). No se encontró una relación con el tratamiento antimicótico administrado y la tasa de mortalidad. **Conclusiones.** La detección del antígeno de manano contra *Candida* puede ser una herramienta útil en pacientes oncológicos y, junto con los signos y síntomas clínicos, las imágenes diagnósticas, los cultivos microbiológicos y la enfermedad de base del paciente, pueden esclarecer el diagnóstico de la candidiasis invasiva.

HP-2 Análisis del perfil proteico de aislamientos clínicos de *Candida guilliermondii* sensibles y resistentes al fluconazol

Ana María García, Salvador Gómez, Sandra García, Catalina De Bedout, Ángela María Tabares
Unidad de Biología Celular e Inmunogenética, Corporación para Investigaciones Biológicas y Facultad de Medicina, Universidad Pontificia Bolivariana, Medellín, Antioquia
salva273@yahoo.com

Introducción y Objetivo. El objetivo del presente estudio fue identificar posibles cambios en el perfil proteico de dos aislamientos de *Candida guilliermondii*, uno sensible y otro resistente al fluconazol, en un esfuerzo por identificar proteínas que estuvieran expresadas diferencialmente en relación con la resistencia a este derivado azólico.

Materiales y métodos. Se aislaron fracciones de extractos proteicos solubles y de membrana del aislamiento resistente (CIM \geq 64) y del otro sensible (CIM \leq 8), analizándolos por SDS-PAGE. Se visualizaron las bandas proteicas expresadas diferencialmente con tinciones de azul de Coomassie y plata, digitalizadas y analizadas mediante el software VisionWorks®LS Image Acquisition and Analysis Software.

Resultados. Se identificaron cuatro bandas proteicas con diferencias en su expresión. En el extracto soluble se encontraron tres proteínas con pesos moleculares de 16 kDa, correspondiente a YNK1p (nucleósido difosfato cinasa), 45 kDa sin identificación aun en otros microorganismos y 37 kDa correspondiente a HEM13p (coproporfirinógeno III oxidasa) y a ADH1p (alcohol deshidrogenasa). En el extracto de membrana se encontró solo una banda de 25 kDa correspondiente a HSP31p (cisteín-proteasa). **Conclusiones.** Éste es el primer estudio en el cual se identifican proteínas en *C. guilliermondii*, posiblemente asociadas a la resistencia al fluconazol. Se identificaron cuatro bandas expresadas diferencialmente en la cepa resistente, de las cuales una, la de 45 kDa, podría ser específica de esta especie y que no ha sido descrita previamente en otros estudios proteómicos realizados en este género. Sin embargo, es necesario continuar el análisis del perfil proteico de esta especie con nuevos estudios y técnicas de proteómicas más avanzadas y específicas.

HO-15 Criptococosis en Colombia: resultados de la encuesta nacional, 2006-2009

Patricia Escandón, Catalina de Bedout, Jairo Lizarazo, Ángela Tobón, Solmara Bello, Clara Inés Agudelo, Ángela Restrepo, Elizabeth Castañeda, Grupo Colombiano de Estudio de la Criptococosis
Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C.; Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín, Antioquia; Hospital Erasmo Meoz, Cúcuta, Norte de Santander
pescandon@ins.gov.co

Introducción y Objetivos. A partir de 1997, se ha realizado una encuesta nacional sobre la criptococosis bajo la coordinación del Instituto Nacional de Salud y de la Corporación de Investigaciones Biológicas. El objetivo de este estudio es analizar los datos obtenidos de la vigilancia en el período 2006-2009. **Materiales y métodos.** Análisis retrospectivo de las encuestas recibidas en ese período. **Resultados.** Se recibieron 425 encuestas de 22 departamentos. El 74,5% de los pacientes eran hombres y el 76,2% tenían entre 21 y 50 años. El sida fue el factor de riesgo en 83,5% y la criptococosis definió el sida en 26,2% de los pacientes. En estos pacientes, la relación entre hombre y mujer fue de 3,7:1. Se informó otra inmunosupresión en 8,2%; de éstas, la enfermedad autoinmunitaria constituyó el 45,7%. Las formas clínicas fueron neurocriptococosis (96,4%), pulmonar (9,3%), cutánea y colección pélvica (0,4%) y úlceras orofaríngeas y próstata (0,2%). Las

manifestaciones clínicas más frecuentes fueron: cefalea (74,6%), fiebre (53,6%), náuseas y vómito (45,6%), y confusión (39,5%). Las imágenes diagnósticas revelaron anormalidad en 48,7% de las 238 informadas. El tratamiento con anfotericina B más un azol fue suministrado a 90,8% de los pacientes. El examen directo fue positivo en 98,4% de 384 casos y *Cryptococcus* spp. fue recuperado en 89,2% de 407: 96,7% *C. neoformans* var. *grubii*, 1,1% *C. neoformans* var. *neoformans* y 2,2% *C. gattii* serotipo B. **Conclusiones.** La vigilancia pasiva por esta encuesta señala que la criptococosis continúa siendo un marcador centinela para la infección por el VIH en nuestro país.

HP-17 Tipificación molecular de aislamientos del complejo *Cryptococcus neoformans/Cryptococcus gattii* incluidos en el programa nacional de vigilancia

Patricia Escandón, Wieland Meyer, Elizabeth Castañeda
Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C., Colombia, y Universidad de Sydney, Australia
pescandon@ins.gov.co

Introducción y Objetivo. La tipificación molecular de los aislamientos del complejo *Cryptococcus neoformans/Cryptococcus gattii* constituye una importante herramienta para la vigilancia de este patógeno oportunista. Se han establecido ocho tipos moleculares: VNI-VNII (*C. neoformans*, serotipo A), VNIV (serotipo D), VNIII (híbrido AD) y VGI-IV (*C. gattii*). El objetivo fue determinar el patrón molecular de aislamientos del complejo, con el fin de continuar con la vigilancia de los genotipos circulantes en Colombia. **Materiales y métodos.** Se realizó la tipificación molecular de aislamientos clínicos recuperados en el 2007 y 2009, mediante PCR huella digital con el iniciador (GTG)5. Los aislamientos se recibieron en el Instituto Nacional de Salud con la encuesta nacional sobre la criptococosis. **Resultados.** Se estudiaron 45 aislamientos del 2007, 43 *C. neoformans* var. *grubii* serotipo A y dos *C. gattii*; el patrón molecular VNI se estableció en todos los aislamientos del serotipo A y, los patrones VGI y VGII, en los aislamientos de *C. gattii*. El 33,3% de los aislamientos provenían de Antioquia y 28,9% del Valle. De los 49 aislamientos estudiados del 2009, 48 eran *C. neoformans* var. *grubii* y uno era *C. gattii*; se determinaron los patrones VNI (95,9%), VNII (2,05%) y VGI (2,05%). El 38,8% eran de Bogotá y el 30,6% eran del Valle. El patrón molecular VNI sigue predominando en los aislamientos colombianos del complejo. **Conclusiones.** Realizar la vigilancia molecular de este patógeno constituye una herramienta epidemiológica de gran valor, debido a la importancia de esta micosis en nuestro medio, como ha sido demostrado en la encuesta nacional.

HP-16 Criptococosis meningea en el Hospital Universitario Erasmo Meoz de Cúcuta, 1995-2006

Jairo Lizarazo, Carmen Yepes, Iván Velandia, Óscar Chaves, Jenny Peña, Elizabeth Castañeda
Hospital Universitario Erasmo Meoz, Cúcuta, e Instituto Nacional de Salud, Bogotá D.C.
jflizar@gmail.com

Introducción y Objetivo. La incidencia de la criptococosis ha aumentado en Colombia debido a la epidemia de sida. El objetivo fue determinar las características de los casos de criptococosis meningea atendidos en el Hospital Erasmo Meoz. **Materiales y métodos.** Se hizo un análisis retrospectivo de historias clínicas de los pacientes diagnosticados en el período 1995-2006. **Resultados.** Se confirmaron 53 casos, el promedio de edad fue de 33 años con predominio del sexo masculino. El sida fue el factor de riesgo en 73,6% de los casos, 20,5% estaba recibiendo terapia antirretroviral, 79,2% tenía más de 100 células CD4+/ml y en 74,4% la criptococosis definió el sida. Las manifestaciones clínicas fueron: cefalea (88,7%), vómi-

to (64,1%), fiebre (58,5%), alteración de la conciencia (56,6%), hipertensión intracraneana sin hidrocefalia y signos meníngeos (50%). El líquido cefalorraquídeo demostró aumento de las células (promedio 50/ml), con predominio linfocítico (86%), hipoglucorraquia (82,3%) e hiperproteorraquia (66%). La positividad del examen directo fue de 82%, látex para *Cryptococcus*, 97,1% y cultivo, 97,6%: 87,8% *C. neoformans* var. *grubii* y 12,2% *C. gattii*. Los pacientes recibieron tratamiento secuencial con anfotericina B y fluconazol. En seis pacientes se requirió tratamiento quirúrgico. La mortalidad hospitalaria y las secuelas neurológicas fueron de 34%. La supervivencia a los tres meses fue de 56,5% (45,7% en pacientes con sida Vs. 91% en negativos para VIH). **Conclusiones.** La criptococosis es un marcador centinela de la infección por el VIH. Su presentación meníngea es muy grave, con altas cifras de mortalidad y de secuelas neurológicas en los pacientes con sida. En Cúcuta es alta la prevalencia de *C. gattii*.

HO-7 Histoplasmosis: resultados de la encuesta nacional 1992-2008

Myrtha Arango, Elizabeth Castañeda, Catalina de Bedout, Carlos Agudelo, Clara Inés Agudelo, Ángela Tobón, Yorlady Valencia, Melva Linares, Luz Elena Cano, Ángela Restrepo. *Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia; Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín, Antioquia; Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C.; Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia.* myrthaarango@yahoo.com

Introducción y Objetivos. La histoplasmosis, entidad endémica prevalente en las Américas, presenta amplio espectro clínico, desde la infección subclínica a la forma diseminada grave. Afecta por igual a inmunocompetentes e inmunosuprimidos, pero la infección por VIH es el factor principal de riesgo y la enfermedad de sida. En Colombia, la histoplasmosis no es de notificación obligatoria. Para subsanar esta carencia, los grupos de micología del Instituto Nacional de Salud y de la Corporación de Investigaciones Biológicas elaboraron en 1996 una encuesta que ha sido difundida ampliamente en hospitales y laboratorios nacionales. **Materiales y métodos.** La encuesta recogió aspectos demográficos, factores de riesgo, métodos diagnósticos, hallazgos clínicos y radiológicos, y tratamiento. Los datos se almacenaron en Excel® y se procesaron con SPSS® 16.0 y EPIDAT 3.1. **Resultados.** Entre 1992 y 2008 se recibieron 434 encuestas provenientes de 19 departamentos; Antioquia informó el 59% de los casos. La mayoría (96,1%) correspondieron a adultos con edad promedio de 38,4 años y las restantes (4,1%), a menores de 15 años. Predominaron los hombres (76,5%). En 383 casos se consignaron datos indicativos del principal factor de riesgo en adultos, la inmunosupresión, en relación directa con el sida (73%). Para el diagnóstico, se emplearon varios métodos, con resultados confirmatorios por cultivo (94,7%), inmunodifusión (75%), fijación de complemento (50%) y patología en 206 casos. En 76,5% se informaron anomalías en las radiografías. Los hallazgos predominantes fueron fiebre, síntomas constitucionales, adenopatías, hepato-esplenomegalia y anemia. Los antimicóticos más empleados fueron anfotericina B e itraconazol. **Conclusiones.** La encuesta mencionada está permitiendo la valoración del impacto de la histoplasmosis en Colombia.

HO-3 *Paracoccidioides brasiliensis*: perfiles de expresión por PCR en tiempo real de algunos de sus genes durante la transición morfológica

Orville Hernández, Diana P. Tamayo, Isaura P. Torres, Ángela Restrepo, Juan G. McEwen, Ana María García *Unidad de Biología Celular y Molecular, Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín, Antioquia* agarcia@cib.org.co

Introducción y Objetivos. La paracoccidioidomicosis es una enfermedad sistémica causada por el hongo dimórfico térmico *Paracoccidioides brasiliensis*. A 37°C y en el huésped *P. brasiliensis*, se encuentra en forma de levadura, mientras que, a menos de 26°C, se desarrolla como un moho productor de conidias, consideradas las partículas infecciosas. Este dimorfismo es un componente adaptativo fundamental para la supervivencia del hongo en su huésped, donde se desarrolla el ciclo parasítico, así como en el ambiente, donde se presentan el ciclo saprofito y la producción de las propágulas infectantes. En este trabajo se comparó la cinética de la expresión de varios genes involucrados en diversas funciones celulares, identificados previamente en la transición. Esta evaluación se realizó durante los procesos de transición y de germinación, abarcando los diferentes estadios morfológicos del hongo, micelio, levadura y conidia. **Materiales y métodos.** Se realizaron ensayos de evaluación de la cinética de la transición de *P. brasiliensis* de conidia-levadura y micelio-levadura (1 a 72 horas a 37°C) y de la germinación conidia-micelio y levadura-micelio (1 a 96 horas a 18°C). La evaluación de la expresión de cinco genes se realizó por RT-qPCR, determinando la importancia en los cambios de expresión por Anova. **Resultados.** Se encontraron diferencias significativas en la expresión de los genes *Prr1* y *HSP90* durante la transición conidia-levadura y micelio-levadura, así como de *GDH* y *DMT* durante la germinación conidia-micelio y levadura-micelio, respectivamente. Además, el gen *PTR* presentó expresión diferencial durante la transición micelio-levadura y la germinación micelio-levadura, comparada con estos dos procesos realizados por la conidia. **Conclusiones.** Se evidenciaron diferencias en la cinética de la expresión de los genes evaluados, tanto en los procesos de germinación como en los de transición, así como en los diferentes estadios morfológicos del hongo. Ello sugiere que los mecanismos moleculares utilizados por *P. brasiliensis* para lograr el dimorfismo son controlados de manera diferencial, dependiendo del momento de su ciclo de vida.

HP-4 Estandarización de una técnica de silenciamiento del gen que codifica para la proteína antigénica de 27 kDa (P27) de *Paracoccidioides brasiliensis*

I. Torres, O. Hernández, A. M. García, D. Tamayo, A. Restrepo, J. G. McEwen *Unidad de Biología Celular y Molecular, Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín, Colombia; Instituto de Biología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia; Escuela de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia; Unidad de Micología Médica y Experimental, Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín, Colombia*

Durante el silenciamiento de genes por ARN antisentido (ARNas) se producen secuencias que anillan a la cadena complementaria de ARNm, bloqueando su transducción o causando degradación rápida de éste. El emplear silenciamiento posterior a la transcripción de un gen, permite responder preguntas con respecto a la función de aquellos genes que se van a silenciar. Para conocer más sobre la función de P27, se diseñaron constructos de ARN antisentido basados en el gene de P27. Las secuencias antisentido fueron insertadas en pCR35 bajo el control del promotor del gen *CBP* de *Histoplasma capsulatum*. El plásmido pUR5750 se usó como vector binario para la inserción del constructo antisentido, transferido a levaduras de la cepa Pb339 de *Paracoccidioides brasiliensis*, mediante el sistema de transformación mediado por *Agrobacterium tumefaciens*, eligiendo los clones mutantes con higromicina como marcador de selección. A partir de estos clones y de la cepa silvestre, se sintetizó cADN a partir del ARN total extraído. Se midió la expresión de P27 por PCR en tiempo real con el kit SYBR green de BioRad, usando la expresión de la tubulina como gen de referencia. Los "transformantes" seleccionados mostraron

valores de silenciamiento entre 52%, 59% y 62% comparados con el tipo silvestre, y su morfología macroscópica y microscópica no se vio alterada. La implementación de la tecnología de silenciamiento para el estudio de las principales proteínas antigénicas de *P. brasiliensis*, constituye un paso interesante en la investigación de sus funciones e implicación como factores de virulencia candidatos involucrados en la patogénesis de este hongo.

HP-24 *Paracoccidioidoma* medular

Carlos Alberto Betancur, Carlos Ruiz
Universidad CES, Clínica SOMA, Medellín, Antioquia
cbetancurmed@gmail.com

Presentación de caso. Se trata de un paciente de 51 años, con tres meses de evolución de paraparesia hasta la incapacidad para la marcha 45 días después, asociadas a dificultad para la micción y pérdida de peso. Tenía antecedente siete años antes de úlcera en una planta, donde se aisló *Paracoccidioides brasiliensis*. **Materiales y métodos.** En el corte sagital T2 de la resonancia magnética, se encontraron dos lesiones intramedulares a la altura del cono medular a nivel T12-L1, que ensanchan la médula y, en el corte axial T2, lesiones hipointensas intramedulares concón características de granulomas que desplazaban la médula espinal. Se sometió a cirugía y se resecaron las lesiones que tenían aspecto de granulomas, como se muestra en la foto intraoperatoria. El estudio histopatológico con coloración de plata metenamina mostró las blastoconidias en gemación típicas de *P. brasiliensis*. **Resultados.** El compromiso del sistema nervioso por *P. brasiliensis* se ha encontrado en 9,65% a 25,45% de los casos. Las lesiones granulomatosas son frecuentes (96%) y múltiples. En el estudio tomográfico, las lesiones son hipodensas (53%) e irregulares (76%), y muestran un realce del contraste en forma anular (94%). Se observa edema perilesional en 82% de los casos. La presentación clínica en forma de pseudotumor es frecuente y, por ello, se puede confundir con lesiones neoplásicas primarias o metastásicas. El compromiso del cordón medular representa sólo el 0,6% de los casos de infección sistémica y el 4% del compromiso de sistema nervioso. Las lesiones intramedulares pueden requerir tratamiento quirúrgico temprano para descomprimir, asociado a la terapia antifúngica.

HP-5 Interacción entre conidias de *Paracoccidioides brasiliensis* y el sistema de coagulación: papel de las proteínas de matriz extracelular

Diana Patricia Tamayo, Orville Hernández, César Muñoz, Luz Elena Cano, Ángel Augusto González
Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín, Antioquia
dianapto3@hotmail.com

Introducción y Objetivos. El proceso de adhesión de las conidias de *Paracoccidioides brasiliensis* a los tejidos del huésped constituye un paso crítico para el establecimiento de la infección y el desarrollo de la paracoccidioidomicosis. Estudios previos realizados por nuestro grupo, mostraron que las conidias de *P. brasiliensis* interactúan con algunas proteínas de matriz extracelular y otras moléculas presentes en el tejido del huésped, incluidos algunos componentes del sistema de coagulación. El objetivo de este trabajo fue determinar la capacidad de agregación *in vitro* entre las conidias de *P. brasiliensis*, con proteínas de matriz extracelular y diferentes moléculas relacionadas con el sistema de la coagulación (anticoagulantes, monosacáridos, suero, plasma humano y otros compuestos). **Materiales y métodos.** En este estudio se determinaron los porcentajes de agregación de las conidias, después de ser incubadas con diversos compuestos, como anticoagulantes, proteínas de matriz extracelular, monosacáridos, suero y plasma humano, PBS y otros compuestos. **Resultados.** Componentes

como las proteínas de matriz extracelular, monosacáridos y plasma humano, indujeron significativamente el proceso de agregación de las conidias de *P. brasiliensis*; por el contrario, otros compuestos, como inhibidores metabólicos y de proteínas, anticoagulantes y anticuerpos dirigidos contra la pared celular de *P. brasiliensis*, disminuyeron este proceso. La vía extrínseca de la coagulación no se vio afectada por la interacción de las conidias con las proteínas del plasma; por el contrario, la vía intrínseca se observó notablemente afectada. **Conclusiones.** Estos resultados indican que las conidias de *P. brasiliensis*, además de interactuar con las proteínas de matriz extracelular, interactúan con proteínas involucradas en el sistema de la coagulación. Este proceso podría ser de importancia en el desarrollo y en el proceso de diseminación del hongo.

HP-32 Expresión diferencial del gen *p27* en las fases micelial y de levadura de *Paracoccidioides brasiliensis*

Sandra Milena García, Ana María García, Silvia Restrepo
Universidad de los Andes, Bogotá, D.C.
sand-gar@uniandes.edu.co

Introducción y Objetivos. *Paracoccidioides brasiliensis* es un hongo dimorfo causante de la paracoccidioidomicosis, una micosis sistémica de gran importancia en Latinoamérica, que afecta principalmente a hombres adultos. Los estudios filogenéticos recientes han demostrado que esta entidad es un complejo de especies crípticas aisladas genéticamente, con capacidad de inducir la enfermedad en humanos y animales, aunque con algunas diferencias en su grado de virulencia. Previamente, se describió una proteína antigénica producida por este hongo, codificada en el gen *p27*, con uso potencial para el diagnóstico de la enfermedad por la alta especificidad y sensibilidad que confiere. Sin embargo, la función de este gen se desconoce hasta el momento y se considera un factor de virulencia putativo. **Materiales y métodos.** En este estudio se evaluó, mediante la técnica de PCR en tiempo real, la expresión de este gen durante las fases micelial y de levadura en diferentes aislamientos de las especies crípticas de *P. brasiliensis* (S1, PS2, PS3, *P. lutzi*). **Resultados.** Se encontró una expresión diferencial de este gen a nivel transcripcional entre los aislamientos evaluados, tanto en micelio como en levadura. De gran interés, la expresión de este gen fue mayor en la fase de levadura. **Conclusiones.** Estos resultados, junto con el estudio en curso de su expresión a nivel proteico, aportan nuevos elementos en la caracterización de esta proteína y en el discernimiento de su papel como factor de virulencia.

HO-11 Genotipificación de *Pneumocystis jirovecii* en secreciones respiratorias de pacientes inmunocomprometidos con neumonía

Yudy Alexandra Aguilar, Carlos Enrique Muskus, Zulma Vanessa Rueda, Lázaro Agustín Vélez
Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
yudyagui@yahoo.com

Introducción y Objetivos. En ausencia de sistemas de cultivo *in vitro*, los métodos de genotipificación basados en PCR son la principal herramienta para el estudio de la historia natural de *Pneumocystis jirovecii*. **Objetivo.** Describir los genotipos de *P. jirovecii* en pacientes inmunocomprometidos con neumonía, mediante la búsqueda de polimorfismos de un nucleótido único en los genes *mtLSU rRNA* y *DHPS*. **Materiales y métodos.** Se procesaron 15 lavados broncoalveolares y 13 lavados orofaríngeos de pacientes con diagnóstico confirmado de neumonía por *P. jirovecii*. Se determinaron los polimorfismos de un nucleótido único en el gen *mtLSU rRNA* al comparar las secuencias obtenidas de los productos amplificados de una PCR anidada. Para identificar los polimorfismos de un nucleótido único en la posición 620 y 628 del

gen *DHPS*, los productos de una PCR-*touchdown* fueron digeridos con las enzimas Hae III y AccI, respectivamente. **Resultados.** Se encontraron polimorfismos de un único nucleótido en la posición 85 y 248 del gen *mtLSU rRNA*, pero no en la posición 81. Los genotipos 2 (A/C) y 1 (C/C) fueron los más frecuentes en el lavado broncoalveolar (4/11) y los orofaríngeos (5/13), respectivamente. De ocho pacientes con genotipificación disponible en ambas muestras, seis tenían el mismo genotipo en el lavado broncoalveolar y el orofaríngeo. El genotipo silvestre para *DHPS* se observó en 11/12 lavados broncoalveolares. Sólo se encontró un paciente con un genotipo mutante de este gen haciendo parte de una infección mixta (genotipo 5). **Conclusiones.** Los genotipos identificados, algunos de los cuales parecen evidenciar infección mixta, son similares a los reportados en otros países. Éste es el primer reporte de genotipificación de *P. jirovecii* en Colombia.

HO-9 Comparación de las técnicas de inmunofluorescencia directa y Azul-O de toluidina en muestras de lavado broncoalveolar y lavado orofaríngeo para el diagnóstico de neumonía por *Pneumocystis jirovecii*

Jennifer Medarda Rodiño, Nataly Johanna Rincón, Yudy Alexandra Aguilar, Zulma Vanessa Rueda, Mariana Herrera, Lázaro Agustín Vélez
Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
jmedarom_12@yahoo.es

Introducción y Objetivos. El diagnóstico de neumonía por *Pneumocystis jirovecii* se fundamenta en la visualización de *P. jirovecii* por medio de distintas técnicas en secreciones respiratorias, especialmente lavado broncoalveolar y esputo inducido. Recientemente, también se ha detectado el hongo en muestras de lavado orofaríngeo, pero sólo utilizando pruebas moleculares. **Objetivo.** Fue comparar el rendimiento de la coloración Azul-O de toluidina y la inmunofluorescencia directa (IFD) en el lavado broncoalveolar y el lavado orofaríngeo para diagnosticar *P. jirovecii* en pacientes inmunocomprometidos con neumonía. **Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio transversal en el que se estudiaron 167 pacientes con inmunosupresión y sospecha de neumonía por *P. jirovecii*. De cada uno se obtuvo una muestra protocolizada de lavado broncoalveolar y de lavado orofaríngeo. Se prepararon las placas de ambas muestras por citocentrifugación y se colorearon con Azul-O de toluidina e IFD. Se determinaron la proporción de resultados positivos de cada coloración y la concordancia entre ambas. **Resultados.** Se detectaron 24 (14,4%) casos de *P. jirovecii* en el lavado broncoalveolar de los pacientes estudiados, 21 de los cuales fueron positivos por ambas pruebas, mientras que en tres casos sólo se detectaron por IFD. Ninguna de las 167 muestras de lavado orofaríngeo fue positiva por cualquiera de estas dos técnicas. Al comparar las proporciones de positividad, no se encontraron diferencias significativas ($p=0,63$). La concordancia (coeficiente kappa) entre ellas fue 0,92 (IC95%: 0,84-1). **Conclusiones.** A pesar de que la IFD detectó tres casos más de *P. jirovecii* que el Azul-O de toluidina en el lavado broncoalveolar ambas pruebas son igualmente útiles para el diagnóstico de neumonía por *P. jirovecii*. El lavado orofaríngeo no es una muestra apropiada para el diagnóstico microscópico de *P. jirovecii*.

HP-10 Estandarización de una PCR en tiempo real para la cuantificación de *Pneumocystis jirovecii* en lavado broncoalveolar y lavado orofaríngeo de pacientes inmunocomprometidos con neumonía: resultados preliminares

Yudy Alexandra Aguilar, Carlos Enrique Muskus, Zulma Vanessa Rueda, Mariana Herrera, Lázaro Agustín Vélez
Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
yudyagu@yahoo.com

Introducción y Objetivos. El diagnóstico de *Pneumocystis jirovecii* recae en la microscopía de secreciones respiratorias, especialmente de muestras tomadas con métodos invasivos, como el lavado broncoalveolar. Las pruebas moleculares son más sensibles, pero su interpretación puede ser compleja. La qPCR cuantifica la carga del microorganismo y establece puntos de corte para diferenciar entre enfermedad y colonización. **Objetivo.** Fue estandarizar una qPCR para la detección y cuantificación de *P. jirovecii* en lavado broncoalveolar y orofaríngeo de pacientes inmunocomprometidos. **Materiales y métodos.** Se diseñó y estandarizó una qPCR, utilizando el estuche SYBR-GREEN (Qiagen®), la cual amplifica un fragmento de 102 pb del gen *mtLSU rRNA*. Se emplearon el lavado broncoalveolar y el orofaríngeo de 10 pacientes positivos por microscopía y 4 pacientes negativos, y se comparó ésta con los resultados obtenidos por qPCR y por una PCR anidada que amplifica el mismo gen. **Resultados.** Se logró amplificar el fragmento esperado (rango de detección: 3×10^3 a 3×10^8 copias/ul). En el lavado broncoalveolar, la qPCR fue positiva en 9/10 pacientes positivos por microscopía y 2/4 negativos. La PCR anidada fue positiva en todos los lavados broncoalveolares, excepto en uno, también negativo por microscopía y qPCR. En el lavado orofaríngeo, la microscopía fue negativa en todos los pacientes, la qPCR fue positiva en 2/14 y la PCR anidada en 12/14. Debido al bajo número de pruebas procesadas, no se evaluó la validez de las técnicas empleadas. **Conclusiones.** La qPCR diseñada permite la detección de *P. jirovecii* en muestras respiratorias, pero su sensibilidad es menor que la de la PCR anidada. Es necesario optimizar las condiciones operativas de la qPCR, para mejorar su capacidad de detección.

HP-6 Evaluación de la actividad antifúngica *in vitro* de nuevas 2-arilquinolinas

Vladimir Kouznetsov, Maximiliano Sortino, Carlos Mario Meléndez, Susana Zacchino
Laboratorio de Química Orgánica y Biomolecular, Escuela de Química, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Santander. kouznet@uis.edu.co

Introducción y Objetivos. En los últimos años, se observó un incremento de la frecuencia de infecciones fúngicas en individuos inmunocomprometidos, las cuales producen una alta morbimortalidad. Muchos de los fármacos disponibles actualmente (anfotericina B, ketoconazol, además de triazoles y de alilaminas) son tóxicos, con efecto fungistático, más no fungicida, y producen recidiva o llevan al rápido desarrollo de resistencia. Esto revela la urgente necesidad de desarrollar una nueva generación de agentes antifúngicos más potentes y seguros. Hay que estudiar una nueva serie de compuestos quinolínicos 2-aril sustituidos, evaluando sus actividades antifúngicas. **Materiales y métodos.** Todos los 18 compuestos preparados se evaluaron con el método de microdilución en caldo, siguiendo los lineamientos del *Clinical and Laboratory Standards Institute* (CLSI) frente a un panel de hongos oportunistas y patógenos para el humano, incluyendo levaduras, *Aspergillus* spp. y dermatofitos. **Resultados.** Se determinaron para cada uno, la concentración inhibitoria mínima (CIM) y la concentración fungicida mínima (CFM), así como los porcentajes de inhibición a las distintas concentraciones de cada compuesto contra hongos estandarizados y también aislados clínicos. **Conclusiones.** Varias 2-arilquinolinas de la serie mostraron actividades promisorias (CIM y CFM menos de 20 µg/ml) y pueden ser moléculas líderes en el desarrollo de fármacos antifúngicos.

HO-27 Actividad antimicótica y citotóxica de quinonas sintéticas derivados simples y heterofusionados de 1,4-naftoquinonas y 1,4-antraquinonas

Verónica Tangarife, Bibiana Zapata, Liliana Betancur, José María Miguel del Corral, María Ángeles Castro, Ana María Gamito, Arturo San Feliciano, Ana Cecilia Mesa

Grupo de Investigación Dermatológica, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia; Departamento de Química Farmacéutica, Facultad de Farmacia, Universidad de Salamanca, España
verotanga@gmail.com

Introducción y Objetivos. Las quinonas son moléculas que se encuentran en diferentes organismos, incluyendo las plantas. En moléculas de esta naturaleza se han identificado diferentes actividades biológicas, incluso, existen en el mercado medicamentos antitumorales y antiparasitarios derivados de ellas. La actividad de naftoquinonas y antraquinonas ha sido de interés en la búsqueda de nuevos antimicóticos. En este trabajo se evaluó la citotoxicidad y la actividad frente a los hongos *Trichophyton mentagrophytes*, *T. rubrum* y *Fusarium oxysporum* de 36 quinonas sintéticas derivados de 1,4-antraquinona y 1,4-naftoquinona. **Materiales y métodos.** La actividad antimicótica se evaluó mediante la determinación de la concentración mínima inhibitoria (CMI) con la técnica estándar M38-A. Se evaluaron cinco concentraciones de las quinonas (rango 2 a 32 µg/ml). Cada cepa se evaluó por duplicado, en tres días diferentes. La actividad citotóxica se evaluó sobre la línea celular Vero por la técnica colorimétrica MTT. **Resultados.** Once moléculas fueron activas contra los dermatofitos en un rango de 1,26 a 32 µg/ml, de los cuales tres no fueron citotóxicas sobre células Vero. Con el hongo *F. oxysporum* fueron activas cuatro, a concentraciones de 16 µg/ml y 32 µg/ml, pero fueron citotóxicas en células Vero. **Conclusiones.** Se encontraron tres moléculas, no citotóxicas, con actividad importante sobre los dermatofitos. Estos resultados pueden ser la base para posteriores estudios *in vitro*, incluyendo aislamientos clínicos y líneas celulares primarias, en primera instancia, con miras al desarrollo de un producto para el tratamiento de infecciones en piel y anexas por estos hongos.

HO-28 Evaluación de la actividad antimicótica y citotóxica *in vitro* de moléculas derivadas de labdano y combretastatinas

Verónica Tangarife, Bibiana Zapata, Liliana Betancur, Miguel Ángel González, Ana Cecilia Mesa
Grupo de Investigación Dermatológica, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia; Departamento de Química Orgánica, Universidad de Valencia, Burjassot, Valencia, España
verotanga@gmail.com

Introducción y Objetivos. Los dermatofitos y *Candida* spp. son los agentes más comunes en infecciones de piel y anexas. *Fusarium oxysporum* es de gran importancia como causa de infecciones localizadas y sistémicas y por su baja sensibilidad a los antimicóticos. Los tratamientos para estos hongos son limitados, lo que motiva la búsqueda de nuevos antimicóticos. Se evaluó la actividad de 10 moléculas derivadas de labdano y combretastatina, con las cepas *Candida parapsilosis*, *C. krusei*, *C. albicans*, *C. tropicalis*, *Trichophyton mentagrophytes*, *T. rubrum* y *Fusarium oxysporum*. **Materiales y métodos.** La actividad antimicótica se evaluó mediante las técnicas EUCAST para *Candida* spp. y M38-A para hongos filamentosos. Las moléculas se evaluaron a concentraciones entre 0,2 y 50 µg/ml, por duplicado en tres días diferentes. La actividad citotóxica se evaluó sobre la línea celular Vero por la técnica MTT. **Resultados.** Se encontró actividad sobre los dermatofitos en la combretastatina A4, los híbridos combretastatina-furano y combretastatina-piridina y tres derivados de labdano en un rango de 0,62 a 50 µg/ml. El labdadienedial presentó actividad con *F. oxysporum* a 19,84 µg/ml, con *C. parapsilosis* y *C. krusei* a 6,25 µg/ml, y con *C. albicans* y *C. tropicalis* a 12,5 µg/ml. La combretastatina A4, el híbrido de combretastatina-piridina y dos de los derivados de Labdano activos no fueron citotóxicos. **Conclusiones.** Se encontró actividad importante en dos moléculas derivadas de labdano y un híbrido de

combretastatina sobre las cepas de los dos dermatofitos más importantes como causa de infección en piel y anexas. Las moléculas no fueron citotóxicas.

HP-21 Epidemiología, sensibilidad antifúngica y factores de riesgo de mortalidad por fungemia no candida en pacientes con cáncer (1999-2009)

Sonia Isabel Cuervo, Pilar Rivas, Ricardo Sánchez, Jorge Alberto Cortés
Instituto Nacional de Cancerología y Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C. pilyrivasp@yahoo.com

Introducción y Objetivo. De un total de 206 casos de fungemias en pacientes con cáncer, en el periodo 1999-2009, 42 fueron por especies no *Candida*. Se caracterizaron el agente etiológico, la extensión de la resistencia antifúngica y los factores de riesgo de mortalidad. **Materiales y métodos.** Se hizo un estudio de cohorte retrospectiva, en el que se analizaron la frecuencia de mortalidad y los factores relacionados, mediante el cálculo de las tasas de incidencia y el análisis de los riesgos proporcionales de Cox. **Resultados.** La tasa de mortalidad fue de 4.018/100 personas/día, con una mortalidad global de 59,523%. La especie más frecuente fue *Cryptococcus neoformans* (33%), seguida de *Fusarium solani* (19%), *Aspergillus* sp. (14%), *Trichosporum beigeli* (10%), *Rhodotorula rubra* (10%) y otras levaduras (14%). En general, presentaron una sensibilidad disminuida: itraconazol (73,81%) y fluconazol (50%). La actividad farmacológica más alta fue para anfotericina B (MG 0,119 µg/ml) y voriconazol (MG 0,156 µg/ml). En relación con la especie, anfotericina B (MG 0,024 µg/ml) presentó la mejor actividad farmacológica frente a *C. neoformans*. En el estudio de los predictores de mortalidad: La presencia de SIRS (HR=4,438 IC95% 1,111-17,727), la neutropenia febril (HR=11,142, IC95% 2,50-23,04), el aislamiento de *Cryptococcus* (HR=8,713, IC95% 2,733-27,775) y la diseminación fúngica (HR=3,865, IC95% 1,024-14,580), se establecieron como factores de riesgo. Como factores protectores, se hallaron: la remoción del catéter intravenoso (HR=0,020, IC95% 0,002-0,198) y el tratamiento antimicótico dirigido (HR=0,133 IC95% 0,030-0,577). **Conclusiones.** La frecuencia de fungemia no *Candida* fue mayor a la reportada en la literatura, con espectros de actividad antifúngica diferentes y factores de riesgo de mortalidad similares a los reportados en pacientes con cáncer.

HP-22 Tendencia en la frecuencia y susceptibilidad *in vitro* a agentes antifúngicos de aislamientos de hongos diferentes a *Candida* spp. a partir de hemocultivos en pacientes con cáncer (1999-2009)

Pilar Rivas, Sonia Isabel Cuervo, Ricardo Sánchez
Instituto Nacional de Cancerología y Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.
pilyrivasp@yahoo.com

Introducción y Objetivo. Este estudio enfatiza la importancia de la evaluación mediante pruebas de sensibilidad, de la disminución en la actividad farmacológica de los diferentes antimicóticos frente a especies fúngicas diferentes a *Candida*, aisladas de sangre en pacientes oncológicos. **Materiales y métodos.** Se determinó la actividad *in vitro* de fluconazol, itraconazol, anfotericina B, voriconazol y caspofungina, de 42 aislamientos obtenidos a partir de hemocultivos, entre los años 1999 y 2009. Se utilizó el método comercial E-test. **Resultados.** Las frecuencias de aislamiento fueron: *Cryptococcus neoformans* (33%), *Fusarium* spp. (19%), *Aspergillus* sp. (14%), *Trichosporum beigeli* (10%), *Rhodotorula rubra* (10%) y otras levaduras (14%). En general, se observó disminución de la sensibilidad a itraconazol (73,81%), fluconazol (50%), caspofungina (23,81%), voriconazol (19,05%) y anfotericina B (14,29%). El antifúngico

más activo fue la anfotericina B (MG 0,119 µg/ml), seguido de voriconazol (MG 0,156 µg/ml). El menos activo fue itraconazol (MG 1.020 µg/ml). Con relación especie-específica, los aislamientos levaduriformes *T. beigelii* y *C. neoformans* presentaron los espectros de sensibilidad disminuida más altos frente a itraconazol (92,3% y 42,86%), fluconazol (30,76% y 14,26%), voriconazol (23,08% y 7,14%) y caspofungina (23,08% y 7,14%), respectivamente. De los aislamientos miceliales, *Fusarium* sp., en conjunto, presentó los espectros de sensibilidad disminuida más altos para fluconazol (100%), itraconazol (87,50%), caspofungina (62,50%), voriconazol (24%) y anfotericina B (37,50%). **Conclusiones.** La frecuencia de fungemia no *Candida* fue mayor a la reportada en la literatura, con espectros de actividad antifúngica diferentes, aun cuando la relevancia clínica de estas fungemias en el paciente con cáncer es todavía incierta.

HP-14 Análisis de costo-efectividad de los tratamientos antimicóticos disponibles en Colombia para la candidiasis invasiva

Francisco Molina, Jorge Cortés, Heidy A. Cáceres, Rodolfo Soto, Elkin Lemos
Universidad Pontificia Bolivariana, Universidad Nacional,
Pfizer Colombia (apoyo), Bogotá, D.C.
heidy.caceres@pfizer.com

Introducción y Objetivos. Evaluar la costo-efectividad del tratamiento de pacientes no neutropénicos con alta sospecha o candidiasis invasiva confirmada, hospitalizados en la unidad de cuidados intensivos, comparando anfotericina B, anidulafungina y caspofungina, en Colombia. **Materiales y métodos.** Se diseñó un árbol de decisiones con una cohorte hipotética de pacientes adultos con candidiasis invasiva confirmada por hemocultivo, por aislamiento de *Candida* o por ambos, en cualquier fluido estéril o con alta sospecha de la misma en pacientes críticamente enfermos en la unidad de cuidados intensivos, no neutropénicos, que requieren tratamiento con Zantimicótico, utilizando un horizonte temporal de 14 semanas. La perspectiva utilizada fue la del tercer pagador. La información de efectividad clínica y probabilidades en nodos fue obtenida de un metanálisis mediante revisión sistemática. Los costos evaluados correspondieron a costo del medicamento antifúngico, hospitalización y costos asociados a efectos secundarios y al valor medio facturado en cinco instituciones de salud de Colombia. **Resultados.** Con respecto a costos, el costo promedio por paciente fue menor para anfotericina (Col\$262.582) mientras la estrategia más costosa fue caspofungina (Col\$887.548); en términos de efectividad, anidulafungina mostró ser superior con 13,7 AVG por paciente, superando a la anfotericina y la caspofungina (12,1 AVG y 11,66 AVG, respectivamente). Anidulafungina demostró ser costo-ahorrativa Vs. caspofungina y costo-efectiva frente a anfotericina (ICE2R: Col\$400.000/AVG). Los análisis de sensibilidad univariados confirmaron la robustez del modelo. **Conclusiones.** La anidulafungina constituye un tratamiento costo-efectivo, comparado con caspofungina y anfotericina B, para el tratamiento de candidiasis invasiva en pacientes críticamente enfermos hospitalizados en unidades de cuidados intensivos, en Colombia.

Trabajo completo

HT-29 Silenciamiento de genes de *Paracoccidioides brasiliensis*: mecanismos de virulencia y funcionalidad

Orville Hernández, Ana María García, Ángel Augusto González, Diana Patricia Tamayo, Agostinho Almeida, Ángela Restrepo, Juan Guillermo McEwen
Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín, Antioquia
orvillehr@hotmail.com

Introducción. *Paracoccidioides brasiliensis* es el agente causal de la paracoccidioidomicosis, una de las micosis sistémicas más importantes en Colombia. Cuando el microorganismo ingresa al huésped, sufre cambios en la expresión genética en respuesta a los procesos de adherencia y estrés oxidativo al que está sometido, eventos esenciales para el desarrollo y patogénesis de la enfermedad. **Objetivo.** Evaluar la respuesta al estrés oxidativo y la adherencia del hongo a células del huésped. Metodología. Usando la tecnología antisentido se produjeron cepas con expresión disminuida para los genes oxidasa alternativa (*Aox*) e Hidrolasa (*Hyd*). La expresión genética fue evaluada por qPCR y optimizada con el método 2^{ΔΔCT}. **Resultados.** Se obtuvieron cepas mutantes con expresión disminuida de *Aox* e *Hyd*. Se observó disminución en la viabilidad y actividad metabólica de las levaduras PbAox-aRNA. Además, la línea celular de macrófagos MH-S mostró gran actividad fungicida contra levaduras PbAox-aRNA comparada con la cepa silvestre. Se observó alteración morfológica en la gemación de las células PbHyd-aRNA con disminución en la adherencia a las células A549 y su virulencia *in vivo*. **Conclusiones.** Estos resultados demuestran que los defectos en la respuesta al estrés oxidativo y en la adherencia de *P. brasiliensis* están relacionados con la virulencia. Nuestros datos proporcionan una caracterización de los cambios morfofisiológicos en las levaduras del hongo que presentan disminución en la expresión de *Aox* e *Hyd*. Los estudios funcionales de estos genes podrían apuntar al desarrollo de nuevas aproximaciones terapéuticas y futuros protocolos de vacunación para el tratamiento y el manejo de la paracoccidioidomicosis.

MICOBACTERIAS

IP-18 Evaluación del programa de control de la tuberculosis en una zona de alta incidencia

Adriana María García, Liliana Vélez, Nelson Enrique Arenas, Sandra Milena Coronado, Jorge Enrique Gómez-Marín, Magda Beatriz López, César Augusto Beltrán, Sylvia María Acosta, Liliana Quintero
Secretaría de Salud de Armenia, Laboratorio Departamental de Salud Pública, Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío

Introducción y Objetivo. La tuberculosis constituye una enfermedad infectocontagiosa que no respeta edad, sexo, etnia ni estrato en el contexto geopolítico de Colombia. El objetivo de este estudio fue evaluar los indicadores del programa de control de la tuberculosis en Armenia. **Materiales y métodos.** Se analizaron retrospectivamente los informes trimestrales de casos y actividades, informes de cohortes y bases de datos de pacientes notificados al programa de control de la tuberculosis de Armenia. Se analizaron el número y los datos sociodemográficos de los enfermos notificados entre el 2004 y el 2009. **Resultados.** La tasa de tuberculosis se ha mantenido por encima de los 50 casos por 100.000 habitantes. Dicha cifra duplica lo reportado para la nación y ratifica la clasificación del municipio como zona de alta incidencia. Armenia ha logrado un porcentaje de detección de tuberculosis que oscila entre el 88% y el 100% para el período descrito, con predominio de las formas pulmonares (77%) sobre las extrapulmonares (33%). La población económicamente activa ha sido la más afectada (25 a 54 años), con tendencia al aumento en pacientes de la tercera edad y una razón hombre-mujer de 2:1. De acuerdo con los informes de cohortes, para el 2008, el porcentaje de curación fue de 69%, el de recaídas de 5%, el de fallecidos de 12% y el de abandonos de 10%. **Conclusiones.** La evaluación del programa ha permitido observar un comportamiento epidemiológicamente constante en los últimos años y, aunque Armenia cumple en la detección de tubercu-

losis, en la curación hasta ahora no se ha logrado alcanzar la meta operativa nacional (85%). Los pacientes tuberculosos con menor cumplimiento del tratamiento, por lo general, presentan condiciones asociadas como: inmunocompromiso, indigencia, farmacodependencia o ambas.

IO-19 Estudio de una cohorte de tuberculosis infantil en el municipio de Armenia: experiencia de 9 años

Nelson Enrique Arenas, Adriana María García, Sandra Milena Coronado, Jorge Enrique Gómez-Marín, César Augusto Beltrán, Sylvia María Acosta, Liliana Quintero
Secretaría de Salud de Armenia y Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío

Introducción y Objetivo. La tuberculosis infantil representa una grave emergencia en salud pública, debido a que el brote de estos casos pone en evidencia la existencia de focos del bacilo tuberculoso entre la población adulta, no controlados oportunamente. El objetivo de este estudio fue establecer las características sociodemográficas en la población infantil con diagnóstico de tuberculosis. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio retrospectivo en el cual se incluyeron pacientes menores de 15 años con diagnóstico de tuberculosis que habían sido notificados al programa de tuberculosis en el municipio de Armenia y que iniciaron el esquema de tratamiento acortado estrictamente supervisado (TAES), entre el 2000 y el 2009. **Resultados.** Se notificaron 62 casos de tuberculosis. El mayor número de casos ocurrió en el 2009, seguido del 2008 y el 2006 (12 casos, 8 casos y 7 casos, respectivamente), con una elevada tasa de incidencia (16,6 casos por 100.000 habitantes). Las formas pulmonares tuvieron la mayor proporción (74%), de las cuales, 37% fueron positivas a la baciloscopia. El nexo epidemiológico se configuró en 21% de los enfermos. A la salida del programa, 8% de los pacientes finalizó con criterio de curado, 16% de terminado, 1% lo abandonó, 6% falleció y en 64% de los casos no se supo el resultado del tratamiento. **Conclusiones.** La tuberculosis representa en Armenia una causa importante de morbilidad y mortalidad infantiles. Las dificultades diagnósticas junto con la carencia de datos sobre los resultados del tratamiento y la existencia de cadenas de transmisión entre adultos infecciosos y niños, constituyen las mayores barreras para estimar la verdadera carga de la tuberculosis pediátrica.

IO-9 Tuberculosis resistente en el municipio de Armenia, 2006-2009

Sandra Milena Coronado, Jorge Enrique Gómez, Nelson Enrique Arenas, Liliana Quintero, Adriana García
Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Secretaría de Salud del Municipio de Armenia, Programa de tuberculosis-VIH, Hospital Universitario San Juan de Dios, Armenia, Quindío

Introducción. En Armenia la notificación de tuberculosis es superior a la tasa nacional y la vigilancia de la resistencia es esencial para conocer la magnitud y sus tendencias, formular directrices de tratamiento y vigilar el efecto de las intervenciones. **Objetivo.** Analizar los factores sociodemográficos y clínicos de los pacientes con diagnóstico de tuberculosis resistente en el municipio de Armenia durante el periodo 2006-2009. **Métodos.** Se realizó un estudio retrospectivo descriptivo a partir de los datos registrados en las fichas de notificación y en las tarjetas individuales de tratamiento. **Resultados.** Entre el 2006 y el 2009 entraron al programa de control de la tuberculosis 544 pacientes; 12 casos (2,2%) presentaron algún tipo de resistencia, 8 casos (66,6%) fueron resistentes a múltiples medicamentos (*multidrug resistant tuberculosis*, MDR-TB). La edad promedio fue de 41 años. De los casos de resistencia múltiple 6 (75%) fallecieron, dos sin presentar antecedentes de tratamiento previo, un caso resultó resistente a todos los antituberculosos de primera línea y a dos a los de segunda línea. Se observaron cambios en el perfil de resistencia de dos casos durante

el tratamiento lo que representó un mayor deterioro de los pacientes. **Conclusiones.** Se observó como factor asociado a la aparición de resistencia los abandonos por el bajo cumplimiento de los pacientes al tratamiento y la administración de éste sin conocimiento del perfil de resistencia de los fracasos. Dado que los casos resistentes fueron de tipo pulmonar con baciloscopia positiva, el programa de control de Armenia realiza búsqueda activa de los contactos para vigilar la reaparición de casos resistentes a múltiples medicamentos.

IO-12 Presencia de micobacterias no tuberculosas en los sistemas de distribución de agua potable y análisis de su actividad hemolítica

John Alejandro Acosta Sandra Milena Coronado, Nelson Enrique Arenas, Clara Juliana Durango, Arley Gómez*
Centro de Investigaciones Biomédicas, Armenia, Quindío
*Actualmente, Universidad del Rosario, Bogotá, D.C

Introducción y Objetivos. Las micobacterias no tuberculosas pueden sobrevivir en los sistemas de distribución de agua potable, por lo que representan un riesgo potencial para la salud, especialmente en individuos inmunocomprometidos. Los objetivos de este trabajo fueron determinar la presencia de micobacterias no tuberculosas en los sistemas de distribución de agua potable y estudiar su posible actividad citológica. **Materiales y métodos.** Se tomaron 100 muestras de agua de dos sistemas de distribución de agua potable de Armenia. Las muestras se concentraron por centrifugación y se cultivaron en medio de Löwenstein-Jensen. Cuando se observó crecimiento, se realizó la identificación bioquímica y se confirmó genotípicamente por PRA. Las pruebas de actividad hemolítica se realizaron utilizando sangre de caballo, oveja y humano. Las bacterias se cultivaron en condiciones de microaerofilia. **Resultados.** Se observó crecimiento con tinción positiva de Ziehl-Neelsen a partir de 16 muestras. Se aislaron 12 micobacterias no tuberculosas: nueve *Mycobacterium gordonae*, dos *M. scrofulaceum* y un *M. chelonae*. La actividad hemolítica en *M. chelonae* se observó en todos los tipos de sangre evaluados. Aunque *M. gordonae* tipo 8 exhibió actividad hemolítica, ésta se restringió a la sangre de oveja. **Conclusiones.** La presencia de micobacterias no tuberculosas potencialmente patógenas en sistemas de distribución de agua potable, sugiere un mayor riesgo de contraer micobacteriosis, especialmente por *M. chelonae*. La acentuada actividad hemolítica de *M. chelonae* podría sugerir la presencia de factores de virulencia implicados en la actividad citolítica de este bacilo en las células de mamíferos. En cuanto a la hemólisis observada en *M. gordonae*, se hace necesario realizar estudios confirmatorios de estos hallazgos puesto que en esta especie no se ha reportado dicha actividad.

IP-24 Diferenciación de especies de micobacterias por espectroscopia infrarroja transformada de Fourier

Jorge Andrés Cuéllar, Sandra Milena Coronado, Roberto Carlos Arrubla
Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío

Introducción y Objetivos. El objetivo de este estudio fue diferenciar fenotípicamente 10 especies de micobacterias por espectroscopia infrarroja transformada de Fourier (FT-IR). **Materiales y métodos.** La FT-IR se empleó para diferenciar 10 especies de micobacterias, de las cuales *Mycobacterium intracellulare* y *M. fortuitum* fueron ATCC y *M. flavescens*, *M. smegmatis*, *M. chelonae*, *M. gordonae*, *M. triviale*, *M. vaccae*, *M. terrae* y *M. nonchromogenicum*, fueron de referencia IP. Como control de diferenciación de género, se usaron las bacterias Gram positivas: *Staphylococcus aureus*, *S. viridans* y *S. pyogenes*; y las Gram negativas: *Klebsiella pneumoniae* y *Escherichia coli* ATCC. Se utilizó triplicado bacteriano en la prueba de KBr y ATR de cada una de las especies; se usó uno al azar en cada prueba. El seleccionado se

analizó según el método de Silverstein y Pavia y, además, se realizó una biblioteca espectral con el ATR. **Resultados.** La sensibilidad de detección fue de 100% al trabajar con KBr, en comparación con el método molecular y convencional, que reportan una sensibilidad de detección de 100% y una variación de 87,7% a 90,3%, respectivamente. En cuanto al nivel de diferenciación, éste fue de 100% en tres de las cuatro muestras problema, usadas. Estas muestras se identificaron como *M. godonae*, *M. vaccae* y *E. coli*. Para la última muestra problema se obtuvo un porcentaje de identificación de 86,20% en la prueba de ATR y de 86,22% en la primera derivada de ATR y se identificó como *S. aureus*. Según los reportes, el método molecular y el convencional tienen un nivel de diferenciación de 91,5% a 96,7%. **Conclusiones.** La FT-IR es un método rápido, eficiente y de bajo costo para la identificación bacteriana.

IO-20 Caracterización estructural de una proteasa romboidal de *Mycobacterium tuberculosis*

Nelson Enrique Arenas, Edgar Antonio Reyes, Luz Mary Salazar
Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío, y Departamento de Química, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.,

Introducción y Objetivo. Para *Mycobacterium tuberculosis* y otras micobacterias patógenas, es requisito la entrada a la célula huésped para iniciar la infección. En dicho proceso se desconoce el rol de las proteasas. El objetivo de este estudio fue predecir y caracterizar la estructura de una proteasa romboidal de *M. tuberculosis*. **Materiales y métodos.** Se identificó una proteína integral de membrana con función desconocida que fue modelada en el servidor *Swiss model* empleando como molde una proteasa romboidal de la membrana de *Escherichia coli* (PDB 2IC8). Posteriormente, se identificaron las regiones funcionales por medio de análisis con los servidores *Profunc*, *Smart*, *Conseq* y *String*. La visualización se obtuvo en el programa *Chimera*. **Resultados.** La proteína identificada pertenece a la familia de las proteasas de serina asociadas a la membrana. Se caracterizó por la presencia de seis hélices transmembrana y una diáda compuesta por serina-144 e histidina-190 que podrían efectuar la actividad catalítica inmersa en un ambiente altamente hidrofóbico. Se identificó el motivo 86-HYGAMHLLN-95 localizado en la hélice transmembrana 3 que podría formar parte del hueco del oxianión. También se identificó la ubicación del motivo RW que está en el asa 5 y el motivo 145-GAVFG-149 que se encuentra universalmente conservado en proteasas romboidales y se ubica hacia el interior de la hélice 6. **Conclusiones.** Ésta es la primera caracterización de una proteasa romboidal en el género *Mycobacterium* y podría servir como base para la exploración de nuevas aplicaciones farmacológicas de gran efectividad en el tratamiento de la tuberculosis. Finalmente, este grupo de proteínas podrían estar implicadas en procesos de invasión y evasión de la respuesta inmunitaria por *M. tuberculosis*.

IO-14 Diversidad genética de *Mycobacterium tuberculosis* en pacientes positivos y negativos para VIH de Medellín

Verónica Jhajaira Gómez, José Mauricio Hernández, Elsa María Zapata, Gloria Isabel Mejía, Jaime Alberto Robledo
Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín, Antioquia

Introducción y Objetivo. La tuberculosis es una causa importante de morbilidad y mortalidad en el mundo. El virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) ha tenido impacto epidemiológico y clínico en la tuberculosis. Para el estudio de la epidemiología y la filogenia de la tuberculosis se han utilizado métodos de genotipificación molecular. El objetivo de este estudio fue analizar las asociaciones entre las familias de *Mycobacterium tuberculosis* aisladas de pacientes con tuberculosis y el VIH. **Materiales y métodos.** Se analizaron 642 aislamientos por

RFLP-IS6110 y *spoligotyping*, de los cuales, 50 fueron de pacientes positivos para VIH. Se realizaron análisis de similitud (BioNumerics, versión 5.1) y se calculó el *odds ratio* (OR) para definir la presencia y el tipo de asociación. **Resultados.** Por medio de RFLP-IS6110 se encontraron agrupados 417 aislamientos (65%), 394 pacientes (67%) negativos para VIH y 23 positivos para VIH (46%). Las familias con mayor prevalencia fueron Haarlem (42%) y LAM (38%). No se demostró asociación entre la familia Haarlem y la LAM con la condición de ser VIH ($p=0,759$ y $p=0,768$, respectivamente). Se demostró asociación entre tener un aislamiento con genotipo agrupado y la condición de VIH negativo ($p=0,003$, $OR=0,428$, $IC95\% 0,239-0,765$) y se demostró asociación entre tener un genotipo único y la condición de ser positivo para VIH ($p=2,335$, $OR=2,335$, $IC95\% 1,305-4,178$). **Conclusiones.** No se confirmó asociación entre las familias de *M. tuberculosis* y la condición de ser positivo para VIH. Los datos muestran una asociación significativa entre tener un patrón único y el estado de VIH. Esto sugiere una tuberculosis por reactivación y no la transmisión reciente como origen de la enfermedad en esta población.

IO-16 Detección de mutaciones en los genes *gyrA* y *rrs* de *Mycobacterium tuberculosis* resistente a múltiples medicamentos y su relación con la resistencia fenotípica a aminoglucósidos y fluoroquinolonas en aislamientos de Medellín

Nataly Álvarez, Elsa María Zapata, Gloria Isabel Mejía, Teresa Realpe, Jaime Alberto Robledo
Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín, Antioquia

Introducción y Objetivos. Las fluoroquinolonas y aminoglucósidos son base del tratamiento de tuberculosis resistente a múltiples medicamentos. El blanco de las fluoroquinolonas es la ADN girasa codificada por genes *gyrA* y *gyrB* y para aminoglucósidos es el rARN 16S codificado por el gen *rrs*. Las mutaciones en estos genes son el principal mecanismo de resistencia. La detección molecular de resistencia a estos medicamentos puede ser una herramienta para instaurar un tratamiento oportuno de la tuberculosis resistente a múltiples medicamentos. Los objetivos de este estudio fueron evaluar la sensibilidad de *M. tuberculosis* resistente a múltiples medicamentos, a fluoroquinolonas y aminoglucósidos y buscar las mutaciones responsables de la resistencia. **Materiales y métodos.** Se evaluaron aislamientos resistentes a múltiples medicamentos para fluoroquinolonas y aminoglucósidos por el método de proporciones múltiples. La búsqueda de mutaciones se realizó por amplificación de los genes *gyrA* y *rrs* por PCR y secuenciación. **Resultados.** De los 31 aislamientos evaluados para sensibilidad a las fluoroquinolonas, cuatro fueron resistentes (13%) y en dos de ellos se demostró mutación en el gen *gyrA*. Se encontraron polimorfismos no asociados a resistencia en los codones 21 (100%) y 95 (97%) de *gyrA* en los aislamientos evaluados. Se detectó resistencia en tres (15%) de los 20 aislamientos evaluados para sensibilidad a aminoglucósidos. Todos presentaron mutación en la posición 1401 del gen *rrs*. No se encontraron mutaciones en los aislamientos sensibles. **Conclusiones.** Los resultados obtenidos muestran una estrecha correlación entre la resistencia fenotípica a fluoroquinolonas y aminoglucósidos, y la presencia de mutaciones en los genes *gyrA* y *rrs*. Otras mutaciones no reportadas previamente en *gyrA* u otros mecanismos de resistencia podrían explicar la resistencia fenotípica a fluoroquinolonas sin mutaciones en este gen.

IO-25 Diversidad genética de aislados de *Mycobacterium tuberculosis* resistentes a múltiples medicamentos y extremadamente resistentes del Valle del Cauca: predominio del genotipo Beijing

Luisa María Nieto, Juan Carlos Rozo, Beatriz Eugenia Ferro
Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, CIDEIM, Cali, Valle del Cauca

Introducción y Objetivos. La tuberculosis y la resistencia a múltiples medicamentos (resistencia a isoniazida y rifampicina) constituyen un actual problema de salud pública, especialmente en el Valle del Cauca. Hay resistencia a múltiples medicamentos en pacientes tratados del 57% y en los no tratados, del 12%, respectivamente (2007). Los objetivos de este estudio fueron evaluar la diversidad genética de los aislamientos de *Mycobacterium tuberculosis* resistente a múltiples medicamentos durante dos años e identificar posibles relaciones epidemiológicas. **Materiales y métodos.** Se genotipificaron por *spoligotyping* 74 aislamientos con perfil de resistencia a múltiples medicamentos de muestras pulmonares y extrapulmonares de pacientes del Valle del Cauca diagnosticados durante 2007 y 2008. **Resultados.** Se identificaron 22 genotipos diferentes de las familias Beijing (31,1%), LAM2 (4,1%), LAM3 (2,7%), LAM9 (10,7%), H1 (13,5%), T1 (1,4%), U (9,5%) y X1 (4,1%); además, 10 genotipos huérfanos (22,9%) o no reportados internacionalmente en SpolDB4. El genotipo Beijing SIT 190 fue el más frecuente, de estrecha asociación con Buenaventura ($p=0,00012$) y de mayor frecuencia en pacientes jóvenes ($p=0,0012$). Los genotipos huérfanos mostraron tener mayor asociación con Cali ($p=0,010$). Se encontraron, además, cuatro aislamientos extremadamente resistentes donde se destaca nuevamente la familia Beijing, un genotipo huérfano y uno de la familia Haarlem. **Conclusiones.** Es la primera vez que se registra un alto número de aislamientos del genotipo Beijing en Suramérica, incluso por encima de la familia LAM, en la que, también, se resalta la aparente posibilidad de clonación de este genotipo, la estrecha relación con la resistencia a múltiples medicamentos y la asociación con el municipio de Buenaventura. No obstante, los aislamientos Beijing junto con los genotipos huérfanos identificados principalmente en Cali y otros conglomerados, requieren la aplicación de técnicas más discriminatorias.

IO-28 Evaluación de parámetros inmunológicos en células NK, NKT, TCD4 y TCD8 en respuesta a CFP-10 y PPD en pacientes con tuberculosis pulmonar y convivientes infectados sanos

Victoria Eugenia Niño, Luis Fernando García, Mauricio Rojas, Víctor Campo, Julio César Klinger, María Lilia Díaz
Universidad del Cauca, Popayán, Cauca, y Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia

Introducción y Objetivo. La cuantificación del IFN γ en sobrenadantes de cultivos celulares frente a antígenos de tuberculosis, ha generado aplicaciones en el diagnóstico de la infección por *Mycobacterium tuberculosis*, pero no diferencia infectados de enfermos. Se ha propuesto la medición del IFN γ por subpoblación celular, pero hasta el momento pocos estudios han demostrado que las células T diferencien estos últimos. El objetivo de este estudio fue evaluar la activación, la proliferación y la producción de IFN γ en NK y subpoblaciones de linfocitos T en pacientes con tuberculosis pulmonar, convivientes PPD+ y no convivientes PPD-. **Materiales y métodos.** Se cultivaron las células mononucleares de sangre periférica de los individuos de cada grupo con PPD y CFP10. Se determinó el porcentaje de NK, NKT, TCD4 y TCD8, CFSE- CD69+ IFN γ + por citometría de flujo. Los datos de 15 individuos de cada grupo se compararon por el método de Kruskal Wallis. **Resultados.** Se identificó, por primera vez, que los pacientes tienen un aumento en el porcentaje de NKT productores de IFN γ en respuesta a CFP-10, lo que los diferencia significativamente de los convivientes. La respuesta de los linfocitos T CD4 y T CD8 en convivientes es mayor que en los pacientes, aunque la diferencia no es significativa; las NK se comportan de manera similar a éstos últimos. **Conclusiones.** Este estudio confirma lo publicado con respecto a la respuesta antituberculosa de CD4 y CD8 en enfermos e infectados. Las NK se comportaron de manera similar a los linfocitos T en los tres parámetros medidos. Los NKT productores de IFN γ frente a CFP-10 diferencian a los pacientes

de los convivientes. Este parámetro podría ser estudiado en el futuro para determinar su utilidad en la diferenciación de la infección latente y la enfermedad.

IO-22 Detección por PCR en tiempo real de *Mycobacterium tuberculosis* en pacientes sintomáticos respiratorios

Astrid Elena Montoya, Alba Ofelia Arcila, Lina María Salazar, Clara Duque
Institución Universitaria Colegio Mayor de Antioquia, e Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Medellín, Antioquia

Introducción y Objetivos. En Colombia, como en otros países del mundo, el diagnóstico definitivo de la tuberculosis pulmonar se hace por la observación microscópica del bacilo con coloraciones específicas, así como por el crecimiento en los medios de cultivo apropiados y la identificación bioquímica. Estos métodos presentan algunas desventajas: la coloración es poco sensible y el cultivo requiere dos semanas o más para arrojar un resultado concluyente. En la actualidad muchos laboratorios emplean la amplificación de los ácidos nucleicos para identificar secuencias específicas del ADN de *Mycobacterium tuberculosis* y hacer un diagnóstico más rápido de la tuberculosis. **Materiales y métodos.** Se detectó la presencia de *M. tuberculosis* en una muestra clínica de 160 pacientes sintomáticos respiratorios de Medellín. Esto se hizo por medio del examen directo con la coloración de Ziehl-Neelsen, el cultivo en medio de Ogawa y el método de PCR en tiempo real (RT-PCR), usando la secuencia de la región intergénica *senX3-regX3* y la secuencia multicopia IS6110. **Resultados.** En 47 de las muestras (29%) se detectó *M. tuberculosis* por el examen directo; en 49 (31%), tanto por el cultivo como por la RT-PCR para la secuencia *senX3-regX3* y, en 54 (34%), por RT-PCR para IS6110. **Conclusiones.** El método molecular de RT-PCR empleando la secuencia IS6110, permitió aumentar la oportunidad del diagnóstico en un número mayor de muestras que el cultivo, lo que disminuyó el tiempo requerido para tal fin a 24 horas, en comparación con las dos o tres semanas que requiere el cultivo en medio de Ogawa.

IP-23 Detección de *Mycobacterium tuberculosis* a partir de cultivos mediante dos pruebas comerciales

Johanna Hernández, Soraya Patricia Salas, Martha Isabel Murcia
Laboratorio de Micobacterias, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.

Introducción y Objetivo. El establecimiento de un diagnóstico rápido y certero es, sin duda, una de las principales estrategias de lucha frente a la tuberculosis. La Organización Mundial de la Salud (OMS), en el marco de la estrategia DOT (*Directly Observed Therapy*), recalca la necesidad de identificar todos los aislamientos de micobacterias, por lo menos, a nivel de complejo *Mycobacterium tuberculosis* o de micobacterias no tuberculosas, lo que permite el establecimiento de un tratamiento eficaz y oportuno. En este trabajo se valoró la utilidad diagnóstica de dos pruebas comerciales basadas en inmunocromatografía para la identificación rápida de miembros del complejo *M. tuberculosis* a partir de cultivos en medios líquidos y sólidos. **Materiales y métodos.** Se emplearon cinco aislamientos clínicos identificados como *M. tuberculosis* y tres identificados como micobacterias no tuberculosas; tres cepas de referencia (*M. tuberculosis* H37Rv, *M. bovis* BCG, *M. avium*) cultivadas en medio MGIT 960 y de Löwenstein-Jensen e identificadas mediante pruebas bioquímicas y moleculares (PRA). Los 22 cultivos se identificaron mediante las pruebas comerciales SD Biotline TB Ag MPT64 Rapi test® y BD MGIT TBc ID®, según las indicaciones del fabricante. **Resultados.** Cinco aislamientos clínicos de *M. tuberculosis* y el control de H37Rv fueron positivos; mientras que *M. bovis* BCG, *M. avium* y los tres aislamientos clínicos identificados

como micobacterias no tuberculosas fueron negativos con ambos test comerciales. Los resultados de las pruebas no se vieron afectados por el tipo de medio utilizado, líquido o sólido. Sin embargo, cuando la muestra provenía de un medio sólido, la señal de positividad era débil. **Conclusiones.** Los test comerciales son una alternativa de fácil implementación, lo que permite una rápida identificación de miembros del complejo *M. tuberculosis* a partir de cultivos.

IO-7 Sensibilidad de *Mycobacterium tuberculosis* a medicamentos de primera y segunda línea: validación del sistema automatizado Bactec MGIT 960®

G. I. Mejía, E. M. Zapata, A. Guzmán, N. Álvarez, J. Robledo
Corporación para Investigaciones Biológicas y Escuela de Ciencias de la Salud, Universidad Pontificia Bolivariana, Medellín, Antioquia

Introducción. El método de proporciones múltiples es la técnica de referencia para las pruebas de sensibilidad para *Mycobacterium tuberculosis*. La aparición de resistencia a múltiples medicamentos y resistencia extrema, hace necesario evaluar métodos que proporcionen datos rápidos y precisos que permitan el inicio de un tratamiento efectivo. **Objetivo.** Comparar el método de proporciones múltiples con el sistema automatizado MGIT 960 para medicamentos de primera y segunda línea en aislamientos de *M. tuberculosis*. **Métodos.** Se evaluaron 103 aislamientos de *M. tuberculosis* por el método de proporciones múltiples en Middlebrook 7H11 y MGIT 960, para determinar la sensibilidad a la isoniácida, la rifampicina, el etambutol y la estreptomina. Se probaron 50 aislamientos resistentes a múltiples medicamentos con ambos métodos para la amikacina, la ofloxacina, la capreomicina, la etionamida, el PAS (*P-aminosalicylic acid*), la d-cicloserina y la moxifloxacina. En caso de discordancia entre los métodos, se repitieron y este resultado se utilizó para el análisis de datos. Se utilizaron las concentraciones críticas de los antibióticos recomendadas por *Clinical Laboratory and Standards Institute (CLSI)* (antes *NCCLS*) y la Organización Mundial de la Salud (OMS). **Resultados.** De los 103 aislamientos, 30 fueron sensibles a los medicamentos de primera línea, 73 fueron resistentes, al menos, a un antibiótico y 62 fueron resistentes a múltiples medicamentos. La concordancia de ambos métodos fue de 100% para los aislamientos sensibles. Para los aislamientos resistentes fue de 98%, 100%, 93% y 95%, para la estreptomina, la isoniácida, la rifampicina y el etambutol, respectivamente. Para 5 los 0 aislamientos resistentes a múltiples medicamentos la concordancia fue de 91% para la amikacina, 100% para la ofloxacina, 97% para la moxifloxacina (0,5 µg/ml), 100% para la moxifloxacina (1,0 µg/ml), 92% para la capreomicina, 81% para la etionamida, 86% para el PAS y 84% para la cicloserina. Cinco de estos aislamientos fueron extremadamente resistentes. **Conclusiones.** Los resultados demuestran que el sistema Bactec MGIT 960® es un método que proporciona resultados rápidos y precisos. Este método permite detectar rápida y eficientemente los aislamientos resistentes a múltiples medicamentos y los extremadamente resistentes.

IO-13 Síntesis y actividad antimicobacteriana *in vitro* de nuevas quinolonas.

Juan Gabriel Bueno, Santiago Villabona, Fernando Rojas, Vladimir Kouznetsov
Grupo de Micobacterias, Instituto Nacional de Salud, Centro Colombiano de Investigación en Tuberculosis, Bogotá, D.C.; Laboratorio de Química Orgánica y Biomolecular, Escuela de Química Universidad Industrial de Santander.

Introducción y Objetivo. La tuberculosis, causada por *Mycobacterium tuberculosis*, constituye uno de los principales problemas de salud para la humanidad. La aparición de resistencia a los fármacos habituales y el sinergismo con enfermedades como el sida, han llamado la atención hacia el desarrollo y evaluación de nuevos agentes antituberculosos. En este esfuerzo, los derivados quinolónicos, que presentan un amplio espectro de actividad biológica antimicrobiana, son una fuente promisorio de nuevos compuestos líder. Aprovechando la capacidad actual que posee el Instituto Nacional de Salud para realizar ensayos *in vitro*, reproducibles, frente a las distintas micobacterias, el objetivo de este estudio fue determinar la actividad de 22 derivados quinolónicos que fueron sintetizados por primera vez en el LQOBio (Universidad Industrial de Santander) contra cepas de *M. tuberculosis*, aislamientos clínicos resistentes a múltiples fármacos y micobacterias no tuberculosas. **Materiales y métodos.** La concentración inhibitoria mínima (CMI) se determinó mediante microdilución en caldo. La actividad se evaluó contra cinco cepas ATCC, cinco aislamientos genotipo Beijing de *M. tuberculosis* y cinco aislamientos de micobacterias no tuberculosas. Como control se usaron los fármacos isoniácida y rifampicina. **Resultados.** Seis de los 22 derivados quinolónicos presentaron actividad moderada a concentraciones de 16 µg/ml (buena actividad, CMI < 10 µg/ml) y tres derivados fueron activos sólo contra los cinco aislamientos genotipo Beijing de *M. tuberculosis*. **Conclusiones.** Éste es el primer reporte de actividad antimicobacteriana de las quinolonas con actividad promisorio frente a *Mycobacterium* spp desarrolladas totalmente en Colombia.

IO-24 Desempeño de dos metodologías para la detección rápida de la sensibilidad de *Mycobacterium tuberculosis* a los medicamentos de segunda línea

Soraya Patricia Salas, Yesica Jiménez, Martha Isabel Murcia
Laboratorio de Micobacterias, Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.

Introducción y Objetivo. La tuberculosis extremadamente resistente ha sido reportada en todas las regiones del mundo y se constituye como un nuevo reto para la salud pública. Las metodologías diagnósticas convencionales tardan entre 21 y 48 días, por lo tanto, es necesario emplear nuevas metodologías que ofrezcan resultados rápidos y confiables. El objetivo del trabajo fue explorar el desempeño de las metodologías micrométodo colorimétrico y MGIT 960 para la detección de resistencia a medicamentos de segunda línea en *M. tuberculosis* en comparación con el método de proporciones múltiples en medio de Löwenstein-Jensen. **Materiales y métodos.** Se procesaron por duplicado diez aislamientos clínicos resistentes a múltiples medicamentos y la cepa de referencia *M. tuberculosis* H37Rv. La MGIT 960, según las indicaciones del fabricante, con los antibióticos ofloxacina, kanamicina, amikacina y capreomicina a una concentración final de 2,0 µg/ml, 2,5 µg/ml, 1,0 µg/ml y 2,5 µg/ml, respectivamente. Para la M-MTT se empleó medio Middlebrook 7H9, y los antibióticos ofloxacina, kanamicina, amikacina y capreomicina con rangos de concentración y puntos de corte de: 8,0-0,25 µg/ml, punto de corte > 2,0 µg/ml; 20,0-0,62 µg/ml, punto de corte > 2,5 µg/ml; 4,0-0,25 µg/ml, punto de corte > 1,0 µg/ml; 10,0-0,3 g/ml, punto de corte > 2,5 µg/ml, respectivamente, y el indicador bromuro de 3-(4,5-dimetiltiazol-2il)-2,5 difeniltetrazolio. **Resultados.** Mediante MGIT 960 y M-MTT se obtuvieron resultados en cinco y ocho días, respectivamente. Los resultados de sensibilidad a los medicamentos probados mediante la metodología MGIT 960 fueron 100% concordantes con el método de proporciones múltiples. Para M-MTT los resultados de sensibilidad fueron 100% concordantes con el método de proporciones múltiples, excepto para la kanamicina, que fue del 80%. **Conclusiones.** Las metodologías

probadas son una alternativa para la detección rápida de resistencia a medicamentos de segunda línea. Se requieren estudios adicionales que permitan explicar los resultados de la kanamicina por M-MTT.

IO-26 Aplicación de herramientas bioinformáticas en el diseño de péptidos con actividad antimicobacteriana

Andrés Rodríguez Vega, Paola Santos, Nelson Enrique Arenas, Luz Mary Salazar

Departamento de Química, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C. y Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío

Introducción y Objetivos. La tuberculosis ha aumentado en el mundo debido a la infección concomitante con el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) y a la aparición de cepas resistentes a los medicamentos. La búsqueda y el desarrollo de nuevos compuestos antituberculosos, se han convertido en una prioridad para el control de la enfermedad. En un trabajo previo encontramos actividad antimicobacteriana con los péptidos mastoparín, cecropina B y magainina I; de los tres, la magainina I mostró la actividad más baja. **Materiales y métodos.** Se realizó el diseño de un péptido análogo a la magainina I mediante un análisis bioinformático con el servidor AntiBP (*antibacterial peptides*) y consultando la base de datos de péptidos antibacterianos APD. La síntesis se realizó por la técnica de F-moc, se purificó por HPLC y se caracterizó por espectrometría de masas. Los ensayos de actividad antimicobacteriana se realizaron mediante difusión en agar y determinación de la concentración inhibitoria mínima por la técnica de microdilución en placa e identificación con MTT. **Resultados.** El péptido diseñado (15 aminoácidos) conserva las características típicas de los péptidos catiónicos con actividad en las membranas celulares, carga positiva (+5) y la capacidad de "anfipático" (*amphipathic*). La acción del péptido modificado se evaluó frente a las cepas *M. smegmatis* y *M. tuberculosis* H37Ra. La concentración inhibitoria mínima contra *M. smegmatis* fue 319 mM, aproximadamente, 2,5 veces la obtenida para el péptido original con un resultado igual con *M. tuberculosis*. **Conclusiones.** La bioinformática permitió mejorar la actividad antimicobacteriana y tuvo resultados interesantes que permiten predecir una posible aplicación de los péptidos como compuestos antituberculosos.

IP-17 Evaluación de la actividad antimicobacteriana de biocidas

Yanely Angélica Valbuena, Graciela Mejía, Leticia Orjuela, Angee Paola Zabaleta, María Consuelo Garzón, Juan Gabriel Bueno
Grupo de Micobacterias, Subdirección Red Nacional de Laboratorios, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C.

Introducción y Objetivo. Las infecciones hospitalarias atribuidas a micobacterias están en aumento debido a las terapias inmunosupresoras y a la aparición del síndrome de inmunodeficiencia adquirida (sida). En los hospitales y en los laboratorios se usan antisépticos y desinfectantes para aplicación tópica y limpieza de superficies. Algunas investigaciones demostraron la relación entre la resistencia a biocidas y la resistencia a los medicamentos en micobacterias. En nuestro medio hay pocos estudios sobre el porcentaje de resistencia que presentan estos microorganismos con los biocidas. Por este motivo, el objetivo del estudio fue obtener un patrón de sensibilidad de micobacterias frente a los biocidas existentes. **Materiales y métodos.** Se determinó la concentración inhibitoria mínima (CIM) de glutaraldehído, fenol, hipoclorito y peróxido de hidrógeno mediante la técnica de microdilución en caldo. La actividad se evaluó contra cinco cepas de *Mycobacterium tuberculosis*, cinco aislamientos resistentes

a los medicamentos y tres aislamientos sensibles de *M. tuberculosis*; asimismo, dos aislamientos de micobacterias no tuberculosas. Como medicamentos de control se usaron isoniazida, estreptomina, etambutol y rifampicina. **Resultados.** Los biocidas más activos fueron el fenol y el glutaraldehído con una CIM90 de 0,003%, seguidos por el peróxido de hidrógeno y el hipoclorito, con una CIM90 de 1,25% y 1,87%, respectivamente. **Conclusiones.** Las infecciones hospitalarias agravan la discapacidad funcional y reducen la calidad de la vida del paciente. Con los resultados de esta investigación se podrá ofrecer al personal en salud parámetros para el uso en el laboratorio y hospitalario de biocidas, con el objetivo de lograr disminuir la aparición de las infecciones hospitalarias ocasionadas por micobacterias.

IO-3 Efecto micobactericida del ácido hipocloroso en tres especies ambientales potencialmente patógenas y en *Mycobacterium tuberculosis*

Diana Carolina Henao, Sandra Milena Coronado, Ángela Liliana Londoño

Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío

Introducción y Objetivo. El ácido hipocloroso puede inhibir reacciones enzimáticas clave, desnaturalizar proteínas bacterianas e inactivar ácidos nucleicos, llevando a una rápida y selectiva inhibición del crecimiento de ciertas bacterias; sin embargo, su efectividad no ha sido evaluada en micobacterias. Por este motivo se propuso evaluar el efecto bactericida del ácido hipocloroso mediante ensayos *in vitro*, en cuatro especies del género *Mycobacterium* de acuerdo con las normas internacionales de desarrollo de nuevos desinfectantes. **Materiales y métodos.** Se expusieron *Mycobacterium chelonae*, *M. fortuitum*, *M. intracellulare* y *M. tuberculosis* a 225, 450, 750, 900 y 1.500 ppm de ácido hipocloroso en cuatro intervalos de tiempo (5, 10, 15 y 20 minutos). Esto se hizo con exposición directa al desinfectante, exposición con interferente y exposición en superficies. Además, se realizó la prueba de corrosión del desinfectante. **Resultados.** En las pruebas de exposición directa y de superficie, el desinfectante resultó ser efectivo en todas las condiciones utilizadas, mientras que en la prueba de exposición con interferente, fue efectivo sólo a las más altas concentraciones y tiempos evaluados. Esto pudo ocurrir debido a que el desinfectante reduce su efecto en las bacterias cuando hay materia orgánica presente y, además, resultó no ser corrosivo. **Conclusiones.** El ácido hipocloroso demostró ser muy efectivo después de lavados que arrastren con la mayor parte de la materia orgánica en una superficie, debido a que, en condiciones sucias o con materia orgánica presente, su efectividad se ve reducida sólo a las más altas concentraciones (900 y 1.500 ppm) y a un intervalo de tiempo mayor de 15 minutos.

IO-10 Actividad antimicobacteriana de derivados de pirimido[4,5-b] diazepina

Juan Gabriel Bueno, Angélica García, Brulio Insuasty, Jairo Quiroga

Grupo Micobacterias, Red Nacional de Laboratorios, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C.; Grupo de Investigación de Compuestos Heterocíclicos, Departamento de Química, Universidad de Valle, Cali, Valle del Cauca

Introducción y Objetivos. La tuberculosis causada por *Mycobacterium tuberculosis* afecta a un tercio de la población mundial, de los cuales, 10% desarrollará la enfermedad, en particular, las personas afectadas por el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH). Asimismo, la aparición de aislamientos resistentes a múltiples medicamentos

complica la situación de manera importante y, por esta razón, se requiere de nuevos fármacos antimicobacterianos. En esta búsqueda los derivados de la diacepina, que presentan un amplio espectro de actividades biológicas, son una fuente importante de nuevas moléculas. El objetivo de este estudio fue determinar la actividad de 12 derivados de diacepina contra 15 *Mycobacterium* spp., entre cepas y aislamientos clínicos. **Materiales y métodos.** La síntesis de las pirimidodiacepinas se realizó por irradiación con microondas durante 2 a 8 minutos a partir de una mezcla equimolar de 2-R-4, 5, 6-triamino-pirimidinas, chalconas y una cantidad catalítica de BF₃OEt₂. La concentración mínima inhibitoria (CMI) se determinó mediante microdilución en caldo. La actividad se evaluó contra cinco cepas ATCC de *M. tuberculosis*, cinco aislamientos de *M. tuberculosis* genotipo Beijing y cinco aislamientos de micobacterias no tuberculosas. Como medicamentos de control se usaron la isoniacida y la rifampicina. **Resultados.** Seis derivados presentaron actividad moderada en un rango de concentraciones entre 16-32 µg/ml, tres fueron activos contra trece microorganismos y el resto sólo inhibió las cepas y los aislamientos de *M. tuberculosis*. **Conclusiones.** Los derivados de la diacepina han captado gran interés por su actividad como anticarcinógenos, antibacterianos y antivirales. Este es el primer reporte de la actividad antimicobacteriana de los compuestos derivados de la diacepina realizada en Colombia que, además, incluye aislamientos obtenidos en los estudios nacionales de resistencia liderados por la Red Nacional de Laboratorios del Instituto Nacional de Salud.

VIRUS DE LA INMUNODEFICIENCIA HUMANA

LO-26 Análisis de cohorte de pacientes infectados con virus de la inmunodeficiencia humana y sida de Cali: descripción epidemiológica y clínica

Fernando Huertas, José Millán, William Lenis, Daniel Salmón, Alba Lilibiana Lasso, Leydi Ávila, Viviana Lyzeth Mack-wen
Hospital Universitario del Valle Evaristo García, E.S.E., Recuperar, Fundación Clínica Valle del Lili, Cali, Valle del Cauca millanonate@gmail.com

Introducción y Objetivos. Si bien se conocen características epidemiológicas de los pacientes con infección por VIH/sida en seguimiento en Colombia, existen pocos datos con respecto a la condición clínica, la respuesta terapéutica y el pronóstico. Se propuso la generación de una cohorte de pacientes con infección por VIH/sida asistidos en los centros de atención integral de Cali, por medio de la recolección sistemática, transferencia, recepción y análisis de los datos de los pacientes y con posterior presentación de los resultados obtenidos. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio multicéntrico en diferentes centros de atención integral en Cali, del régimen contributivo y subsidiado. Se revisaron en forma retrospectiva las historias clínicas de los pacientes positivos para VIH mayores de 15 años y se tomaron los datos para el análisis. **Resultados.** Se revisaron retrospectivamente 1.054 pacientes en seguimiento. Se excluyeron 82 pacientes menores de 15 años. El 62% de los pacientes era de sexo masculino, y la mediana de edad fue de 34 años; la mediana de CD4 inicial fue de 233,5 células/ml (rango, 0 a 1.136 células/ml). Se presentaron infecciones oportunistas en 33%, y la más común fue la tuberculosis. El 21% de los pacientes recibían un esquema antirretroviral con menos de un año de duración. En 75% de los pacientes en terapia antirretroviral altamente efectiva (*highly active anti-retroviral therapy*, HAART), no había virus detectables. **Conclusiones.** Las variables sociodemográficas encontradas en la población estudiada son similares a las reportadas por las principales cohortes a nivel mundial. En esta población se observó un porcentaje

significativo de falla virológica que podría explicarse por la falta de disponibilidad de terapia HAART en forma continua.

LP-27 Estudio descriptivo de la cohorte de pacientes positivos para virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) atendidos en el programa del Hospital Universitario Clínica San Rafael entre enero de 2005 y junio de 2008: proyecto integrante de la cohorte nacional de pacientes con VIH

Álvaro Javier Narváez, Carlos Arturo Álvarez, Carlos Humberto Saavedra, Giancarlo Buitrago
Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C
alvarojaviernarvaez@gmail.com

Introducción y Objetivo. En Colombia la información clínica de pacientes con infección por virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) no está estandarizada. A partir de una base de datos, se estableció un registro que permitió conocer el éxito o fracaso terapéutico, según las guías colombianas de práctica clínica en VIH. El objetivo de este estudio fue describir las principales características demográficas y clínicas de la cohorte de pacientes positivos para VIH que asisten al servicio de consulta externa del Hospital Universitario Clínica San Rafael, mediante un sistema de registro unificado de información. **Materiales y métodos.** Se utilizó una cohorte retrospectiva. Las variables categóricas se analizaron por medio de proporciones. Las variables continuas se describieron de acuerdo con la medida de tendencia central que más se ajustaba a su distribución. **Resultados.** Se incluyeron 105 pacientes. La proporción entre hombres y mujeres fue de 7 a 3. El promedio de edad al diagnóstico de VIH fue de 33,5 años. Se analizaron 71 pacientes para la terapia antirretroviral: 85% recibió esquema de primera línea (lamivudina, zidovudina, efavirenz); 38% de los pacientes requirió cambio al esquema de segunda línea y 37% presentó fracaso. El promedio de seguimiento fue de 16 meses y se realizaron 4,5 exámenes de laboratorio por paciente. **Conclusiones.** Existe una buena observancia de las guías nacionales. Para 62% de los pacientes, el esquema de primera línea sigue siendo efectivo.

LP-28 Caracterización de factores relacionados con la evolución y la calidad de vida de pacientes con virus de la inmunodeficiencia humana y sida (VIH/sida)

Á. Villanueva, C. Martín, L. Cabas, H. Llinás
PREVENTIO, Centro para la Investigación y Control de las Enfermedades Infecciosas, Universidad Libre, Universidad Simón Bolívar, Universidad del Norte, Barranquilla, Atlántico
alvillan@post.harvard.edu

Introducción y Objetivo. La terapia antirretroviral constituye uno de los pilares más importantes en el manejo de los pacientes con virus de la inmunodeficiencia humana y sida (VIH/sida). El conocimiento de otros factores relacionados con la buena evolución y calidad de vida, es importante en su manejo y seguimiento. El objetivo de este estudio fue identificar los factores que influyen en la evolución y en la calidad de vida de los pacientes con VIH/sida. **Materiales y métodos.** La población estudiada fueron los pacientes con VIH/sida del programa de manejo integral entre febrero de 2009 y febrero de 2010. Se hizo un estudio de variables para conocer aquellas que pueden intervenir en una buena respuesta en la evolución y en la calidad de vida. Se utilizaron encuestas de calidad de vida, aceptación y cumplimiento de la terapia antirretroviral, evaluación del grupo de atención integral y entendimiento de la enfermedad, historia clínica. Se hizo análisis estadístico y multivariado de los casos que es un conjunto de métodos estadísticos cuya finalidad es analizar simultáneamente un conjunto de datos y las variables medidas para cada individuo u objeto estudiado. **Resultados.** De los 72 pacientes con VIH/sida,

22 eran del régimen subsidiado, 25 del contributivo y 25 eran autofinanciados. Se encontró una buena evolución en todos los estratos en 88,8% y de la calidad de vida en 75,3%. Luego de analizar 34 tipos de variables, se encontró que existía una correlación mayor (98%) con la buena calidad del grupo de atención integral, entendimiento adecuado del diagnóstico (88%), facilidades de movilización (80%), alimentación adecuada (80%), empleo (52%), vivienda adecuada (34%), y buena evolución y calidad de vida. **Conclusiones.** El estrato social, la facilidad para transportarse, el tipo de alimentación, el conocimiento adecuado de la enfermedad y la calidad del grupo de atención, son factores que deben intervenir, en conjunto con una buena terapia antirretroviral, para obtener una mejor evolución y calidad de vida de los pacientes con VIH/sida.

LO-10 Evaluación de los mecanismos inmunológicos involucrados en la resistencia natural al virus de la inmunodeficiencia humana 1 que exhiben los individuos infectados crónicamente que controlan la replicación viral sin antirretrovirales

Natalia Andrea Taborda, Carlos Julio Montoya, Juan Carlos Cataño, María Teresa Rugeles
Grupo de Inmunovirología, Sede de Investigación Universitaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
nataliataborda@gmail.com

Introducción y Objetivo. Entre los individuos que adquieren la infección por el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH), la evolución clínica es variable. Existen personas que, a pesar de estar sin tratamiento antirretroviral, controlan la replicación viral, al menos, durante un año, y presentan cargas virales indetectables o bajas. A estos individuos se les denomina "controladores de la replicación viral" y sugieren la existencia de mecanismos que permiten el control de esta replicación. El objetivo de este estudio fue determinar la asociación que pueda existir entre algunos componentes celulares y proteínicos del sistema inmunitario con el fenómeno de resistencia natural que exhiben los controladores de la replicación viral. **Materiales y métodos.** A partir de sangre periférica de 10 controladores de la replicación viral, 20 seropositivos que progresaron en la evolución de la infección y 20 controles sanos, se realizó citometría de flujo para determinar la frecuencia de células T CD4+ y CD8+, NK, NKT invariables y dendríticas mieloides y plasmacitoides. Además, se estimularon los polimorfonucleares con VIH-1 para determinar por qPCR la expresión del inhibidor de proteasa secretado por leucocitos y de alfa-defensina-1. **Resultados.** Se encontró incremento de la expresión del inhibidor de la proteasa secretado por los leucocitos en los controladores de la replicación viral, comparado con los seropositivos que progresaron en la evolución de la infección ($p=0,001$). La expresión de alfa-defensina-1 fue similar en los tres grupos. La frecuencia de células T CD4+, NK, NKT invariables y dendríticas mieloides, fue similar en controladores de la replicación viral y en controles sanos. Los individuos controladores de la replicación viral presentaron niveles superiores de linfocitos T CD4+ ($p=0,0001$), NKT invariables ($p=0,01$) y dendríticas mieloides ($p=0,03$), al compararlos con seropositivos que progresaron en la evolución de la infección. **Conclusiones.** El incremento en la producción del inhibidor de proteasa secretado por leucocitos y la permanencia en valores normales de los componentes celulares de la respuesta inmunitaria, podrían contribuir al control de la replicación viral.

LP-29 Relación entre las actividades de escisión y la RNasa H de la enzima transcriptasa inversa del virus de la inmunodeficiencia humana 1 (VIH-1)

Antonio Acosta, Walter Scott
Departamento de Bioquímica y Biología Molecular Escuela de Medicina, Universidad de Miami, FL, EE.UU.
aacosta3@med.miami.edu

Introducción y Objetivos. La enzima viral transcriptasa inversa es esencial para la replicación del virus de la inmunodeficiencia humana 1 (VIH-1), la cual convierte el genoma de ARN en una cadena doble de ADN. La replicación del VIH-1 es inhibida por el medicamento azidotimidina, que lleva a la terminación de la síntesis del ADN viral. La resistencia a la azidotimidina se debe a mutaciones que incrementan la habilidad de la enzima viral transcriptasa inversa para eliminar el medicamento después de haber sido incorporada durante la replicación viral. Esta actividad de la transcriptasa inversa se ha determinado como una escisión. Otra actividad de la transcriptasa inversa, RNasa H, se ha implicado en la resistencia a la azidotimidina. La RNasa H actúa durante la transcripción del ARN viral a ADN, al degradar la cadena de ARN. Recientemente, se ha propuesto que los cortes por la RNasa H a la cadena de ARN continúan cuando la replicación ha sido interrumpida por la azidotimidina y, si estos cortes ocurren muy cerca del sitio de incorporación del medicamento, las cadenas de ácido nucleico se disociarían impidiendo la replicación e incrementarían la resistencia a la azidotimidina. **Materiales y métodos.** Para estos estudios se utilizaron cadenas de ARN/ADN- azidotimidina incubadas en presencia de transcriptasa inversa. Los productos de escisión o cortes por la actividad de la RNasa H se separaron por electroforesis y se analizaron. **Resultados.** Se encontraron mutaciones en la transcriptasa inversa que aceleraron los cortes por RNasa H, M184V, y otras mutaciones, N348I, que la desaceleraron, lo cual incrementaba indirectamente la actividad de escisión. **Conclusiones.** Los resultados sugieren que hay un balance entre RNasa H y la escisión. Hay mutaciones que alteran estas actividades, y con ello, la resistencia.

LO-30 Variabilidad y VIH-1: diseñando shRNA sobrepasando el obstáculo que impide un silenciamiento viral eficiente

María Catalina Méndez, Luis Miguel Rodríguez, Juan Carlos Mendoza, Roberto Sierra, Andrés Páez, Silvia Restrepo, Gloria Janneth Rey
Instituto Nacional de Salud y Universidad de los Andes, Bogotá, D.C. catalina.mendez@gmail.com

Introducción y objetivos. El ARN de interferencia (RNAi) se ha utilizado recientemente como estrategia para silenciar genes involucrados en enfermedades genéticas y ocasionadas por patógenos infecciosos, como alternativa al uso de medicamentos comunes en el tratamiento o cura de las mismas. El VIH-1 puede ser inhibido *in vitro* por este mecanismo por medio de la expresión de *short hairpin RNAs* (shRNA) dirigidos a regiones conservadas. El diseño *in silico* de estas moléculas ha carecido de un estudio detallado de la variabilidad viral, lo cual puede constituir un punto de quiebre en las aplicaciones clínicas de la terapia. **Materiales y métodos.** Diseñamos shRNA contra la transcriptasa inversa del VIH-1, considerando la variabilidad observada en aislamientos silvestres y resistentes a antirretrovirales disponibles en las bases de datos. Nuestra aproximación *in silico* identificó las variantes más frecuentes en las regiones conservadas, para utilizarlas como blanco terapéutico, y asignó una eficiencia de silenciamiento para cada una. **Resultados.** Los aislamientos resistentes mostraron gran variabilidad y mostraron que un sólo shRNA por región es insuficiente para silenciar múltiples variantes virales. Los análisis estructurales de enzimas mutantes resistentes y silvestres mostraron inmensa variabilidad, lo cual es congruente con la dificultad para encontrar una región óptima para el silenciamiento por RNAi. **Conclusiones.** Para fines clínicos, la variabilidad del VIH-1 es un obstáculo para alcanzar el silenciamiento eficiente por medio de shRNAs diseñados con base en secuencias de consenso, principalmente, porque existen muchas variantes virales funcionales. Sugerimos utilizar una combinación de shRNAs dirigidos hacia las variantes virales silvestres y resistentes más frecuentes, como complemento de la terapia antirretroviral.

LO-24 Asociación de polimorfismos en el gen *CCR5* con la resistencia natural a la infección por el virus de la inmunodeficiencia humana 1

Wbeimar Aguilar, Wildeman Zapata, Natalia Taborda, María Teresa Rugeles
Grupo de Inmunovirología, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia. aguilar.wb@gmail.com

Introducción y Objetivo. Los individuos con exposiciones continuas al virus de la inmunodeficiencia humana 1 (VIH-1), sin evidencia de infección, se conocen como expuestos seronegativos y han hecho evidente la existencia de mecanismos de protección. La mutación delta-32 en el gen *CCR5*, polimorfismos (*single nucleotide polymorphism*) en su región promotora, así como el SNP V64I en el gen *CCR2*, se han agrupado en siete haplotipos (A-G) y se han asociado con resistencia genética a la infección por el VIH-1. El objetivo de este estudio fue determinar la participación de los haplotipos de *CCR5* en la resistencia y sensibilidad a la infección por el VIH-1 en individuos expuestos seronegativos, seropositivos y controles sanos. **Materiales y métodos.** Con el fin de determinar la presencia de los haplotipos en *CCR5*, se analizó el ADN de 30 individuos expuestos seronegativos, 30 seropositivos y 60 controles sanos, para la presencia del polimorfismo V64I en *CCR2*, de la mutación delta-32 y los polimorfismos en la región promotora de *CCR5* mediante PCR y posterior secuenciación. **Resultados.** No se observaron individuos homocigotos para la mutación delta-32, pero sí se observaron tres individuos heterocigotos en cada grupo de estudio. El haplotipo C fue el más frecuente en los expuestos seronegativos (23%) y seropositivos (25%), mientras que el haplotipo E fue el más frecuente en los controles sanos (29%) y mostró diferencia significativa con los expuestos seronegativos (15%) y seropositivos (15%) ($p=0.035$). La frecuencia de los haplotipos D y G1 fue significativamente mayor en los expuestos seronegativos, en comparación con los controles sanos ($p=0.035$ para ambos haplotipos). **Conclusiones.** La mutación delta-32 no es responsable de la resistencia observada en los expuestos seronegativos. Los haplotipos D y G1 podrían asociarse con la resistencia a la infección en individuos expuestos seronegativos.

LO-5 Comparación de los métodos AmpliPrep/TaqMan HIV-1™ (Roche Diagnostics) y bDNA Versant 440 HIV-1RNA 3.0 Assay™ (Siemens) en pacientes con virus de la inmunodeficiencia humana y sida

María Isabel Múnera
Laboratorio Médico Echavarría, Medellín, Antioquia
mmunera@labechavarría.com

Introducción y Objetivos. Para la cuantificación de la carga viral del virus de la inmunodeficiencia humana 1 (VIH-1) existen diferentes métodos, entre los que están AmpliPrep/TaqMan HIV-1™ (Roche Diagnostics) y para la amplificación de señal, bDNA Versant 440 HIV-1RNA 3.0 Assay™ (Siemens), aprobados por la *Food and Drug Administration*. Con la introducción en nuestro medio del sistema automatizado Versant 440 (Molecular System™ (Siemens) para el ensayo HIV-1 RNA 3.0 [bDNA] (HIV 3.0) (bDNA), se hizo la comparación con el método de PCR en tiempo real, comercializado como AmpliPrep/TaqMan HIV-1™ (Roche Diagnostics) (TaqMan), con el objetivo de evaluar su desempeño antes de introducirlo en los programas de VIH/sida. **Materiales y métodos.** Se incluyeron 260 pacientes de control del programa de VIH/sida remitidos al Laboratorio Médico Echavarría,

de enero a agosto de 2009. Se hizo el análisis de regresión lineal y se calculó la concordancia en diferentes rangos de concentración. **Resultados.** Para TaqMan la media de la carga viral fue de 2,86 copias/ml (desviación estándar (DE)=1,42) y para bDNA de 2,75+1,29 copias/ml. La diferencia promedio entre los métodos fue 0,10+0,44 \log_{10} copias/ml. El coeficiente de correlación fue 0,953 (IC95: 0,952-0,962). El 79,2% presentó diferencias menores de 0,5 \log_{10} copias/ml. En el análisis de concordancia, el índice kappa ponderado fue de 0,837 (IC95%: 0,800-0,874). **Conclusiones.** Se observó tendencia a sobreestimar los resultados con TaqMan, similar a lo reportado anteriormente por otros autores. La mejor concordancia se observó con puntos de corte desde menores de 50 hasta 400. El método automatizado de bDNA fue adecuado para el seguimiento de pacientes con VIH/sida.

LP-11 Caracterización social de pacientes infectados con el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH), pertenecientes a una entidad promotora de salud (EPS) de Bogotá

Yesika Rojas, Andrea Clemencia Pineda, Otto Sussmann
Asistencia Científica de Alta Complejidad SAS, Bogotá D.C.
yesikarojas@hotmail.com

Introducción y Objetivos. El diagnóstico desde el campo del trabajo social tiene como propósito perfilar demográfica y socialmente una población con el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) como marco de una realidad social, la cual afecta, en última instancia, el cumplimiento del programa y el tratamiento antirretroviral. **Materiales y métodos.** Se hizo un estudio descriptivo y prospectivo, con entrevista semiestructurada a 650 pacientes de Salud Total EPS, ARS, entre mayo y diciembre de 2009. **Resultados.** El 91% de los pacientes eran hombres y el 9% mujeres, con edades de 20 a 30 años (52%), 30 a 40 (23%), 40 a 50 (15%) y 50 a 75 (10%). El nivel de escolaridad fue: primaria, 47%; secundaria, 24%; profesional, 10%; técnica, 9%; especialización, 7%, y analfabetismo, 3%. La orientación sexual fue HSH (hombres que tienen sexo con hombres) (68%), HSM (hombres que tienen sexo con mujeres) (21%) y bisexual (11%). El 54% pertenecía al régimen contributivo y el 46% al subsidiado, con el siguiente tipo de afiliación: cotizantes, 51%; trabajador independiente, 34%; beneficiarios, 9%, y pensionados, 6%. Hubo 35% de desempleo y 65% activos, de los cuales, 88% no estaba pensionado, 9% estaba pensionado y 3% estaba tramitando la pensión. Las ocupaciones fueron: 30%, vendedor ambulante; 27%, "rebusque"; 26%, ayudas distritales, y 16%, ayudas familiares. El 59% tenía red social; 36%, red familiar, y 5%, red laboral. El consumo de drogas psicoactivas fue: alcohol, 46%; cigarrillo, 30%; marihuana, 15%, y otras sustancias, 9%. Hubo maltrato psicológico en 55%, verbal en 25%, físico en 20% y abuso sexual en 11%. **Conclusiones.** Se encontró baja escolaridad, alta ocupación informal, consumo de sustancias psicoactivas y maltrato, lo que puede afectar el cumplimiento del tratamiento. Se brindaron estrategias para la concientización de la importancia del tratamiento, conocimiento propio y familiar.

LO-25 Eficacia clínica del uso de nuevos antirretrovirales en pacientes colombianos con experiencia en la terapia antirretroviral: estudio de la cohorte de Cali

Karen Palacios, José Millán, Andrea Correa, Ernesto Martínez
Hospital Universitario del Valle Evaristo García E.S.E., SIES Salud, Cali Valle del Cauca. millanonate@gmail.com

Introducción y Objetivo. Con el advenimiento de nuevos medicamentos antirretrovirales es posible mantener indetectables a los virus y la reconstitución inmunológica, cambiando el paradigma de pacientes VIH muy resistentes. No se han reportado datos de la eficacia clínica en este tipo de pacientes en Colombia. El objetivo fue reportar

la experiencia en una cohorte de Cali. **Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio descriptivo y retrospectivo en pacientes positivos para VIH resistente a múltiples medicamentos de la cohorte de Cali, con evaluación de las variables clínicas y la respuesta terapéutica. **Resultados.** Se analizaron 44 pacientes, 39 hombres y 5 mujeres. En el momento del diagnóstico de VIH, la mediana de la edad era de 44,5 años (rango, 12 a 62 años), de las CD4 (n=36) era de 158 células/ml (rango, 3 a 799 células/ml) y del tiempo de exposición previa a la terapia antirretroviral, de 10 años (rango, 1 a 16 años). Todos los pacientes habían estado expuestos a las tres clases de antirretrovirales con mutaciones asociadas a resistencia múltiple por genotipificación. Antes de iniciar el nuevo esquema antirretroviral, la mediana de CD4 era de 148 células/ml (rango, 3 a 603 células/ml) y 39% tenía carga viral mayor de 50.000 copias/ml. El esquema más utilizado, en 18 pacientes, fue darunavir, etravirina y raltegravir. Además, algunos recibían enfuvirtide en ocho, maraviroc en cinco y tipranavir en un paciente. La mediana del seguimiento con la nueva terapia antirretroviral fue de 11 meses (rango, 4 a 20 meses). En 36 pacientes (81%) la carga viral fue indetectable (menos de 40 copias/ml) y sólo 1 tuvo carga viral mayor de 400 copias/ml. El incremento de CD4 fue de 102 células/ml. No se reportaron efectos secundarios que obligaran a la suspensión de los medicamentos. **Conclusiones.** En una cohorte de pacientes colombianos resistentes a múltiples medicamentos, la respuesta virológica e inmunológica fue similar a la reportada en los ensayos clínicos con el uso de los nuevos antirretrovirales.

LO-19 Terapia de cambio a raltegravir en pacientes positivos para virus de la inmunodeficiencia humana con viremia plasmática indetectable y que presentan toxicidad con otros medicamentos antirretrovirales

Fredy Orlando Guevara, Francisco Blanco, Miguel Arredondo
Hospital Carlos III, Madrid, España. freddyorlando79@gmail.com

Introducción y Objetivo. Los inhibidores de la integrasa son la familia más recientemente aprobada de antirretrovirales. El objetivo de este estudio fue evaluar la actividad antirretroviral del raltegravir en pacientes con infección por el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) como esquema de simplificación. Se estudió la proporción de pacientes que continúan con carga viral indetectable, la disminución de la toxicidad asociada al esquema antirretroviral y el aumento en el conteo de linfocitos CD4. **Materiales y métodos.** Se hizo un estudio longitudinal, abierto y prospectivo, para evaluar la eficacia de un medicamento antirretroviral en el tratamiento de la infección por VIH como terapia de simplificación. **Resultados.** Se evaluaron 44 pacientes. El medicamento más común para ser sustituido fue el ATV en 30,6% de los casos, el T20 en 16,3%, el LPV/r en 10,2%, y el FPV, el TDF y el ddI en 6,1% cada uno. La evaluación de la eficacia para mantener carga viral indetectable a las 12, 24 y 36 semanas demostró que, a través del tiempo, el 100% de los pacientes continuaba con carga viral menor de 50 copias/ml sin episodios de recaída, ni fracaso virológico; el aumento de células CD4 mientras se mantiene carga viral indetectable, demostró a las 24 semanas más de 58 células/ml (± 73 células/ml). Las reacciones clínicas adversas más frecuentes fueron mareo y cefalea. Los exámenes de laboratorio mostraron que no se habían presentado cambios estadísticamente significativos en los distintos parámetros evaluados. **Conclusiones.** En los pacientes con intolerancia, toxicidad o ambas que se quieren incluir en esquemas de simplificación, el raltegravir es una opción adecuada pues disminuye el perfil de toxicidad y asegura un control virológico adecuado.

LP-12 Respuesta a la vacunación contra hepatitis B en una cohorte de pacientes con VIH en un hospital de IV nivel en Bogotá

Daniel Gerardo Fernández Avila, Sandra Valderrama, Carlos Gómez, José Támara, Carlos Alvarez
Organización Hospital Universitario San Ignacio - Pontificia Universidad Javeriana. danielfernandezmd@gmail.com

Objetivo. La vacunación para hepatitis B en pacientes infectados con VIH es la medida más importante para prevenir la primoinfección por este virus. Sin embargo, su efectividad se ve alterada, de acuerdo con el estado inmunológico del paciente. El objetivo de este estudio fue evaluar la frecuencia de seroconversión a la vacunación para hepatitis B en pacientes con VIH, en una cohorte de pacientes colombianos. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de cohorte descriptiva retrospectiva en pacientes infectados con VIH de un hospital de III nivel en Colombia, durante cuatro años. Se incluyeron los pacientes, previa firma del consentimiento informado. Para determinar la respuesta a la vacunación contra hepatitis B, se seleccionó la población con vacunación completa contra hepatitis B, con niveles posteriores de antígenos anti-hepatitis B, definiendo la respuesta como la presencia de más de 10 UI/ml antígenos. Se utilizó el software Stata®, versión 4.0. **Resultados.** De 149 sujetos evaluables para medir la respuesta a la vacunación, 90 (66,1%) presentaron más de 10 UI/ml antígenos anti-hepatitis B; todos los pacientes tenían un conteo de linfocitos CD4 mayor de 200 células/mm³. No hubo diferencias en la respuesta a la vacunación entre los pacientes con linfocitos T CD4 de 200 a 500 células/mm³ y los pacientes con más de 500 células/mm³ (66,3 Vs. 65,9%), entre hombres y mujeres (RR=0,79) (IC95% 0,52-1,19), ni en las medias de edad (40,1 años Vs. 38,2 años). **Conclusiones.** La vacunación en nuestra población presentó una efectividad de 66%. A pesar de ser menor a la reportada en la población inmunocompetente, la vacunación es una medida eficaz para evitar la infección por hepatitis B, incluso en pacientes con infecciones concomitantes.

LP-15 Descripción de la respuesta al tratamiento de la infección concomitante de virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) y hepatitis B en una cohorte de pacientes con VIH

Sandra Liliana Valderrama, Ellen Lowenstein, Carlos Hernando Gómez, Jorge Suárez, Roberto Támara, María Clara Castro, Carlos Arturo Álvarez
Hospital Universitario San Ignacio, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá D.C. sandra.valderrama@gmail.com

Introducción y Objetivo. La prevalencia de infección concomitante con el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) y hepatitis B crónica en nuestro país es de 6,8%, aproximadamente. El tratamiento exitoso de estas dos infecciones es un desafío clínico actual. El objetivo de este estudio fue describir la respuesta al tratamiento de VIH y hepatitis B en una cohorte de pacientes. **Materiales y métodos.** Se hizo un estudio descriptivo, retrospectivo, de 2002 a 2009. Se seleccionaron los pacientes con infección concomitante por VIH y hepatitis B. Se evaluó la respuesta virológica e inmunológica a la infección por VIH, la disminución en carga viral de hepatitis B a las 24 semanas, la supresión virológica a las 48 semanas, la respuesta serológica, bioquímica y completa al tratamiento de hepatitis B y los efectos adversos relacionados con los medicamentos. **Resultados.** Se analizaron 13 pacientes de sexo masculino, de los cuales 76,9% tenía manejo para VIH basado en ITRNNs, ninguno presentó hepatotoxicidad. El promedio de CD4 en el momento del diagnóstico fue de 218 células/mm³. La respuesta virológica e inmunológica al tratamiento de VIH fue de 84,6% y 92%, respectivamente. En cuanto al manejo de la hepatitis B, 92,3% de los pacientes recibieron terapia combinada, 61,5% tuvieron disminución superior a dos logaritmos de la carga viral después de 24 semanas de tratamiento, 30% presentaron supresión virológica (carga viral menor

de 400 copias/ml) a las 48 semanas y sólo un paciente presentó respuesta completa. Sólo se reportaron efectos adversos con interferón PEG (*pegylated IFN alpha*). **Conclusiones.** En esta cohorte, los pacientes infectados simultáneamente con VIH y hepatitis B presentaron respuesta virológica e inmunológica al VIH similar a los pacientes sin infección concomitante. No existió hepatotoxicidad asociada al manejo antirretroviral. La respuesta al manejo de la hepatitis B fue baja.

Trabajo completo

LT 21 Eficacia de un manual de autocuidado para los síntomas y la calidad de vida en personas con VIH

Alexandra Cossio, Javier Fonseca
Fundación Valle del Lili, Cali, Valle del Cauca
alexandra_cossio@hotmail.com

Introducción. La enfermedad por el VIH pasó de aguda a crónica. Los pacientes presentan síntomas que repercuten en el cumplimiento del tratamiento y en la calidad de vida. Existen estrategias de autocuidado, entre ellas, un manual para el manejo de los síntomas, elaborado en la Universidad de California y validado en la Escuela de Enfermería de la Universidad del Valle, cuya eficacia se desconoce. **Objetivo.** Determinar la eficacia del manual de autocuidado en el manejo de los síntomas y en la calidad de vida de los pacientes con VIH de la Fundación Valle del Lili. **Metodología.** Se hizo un ensayo clínico controlado, aleatorio por bloques y no enmascarado. El grupo experimental recibió el manual en estudio y, el control, uno de nutrición (n=86 pacientes). Al mes de seguimiento, se estimaron el cambio en la frecuencia, la intensidad de los síntomas y la calidad de vida, así: mejoró, empeoró o igual. Para el análisis se compararon los grupos al inicio, univariado y multivariado, y se aplicó regresión logística para los datos ordenados. Se construyeron modelos explicativos con StepWise ($p < 0,20$), variables de confusión y la intervención. Se verificó el supuesto de regresión paralela como prueba de bondad del ajuste. El Comité de Ética aprobó el protocolo y el consentimiento. **Resultados.** La oportunidad de mejorar la intensidad de los síntomas fue de 85% mayor en los pacientes que recibieron el manual de nutrición, en comparación con la oportunidad de los que recibieron el de síntomas ($p=0,03$). **Conclusión.** El manual de síntomas no mejoró la frecuencia, la intensidad de los síntomas, ni la calidad de vida. El de nutrición tuvo mayor impacto en la salud pública. La exploración de la representación de la enfermedad en el paciente, podría fomentar el autocuidado.

LT-6 Papel de las infecciones oportunistas en la patogénesis del VIH-1 vía receptores tipo toll

Juan Carlos Hernández, Stephane Paul, Eicke Latz, Silvio Urcuqui
Grupo Inmunovirología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia; GIMAP, Université de Lyon, Saint Etienne, Francia; Institute of Innate Immunity, Biomedical Center, University of Bonn, Bonn, Alemania. juankhernandez@gmail.com

Los receptores tipo toll (TLR) cumplen un papel fundamental durante la respuesta inmunitaria innata contra los microorganismos patógenos. Sin embargo, se desconoce si su expresión puede ser modulada en los pacientes infectados simultáneamente con VIH-1 y microorganismos oportunistas. Por tal razón, este estudio evaluó la expresión de TLR2 y TLR4 en monocitos, células dendríticas mieloides y plasmacitoides de pacientes infectados con VIH-1, con infecciones oportunistas y sin ellas. En total, 49 pacientes infectados con VIH-1 participaron en el estudio, clasificados según la carga viral, el uso de terapia HAART (*Highly Active Antiretroviral Therapy*) y la presencia o ausencia de infecciones oportunistas en el momento de la toma de la muestra, y como controles, 21 donantes sanos. Los resultados mostraron un aumento en la expresión de TLR2 y TLR4 en las células dendríticas mieloides, y de

TLR4 en las células dendríticas plasmacitoides de pacientes infectados con VIH-1 (sin HAART), con infecciones oportunistas, comparados tanto con pacientes infectados con VIH-1 sin infecciones oportunistas, como con los controles sanos. Además, se observó mayor expresión de TLR en pacientes infectados simultáneamente con *Mycobacterium tuberculosis*. Nuestros resultados sugieren que la expresión de TLR en las células de la inmunidad innata puede ser modulada positivamente en los pacientes infectados simultáneamente con VIH-1 y patógenos oportunistas, lo que representa un nuevo mecanismo que promueve la replicación de VIH-1, la patogénesis de la infección y la progresión a sida. Éste es el primer estudio que demuestra la regulación positiva de la expresión de los TLR en las células dendríticas de los pacientes infectados simultáneamente con VIH-1 y patógenos oportunistas.

PARASITOLOGÍA

KO-15 Perfil parasitológico intestinal de cuatro comunidades colombianas

Hernán Darío Carvajal, Miryan Margot Sánchez, Nora María Cardona
Instituto Colombiano de Medicina Tropical y Universidad CES, Sabaneta, Antioquia. ncardona@ces.edu.co

Introducción y Objetivos. Las parasitosis intestinales son frecuentes en nuestro medio. Las comunidades más expuestas son aquellas que habitan zonas alejadas de los grandes centros urbanos, donde las condiciones del agua para el consumo y la disposición de excretas no son adecuadas para la salud humana. Teniendo en cuenta lo anterior, se determinó el perfil parasitológico de varias comunidades ubicadas en cuatro departamentos de Colombia. **Materiales y métodos.** Se estudiaron 667 muestras de materia fecal de Quibdó (Chocó) (144 muestras), Apartadó (Antioquia) (200), Guachené (Cauca) (204), y Granada (Meta) (119). Se realizó examen coprológico directo con solución salina y lugol, y coloración de Kinyou para la detección de coccidias. Se registraron los datos epidemiológicos en una encuesta, tales como fuente de agua, tipo de disposición de basuras y de excretas. La población fue capacitada mediante la utilización de una cartilla en la forma de prevenir las diarreas. **Resultados.** Se detectaron parásitos intestinales en 434 (65,1%) de las 667 muestras estudiadas procesadas. El parásito más frecuente fue *Blastocystis hominis* en 214 (32,1%) muestras, seguido por *Entamoeba histolytica/dispar* en 207 (31%) muestras, *Endolimax nana* en 170 (25,5%) muestras y *Giardia intestinalis* en 145 (21,7%) muestras. Se detectó *Cyclospora* sp. en 8 (1,2%) muestras y *Myxobolus* sp. en 4 (0,6%) muestras. De los helmintos, el más frecuente fue *Trichuris trichiura* en 40 (6%) muestras. La parasitosis con más de dos parásitos fue el hallazgo más frecuente. **Conclusiones.** Las parasitosis intestinales continúan siendo un problema de salud pública frecuente, el cual podría disminuir con adecuadas condiciones de higiene y acceso a agua de buena calidad.

KP-53 Situación de la cisticercosis determinada por seroprevalencia en doce departamentos de Colombia, 2009

Astrid Carolina Flórez, Sandra Magnolia Pastrán, Nirley Stella Vargas, Adriana Paola Peña, Andrea Benavides, Asthreed Villarreal, Carmen Elena Rincón, Ibeth Paola Garzón, Lyda Muñoz, Lesly Guasmayán
Grupo de Parasitología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C. aflorez@ins.gov.co

Introducción. La cisticercosis humana es una infección producida por la larva de *Taenia solium*, que presenta múltiples manifestaciones clínicas, y la neurocisticercosis es la forma más grave. En Colombia se descono-

ce la prevalencia de la cisticercosis en la población general. **Objetivo.** Estimar, por medio de pruebas serológicas en la población general, la seroprevalencia de la cisticercosis en doce departamentos de Colombia. **Materiales y métodos.** Estos resultados hacen parte de una encuesta nacional realizada mediante un diseño estadístico probabilístico de tres etapas, de conglomerados y estratificado, para la recolección de 14.980 encuestas y el mismo número de muestras de sangre para la determinación de anticuerpos IgG anti-cisticercosis mediante la técnica ELISA, en el Laboratorio de Parasitología del Instituto Nacional de Salud. **Resultados.** La prevalencia general en los departamentos de Amazonas, Atlántico, Bolívar, Boyacá, Caldas, Cesar, Magdalena, Quindío, Risaralda, San Andrés, Tolima y Vaupés, osciló entre 0,21% y 40,1%, con una mediana de 7,05%; la más baja fue la de Caldas y la más alta la de Vaupés. Los principales factores de riesgo relacionados con la infección por cisticercosis fueron el no realizar el lavado de manos después de ir al baño (RP=,86 IC95% 1,85-1,88) ($p < 0,05$), junto con la eliminación de excretas al aire libre o en letrina sin pozo (RP=1,99 IC95%1,99-2,00) ($p < 0,05$). **Conclusiones.** La cisticercosis tiene una seroprevalencia importante en la población general de Colombia. Algunos factores, como los hábitos de aseo y el manejo de las excretas, estuvieron asociados a su prevalencia. Estos hallazgos servirán de línea base para el proceso de vigilancia epidemiológica, control y prevención de esta enfermedad.

KO-5 Caracterización de las proteínas de excreción y secreción del nematodo parásito *Mammomonogamus laryngeus*

María Isabel Giraldo, Jhon Carlos Castaño
Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío mariamona2003@yahoo.com

Introducción. *Mammomonogamus laryngeus*, nematodo parásito hematófago, afecta el sistema respiratorio de los mamíferos domésticos. Se han reportado más de 100 casos de infección en humanos en la literatura. En Colombia, en el 2006, reportamos el primer caso de infección en humanos en el departamento del Quindío. En el 2010 reportamos una prevalencia en bovinos de 14,5%. **Objetivo.** Caracterizar las proteínas de excreción y secreción del nematodo parásito *Mammomonogamus laryngeus*. **Materiales y métodos.** El perfil de las proteínas de excreción y secreción se determinó por SDS-PAGE; se caracterizaron mediante zimograma usando caseína y gelatina. Para evaluar el tipo de proteasa, se hizo un zimograma con inhibidores de proteasas y sin ellos (leupeptin, EDTA, pepstatin A, AEBSF y TPCK). Se realizaron ensayos a diferentes pH y temperatura. Posteriormente, se realizó inmunolocalización de cada una de las proteínas en el tejido del parásito. **Resultados y discusión.** Los productos de excreción y secreción mostraron actividad de proteasa, cuyas bandas presentaban masas moleculares de 94,4 kDa, la más abundante, y una serie difusa de bandas de 122 kDa, 108 kDa y 72 kDa. Se evidenció actividad metaloproteasa por inhibición con EDTA. Su actividad óptima fue a pH de 7,4. Las proteasas permanecieron activas a temperaturas entre 4°C y 42°C, e indetectables, a 55°C. La inmunolocalización confirmó que cada metaloproteasa se localiza en diferentes partes del parásito. Nuestro hallazgo sugieren que las proteínas de excreción y secreción están involucradas en el proceso de degradación de nutrientes, penetración de tejidos o evasión del sistema inmunitario. Por lo tanto, es necesario obtener más información sobre este parásito, para el entendimiento de sus procesos infectivos.

KO-13 Genes sintéticos como alternativa para la producción heteróloga del antígeno recombinante rTES-32 de *Toxocara canis* y su potencial aplicación en el serodiagnóstico de la toxocarosis

Jairo Alonso Mesa, Juan Fernando Alzate
Grupo de Parasitología, Departamento de Parasitología y Microbiología, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia. jama2512@gmail.com

Introducción y Objetivos. El diagnóstico de la toxocarosis humana se basa en pruebas inmunoserológicas, las cuales emplean antígenos de excreción-secreción de *Toxocara canis*. Sin embargo, éstas presentan problemas de sensibilidad y especificidad en aquellas regiones donde son muy prevalentes otras helmintiasis. El uso de antígenos recombinantes producidos a partir de genes sintéticos en estas pruebas, representa una alternativa para mejorar su sensibilidad y especificidad, ya que se puede seleccionar y producir un sólo antígeno de forma controlada, con alta pureza y bajo costo, en cultivos transgénicos de *Escherichia coli*. En este trabajo nos propusimos diseñar, expresar y purificar un gen sintético que codifica la proteína rTES-32, la cual ha sido descrita como un antígeno promisorio para el serodiagnóstico de toxocarosis. **Materiales y métodos.** A partir de oligonucleótidos de cadena sencilla se ensambló por PCR el gen sintético rTES-32 de 678 pb con los codones optimizados para su expresión en *E. coli*. Posteriormente, se clonó y expresó en *E. coli* BL21(DE3). Finalmente, la proteína purificada por cromatografía de afinidad Ni-NTA, fue probada por inmunoblot. **Resultados.** A partir de oligonucleótidos de cadena sencilla, se logró ensamblar el gen sintético rTES-32. Además, se indujo la expresión y se purificó la proteína rTES-32 de 27,2 kDa, aproximadamente. La proteína purificada fue probada exitosamente por inmunoblot. **Conclusiones.** El gen sintético funcionó adecuadamente para expresar la proteína recombinante rTES-32 en *E. coli*. Esta proteína fue reconocida por un grupo de sueros de pacientes con toxocarosis confirmada, y no por sueros control, lo que indica su potencial para la implementación como antígeno en pruebas inmunoserológicas para diagnóstico de la enfermedad.

KO-28 Caracterización molecular de los ensamblajes A y B de *Giardia intestinalis* en pacientes de Cartagena, Colombia

Yaleivis Amparo Buelvas, Bárbara Julia Arroyo, Vivian Tatiana Villalba, Octavio Salomón Arzuza
Grupo de Microbiología Clínica y Ambiental, Universidad de Cartagena, Cartagena Bolívar, y Universidad del Magdalena, Santa Marta, Magdalena. barroyos@unicartagena.edu.co

Introducción y Objetivos. *Giardia intestinalis* es un protozoo causante de enfermedad diarreica y síndrome de mala absorción en humanos y en animales, que presenta prevalencia variable, según sean las condiciones socioeconómicas. El objetivo fue optimizar las condiciones experimentales para la extracción de ADN de *G. intestinalis*, de tal forma que el organismo pueda ser genotipificado a partir de heces. **Materiales y métodos.** Se obtuvieron muestras de heces de 53 pacientes voluntarios, cuyo diagnóstico de infestación por *G. intestinalis* fue confirmado por microscopía óptica, y se preservaron en formol tamponado. Se aislaron y purificaron los quistes con un gradiente de sacarosa, seguido de ruptura con choque térmico-efecto mecánico y acción enzimática. El ADN se extrajo con fenol-cloroformo-alcohol isoamílico. La calidad y la cantidad del ADN se evaluaron por espectrofotometría y electroforesis en gel de agarosa. La genotipificación se logró amplificando el gen *TPI*, por PCR semianidada utilizando cebadores para TPI AR, TPI FI A, TPI FIIA, TPI B R, TPI FI B y TPI FII B. **Resultados.** El promedio de quistes en heces fue de 38.500 quistes por mm³. El método utilizado condujo al rompimiento de los quistes en el 100%, pero la extracción del ADN sólo permitió detectar como positivas al 45,2% de las muestras, de las cuales, 87,5% correspondió al genotipo B y 12,5% al A. **Conclusiones.** Se están haciendo ensayos alternativos de extracción de ADN para incrementar la eficiencia del

método. Sin embargo, la presencia de varios genotipos de *G. intestinalis* en Cartagena de Indias representa un problema de interés en salud pública que puede ser evaluado por PCR.

KP-18 **Splicing en *Giardia intestinalis*: expresión de los snRNA del spliceosome y algunas de sus proteínas asociadas**

V. Gómez, M. Wasserman
Laboratorio de Investigaciones Básicas en Bioquímica, Departamento de Química, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C. mvgomezr@unal.edu.co

Introducción. La mayoría de genes en eucariotas tienen intrones que deben ser eliminados del ARNm por el *spliceosome*; éste es un complejo formado por cinco ribonucleoproteínas nucleares pequeñas ricas en uridina (UsnRNP). Cada UsnRNP consiste de un ARN nuclear pequeño (snARN), un grupo de proteínas comunes (Sm) y varias proteínas específicas. *Giardia intestinalis*, además de ser causante de diarrea, es un eucariota antiguo y un modelo para estudiar la evolución de los procesos biológicos. Se pensaba que no hacía *splicing*, pero recientemente se reportaron cuatro intrones. Aunque se asume que su remoción es por vía del *spliceosome* y se han identificado *in silico* algunos elementos, su existencia en el genoma y su expresión aún no han sido determinadas. **Métodos.** Se escogió un gen que contiene un intrón, el cual codifica para la proteína ferredoxina; además, se seleccionaron los cinco snARN y dos proteínas Sm (B y D3). Para todos se evaluó su existencia en el genoma por PCR y se determinó su expresión a nivel de mRNA por RT-PCR. **Resultados.** El gen ferredoxina había mostrado tener un intrón. Sin embargo, los autores vieron que menos de 50% era procesado. Encontramos que más de 95% sufre *splicing*, pues observamos prácticamente una sola banda en la RT-PCR del tamaño del producto sin el intrón. Determinamos, además, que todos los componentes analizados del *spliceosome* tenían actividad de transcripción. **Conclusiones.** Dado que algunos componentes del *spliceosome* se transcriben y que el mensajero del gen para ferredoxina sufre *splicing*, o remoción del intrón, probablemente, *G. intestinalis* tiene un *spliceosome* funcional.

KO-23 **Estandarización de un método de detección en agua de quistes de *Giardia* sp., *Blastocystis* sp. y ooquistes de *Cryptosporidium* sp. y aplicación en vigilancia de protozoos en una planta de tratamiento de agua del Quindío**

Fabiana María Lora, Raúl Eduardo Rivera, John Edward García, Jorge Enrique Gómez
GEPAMOL, Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío. gepamol2@uniquindio.edu.co

Introducción. La Resolución 2115 de 2007 obliga a las empresas de agua potable de Colombia a ejercer la vigilancia de *Giardia* sp., *Cryptosporidium* sp. y otros protozoos, y a levantar mapas epidemiológicos de riesgo. Los métodos estándar para la detección son bastante costosos y pueden llevar a encarecer los procesos de control y de tratamiento del agua. **Objetivo.** Desarrollar nuevos métodos de control y vigilancia de estos protozoos. **Materiales y métodos.** Se evaluaron los métodos de detección por centrifugación, uno de concentración por Ritchie y otro por sales. Se inocularon 20 litros de agua pura con las formas parasitarias y se determinó la sensibilidad y la reproducibilidad del método. Esta técnica se validó posteriormente en el campo, tomando 50 muestras en estaciones antes de una planta de tratamiento, durante y después, y se analizaron por microscopio óptico y por inmunofluorescencia. **Resultados.** La prueba tuvo una sensibilidad del 100% y la reproducibilidad fue de 0,9 según el índice kappa. El coeficiente de variación fue de 0,8. En las muestras de

campo, tanto en las fuentes de abastecimiento como en la planta de abastecimiento y en la red de distribución, se encontró como parásito más frecuente *Blastocystis* sp., seguido de *Giardia* sp. y *Cryptosporidium* sp. En el segundo muestreo se confirmó la detección con el método de inmunofluorescencia para *Giardia* sp. y *Cryptosporidium* sp.. **Conclusiones.** Se desarrolló un método eficiente de bajo costo para la detección de protozoos, utilizando métodos microbiológicos clásicos y que pudo ser aplicado con éxito en muestras de una planta de tratamiento y su red de distribución.

KO-25 ***Blastocystis* sp. en fuentes ambientales y relación con infección sintomática en población infantil, Calarcá, Quindío**

Ángela Liliana Londoño, Fabiana María Lora, Juliana Loaiza, Raúl Eduardo Rivera, Jorge Enrique Gómez
Universidad del Quindío, Armenia, Quindío
angelaliliana@yahoo.es

Introducción y Objetivos. Actualmente, se observa una transición parasitaria en la que el primer lugar en frecuencia entre parásitos intestinales del hombre y animales lo ocupa *Blastocystis* sp., parásito anaerobio con historia controversial en cuanto a su ubicación taxonómica y a su capacidad patógena. Las fuentes ambientales son de gran importancia en la relación entre el parásito y el huésped, ya que pueden favorecer la transmisión y la infección. El objetivo fue explorar la relación entre la presencia del parásito en el agua, los animales domésticos, los alimentos y otras fuentes ambientales, con la prevalencia de la infección en niños. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de corte transversal en 245 niños menores de seis años del municipio de Calarcá. Se examinaron las heces de 245 niños mediante el método de concentración de Ritchie, y se visitaron sus viviendas para buscar el parásito en las fuentes analizadas. **Resultados.** La prevalencia de *Blastocystis* sp. fue la siguiente: en el examen coprocópico en niños, 56,5%; en las mascotas, 55,3%; en las uñas (niños, 40%, hermanos, 39,9%, madre, 37%), en el agua del grifo 38%; en el "agua de panela" 49,4%, y en las verduras, 33,9%. No se encontró asociación del parásito en niños con su hallazgo en fuentes ambientales al analizarlas de forma individual o agrupada; tampoco se encontró relación con la presencia de diarrea u otra sintomatología. Las formas más frecuentes fueron la quística y la vacuolar. **Conclusiones.** La prevalencia es elevada en los niños y en las fuentes ambientales. El agua no es la fuente principal de infección; es necesario determinar mediante técnicas moleculares si hay huéspedes específicos con potencial patogénico.

KO-45 **Efecto de la infección con *Encephalitozoon intestinalis* sobre la maduración y la diferenciación de las células dendríticas**

Carmen Elisa Bernal, Katherine Gilchris Ramelli, María Magdalena Zorro, Sonia del Pilar Agudelo, José Robinson Ramírez
Grupo Inmunomodulación y Grupo de Investigación en Parasitosis Intestinales, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia. ramirezpineda@yahoo.com

Introducción y Objetivos. Las células dendríticas son esenciales para promover el inicio de la respuesta inmunitaria a diversas infecciones. Evaluamos la interacción de estas células con las esporas de *Encephalitozoon intestinalis*, microorganismo oportunista causante de diarrea persistente y de infecciones sistémicas. **Materiales y métodos.** Las células dendríticas se incubaron con *E. intestinalis* en presencia o en ausencia de lipopolisacáridos. Se midió la expresión del complejo mayor de histocompatibilidad II, CD86 y CD40 mediante citometría de flujo y la secreción de citocinas por ELISA. Se midió la expresión de CD11c en precursores de médula ósea expuestos a *E. intestinalis*, para evaluar su diferenciación a célula dendrítica. **Resultados.** La infección indujo la maduración de las

células dendríticas a altos títulos de infección y promovió la secreción de IL-6. Además, no interfirió con la expresión de moléculas de superficie inducida por lipopolisacáridos, pero sí inhibió la producción de IL-12. La exposición de precursores de médula ósea a esporas de *E. intestinalis* redujo el número de CD11c+. La neutralización de la IL-6 recobró la capacidad de diferenciación de las CD11c+ a niveles comparables a los del control, lo cual indica que *E. intestinalis* interfiere con la diferenciación de las células dendríticas por medio de un mecanismo dependiente de IL-6.

Conclusiones. *E. intestinalis* induce la maduración de las células dendríticas pero inhibe la producción de IL-12. La exposición de los precursores de médula ósea a *E. intestinalis* inhibe su diferenciación a CD11+ por un mecanismo dependiente de IL-6. Probablemente, *E. intestinalis* utiliza estos mecanismos para evadir la respuesta inmunitaria del huésped y permitir el establecimiento de la infección.

KO-7 Identificación, análisis evolutivo y actividad de tripsinas proteasas en parásitos Apicomplexa

Juan Felipe Osorio, Aylan Farid Arenas, Jorge Enrique Gómez
Universidad del Quindío, Armenia, Quindío
juanfelipe84@gmail.com

Introducción y Objetivos. Apicomplexa es un grupo de protozoos parásitos intracelulares de importancia médica. Sus proteasas se consideran blancos terapéuticos y candidatos para vacuna, ya que cumplen papeles importantes en su biología. Las tripsinas es una de las subfamilias de proteasa de serina más grande en procariotas y eucariotas. A pesar de que hay resultados que sustentan su expresión en Apicomplexa, no se han identificado los genes para tripsinas. Por esta razón, se planteó como objetivo identificar y analizar por bioinformática estos genes, y evidenciar la expresión y la actividad de proteasa de uno de ellos.

Materiales y métodos. Se utilizaron dos estrategias para buscar genes de tripsinas en Apicomplexa: 1) BLASTP usando secuencias de dominios tripsina de procariotas y eucariotas, 2) perfil HMM construido con un alineamiento múltiple de dominios tripsina. Se construyeron árboles filogenéticos de los genes identificados en los Apicomplexa y otros organismos. Uno de los genes identificados en *Toxoplasma gondii* fue amplificado por RT-PCR y expresado por baculovirus. Con esta proteína recombinante se realizaron ensayos de actividad de proteasa con azocol.

Resultados. Se identificaron 16 genes para tripsinas en ocho especies de Apicomplexa. Los análisis filogenéticos sugieren que se originaron por transferencia intracelular desde un endosimbionte y por transferencia vertical. Por bioinformática, se predijeron diversas localizaciones subcelulares y dominios para las tripsinas. Se confirmó la expresión y la actividad de proteasa de uno de los tres genes identificados en *T. gondii*.

Conclusiones. Se presenta el primer reporte, análisis funcional y evolutivo de genes para tripsinas proteasas en Apicomplexa. Se demuestran la expresión y la actividad de proteasa de un gen para tripsina en *T. gondii*.

KO-24 Estandarización de un método eficiente para la extracción de ADN de *Plasmodium falciparum* desde muestras clínicas recolectadas en papel filtro

Jacqueline Chaparro-Olaya, Felipe Andrés Gaitán Albarracín,
Paula Hernández Atehortúa, Angela Patricia Guerra Vega
Universidad El Bosque. Laboratorio de Parasitología Molecular.
jchaparroolaya@yahoo.com

Introducción y Objetivos. El método molecular más popular para analizar resistencia de *Plasmodium falciparum* a antimaláricos, es la detección de mutaciones en genes específicos del parásito. Para estos estudios, las muestras clínicas son generalmente recolectadas sobre papel filtro; sin embargo, la extracción de ADN a partir de filtros es ineficiente cuando las muestras han sido almacenadas largo

tiempo y en ocasiones se produce ADN de vida media muy corta.

Materiales y métodos. Se modificaron cuatro métodos tradicionalmente reportados para extraer ADN de *Plasmodium* a partir de muestras recolectadas en papel filtro. Para monitorear el éxito de la extracción se hizo PCR para amplificar el gen transportador de la resistencia a Cloroquina. **Resultados.** Los métodos de extracción modificados fueron eficientes para extraer ADN de muestras clínicas recolectadas muchos años atrás. El método basado en Metanol fue el menos reproducible, el método basado en NaOH fue el que menos material produjo y los métodos basados en Saponina/Chelex o Tween/Chelex fueron los más eficientes, particularmente el segundo. **Conclusiones.** En este trabajo se estandarizó un método para extraer ADN de *P. falciparum* a partir de muestras recolectadas en papel filtro, el cual fue eficiente independientemente de la parasitemia y del tiempo de almacenamiento de la muestra. Ensayos de PCR hechos 1 año después de la extracción demostraron que el ADN mantuvo la calidad para ser usado en ensayos de genotipificación. El método estandarizado permitió extraer ADN de muestras clínicas de las cuales no se había logrado hacer extracción por los métodos tradicionalmente reportados.

KP-41 Diversidad de los genes *msp-1* y *msp-2* de *Plasmodium falciparum* en cuatro localidades de Colombia

Astrid Elena Montoya, Ana Mercedes Rada, José Carlos Men-
co, Marcos Restrepo
Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Medellín, Antioquia
astrid.montoya@colmayor.edu.co

Introducción y Objetivos. El análisis de la estructura y de la complejidad genética de las poblaciones de *Plasmodium falciparum* que circulan en áreas endémicas para la malaria, es importante para definir la aplicación de medidas eficaces para el control de la enfermedad. La comprobación de la variabilidad inherente de *P. falciparum*, se logra, entre otras formas, explorando las regiones polimórficas de los genes, entre ellos, los de copia única, como *msp1* y *msp2* que codifican las proteínas de superficie del merozoito MSP1, MSP2.

Materiales y métodos. En 418 pacientes con diagnóstico de malaria por *P. falciparum*, se analizaron la frecuencia y la diversidad de las familias alélicas de los genes *msp-1* y *msp-2* en las poblaciones del parásito que circulan en las localidades de Apartadó, El Bagre, Montelibano y Tierralta, identificando los alelos K1, RO33, IC y FC por la técnica de reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (RT-PCR) y, la familia de alelos MAD20, por PCR convencional. **Resultados.** Se encontraron cuatro alelos para *msp-1*, siendo el más frecuente MAD20 (45%) y, para *msp-2*, siete alelos, cinco de ellos correspondientes a la familia IC con una frecuencia de 72,4%. La mayor diversidad de alelos para *msp-1* se observó en Tierralta (H=0,669) y Apartadó (H=0,6639) y, para *msp-2*, en El Bagre (H=0,817). También, se encontró infección múltiple en 80,4% de los pacientes. **Conclusiones.** Este estudio reporta la presencia de nuevos genotipos del parásito, la mayor diversidad de alelos para estos genes informada hasta el momento en Colombia, así como una alta frecuencia de infección múltiple.

KO-51 Respuesta de citocinas en toxoplasmosis ocular

E. Torres, L. M. Escobar, A. De la Torre, J. E. Gómez-Marín, J. C.
Sepúlveda-Arias
Grupo GEPAMOL, Facultad de Ciencias de la Salud, Univer-
sidad del Quindío. Grupo Infección e Inmunidad, Facultad de
Ciencias de la Salud, Universidad Tecnológica de Pereira

Introducción y objetivos. La toxoplasmosis ocular es un fenómeno mediado por la respuesta inmunitaria, pero sus mecanismos patogénicos no están muy bien entendidos. Los linfocitos T CD4+

y sus productos IFN γ y FNT α son esenciales en la patogénesis de la toxoplasmosis ocular. **Materiales y métodos.** Se estudiaron tres voluntarios sanos sin lesión ocular y sin anticuerpos para *Toxoplasma*, dos voluntarios con anticuerpos específicos IgG anti-*Toxoplasma* sin lesión ocular, ocho pacientes con toxoplasmosis ocular activa y trece pacientes con toxoplasmosis ocular en fase inactiva. Se cultivaron 50 microlitros de sangre total durante cinco días con antígeno de *Toxoplasma* (TAG), ConA, péptido 2017 de la proteína P30 y tres secuencias de péptidos, ROPI, ROPII y ROPIII. Se determinaron los niveles de IFN γ , FNT α e IL-10 en los sobrenadantes de cultivo mediante ELISA. **Resultados.** No se encontró producción de citocinas específicas para el antígeno en el grupo de seronegativos. Se encontró respuesta de citocinas específicas en los pacientes infectados sin lesión ocular y en los pacientes con toxoplasmosis ocular (activos e inactivos). En aquellos con toxoplasmosis ocular inactiva, hay mayor producción de IL-10 que en pacientes con lesión activa, ante el estímulo con TAG, ROPI y ROPII. **Conclusiones.** Se encontró una respuesta de citocinas específicas en pacientes seropositivos y en pacientes con lesión ocular, con una tendencia a ser más fuerte en aquellos con toxoplasmosis ocular en fase inactiva. Llama la atención la mayor producción de IL-10 en pacientes con lesión ocular inactiva.

KO-52 Estudio del complejo telomerasa de *Plasmodium falciparum*

Eliana Patricia Calvo, Moisés Wasserman
Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.
epcalvot@unal.edu.co

Introducción y Objetivos. En células eucariotas, por cada división celular se presenta una pérdida de ADN telomérico, fenómeno conocido como el problema de la replicación final. En ausencia de mecanismos que compensen la pérdida, luego de un número determinado de divisiones celulares, los telómeros alcanzan una longitud crítica, que causa interrupción del crecimiento, senescencia y muerte celular. La solución al problema es la adición de secuencias teloméricas, llevada a cabo por un complejo ribonucleoproteico denominado telomerasa. En presencia de telomerasa, los telómeros se mantienen y las células alcanzan un estado de crecimiento indefinido o "inmortalización". Dado que la actividad de telomerasa podría ser el mecanismo que le confiere la capacidad de proliferación casi indefinida a *Plasmodium falciparum*, este trabajo se enfocó en analizar el patrón de expresión de los componentes del complejo telomerasa. **Materiales y métodos.** La detección de la subunidad proteínica (PfTERT) se realizó por ensayos de Western blot e inmunofluorescencia. La detección de la subunidad ARN (PfTER) se hizo por RT-PCR. **Resultados.** Los dos componentes del complejo telomerasa fueron detectados en los tres estadios de desarrollo del parásito, pero de manera aumentada en el estadio de trofozoito y esquizonte. La PfTERT se detectó en extractos de citosol y nucleares, que coincidió con su patrón de localización. **Conclusiones.** La PfTERT y la PfTER se detectaron a lo largo del ciclo intraeritrocítico. El pico de expresión de los dos genes concuerda con las etapas de desarrollo en las que ocurren múltiples rondas de replicación de ADN.

KO-10 Tasas de infección natural por *Plasmodium falciparum* y *Plasmodium vivax* en *Anopheles nuneztovari* s.l. y *Anopheles darlingi* en Antioquia, Córdoba y el Valle del Cauca, Colombia

Doris Amanda Rosero, Giován Fernando Gómez, Nelson Jezzid Naranjo, Lina Andrea Gutiérrez, Shirley Luckhart, Jan Conn, Margarita María Correa
Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
mcorrea@quimbaya.udea.edu.co

Introducción y Objetivos. Colombia es uno de los países de Latinoamérica con mayor transmisión de malaria. La estimación de la infec-

ción natural por *Plasmodium* spp. en mosquitos anófeles es un aspecto importante para determinar el papel de las especies de *Anopheles* en la transmisión de la malaria en las regiones endémicas. **Materiales y métodos.** En este trabajo se evaluó la infección natural por *Plasmodium* spp. de mosquitos *Anopheles* spp., utilizando una prueba ELISA y confirmación por PCR anidada. Se analizaron 5.418 *Anopheles* spp. recolectados en los departamentos de Antioquia, Córdoba y el Valle del Cauca, los que fueron identificados por morfología y confirmados por PCR-RFLP-ITS2. **Resultados.** En Buenaventura, Valle del Cauca, se encontraron dos *An. nuneztovari* s.l. infectados por *P. vivax* VK247, lo que corresponde a la mayor tasa de infección (1,8%). En Antioquia se detectaron: un *An. darlingi* infectado por *P. falciparum*, en Vigía del Fuerte (0,09%); un *An. darlingi* infectado por *P. vivax* VK210 (0,28%), y un *An. nuneztovari* s.l. por *P. vivax* VK247 (0,62%), en El Bagre. En Puerto Libertador, Córdoba, se encontraron tres *An. nuneztovari* s.l. infectados por *P. falciparum* (1) y *P. vivax* VK210 (2), con una tasa de infección de 0,15%. **Conclusiones.** Estos resultados sugieren la participación de estas especies en la transmisión de la malaria en las zonas estudiadas y permitirán establecer estrategias de control específicas para estos anofelinos.

KO-40 Anemia en la malaria aguda

Lía Judith Palacio-Delgado, Lina Marcela Zuluaga, Ana del Mar Cortina
Grupo Malaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia
liapalacio@gmail.com

Introducción y Objetivos. La anemia es un problema de salud pública en el mundo y, frecuentemente, coexiste con infecciones como la malaria y explica más de la mitad de las muertes infantiles por malaria en África. El estudio de las variaciones del eritrograma en los pacientes con malaria es útil para comprender la fisiopatología de la anemia, su diagnóstico y tratamiento. El objetivo fue describir los cambios relacionados con los glóbulos rojos en la enfermedad por malaria aguda. **Materiales y métodos.** Análisis descriptivo y retrospectivo de 792 hemogramas automatizados de pacientes con malaria, de diferentes regiones endémicas colombianas, 503 con *Plasmodium falciparum* y 289 con *P. vivax*. Se elaboró el perfil del eritrograma según la edad y la especie del parásito. **Resultados.** El 51% de los pacientes presentó anemia, 38% en menores de 15 años (66%, normocítica) y 56% en mayores de 15 años (61%, microcítica). El 2% del total tuvo anemia grave (hemoglobina menor de 7 mg/dl). No hubo diferencias estadísticamente significativas en los valores de hemoglobina según la especie del parásito. En el 28%, el ADE (ancho de la distribución eritroide) indicó anisocitosis. **Conclusiones.** Más de la mitad de los pacientes tenían anemia. Llama la atención que ésta fue mayor en el grupo de los mayores de 15 años, ya que la literatura ha descrito mayor frecuencia en los niños. La frecuencia de la anemia no fue diferente según la especie de *Plasmodium*, lo cual contrasta con la mayoría de las publicaciones que reportan anemia, principalmente, con *P. falciparum*. La mayor incidencia de anemia microcítica, especialmente en los adultos, puede relacionarse con estados carenciales previos a la infección palúdica.

KO-37 Hallazgos en el leucograma de pacientes con malaria

Andrés Felipe Miranda, Alberto Tobón, Gonzálo Álvarez
Grupo Malaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
mirandaarboleda@gmail.com

Introducción y Objetivos. Las manifestaciones hematológicas más descritas en malaria comprenden la trombocitopenia y la anemia; las alteraciones del conteo leucocitario han sido poco informadas y con resultados discordantes. El conocimiento de las variaciones del leuco-

grama en estos pacientes podría ser útil en el diagnóstico y como indicador del curso y evolución de la enfermedad, al igual que ocurre en otras infecciones. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo y retrospectivo de 792 hemogramas automatizados de pacientes con malaria de diferentes regiones endémicas colombianas, 503 casos de *Plasmodium falciparum* y 289 de *P. vivax*. Se elaboró un perfil de los conteos de los leucocitos en pacientes con malaria según la especie, y la presencia o la ausencia de complicaciones clínicas, ajustados por la edad. **Resultados.** El conteo de leucocitos fue normal en 85%; la linfopenia fue la alteración más frecuente (28%), seguida de eosinofilia (18%), leucopenia (12%), monocitosis (8%) y neutrofilia (4,5%). De los pacientes con *P. falciparum*, 64 (12%) presentaron complicaciones. No se encontró diferencia significativa en la mediana de los conteos de la serie blanca por especie, ni entre pacientes complicados y sin complicaciones (U Mann-Whitney, $p > 0,05$). **Conclusiones.** Predominaron los conteos normales del leucograma, sin tendencia a la disminución o al aumento en los conteos, similar a lo descrito en la literatura. Los hallazgos no se asociaron con riesgo de complicaciones, ni fueron diferentes por especie. En la malaria, diferente a lo que sucede en otras infecciones, la leucocitosis no es un hallazgo constante; por lo tanto, en el contexto de los pacientes con malaria y con modificaciones significativas en el leucograma, debe tenerse presente la posibilidad de infección concomitante.

KO-39 Trombocitograma de pacientes colombianos con malaria por *Plasmodium vivax* y *Plasmodium falciparum*

Shirley Jolianiz, William McEwen, Alberto Tobón
Grupo Malaria, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
malaria@arhuaco.udea.edu.co

Introducción y Objetivos. Las alteraciones plaquetarias son un hallazgo hematológico muy frecuente en malaria. La trombocitopenia ha sido ampliamente estudiada, pero no las alteraciones de los parámetros morfológicos plaquetarios, tópicos del que se desconoce su utilidad clínica. En la malaria por *Plasmodium vivax* los reportes del conteo de plaquetas son escasos. El objetivo fue describir las alteraciones plaquetarias en la malaria. **Materiales y métodos.** Se hizo un análisis descriptivo y retrospectivo de 772 plaquetogramas automatizados de pacientes con malaria, 288 con *P. vivax* y 484 con *P. falciparum* (64 de éstos con malaria grave). Se analizó el conteo, ancho de distribución plaquetaria volumen medio plaquetario y plaquetócrito, según especie infecciosa, edad y presencia de complicación clínica. **Resultados.** Del total de casos, se encontró trombocitopenia en 65%, volumen medio plaquetario normal en 82,8% y bajo en 16,9%, ancho de distribución plaquetaria alto (68,8%), plaquetócrito normal en 62,8% y bajo en 35,4%. Por grupo etario, no hubo diferencias en las variables analizadas. Por especie, se encontró diferencia estadísticamente significativa en el plaquetócrito bajo (43,5% en *P. vivax* Vs. 29,2% en *P. falciparum*) y volumen medio plaquetario bajo (10,8% en *P. falciparum* Vs. 28,8% en *P. vivax*). Entre los casos de *P. falciparum*, predominó la anisocitosis (72%) en los pacientes complicados ($p < 0,05$). **Conclusiones.** En malaria se producen alteraciones significativas de los índices de la morfología plaquetaria, pero no conocemos sus implicaciones. El hallazgo más frecuente fue la anisocitosis importante. La malaria por *P. vivax* afecta de forma similar el trombocitograma que la malaria por *P. falciparum*, lo cual genera inquietud sobre su mayor cuidado. Es necesario profundizar en el estudio de los cambios en la morfología plaquetaria en la malaria, y reconocer sus implicaciones y la utilidad clínica.

KO-30 Determinación de la parasitemia por *Toxoplasma gondii* en personal de la Fuerzas Militares de Colombia

Néstor Iván Cardona-Pérez, Martha Catalina Álvarez, Alejandra De la Torre, Claudia Herrera, Jorge Enrique Gómez-Marín
Grupo de Estudio en Parasitología Molecular, Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío; CIMPAT, Universidad de los Andes, Bogotá, D.C.

Introducción. En el ejército de Colombia se han desarrollado estrategias preventivas para la leishmaniasis y la malaria, pero no para la toxoplasmosis, la cual ha producido brotes de infección aguda en esta población. No se conoce si existen diferencias en el porcentaje de soldados con parasitemia, entre los que operan en la ciudad y los que lo hacen en la jungla. **Materiales y métodos.** Se recolectaron 501 muestras de sangre de soldados que operan en la selva y se compararon con las muestras de un grupo de 502 soldados que operan en la zona urbana de Bogotá. Se determinó la presencia de IgG anti-*Toxoplasma* por ELISA indirecto. En las muestras con presencia de anticuerpos específicos, se aplicó PCR en tiempo real para amplificar la secuencia RE (AF146527) de *Toxoplasma gondii*, con 300 repeticiones dentro del genoma. **Resultados.** Las muestras positivas para IgG anti-*Toxoplasma* fueron: 402 en el grupo de soldados de la selva (grupo 1) y 222 en el grupo de soldados de Bogotá (grupo 2). En estas muestras por PCR en tiempo real se encontró que 98 (24%) del grupo 1 y 35 (15.7%) del grupo 2 fueron positivas. Los soldados que operaban en la selva tuvieron una mayor probabilidad de tener parasitemia que los soldados que operaban en la ciudad, de manera estadísticamente significativa (OR=1,54; IC95% 1,09-2,19) ($p = 0,014$). **Conclusión.** Los soldados que operan en la selva están expuestos a un mayor riesgo de infección por toxoplasma y presentan una mayor parasitemia. Se requieren estudios de seguimiento para evaluar el impacto en la salud de este hallazgo en esta población.

Proyecto código Colciencias 111345921433-2

KO-27 Prevalencia de anticuerpos anti-*Toxoplasma gondii* en personal militar en operaciones de patrullaje en la región suroriental de Colombia y en Bogotá

Catalina Álvarez, Claudia Herrera, Patricia Barrios, Alejandra De la Torre, Jorge Enrique Gómez
Universidad de los Andes, Fuerzas Militares de Colombia - Ejército Nacional, Universidad Militar Nueva Granada, Hospital Militar, Bogota, Colombia, Grupo Parasitología Molecular (GEPAMOL), Centro de Investigaciones Biomédicas, Facultad de Ciencias de la Salud, Universidad del Quindío, Armenia,

Introducción y Objetivos. El número de soldados en Colombia que realiza operaciones en la selva ha aumentado significativamente en los últimos años. No se conoce la prevalencia de la toxoplasmosis, una enfermedad tropical emergente en el personal militar. **Materiales y métodos.** Se evaluaron 1.002 soldados, 501 soldados que operaban en la selva, pertenecientes a la fuerza de despliegue rápido (FUDRA) y 501 soldados del área urbana (Bogotá), con muestras de sangre y encuesta de factores de riesgo con consentimiento informado. Las muestras se evaluaron por la técnica ELISA IgG. El análisis de los factores de riesgo asociados se realizó mediante el programa EpiInfo 6. **Resultados.** Comparamos la prevalencia y los factores de riesgo asociados, y encontramos diferencias significativas en la prevalencia entre los dos grupos (80% en soldados que operaban en la selva Vs. 45% en los soldados del área urbana). Estas diferencias siguen siendo significativas, aun después de controlar por factores como edad, tiempo de servicio en las fuerzas militares y visitas a la regiones amazónicas

(OR ajustado, 11,4; IC95% 3,8-34; p=0,0000). Los factores de riesgo asociados de manera estadísticamente significativa a una mayor prevalencia fueron: consumo de carne a medio cocer, beber de agua de fuente natural y consumo de animales silvestres. **Conclusiones.** Existe una alta seroprevalencia para toxoplasmosis en el personal militar en Colombia. Antes de iniciar operaciones en la selva, todos los soldados deberían ser evaluados con la medición de los anticuerpos anti-toxoplasma y recibir información sobre el uso de filtros personales para purificar el agua de consumo.

Proyecto código Colciencias 111345921433-2

KP-19 Clonación y expresión de la dihidroorotasa de *Toxoplasma gondii* en el vector pET-19b

María Consuelo Rocha, Manuel F. Garavito, Miryam Andrea Hortúa, Sonia M. Robles, Barbara H. Zimmermann
Universidad de los Andes, Bogotá, D.C.
mari-roc@uniandes.edu.co

Toxoplasma gondii es un parásito intracelular obligado que afecta, aproximadamente, un tercio de la población mundial. Los tratamientos actuales contra *T. gondii* van dirigidos a interferir con el metabolismo del ácido fólico. Sin embargo, se ha visto que el parásito puede generar resistencia a estos medicamentos. La ruta de síntesis *de novo* de las pirimidinas es un blanco potencial para el diseño de nuevos medicamentos, ya que las enzimas de *T. gondii* difieren de las enzimas del huésped. Además, los estudios realizados en parásitos mutantes carentes de la primera enzima de la ruta (CPSII), muestran que pierden su virulencia y capacidad de replicación. Este estudio se enfoca en la tercera enzima de la ruta, la dihidroorotasa de *T. gondii*. La enzima fue subclonada en el vector pET-19b para su expresión. Se analizó la secuencia con herramientas bioinformáticas y se obtuvo un modelo de su estructura terciaria para *docking* molecular de inhibidores para dihidroorotasa. Se obtuvo una enzima recombinante de 45 kDa. A partir del análisis bioinformático se observó que la enzima de *T. gondii* sólo presenta 27% de identidad con la del hombre y 30% con la de *Escherichia coli*, clasificándola dentro del tipo IIa de las dihidroorotasa. Se obtuvo una lista de inhibidores potenciales de la dihidroorotasa de *T. gondii* a partir del *docking* molecular. La clonación y la expresión de dihidroorotasa de *T. gondii* permitirán evaluar en el futuro su actividad enzimática y los inhibidores obtenidos *in vitro*.

KP-21 Identificación de hemoparásitos del género *Babesia* sp. en bovinos en tres fincas de la vereda Avisay del Cerro, Yacopí, Cundinamarca, segundo periodo del 2009

Julio César Giraldo, Derly Vega, Andrea Hurtado
Universidad INCCA de Colombia, Bogotá, D.C.
jcesargiraldo@gmail.com

Introducción y objetivos. Las pérdidas anuales en la ganadería en el mundo, se estiman en 7.000 millones de dólares según la FAO, a causa del insecto que transmite el hemoparásito *Babesia bovis*, que son garrapatas del género *Boophilus microplus*. *B. bovis* es transmitido por el estado larvario de las hembras. El objetivo fue determinar la presencia del hemoparásito en la vereda de Avisay del Cerro y calcular su frecuencia. **Materiales y métodos.** Previo consentimiento informado y diligenciamiento de una ficha epidemiológica, a 123 especímenes se les tomó un frotis sanguíneo por punción del pabellón auricular, a los cuales se les hizo tinción de Giemsa y examen microscópico con lectura por triplicado y doble ciego. **Resultados.** En 118/123 se observaron eritrocitos con presencia del parásito en forma anular, que corresponde a 95,9%, y con características morfológicas del gé-

nero *Babesia* y presuntiva de la especie *B. bovis*, según lo descrito por Kessler en 1995. **Conclusiones.** La frecuencia de este hemoparásito en la vereda (95,9%), hace manifiesta que esta entidad es de altísima prevalencia en la zona y corrobora lo expuesto en la literatura con respecto a estudios realizados en otras regiones de Colombia; no hubo diferencia para estar parasitado según raza, sexo y edad de los animales, ya que coexisten el agente etiológico y el vector para su transmisión. En Colombia, éste es un serio problema de salud pública en el campo médico veterinario que ocasiona disminución en la producción ganadera, con manifestaciones clínicas que incluyen fiebre, anorexia, hemoglobinuria y anemia, entre otras.

KO-26 Valor diagnóstico como prueba confirmatoria de la PCR en tiempo real en muestras de humor acuoso en pacientes con toxoplasmosis ocular

Alejandro Hernández, Alejandra De la Torre, Néstor Cardona, Jorge Enrique Gómez
Universidad del Quindío, Armenia, Quindío
nandez23@gmail.com

Introducción y Objetivos. La toxoplasmosis es la infección producida por el protozoo *Toxoplasma gondii*, el cual infecta hasta una tercera parte de la población. Este parásito es una causa importante de enfermedad ocular, es la etiología más común de la retinocoroiditis infecciosa en individuos inmunocompetentes y es causa de ceguera congénita prevenible en Colombia. Existe dificultad en su diagnóstico, dada la gran semejanza en la presentación clínica con otras etiologías infecciosas o autoinmunitarias que, también, pueden llevar a cuadros de uveítis. Por lo tanto, se planteó la utilización de la PCR en tiempo real en humor acuoso de pacientes con toxoplasmosis ocular como prueba confirmatoria. **Materiales y métodos.** Se analizaron 32 muestras de humor acuoso de 21 pacientes con toxoplasmosis ocular y 11 pacientes con otras etiologías de uveítis o muestras tomadas durante cirugía de cataratas. En todos los pacientes se realizó la prueba para IgG anti-*Toxoplasma* en muestras de suero, con el estuche comercial de ELISA indirecta, y se utilizó una PCR en tiempo real para amplificar el fragmento repetitivo RE (AF146527) de *T. gondii*, el cual es un fragmento repetido 300 veces dentro del genoma. **Resultados.** La prueba de PCR en tiempo real fue positiva en 11 (52%) muestras positivas y no lo fue en ninguna de las muestras de pacientes con uveítis de otras etiologías o en cataratas. **Conclusiones.** La PCR en tiempo real permitió confirmar 52% de los casos con cuadros de toxoplasmosis ocular. Esta prueba es un apoyo en el diagnóstico de esta entidad, tan frecuente en Colombia.

Proyecto código Colciencias 111345921861

KO-3 Respuesta CD4+ y CD8+ a los péptidos derivados de las proteínas P30 y ROP18 en la toxoplasmosis ocular

Elizabeth Torres, Alejandra De la Torre, Juan Carlos Sepúlveda, Manuel Alfonso Patarroyo, Jorge Enrique Gómez
Universidad del Quindío, Armenia, Quindío
etorres@uniquindio.edu.co

Objetivo. Analizar la respuesta de los linfocitos frente a péptidos derivados de dos proteínas del parásito: la proteína de superficie P30 y la proteína ROP18, un factor de virulencia en el modelo de infección en el ratón. **Materiales y métodos.** Se estudiaron los linfocitos de cuatro voluntarios sin lesión ocular y sin anticuerpos para *Toxoplasma* sp., cinco voluntarios con presencia de anticuerpos específicos IgG anti-*Toxoplasma* y sin lesión ocular, ocho muestras de pacientes con toxoplasmosis ocular en fase activa y seis de pacientes con toxoplasmosis ocular en fase inactiva. El

control negativo fueron células con el medio RPMI y el control positivo, ConA y estimulación con antígeno total soluble de *Toxoplasma*. Se usaron péptidos de la proteína ROP18 de *Toxoplasma* sp. para cada tipo de clon. Se usó el péptido 2017 de la proteína P30. Para la cuantificación de las poblaciones de linfocitos se marcaron los leucocitos con el reactivo Cyto Stat triChrome® (Beckman Coulter), que incluye: CD8 FITC/ CD4 RD1/ CD3 PC5. Se utilizó el citómetro de flujo Beckman Coulter Cytomics FC 500®. **Resultados.** Se encontró un aumento significativo en la proliferación de los linfocitos CD4+ y CD8+ de los pacientes con infección frente a los estímulos de antígeno total (excepto los inactivos) y para los péptidos ROP I, ROP II y ROP III, excepto para ROP II en los que no tenían cicatriz. **Conclusiones.** Se encontró una respuesta celular específica contra péptidos derivados de proteínas de *Toxoplasma gondii* mediada por CD4+ y por CD8+, y que fue más intensa en pacientes en fase activa.

KO-46 Evaluación del kit comercial de Western blot LDBIO-Toxo® (IgM/IgA) y la técnica de PCR en tiempo real para el diagnóstico confirmatorio de toxoplasmosis congénita en el primer mes de vida

Raúl Eduardo Rivera, Fabiana María Lora, Jorge Enrique Gómez, Néstor Iván Cardona
Centro de Investigaciones Biomédicas Universidad del Quindío, Armenia, Quindío. rriveraquiroya@hotmail.com

Objetivo. Evaluar el kit comercial de Western blot LDBIO-Toxo® IgM/IgA y la técnica PCR en tiempo real (qPCR) como pruebas confirmatorias del diagnóstico de toxoplasmosis congénita, en el primer mes de vida. **Materiales y métodos.** Se remitieron muestras de sangre y suero de niños, tomadas en el primer mes de vida, al Centro de Investigaciones Biomédicas de la Universidad del Quindío, entre marzo de 2009 y febrero de 2010. Se utilizaron para llevar a cabo la prueba de Western blot (IgM/IgA) y la qPCR amplificando el gen *B1* y el fragmento repetitivo. El diagnóstico acertado de infección se determinó por aparición de síntomas como ictericia, hepatoesplenomegalia, macrocefalia, dilatación ventricular, presencia de IgM o IgA específica positiva por ISAGA o ELISA, o persistencia de IgG o aumento significativo (mayor de 10% de los niveles en UI/ml) entre muestras tomadas durante el seguimiento de un año. **Resultados.** Se obtuvieron ocho muestras de niños con toxoplasmosis congénita y ocho niños negativos para la infección. La sensibilidad para la prueba de Western blot (IgM) fue de 100% (8/8) y para el Western blot (IgA) fue de 87,5% (7/8); y la especificidad fue de 75% (6/8) para el Western blot (IgM e IgA). Para la prueba de qPCR, amplificando el fragmento repetitivo, se obtuvo una sensibilidad de 50% (4/8) y una especificidad de 100% (8/8). No se obtuvo ninguna amplificación utilizando el gen *B1*. **Conclusiones.** El kit comercial de Western blot LDBIO-Toxo® para la detección específica de anticuerpos IgM, en este caso, muestra ser la prueba más sensible para la confirmación precoz de toxoplasmosis congénita.

KO-43 Detección molecular de *Leishmania* spp. en lesiones cutáneas del personal del Ejército Nacional de Colombia expuesto en zonas endémicas

Jimena Jojoa, Claudia Méndez, Sandra Bello, Rocío Fernández, Johana Hernández, Claudia Castro
Laboratorio de Referencia e Investigación en Enfermedades Tropicales, Dirección de Sanidad, Ejército Nacional, Bogotá, D.C. clamacaos@hotmail.com

Introducción y Objetivos. La leishmaniasis es una enfermedad parasitaria producida por protozoos del género *Leishmania*. Anualmente se reportan dos millones de casos nuevos en el mundo; en Colombia, la incidencia aumentó notoriamente desde el 2005, ante el gran número de casos reportados por las fuerzas militares, las cuales presentan un gran número de bajas operacionales dadas las dificultades en el diagnóstico temprano de la enfermedad, razón por la cual es necesario contar con herramientas más específicas y sensibles. El objetivo del estudio fue determinar la utilidad de la PCR en el diagnóstico de leishmaniasis cutánea en el personal del Ejército Nacional de Colombia expuesto en

zonas endémicas. **Materiales y métodos.** Se incluyeron 349 pacientes con lesiones presuntivas de leishmaniasis cutánea, previo consentimiento informado. Se recolectaron datos demográficos y epidemiológicos de los pacientes y se realizó frotis directo, cultivo y PCR específica para el género *Leishmania*, y se amplificó una región conservada del cinetoplasto. **Resultados.** El 44,7% de los pacientes había presentado más de un episodio anterior de la enfermedad y 47,0% tenía un tiempo de evolución menor de 30 días. Las metodologías fueron positivas así: por PCR, 97,1% (338/349), por cultivo en 7,8% (27/349) y por frotis directo en 47,1% (163/349). **Conclusiones.** Se demostró la gran utilidad de la PCR como alternativa para el diagnóstico de la leishmaniasis cutánea, la cual facilitó el diagnóstico y el establecimiento del tratamiento de manera temprana, evitando la evolución de las lesiones. Sin embargo, es necesario el diagnóstico específico de especie ante los fracasos terapéuticos y la resistencia al tratamiento observada.

KP-44 Validación de tres metodologías de laboratorio para el diagnóstico de la leishmaniasis cutánea

Johana Hernández, Claudia Méndez, Sandra Bello, Rocío Fernández, Jimena Jojoa, Claudia Castro
Laboratorio de Referencia e Investigación en Enfermedades Tropicales, Dirección de Sanidad, Ejército Nacional, Bogotá, D.C. clamacaos@hotmail.com

Introducción y Objetivos. El diagnóstico de la leishmaniasis cutánea en Colombia se basa, principalmente, en el análisis microscópico de material obtenido de la lesión. Sin embargo, una alta proporción de casos dejan de detectarse debido a problemas relacionados con la calidad de la muestra, el número de parásitos y la evolución de la enfermedad. El presente estudio buscó validar el uso de las metodologías diagnósticas convencionales, tales como el examen microscópico y el cultivo, frente a un método molecular basado en la PCR, en la población militar, la cual es blanco de alto riesgo para la enfermedad. **Materiales y métodos.** Se incluyeron en el estudio 349 pacientes del Ejército Nacional con leishmaniasis cutánea sin tratamiento, previo consentimiento informado. A cada paciente se le tomaron tres muestras, consistentes en aspirado, raspado y linfa del borde activo de la lesión, para frotis, microcultivo y PCR. **Resultados.** Luego de la validación de las metodologías en el laboratorio, 163 muestras resultaron positivas en el análisis directo; se obtuvieron cultivos positivos en 27 muestras y la PCR fue positiva en 338 muestras. Por otra parte, el 90% de los cultivos positivos tuvieron resultado positivo en el examen directo y hubo una concordancia del 100% entre los resultados del examen directo, el cultivo o ambos, y la PCR. **Conclusiones.** El uso combinado de las metodologías del diagnóstico convencional y los métodos moleculares incrementa la probabilidad de éxito del diagnóstico de la leishmaniasis cutánea, bajo las condiciones presentadas por los pacientes del Ejército Nacional, y la PCR mostró la mayor sensibilidad.

KO-35 Detección de blancos moleculares y anotación de genes en *Leishmania* spp. mediante la generación de la red de proteínas

Carlos Enrique Muskus, Andrés Felipe Flórez, Jairo Espinosa
Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
carmusk@yahoo.com

Introducción y Objetivos. La leishmaniasis es una infección parasitaria de distribución mundial. Los medicamentos para el tratamiento presentan efectos secundarios y la eficacia ha disminuido debido a la aparición de cepas resistentes. El panorama terapéutico es incierto debido a la ausencia de nuevos medicamentos prometedores. En este trabajo se realizó una aproximación bioinformática para detectar proteínas esenciales que puedan ser evaluados como blancos de medicamentos y se anotó la función de proteínas hipotéticas. El objetivo fue detectar y anotar proteínas esenciales en el proteoma de *Leishmania* que puedan ser evaluadas como blanco de medicamentos. **Materiales y métodos.** La red de interacción proteica de *Leishmania major* se

construyó mediante tres métodos validados: PSIMAP, PEIMAP e iPfam, obteniendo una red de alta confianza (>0,70). Se emplearon parámetros como centralidad, grado de conectividad y esquema de doble puntaje, para determinar las proteínas esenciales en la red. Se anotó, además, la función de los genes desconocidos con base en el análisis de agrupamiento. **Resultados.** Con los tres métodos se identificaron 1.366 nodos y 33.861 interacciones. De éstos, 142 proteínas se identificaron como blanco potencial de medicamentos y se filtraron con el proteoma humano. Además, se predijo la función de 263 proteínas hipotéticas. **Conclusiones.** Se reconstruyó, por primera vez, la red de interacción proteínica de *L. major*. El análisis topológico permitió identificar un grupo de proteínas como esenciales, sin contraparte en el humano, y se anotó la función de los genes. Estas aproximaciones a la bioinformática podrían acelerar el proceso del descubrimiento de blancos de medicamentos, no sólo contra *Leishmania* spp. sino contra otros microorganismos.

KO-49 Modulación de las funciones de las células dendríticas por *Leishmania (Viannia) panamensis*

María Magdalena Zorro, Katherine Gilchrist Ramellin, Carmen Elisa Bernal, José Robinson Ramírez
Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
mariazm@hotmail.com

Introducción y Objetivos. Las células dendríticas son cruciales en la respuesta inmunitaria a las infecciones. Estudiamos la interacción de las células dendríticas con *Leishmania panamensis*, principal agente causal de la leishmaniasis en Colombia. **Materiales y métodos.** Se expusieron células dendríticas a la infección con *L. panamensis*. Se valoró por citometría de flujo la expresión de moléculas de superficie celular (CD86, CD40 y CMH clase II), la secreción de citocinas (IL-1 β , IL-6, IL-12p70, IL-10 y FNT α) por ELISA y la estimulación de los linfocitos T CD4+ vírgenes. **Resultados.** Las células dendríticas expuestas a la infección expresaron levemente CD86 y CD40, y secretaron IL-6. Sin embargo, las células dendríticas que maduraron eran las espectadoras y no las infectadas. En las células infectadas y expuestas a lipopolisacáridos, la expresión de CD86 y CD40 y la secreción de IL-12p70 se redujeron drásticamente, mientras que se estimuló la secreción de IL-10 inducida por lipopolisacáridos. En ensayos de cocultivos singénicos observamos que la infección altera la secreción de IFN γ en las células T CD4+. Ensayos *in vivo* demostraron que en ratones BALB/c *L. major* es virulenta y *L. panamensis* es avirulenta. *In vitro*, *L. major* mostró un efecto más inhibitorio que *L. panamensis* en células dendríticas, lo que sugiere una relación entre virulencia y efecto inhibitorio en dichas células. **Conclusiones.** *L. panamensis* modula las funciones de las células dendríticas, interfiriendo con su habilidad para activar LT productores de IFN γ , la inhibición de dichas funciones también opera en *L. major* revelando un posible mecanismo de evasión de la respuesta inmune explotado por *Leishmania* para asegurar su establecimiento y persistencia en el hospedero.

KO-6 Respuesta inmunitaria innata mediada por receptores toll-like en la infección de macrófagos por *Leishmania panamensis*

Carolina Gallego, Douglas Golenbock, María Adelaida Gómez, Nancy Saravia
Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, Cali, Colombia; University of Massachusetts Medical School, Worcester, MA, USA

Introducción y Objetivos. Los receptores toll-like (toll-like receptors, TLR) juegan un papel central en la activación de la respuesta inmunitaria innata en respuesta a microorganismos. Sin embargo, su contribución en el curso y desenlace de la infección por *Leishmania* spp.

no se entiende completamente. Este estudio examinó el papel de los receptores toll-like durante la interacción *Leishmania panamensis*-macrófago. **Materiales y métodos.** Se infectaron macrófagos de ratón inmortalizados y macrófagos derivados de médula ósea de ratones C57BL/6 deficientes en la expresión de receptores toll-like o moléculas de señalización, con dosis seriadas de promastigotes y amastigotes de *L. panamensis*. También, se infectaron macrófagos humanos primarios de donantes sanos con *L. panamensis* o se estimularon con lipopolisacáridos, Poly I:C y zimosán. Se determinó la producción de FNT α , supervivencia parasitaria y la expresión celular de receptores toll-like. **Resultados.** Se determinó la activación dependiente de los receptores toll-like en macrófagos MyD88/TRIF $^{-/-}$ en respuesta a los parásitos. La producción de FNT α no se vio alterada por la ausencia de receptores toll-like 2, mientras que en macrófagos UNC93b $^{-/-}$ se determinó la participación de los receptores toll-like intracelulares. La producción de FNT α se redujo sustancialmente en los macrófagos TLR4 $^{-/-}$, la cual consistió en el incremento en la supervivencia del parásito. Los macrófagos derivados de médula ósea, TLR4 $^{-/-}$, MyD88/TRIF $^{-/-}$ y MyD88 $^{-/-}$, confirmaron la señalización dependiente de MyD88. En los macrófagos humanos, *L. panamensis* indujo la producción de FNT α con la misma cinética y nivel que el inducido por la estimulación con ligandos específicos de receptores toll-like, además, del aumento significativo de la expresión celular de TLR1, TLR2, TLR3 y TLR4. **Conclusiones.** Estos hallazgos sustentan la participación de varios receptores toll-like, entre ellos, TLR4 en la activación del macrófago inducida por *L. panamensis*.

KO-12 Caracterización de la respuesta clínica, parasitológica, inmunitaria e histopatológica de ratones BALB/c infectados con *Leishmania (V.) panamensis*

Jhon Alexander Gómez, Natalia Muñoz, Miguel Ignacio Roldán, José Robinson Ramírez
Grupo de Inmunomodulación, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia. biojagomezg@gmail.com

Introducción y Objetivo. La leishmaniasis es un grupo de enfermedades causadas por protozoos del género *Leishmania*. Los trabajos realizados en modelos experimentales con ratones infectados con *Leishmania major* han permitido la comprensión de la respuesta inmunitaria relacionada con la sensibilidad y la resistencia. En Colombia, *L. panamensis* es la especie responsable de la mayoría de casos reportados. Nuestro objetivo fue caracterizar la respuesta clínica, parasitológica, inmunitaria e histopatológica de ratones BALB/c infectados con *L. panamensis*. **Materiales y métodos.** Se infectaron ratones BALB/c en el cojinete plantar con 1×10^6 promastigotes estacionarios de *L. panamensis*; se hizo seguimiento clínico semanal, y cada 15 días se sacrificó un grupo de animales para determinar la carga parasitaria, la producción de citocinas, los niveles de anticuerpos y obtener muestras de tejido para análisis histopatológico. **Resultados.** Los ratones infectados con *L. panamensis* presentaban lesiones inflamatorias no ulcerativas, crónicas y progresivas. La carga parasitaria y el estudio histopatológico mostraron resultados que se correlacionaron con la manifestación clínica; los animales secretaron abundante IFN- γ y escasa IL-4 en los ganglios linfáticos en la zona de drenaje; además, también se produjeron IL-13 e IL-10 en cantidades apreciables. La administración de oligonucleótidos CpG en combinación con antígeno total, los protegió de un reto infeccioso con *L. panamensis*. **Conclusiones.** Los ratones BALB/c infectados con *L. panamensis* generan inflamaciones crónicas persistentes con abundantes parásitos, asociadas a una respuesta inmunitaria mixta (Th1/Th2/Treg). Las citocinas, como IL-10 e IL-13, podrían jugar un papel importante en el curso crónico de la infección. Nuestro modelo puede ser utilizado para probar alternativas terapéuticas de la enfermedad.

KO-29 Modelo en ratón de leishmaniasis cutánea causada por *Leishmania panamensis*: una herramienta para la evaluación de nuevas alternativas terapéuticas y el estudio de la interacción huésped-parásito

Natalia Muñoz, José Robinson Ramírez, Jhon Alexander Gómez
Grupo de Investigación en Inmunomodulación, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia. natydurango@gmail.com

Introducción y Objetivos. El entendimiento de la relación entre el parásito y el huésped, y el establecimiento de terapias para la leishmaniasis humana, deben abordarse de manera particular para cada una de las especies del parásito. Teniendo en cuenta que *Leishmania panamensis* es el agente causal de 74% de los casos de leishmaniasis en Colombia, nos propusimos establecer y caracterizar un modelo de leishmaniasis cutánea de ratón con esta especie del parásito, que permitiera realizar investigación básica y la evaluación de nuevas alternativas terapéuticas. **Materiales y métodos.** Se utilizaron ratones BALB/c y C57BL6 criados en condiciones libres del patógeno específico (*specific pathogen free*, SPF) e infectados con *L. panamensis* en la base de la cola o en la dermis de la oreja. A cada uno de los grupos se les hizo seguimiento clínico, parasitológico e inmunológico. Para la evaluación de los tratamientos terapéuticos y profilácticos, se utilizó el modelo establecido en los ratones sensibles y se realizaron las mediciones descritas anteriormente. **Resultados y Conclusiones.** Se pudo determinar que en el modelo desarrollado en ratón se presentaba claramente el fenotipo de sensibilidad y resistencia según la cepa de ratón utilizada. Esta observación se correlaciona con la carga parasitaria, el tiempo de aparición y el tipo de anticuerpos producidos por los animales, así como el perfil de citocinas. El tratamiento con los medicamentos de primera línea mostraron claramente la resolución de la enfermedad, de igual manera que la aplicación de vacunas resulta ser una alternativa eficaz.

KP-34 Análisis de las proteínas secretadas por *Leishmania panamensis* y su posible relación con mecanismos de resistencia a medicamentos

Ángela Viviana Martínez, Juan Manuel Quiceno, Carlos Muskus, Marcel Marín
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
viviana1011@gmail.com

Introducción y Objetivos. Dado el surgimiento de parásitos *Leishmania* spp. resistentes a los medicamentos utilizados en el tratamiento de la leishmaniasis, se han estudiado cambios proteómicos que están relacionados con esta resistencia. Sin embargo, no se ha investigado su relación con las proteínas secretadas por el parásito. Por consiguiente, se pretendió comparar el secretoma de los promastigotes de *Leishmania panamensis* para encontrar diferencias en la expresión de las proteínas que pudieran estar involucradas en los mecanismos de resistencia a miltefosina y glucantime. **Materiales y métodos.** Se cultivaron promastigotes de *L. panamensis* sensibles y resistentes a miltefosina y glucantime, estandarizando las condiciones para su crecimiento en masa. Se determinó el tiempo adecuado para la secreción de proteínas mediante citometría de flujo y se evaluó la ausencia de proteínas intracelulares mediante Western-blot. Posteriormente, se estandarizó la electroforesis bidimensional para las proteínas secretadas y se hizo una comparación preliminar entre las proteínas de las diferentes cepas. **Resultados.** Se detectaron, aproximadamente, 100 proteínas secretadas, con puntos isoeléctricos entre 5,0 y 8,5, algunas de las cuales fueron expresadas diferencialmente entre los parásitos sensibles y los resistentes al realizar la comparación preliminar. **Conclusiones.** En el análisis proteómico de *L. panamensis* encontramos que los parásitos sensibles y resistentes a medicamentos secretan gran

cantidad de proteínas, de interés por su posible papel en la modulación del sistema inmunitario. Al comparar su expresión entre las cepas, se observó un patrón diferencial que podría representar proteínas que están involucradas en la resistencia.

KO-42 Análisis de expresión diferencial de proteínas asociadas con resistencia a miltefosina en parásitos de *Leishmania panamensis*

Lina María Orrego, Carlos E. Muskus, Patricia Cuervo, Yara María Traub-Cseko, Marcel Marín
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín Colombia
linaorrego256@gmail.com

Introducción y Objetivo. A pesar de la reciente aprobación de la miltefosina para el tratamiento de la leishmaniasis, ya existen reportes de fallas clínicas al tratamiento, lo que indica la probabilidad de que en el futuro se puedan encontrar aislamientos clínicos de *Leishmania* spp. resistentes al medicamento. Hasta el momento, no se han hecho estudios moleculares con cepas de *Leishmania panamensis* resistentes a miltefosina, por lo que se desconoce cuáles pueden ser los genes o las moléculas implicadas en este fenómeno. El presente trabajo se propone identificar los mecanismos de resistencia a la miltefosina en cepas de *L. panamensis*, mediante el mapeo de proteínas diferencialmente expresadas en parásitos sensibles y resistentes al medicamento. **Materiales y métodos.** Se analizaron por electroforesis bidimensional las proteínas totales de promastigotes de *L. panamensis* sensibles y resistentes a la miltefosina. Los geles teñidos con azul de Coomassie coloidal fueron analizados en el programa ImageMaster™ 2D Platinum, para determinar las proteínas que mostraran expresión diferencial en el gel. Dichas proteínas se analizaron por espectrometría de masas y se identificaron por homología con proteínas de especies de *Leishmania* spp., empleando el motor de búsqueda Mascot. **Resultados.** Se detectaron, en promedio, 550 moléculas de proteínas en los geles analizados, de las cuales, 6 mostraron ser diferencialmente expresadas entre las cepas sensibles y resistentes a la miltefosina. Una de las proteínas mostró homología con una carboxipeptidasa de *L. brasiliensis*. **Conclusiones.** Los resultados preliminares indican que la resistencia a la miltefosina en *L. panamensis* podría estar regulada, en mayor medida, por la disminución en la expresión de proteínas celulares.

KP-31 Evaluación del potencial de la monoacenaftoporfirina para el tratamiento de la leishmaniasis cutánea

Viviana Milena Taylor, David Leonardo Cedeño, Diana Lorena Muñoz, Ann Marjorie Jones, Timothy Lash, Iván Darío Vélez, Sara María Robledo
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
vivianataylor@gmail.com

Introducción y Objetivos. Las desventajas de los tratamientos actuales para leishmaniasis estimulan búsquedas de alternativas terapéuticas, como la fototerapia, con el uso de nuevos derivados porfirínicos y desarrollo de efectivos sistemas de liberación de estos compuestos (preparaciones liposómicas). En este trabajo se evaluó la efectividad y la toxicidad del derivado porfirínico monoacenaftoporfirina (ANP) *in vitro* e *in vivo*. **Materiales y métodos.** La citotoxicidad del compuesto con exposición a la luz y sin ella, y encapsulado o no en liposomas, se evaluó *in vitro* en la línea celular U-937 y en macrófagos peritoneales de hámster por MTT. La efectividad se evaluó en amastigotes axénicos e intracelulares de *Leishmania* spp. por MTT y citometría de flujo, respectivamente. La eficacia terapéutica se evaluó *in vivo* en hámsters dorados infectados con *Leishmania amazonensis* en piel del dorso y

tratados con monoacenaftoporfirina (0,432 mg/kg) aplicada en las lesiones, durante 10 días con luz y sin ella, y sin liposomas. Los controles estuvieron sin irradiación. **Resultados.** La monoacenaftoporfirina con liposomas o sin ellos, con exposición a la luz o sin ella, mostró alta citotoxicidad para células U-937, pero no para los macrófagos peritoneales de hámster. El compuesto sin liposoma fue más efectivo contra amastigotes axénicos, con aumento en la actividad por la exposición a luz. En amastigotes intracelulares de *Leishmania panamensis* se observó buena efectividad estimulada por la luz ($CE_{50}=24.1\pm 1.06$ μ M). La eficacia observada *in vivo* fue de 100% a la dosis evaluada. **Conclusiones.** La actividad mostrada por la monoacenaftoporfirina *in vitro* e *in vivo* contra *Leishmania* spp. le confiere potencial como medicamento por desarrollar para el tratamiento de la leishmaniasis cutánea.

KP-32 Evaluación *in vivo* de la actividad leishmanicida de Ketales de carboporfirina

Viviana Milena Taylor, David Leonardo Cedeño, Diana Lorena Muñoz, Ann Marjorie Jones, Timothy Lash, Jairo Andrés Tobón, Javier Darío Murillo, Iván Darío Vélez, Sara María Robledo
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, PECET, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
vivianataylor@gmail.com

Introducción y Objetivos. Los ketales de carboporfirinas son efectivos *in vitro* sobre *Leishmania* spp. y esta efectividad se incrementa por exposición a la luz, con producción de especies reactivas de oxígeno. Este trabajo determinó la efectividad y toxicidad *in vivo* del dimetil-ketal sin luz y con ella, en el modelo animal para leishmaniasis cutánea, el hámster dorado (*Mesocricetus auratus*). **Materiales y métodos.** Se evaluó la eficacia terapéutica del dimetil-ketal en combinación con exposición a la luz o sin ella y dos tiempos de exposición: dos horas y cuatro horas. Los animales se infectaron con *Leishmania amazonensis* en piel del dorso y tratados con dimetil-ketal (0,5 mg/kg) aplicado en la lesión, durante 10 días, cada tercer día. La respuesta al tratamiento se siguió durante tres meses, haciendo mediciones del tamaño de la lesión cada semana y con determinación de la carga parasitaria al final del estudio. La toxicidad se evaluó según los niveles séricos de ALT (*serum alanine aminotransferase*), creatinina y BUN (*blood urea nitrogen*). **Resultados.** A los 52 días después del tratamiento, la eficacia observada *in vivo* con el dimetil-ketal a la dosis evaluada fue de 30% con exposición a luz por dos horas y de 50% con exposición por cuatro horas. El compuesto sin luz tuvo una eficacia de 75%. **Conclusiones.** El dimetil-ketal demostró ser activo aun en ausencia de luz, lo que sugiere que el compuesto, al ser metabolizado dentro del tejido animal, produce un ingrediente activo que, al parecer, no es fotosensible. Es necesario continuar con los estudios de farmacocinética y farmacodinámica, con el fin de optimizar el compuesto y mejorar su potencial terapéutico.

Trabajos completos

KT-11 Inventario de genes del sistema de ubiquitina del parásito *Giardia intestinalis* con el modelo oculto de Markov

Isabel Cristina Castellanos, Moisés Wasserman
Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.
iccastellanos@unal.edu.co

El mecanismo de señalización con ubiquitina es de vital importancia en las células eucariotas y controla procesos intracelulares tales como la regulación del volumen de proteína, el avance en el ciclo celular, los procesos de transcripción y la traducción de señales, entre otros.

Giardia intestinalis posee un sistema de degradación proteínica ubiquitina-proteosoma, como se ha evidenciado experimentalmente. Se han realizado diferentes aproximaciones bioinformáticas a la identificación de las proteínas implicadas en el mecanismo de señalización con ubiquitina en *G. intestinalis*, utilizando herramientas tradicionales como BLAST; sin embargo, con estas herramientas sólo las proteínas más conservadas en las secuencias de aminoácidos implicadas en el mecanismo de señalización con ubiquitina han llegado a ser identificadas en el genoma del parásito. El uso de perfiles HMM de cada una de las familias de proteínas involucradas en el mecanismo de señalización con ubiquitina sobre el genoma del protozoario *G. intestinalis*, planteados como una nueva metodología *in silico*, nos llevó a la identificación del mayor número de proteínas con especial énfasis en las secuencias de baja homología, que son las que hasta el momento no se han logrado identificar. El trabajo *in silico* fue base para la experimentación sobre el ortólogo OTU identificado en el parásito como una muestra de la sensibilidad y certeza de la metodología *in silico* usada y como la primera demostración experimental de la actividad OTU en protozoarios.

KT-38 Endonucleasa G de *Leishmania (Viannia) panamensis*: caracterización molecular y bioquímica

Miguel Ángel Toro, Sara María Robledo, Juan Fernando Alzate
Programa de Estudio y Control de Enfermedades Tropicales, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
miguel.toro@yahoo.com

Objetivo. Caracterizar molecular y bioquímicamente la endonucleasa G de *Leishmania (Viannia) panamensis*. **Métodos.** Se amplificó, clonó y secuenció el gen de la putativa endonucleasa G de *L. (V.) panamensis*. La proteína recombinante se produjo en un sistema de expresión heterólogo y la proteína activa se sometió a pruebas bioquímicas para determinar la preferencia de iones, temperatura y pH. **Resultados.** La rENDOG de *L. (V.) panamensis* mostró características bioquímicas similares a aquellas descritas en otros tripanosomátidos y en eucariotas superiores. Además, los análisis filogenéticos mostraron una posible relación evolutiva con la endonucleasa G de metazoos. **Conclusiones.** *L. (V.) panamensis* posee un gen que codifica para una endonucleasa homóloga a la endonucleasa G de otros organismos superiores, que se puede producir de forma recombinante en *Escherichia coli* y que es capaz de degradar ADN circular cerrado de doble cadena. Tiene una preferencia por los iones magnesio y manganeso para usarlos como cofactores y es inhibida por el potasio. Además, funciona en un amplio rango de pH y temperatura.

KT-8 Identificación de la presencia de la delección del promotor del gen *rop18* en individuos con PCR positiva para el gen *b1* de *Toxoplasma gondii*

Victor Alfonso Sánchez-Pachón
GEPAMOL, Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío. mas_alla_vasp@hotmail.com

El gen *rop18* es un gen que codifica para la proteína ROP18. Su importancia radica en la expresión exagerada de esta proteína que se produce en una excesiva proliferación de parásitos *Toxoplasma gondii*. Se ha descubierto que la proteína ROP18 tiene actividad de cinasa e importancia en la virulencia de *Toxoplasma* sp. Además, se ha reportado dentro del alelo III de este gen, una secuencia de ~2,1 kb insertados 85 pb corriente arriba en el ATG del codón de inicio, el cual sólo se encuentra en cepas con poca capacidad infecciosa (tipo III) de *Toxoplasma* sp. y que está relacionado con la baja expresión del mismo gen. En el presente trabajo se identificó la presencia de la D del

promotor del gen *rop18* en muestras de individuos con PCR positiva para el gen *b1* de *Toxoplasma* sp. Se hizo la extracción del ADN en 30 muestras utilizadas en el estudio; luego, se diseñaron los cebadores aquí utilizados y, finalmente, se hizo PCR para identificar el gen de *b1*, *rop18* y de la D. Del total de las muestras, hubo amplificación del gen *b1* en 18, de las cuales, 14 (78%) fueron positivas para el gen *rop18* y, de éstas, la amplificación de la región de D fue positiva en siete pacientes, uno de ellos con lesión ocular activa, tres con lesión inactiva, uno con toxoplasmosis ganglionar y dos asintomáticos. Los resultados obtenidos permiten dilucidar que es posible la identificación de la D en muestras clínicas y los datos de secuenciación verificaron que, efectivamente, el gen de *rop18* fue amplificado correctamente.

MICROBIOLOGÍA

JO-1 Estandarización de una PCR-múltiple para la detección de *Chlamydia trachomatis*, *Mycoplasma hominis* y *Ureaplasma urealyticum* a partir de muestras de semen y frotis endocervical

Fredy Yamit León, Luis Francisco Becerra
Grupo de Investigación en Biología Molecular, Universidad
Distrital Francisco José de Caldas, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivo. Los géneros *Mycoplasma*, *Ureaplasma* y *Chlamydia* son considerados comensales de las vías genitourinarias bajas de mujeres y hombres y afectan entre 25 y 53% de los hombres sexualmente activos y entre 40 y 80% de las mujeres sexualmente activas. *M. hominis* está involucrado en enfermedades como pielonefritis, artritis y peritonitis. *U. urealyticum* es el principal causante de uretritis no gonocócica ni por clamidias. *C. trachomatis* es el principal agente etiológico responsable de causar enfermedad de transmisión sexual por bacterias. Se relaciona con problemas de fertilidad. El objetivo de este trabajo fue estandarizar una técnica de detección a nivel molecular, para las tres bacterias propuestas, mediante el uso de la técnica PCR-múltiple. **Materiales y métodos.** Para la estandarización de la técnica se utilizaron sueros positivos para cada bacteria, lo que demostró que el protocolo estandarizado es altamente sensible, específico y replicable. Posteriormente, se evaluaron con esta técnica 100 muestras de semen y 21 de frotis endocervical provenientes de pacientes del área de fertilidad en PROFAMILIA. **Resultados.** En las muestras de semen se encontró una presencia de 11% de *C. trachomatis* y de 3% de *M. hominis*, y en las de frotis endocervical, se encontró una positiva para *C. trachomatis*. No se encontraron pacientes positivos para *U. urealyticum*. De los hombres positivos, 64% tiene alguna alteración espermática y el restante porcentaje presenta condiciones espermáticas normales. **Conclusiones.** Los resultados llevan a inferir una posible relación entre la infección bacteriana y la calidad del espermatozoide.

JO-5 Epidemiología molecular de *Staphylococcus aureus* en instituciones de Medellín: 2008-2009

Judy Natalia Jiménez, Ana María Ocampo, Liliána Franco,
Sigifredo Ospina, Carlos Guillermo Garcés, Andrea Victoria
Restrepo, Carlos Rojas, Lázaro A. Vélez, Carlos E. Muskus,
Margarita María Correa
Línea de Epidemiología Molecular, Grupo de Microbiología
Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia,
Medellín, Antioquia

Introducción y objetivos. El conocimiento de la epidemiología de *Staphylococcus aureus* es fundamental para implementar estrategias efectivas para su control. En este trabajo se propuso describir y com-

parar las características clínicas, epidemiológicas, moleculares y de sensibilidad de los aislamientos de *S. aureus* sensible a la meticilina y *S. aureus* resistente a la meticilina, provenientes de pacientes con infecciones adquiridas hospitalariamente o en la comunidad, que ingresaron a los hospitales Universitario San Vicente de Paúl, Pablo Tobón Uribe y Clínica Cardiovascular, de Medellín, entre los años 2008 y 2009. **Materiales y métodos.** Se realizó un muestreo aleatorio estratificado con asignación proporcional. A los pacientes se les solicitó el consentimiento informado y los datos clínico-epidemiológicos se obtuvieron de la historia clínica. La identificación fenotípica y el perfil de sensibilidad de los aislamientos se realizaron en cada institución participante y, posteriormente, se confirmaron molecularmente. La genotipificación de *S. aureus* sensible a la meticilina y *S. aureus* resistente a la meticilina se desarrolló empleando PFGE, *spa* y el SCCmec. Además, se determinaron los genes de factores de virulencia: *pvl*, *sea*, *seb*, *sec*, *sed*, *see*, *eta*, *etb* y *tst*. Los datos se analizaron en SPPS. **Resultados.** Los resultados preliminares de 350 pacientes mostraron diferencias en la presentación de las características clínico-epidemiológicas entre las instituciones. La genotipificación demostró que las cepas de *S. aureus* sensible a la meticilina son más variables y presentan mayor cantidad de genes de factores de virulencia, exceptuando el *pvl*. En dos de las instituciones estudiadas se observó un notable predominio de las cepas *S. aureus* resistente a la meticilina tipo IVc. **Conclusiones.** Los resultados confirman que la epidemiología de *S. aureus* no es extrapolable y que depende de las condiciones particulares de cada institución.

JO-6 Determinación de los genes de virulencia de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina y sensible a la meticilina en población pediátrica del Hospital Universitario San Vicente de Paúl, Medellín, Antioquia

Ana María Ocampo, Johana Marcela Vanegas, Luz Adriana
Patiño, Carlos Guillermo Garcés, Margarita María Correa,
Judy Natalia Jiménez
Línea de Epidemiología Molecular, Grupo de Microbiología
Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia,
Medellín, Antioquia

Introducción y objetivo. La virulencia y la resistencia a los antibióticos son factores determinantes importantes de las manifestaciones clínicas de las infecciones causadas por *Staphylococcus aureus*. La población pediátrica es una de las más afectadas por este microorganismo. En este trabajo se propuso determinar los genes que codifican para factores de virulencia en cepas de *S. aureus* resistente a la meticilina y sensible a ella, provenientes de la población pediátrica del Hospital Universitario San Vicente de Paúl en Medellín durante el 2009. **Materiales y métodos.** Se seleccionaron los pacientes pediátricos (de 0 a 14 años) del Hospital Universitario San Vicente de Paúl, con aislamientos de *S. aureus*. A todos los aislamientos se les realizó confirmación molecular de especie y sensibilidad a la meticilina. Posteriormente, se detectaron los genes que codifican para factores de virulencia: *pvl*, *sea*, *seb*, *sec*, *sed*, *see*, *eta*, *etb* y *tst*, mediante reacción en cadena de la polimerasa (PCR) múltiple. En las cepas de *S. aureus* resistente a la meticilina, se tipificó el casete cromosómico mec (SCCmec). Para el análisis de datos se utilizó la prueba de ji al cuadrado. **Resultados.** Entre las cepas *S. aureus* resistente a la meticilina y *S. aureus* sensible a la meticilina, se observaron diferencias significativas en la presentación de los genes de factores de virulencia; fueron más frecuentes en las primeras. Por otro lado, las cepas de *S. aureus* resistente a la meticilina con SCCmec tipo IVc, presentaron principalmente *pvl*, mientras que las cepas con SCCmec tipo I fueron en su mayoría negativas. **Conclusiones.** Los resultados de este estudio coinciden con hallazgos a nivel mundial que sugie-

ren un costo en la eficacia biológica que genera la resistencia a la meticilina en *S. aureus*. Sin embargo, esta particularidad no parece cumplirse en las cepas *S. aureus* resistente a la meticilina que portan el SCCmec tipo IVC.

JO-7 Caracterización molecular de *Treponema pallidum* en Cali, un estudio piloto

Carlos Andrés Valencia, Allan Pillay, Lady Ramírez, Juan Carlos Salazar, Adriana Cruz
Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, CIDEIM, Cali Colombia; Centers for Disease Control and Prevention, Atlanta, Georgia, USA; University of Connecticut Health Center, Hartford, CT, USA; Connecticut Children's Medical Center, Hartford, CT, USA
acruz@cideim.org.co

Introducción y objetivo. La sífilis, enfermedad de transmisión sexual (ETS) ocasionada por *Treponema pallidum*, es un problema de salud pública en Cali y en Colombia. Las tasas de sífilis congénita y de la gestación en Cali (4,2 y 8,9/1.000 nacidos vivos, 2008) se consideran epidémicas en los países industrializados. Se desconoce cuáles cepas de *T. pallidum* afectan nuestra región. No se sabe si hay *T. pallidum* resistente a la azitromicina, antibiótico de segunda línea, útil en casos de alergia a la penicilina, manejo de contactos y con cobertura para otras ETS. El objetivo de este estudio fue caracterizar molecularmente *T. pallidum* en Cali. **Materiales y métodos.** Se reclutaron, en Cali, pacientes mayores de 18 años con sífilis secundaria RPR \geq 1:8, FTA-ABS+ y lesiones de piel, FTA-ABS+ y lesiones en piel) con su previo consentimiento. Se tomaron biopsia de las lesiones de piel y muestra de sangre periférica para aislamiento de ADN, identificación de *T. pallidum* (qPCR-pola), tipificación (PCR y RFLP) y análisis de resistencia a la azitromicina (mutaciones en *23srRNA*). **Resultados.** Se incluyeron 12 sujetos. Se cuantificó el ADN de *T. pallidum* en sangre (6/12). Se aisló el ADN de las biopsias (8/12) y se tipificaron seis muestras e identificaron cuatro subtipos (14d, 16d, 13d, 22a). En siete de las ocho muestras no se encontraron mutaciones en *23srRNA*. **Conclusiones.** Es el primer estudio de tipificación de *T. pallidum* en Latinoamérica. La heterogeneidad de las cepas sugiere que Cali es un área endémica. No se encontraron cepas resistentes a la azitromicina. Es importante realizar estudios de mayor tamaño en Cali y en Colombia, para aportar a nivel nacional y mundial un conocimiento que busque mejorar las estrategias epidemiológicas e inmunológicas para el control y la prevención de esta enfermedad.

JO-8 Caracterización fenotípica y de plásmidos de cepas de *Klebsiella pneumoniae* resistente a antimicrobianos

Luz Piedad Quebrada, Sandra Milena Coronado
Grupo de Investigación en Parasitología Molecular, Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío

Introducción y objetivo. *Klebsiella pneumoniae* es una causa importante de infecciones intrahospitalarias. En Colombia existen pocos reportes acerca de los plásmidos involucrados en los mecanismos de resistencia. En este trabajo se caracterizaron fenotípicamente y por perfil de plásmidos, cepas de *K. pneumoniae* resistentes a antimicrobianos. **Materiales y métodos.** Se analizaron 25 aislamientos de *K. pneumoniae* de vías respiratorias, heridas quirúrgicas, esputo y muestras orotraqueales, suministrados por pacientes de la Clínica Central del Quindío. Para realizar las pruebas de sensibilidad con difusión en disco y concentración inhibitoria mínima, se usaron los siguientes antibióticos: amikacina, cefazolina, cefalotina, gentamicina, cefuroxima, amoxicilina,

ácido clavulánico, cefotaxima, imipenem, ciprofloxacina, ceftazidima, aztreonam, y cloranfenicol en medio de cultivo de Mueller-Hilton. Para determinar la resistencia inducida por cada plásmido, luego de electroforesis se hizo extracción y purificación de cada banda y, con ella, se transformó por choque térmico una cepa sensible y se determinó la resistencia inducida por cada una de ellas. También, se determinó el patrón molecular del plásmido que presentaba resistencia con la enzima *Taq I*. **Resultados.** Los resultados mostraron 25% de resistencia a la cefalotina y 21,4% a la cefazolina. De nueve cepas con resistencia a diversos antibióticos, se observaron entre una y cinco bandas de diferente peso molecular. La transformación demostró que la única resistencia asociada a ADN de plásmidos fue al cloranfenicol, lo que llevó a concluir que el resto de resistencias son de origen cromosómico. **Conclusiones.** Este porcentaje de resistencia es más alto que el reportado para otras ciudades de Colombia. Se demostró que la resistencia al cloranfenicol en las cepas estudiadas fue mediada por plásmidos.

JO-9 Factores asociados con el riesgo de adquirir una infección por *Klebsiella pneumoniae* resistente en pacientes hospitalizados en un hospital universitario de Medellín, análisis preliminar

Lina María Echeverri, Wilmar Arley Maya, Zulma Vanessa Rueda, Yuli Agudelo, Sigifredo Ospina
Universidad Pontificia Bolivariana y Hospital Universitario San Vicente de Paúl, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia

Introducción y objetivos. Existe un aumento en la prevalencia de *Klebsiella pneumoniae* resistente en el medio hospitalario. Esto tiene un impacto negativo en el desenlace clínico de nuestros pacientes. El objetivo de este estudio fue determinar los factores asociados con el riesgo de adquirir una infección por *K. pneumoniae* resistente, en pacientes hospitalizados en un hospital universitario de Medellín. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio de cohorte fija. La caso de exposición se definió como paciente hospitalizado y, el desenlace, como aislamientos de *K. pneumoniae* resistente [productora de beta-lactamasas de espectro extendido (BLEE) o carbapenemasas]. El seguimiento se duró 30 días a partir del aislamiento del microorganismo. Se hizo una regresión logística para identificar las variables asociadas con el riesgo de adquirir una infección por *K. pneumoniae* resistente. **Resultados.** Entre el 10 de octubre de 2009 y el 10 de febrero de 2010, ingresaron 160 pacientes (110 con *K. pneumoniae* sensible y 50 con *K. pneumoniae* resistente). La mediana de la edad fue de 41 años para los pacientes con *K. pneumoniae* sensible y de 52,5 para los pacientes con *K. pneumoniae* resistente. Las variables asociadas con el riesgo de adquirir infección por *K. pneumoniae* resistente fueron sexo femenino, diabetes mellitus, uso de ceftriaxona, aminoglucósidos y ampicilina/sulbactam o aztreonam por más de 48 horas en los 30 días previos a la toma del cultivo. En el análisis multivariado, ser mujer (RR=2,2 IC95% 1,04-4,68), tener diabetes (RR=2,92 IC95% 1,17-7,26) y usar ampicilina/sulbactam o aztreonam (RR=3,48 IC95% 1,17-10,32), fueron factores de riesgo para adquirir una infección por *K. pneumoniae* resistente. **Conclusiones.** El ser mujer, el antecedente de diabetes y el uso previo de ampicilina/sulbactam o aztreonam, son factores de riesgo para adquirir infección por *K. pneumoniae* resistente.

JO-14 Actividad antifúngica y antibacteriana de sesquiterpenos aislados de *Hyptis mutabilis* Lamiaceae Rich

Rigoberto Martínez, Milton Gómez, Ludy Milena Fajardo
Universidad del Quindío, Armenia, Quindío

Introducción y objetivo. *Hyptis* es una de las plantas más reconocidas de la familia de las *Lamiaceae*. El nombre común para *Hyptis mutabilis* L. Rich en Colombia es "mastranto", que se considera como

una maleza. Los indígenas la utilizan como un medicamento importante para tratar cierto tipo de dolencias gastrointestinales. El objetivo general de este estudio fue determinar la actividad antifúngica y antibacteriana de una sesquiterpenolactona aislada de la planta, así como de las demás fracciones cromatográficas. **Materiales y métodos.** Se realizó la tamización fitoquímica preliminar y el fraccionamiento del extracto etanólico de las hojas por cromatografía líquida en columna. Se determinó la actividad biológica por el método de microtitulación en placa con indicador de rezasurín. **Resultados.** Se observó actividad frente a *Candida albicans*, *Staphylococcus aureus* y *Escherichia coli* a las 24 horas de incubación, principalmente, y en las concentraciones de 500 µg/ml de las fracciones, se observa que los extractos tienen una acción bacteriostática. **Conclusión.** Las fracciones cromatográficas utilizadas para la determinación antimicrobiana presentaron actividad frente a *E. coli*, *C. albicans* y *S. aureus*.

JO-19 Bases genéticas de la resistencia a antibióticos en aislamientos hospitalarios de *Acinetobacter baumannii* en Colombia

Olga Esther Medina, Ingrid Yamile Pulido, María Teresa Reguero, Sandra Gualtero, Martha Plazas, Emilia María Valenzuela, José Ramón Mantilla
Laboratorio de Epidemiología Molecular, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivo. *Acinetobacter baumannii* es un patógeno asociado con epidemias en todo el mundo. La aparición cada vez mayor de cepas resistentes a los carbapenémicos, aminoglicósidos y quinolonas limita el tratamiento de estas infecciones. En Colombia las bases moleculares de la resistencia a estos antibióticos es poco conocida. El objetivo de esta investigación fue establecer los genes asociados con la resistencia en aislamientos de cuatro hospitales colombianos. **Materiales y métodos.** Se evaluaron 139 cepas de *A. baumannii* por PCR para la detección de los genes de resistencia más reportados en otras regiones. Para β-lactámicos: *blaADC*, *blaTEM*, *blaCTX-M*, *blaSHV*, *blaOXA*, *blaVIM* y *blaIMP*. Para la resistencia a las quinolonas, se analizaron las mutaciones de la región QRDR de los genes *gyrA* y *parC*. Se detectaron genes de enzimas modificadores de aminoglicósidos por PCR: *aacC1*, *aacC2*, *aacA4*, *aphA6*, *aadA1*, *aadB* y *armA*. Se determinó la asociación de *ISAbal1* con *blaADC* y *blaOXA23*. **Resultados.** El 90% de los aislamientos resistentes a las cefalosporinas presentaron *blaADC* asociado con *ISAbal1*. En los resistentes a los carbapenémicos se detectó el gen *blaOXA23* asociado con *ISAbal1*. Los resistentes a las quinolonas presentaron mutaciones en Ser83Leu en *gyrA* y Ser80Leu en *parC*. Se detectó el gen *aacC2* en 86,6% de los aislamientos resistentes a la gentamicina. No se detectaron genes de enzimas modificadoras de aminoglicósidos relacionados con resistencia a la amikacina. **Conclusiones.** La resistencia a las cefalosporinas se relacionó con la expresión exagerada de ADC. En nuestros aislamientos, las mutaciones en la región QRDR de los genes *gyrA* y *parC* y la detección del gen *aacC1* son los mecanismos responsables de la resistencia a las quinolonas y a la gentamicina, respectivamente. Otros mecanismos no enzimáticos pueden intervenir en la resistencia a las cefalosporinas y la amikacina.

JO-20 Comparación de métodos de uroanálisis semiautomatizado y automatizado Vs. urocultivo

María Isabel Múnera, Lina María Gómez, Juliana Arango
Laboratorio Médico Echavarría, Medellín, Antioquia

Introducción y objetivo. Durante el 2009 el uroanálisis representó 7,8% del total de exámenes remitidos al Laboratorio Médico Echavarría, lo que confirma su importancia en la evaluación de sospecha de infección. La automatización del uroanálisis puede contribuir en

la reducción de la variabilidad individual y minimizar los errores en la interpretación al momento de la lectura. El objetivo de este estudio fue comparar los parámetros del examen químico y sedimento indicativos de infección Vs. urocultivo con los métodos: Urisys® (Roche) Vs. Clinitek-Atlas® (Siemens) y el examen microscópico Vs. iQ200® (Rochem-Biocare). **Materiales y métodos.** Se hizo un estudio descriptivo y retrospectivo de 471 resultados de uroanálisis y urocultivo solicitados simultáneamente. Se compararon las tecnologías Urisys® (Roche) y la microscopía convencional y Clinitek-Atlas® (Siemens) y sistema automatizado iQ200® (Rochem-Biocare) Vs. cultivo. Se analizaron la esterasa leucocitaria y los nitritos, y la presencia de leucocitos y de bacterias. Se calcularon la sensibilidad, la especificidad, y los valores diagnósticos y la concordancia, es decir, el índice kappa. **Resultados.** La edad promedio de los pacientes fue 42,8+24,8 años y 81,3% eran mujeres. La sensibilidad para bacterias por microscopía fue de 83,9% y la especificidad fue de 74,7%, y para iQ200® fueron de 90,1% y de 44,5%, respectivamente. Para los leucocitos, la sensibilidad fue de 66,0% y 55,5% y la especificidad fue de 64,8% y 87,3%. Las diferencias en la especificidad fueron estadísticamente significativas. No hubo diferencias en la sensibilidad y la especificidad para la esterasa leucocitaria y los nitritos. Las concordancias fueron bajas para los leucocitos y los nitritos con ambas metodologías. En las bacterias se observó mayor concordancia en microscopía convencional (kappa=0,6). En la esterasa leucocitaria fue superior Clinitek-Atlas® (kappa=0,5). Las diferencias fueron estadísticamente significativas (p<0,05). **Conclusiones.** El examen microscópico fue superior para las bacterias y Clinitek-Atlas® mostró mayor concordancia para la esterasa leucocitaria.

JO-21 Identificación a nivel de especie genómica de aislamientos clínicos del complejo *Acinetobacter baumannii*-*Acinetobacter calcoaceticus*, mediante RFLP-PCR de la región intergénica espaciadora de los genes 16S y 23S rRNA

María Andrea Hernández, Ingrid Yamile Pulido, Silvia Restrepo, Emilia María Valenzuela, María Teresa Reguero, Mónica Ivonne Rodríguez, Néstor Suárez, José Ramón Mantilla
Universidad Nacional de Colombia y Universidad de los Andes, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivo. Las especies dentro del complejo *Acinetobacter baumannii*-*Acinetobacter calcoaceticus* son aisladas del ambiente clínico, y se asocian con brotes infecciosos en todo el mundo. Los métodos de identificación fenotípicos son incapaces de diferenciar cada una de las especies genómicas del complejo y dicha diferenciación es importante desde el punto de vista epidemiológico, como se ha reportado en otras regiones. En Colombia la diferenciación individual no se ha implementado. El objetivo de este estudio fue analizar la región espaciadora entre los genes 16S y el 23S rRNA, como método molecular para identificar aislamientos del complejo provenientes de cuatro hospitales colombianos. **Materiales y métodos.** La región intergénica espaciadora 16S-23S rRNA (ITS) de 140 aislamientos del complejo *A. baumannii*-*A. calcoaceticus* se sometió a análisis RFLP-PCR usando la enzima MboI. Los patrones de restricción obtenidos se compararon con los generados *in silico* y las ITS de los aislamientos que presentaron patrones de restricción diferentes se secuenciaron. **Resultados.** De los 140 aislamientos, 120 (85,7%) correspondieron a la especie *A. baumannii*, 1 (0,71%) a *Acinetobacter* especie genómica 3, y 18 muestras (12,9%) no correspondieron a ninguna de las cuatro especies genómicas del complejo. **Conclusiones.** El método permitió una identificación fácil de las especies genómicas del complejo. Dada la importancia epidemiológica de diferenciar las especies del complejo, se recomienda la implementación de esta metodología en los estudios de vigilancia en las instituciones de salud y las entidades de control.

JO-22 Prevalencia de la leucocidina Panton-Valentine en infecciones pediátricas por *Staphylococcus aureus* adquirido en la comunidad en Cartagena de Indias

Niradiz Reyes, Alfonso Bettin, Ceyla Causyl, Juan Rebollo, Hernando Pinzón

Grupo de Genética y Biología Molecular, Universidad de Cartagena, Cartagena, Bolívar

Introducción y objetivo. *Staphylococcus aureus* es una causa principal de infecciones de piel y tejidos blandos, tales como forúnculos, carbuncos y abscesos. La leucocidina de Panton-Valentine es una toxina formadora de poros que se ha asociado con infecciones necrosantes. El objetivo de este estudio fue evaluar la presencia de genes para la leucocidina de Panton-Valentine en los aislamientos de *S. aureus* causantes de infecciones adquiridas en la comunidad en niños atendidos en el Hospital Infantil Napoleón Franco Pareja de Cartagena de Indias. **Materiales y métodos.** Se analizaron 92 aislamientos de *S. aureus* recolectados entre octubre de 2009 y marzo de 2010 en dicho hospital. Se determinó la sensibilidad de los aislamientos clínicos a ocho antibióticos mediante el método de difusión en disco. Mediante PCR se investigó la presencia de los genes para la leucocidina Panton-Valentine y se confirmó la presencia de los genes *nuc* y *mecA* en los aislamientos resistentes a la meticilina. **Resultados.** Se encontraron 42 aislamientos resistentes a la meticilina (42/92, 45,6%), de los cuales, 29 portaban los genes para la leucocidina Panton-Valentine. Los 50 aislamientos restantes (50/92, 54,3%) fueron sensibles a la meticilina; de éstos, 35 portaban los genes para la leucocidina Panton-Valentine. En total, se encontraron 64 cepas portadoras de genes para la leucocidina Panton-Valentine (64/92, 69,5%). **Conclusiones.** Las infecciones por *S. aureus* resistentes a la meticilina son comunes en niños de Cartagena con infecciones en la piel y en los tejidos blandos. De igual forma, *S. aureus* sensible a la meticilina continúa siendo un patógeno importante causante de infecciones pediátricas adquiridas en la comunidad. Se encontró una alta prevalencia de infecciones producidas por cepas positivas para la leucocidina Panton-Valentine, tanto sensibles como resistentes a la meticilina.

JO-23 Caracterización microbiológica y molecular de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina en trabajadores asistenciales de las unidades de cuidados intensivos de una institución hospitalaria de Montería

Karina Valencia, María Eugenia Ferreira, Dina Ricardo, Alejandra Albonis, Ángela Muñoz, Francisco Buelvas, Miguel Díaz, Mayra Racini, Catalina Tovar

Grupo de Resistencia Bacteriana y Enfermedades Tropicales, Universidad del Sinú, Sincelejo, Sucre

Introducción y objetivo. La prevalencia de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina en el ámbito hospitalario y en la comunidad sigue incrementándose y una de las causas de este fenómeno es la diseminación a través de portadores. El objetivo del estudio fue detectar y caracterizar microbiológica y molecularmente *S. aureus* resistente a la meticilina en trabajadores asistenciales de las unidades de cuidados intensivos de una institución hospitalaria de Montería. **Materiales y métodos.** La población se compuso de 52 trabajadores a quienes se les tomaron 10 muestras nasales y faríngeas con un intervalo de 15 días para definir el estado de portador; se recolectaron 966 muestras. La identificación se realizó usando Microscan PC1A® y se empleó la prueba de cefoxitina para predecir resistencia a la meticilina. Se realizó PCR múltiple para identificar el gen *mecA* y *SCC-mec*, y PCR convencional para detectar genes *lukSF-PV* (leucocidina de Panton-Valentine). **Resultados.** De las muestras recolectadas, en 88 (9%) se logró identificar *S. aureus* y, de estos aislamientos, 21 (24%)

correspondían a *S. aureus* resistentes a la meticilina. Éstos se aislaron de 13 trabajadores (17%), todos identificados como portadores intermitentes. Los datos de sensibilidad a otros antimicrobianos mostraron perfiles de resistencia o sensibilidad intermedia a betalactámicos, macrólidos y lincosamidas, entre otros. Los resultados moleculares mostraron la presencia de cepas con *SCC-mec* de tipo I y IV y ningún aislamiento amplificó para genes *lukSF-PV*. **Conclusiones.** Este estudio permitió demostrar una alta prevalencia de portadores de *S. aureus* resistentes a la meticilina, tanto de origen comunitario como hospitalario, en los trabajadores de las unidades de cuidados intensivos de esta institución, lo que constituye un importante reservorio para la transmisión de estas cepas a los pacientes.

JO-24 Caracterización molecular de aislamientos de *Pseudomonas aeruginosa* y *Acinetobacter baumannii* resistentes a antibióticos beta-lactámicos procedentes de seis instituciones hospitalarias de la región Caribe colombiana

Ángela Muñoz, Francisco Buelvas, Miguel Díaz, Catalina Tovar
Grupo de Resistencia Bacteriana y Enfermedades Tropicales, Universidad del Sinú, Sincelejo, Sucre

Introducción y objetivo. *Pseudomonas aeruginosa* y *Acinetobacter baumannii* son patógenos oportunistas que causan un gran número de infecciones hospitalarias. El objetivo de este estudio fue caracterizar molecularmente los aislamientos resistentes a los betalactámicos en la región Caribe. **Materiales y métodos.** Se recolectaron 69 aislamientos (51 de *P. aeruginosa* y 18 de *A. baumannii*) durante un periodo de 18 meses. Se identificaron por MicroScan NC44® y la sensibilidad se evaluó por el método Kirby-Bauer. Para la detección molecular de los genes de resistencia y la relación de clon, se utilizaron las técnicas de PCR y PFGE. **Resultados.** *P. aeruginosa* presentó resistencia frente a la ticarcilina (80%), la piperacilina (62,7%), el meropenem (54,9%), el imipenem y la piperacilina-tazobactam (51%). *A. baumannii* presentó resistencia a la piperacilina (94,4%), la ceftazidima (77,8%), el cefepime (66,7%), el meropenem (61,1%), el imipenem y la ampicilina-sulbactam (55,6%), y la cefoperazona-sulbactam (38,9%). Por PCR, en *P. aeruginosa* se amplificaron genes del grupo *bla* en 14 (27,5%) aislamientos, 9 *blaVIM*, 6 *blaTEM* y un aislamiento *blakpc*. En todos los *A. baumannii* se encontró el gen de grupo *blaOXA51*, 13 (72,2%) amplificaron *blaTEM*, 10 (55,5%) *blaOXA23* y un aislamiento *blaVIM*. Por PFGE se identificaron 32 grupos en *P. aeruginosa*. Cinco reunieron aislamientos con similitud mayor de 88%, además de identificar en cada uno de ellos un clon. Para *A. baumannii*, tres grupos presentaron aislamientos con similitud mayor de 90%, cada uno con un clon. Se encontró diseminación de un clon en instituciones de Montería y de aislamientos estrechamente relacionados entre ciudades de la región Caribe colombiana. **Conclusiones.** Este estudio determinó la presencia de aislamientos con diversos mecanismos de resistencia a betalactámicos. Asimismo, demostró que la diseminación de clones de este microorganismo se distribuye entre instituciones de una misma región en nuestro país.

JO-29 Análisis microbiológico y molecular de muestras de bilis vesicular de pacientes sometidos a colecistectomía

Hernán Darío Carvajal, Sergio Díaz, Miryan Margot Sánchez, Nora María Cardona
Instituto Colombiano de Medicina Tropical, Universidad CES, y Grupo de Cirugía, Universidad CES, Medellín, Antioquia

Introducción y objetivo. La presencia de microorganismos en la bilis vesicular puede desencadenar colecistitis y sepsis. Además, la presencia de *Salmonella enterica* se ha reportado asociada con cáncer de vesícula biliar. Con este trabajo se buscó la presencia y frecuencia de

microorganismos aerobios, con énfasis en *S. enterica*, en muestras de bilis vesicular recolectadas de pacientes sometidos a colecistectomía.

Materiales y métodos. Se recolectaron 196 muestras de bilis de pacientes sometidos a colecistectomía por laparoscopia, provenientes de Apartadó (22), Medellín (103), Turbo (5) y otros municipios de Antioquia (66). A cada muestra se le realizó cultivo microbiológico y PCR para la detección del gen *hlyA* de *S. enterica*. Además, a los aislamientos se les realizaron pruebas bioquímicas confirmatorias y, a los aislamientos compatibles, PCR múltiple para serotipo. **Resultados.** Por cultivo se encontraron 34 muestras positivas (17,3%) para 16 diferentes especies bacterianas; las más frecuentes fueron *Enterobacter cloacae*, *Pseudomonas* spp., *Klebsiella* spp., *Raoultella terrigena*, *Proteus* spp., incluyendo tres muestras positivas para *Salmonella enteritidis* (1,5%). Por PCR se detectó ADN de *S. enterica* en ocho muestras (4,1%).

Conclusiones. Se detectó la presencia de bacterias en la bilis vesicular que pudieran explicar el cuadro clínico de colecistitis. La presencia de *S. enterica* hace necesario realizar este tipo de estudios en las zonas endémicas de salmonelosis para determinar el porcentaje de personas portadoras. Se demuestra, también, la necesidad de complementar los estudios bacteriológicos con la búsqueda de marcadores tumorales en vesícula biliar, para establecer la asociación entre la presencia de esta bacteria y el cáncer en nuestro medio.

JO-32 Grupo GERMEN: una estrategia para el estudio, la vigilancia y el control de la resistencia a los antibióticos en el Valle de Aburrá

Carlos Gonzalo Robledo, Jaime Alberto Robledo, Natalia Andrea Maldonado, Grupo GERMEN
Laboratorio Médico de Referencia, Universidad Pontificia Bolivariana y Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín, Antioquia

Introducción y objetivos. El grupo para el estudio de la resistencia a antibióticos de Medellín (GERMEN) se creó con los objetivos de realizar vigilancia de la resistencia a los antibióticos en la región, divulgar periódicamente datos consolidados y desarrollar actividades de actualización, control de calidad e investigación. **Materiales y métodos.** Se conformó un grupo multidisciplinario integrado por instituciones hospitalarias y laboratorios clínicos que participan activamente y de forma voluntaria en las actividades periódicas desarrolladas. **Resultados.** GERMEN ha logrado recolectar, auditar y analizar la información del 2007, 2008 y 2009, de 14 instituciones hospitalarias. Se ha hecho la verificación e interpretación con base en las guías del *Clinical and Laboratory Standards Institute* (CLSI), el análisis utilizando el programa Whonet de la Organización Mundial de la Salud y la divulgación anual de datos de resistencia de microorganismos marcadores, a través de la página www.grupogermen.org, afiches y otros medios. Además, el grupo ha desarrollado reuniones periódicas de educación y actualización de los estándares en pruebas de sensibilidad y capacitación permanente en el manejo del Whonet. En el 2009 se inició el Programa de control de calidad interlaboratorios que consta del envío trimestral de aislamientos con características particulares de resistencia a las instituciones participantes para su identificación y determinación del perfil de sensibilidad, el análisis posterior y la discusión grupal de los resultados. **Conclusiones.** Este sistema de vigilancia ha proporcionado información sobre la magnitud y las tendencias del problema en la región, información valiosa para la selección de la terapia empírica y el diseño de medidas de control. Las actividades complementarias han permitido evaluar y mejorar la calidad de los procedimientos de microbiología entre los participantes.

JO-33 Resultados de la vigilancia de la resistencia a los antibióticos en 14 instituciones hospitalarias del Valle de Aburrá en el año 2009

Jaime Alberto Robledo, Carlos Gonzalo Robledo, Natalia Andrea Maldonado, Grupo GERMEN
Laboratorio Médico de Referencia, Universidad Pontificia Bolivariana y Corporación para Investigaciones Biológicas, Medellín, Antioquia

Introducción. La resistencia a los antibióticos es un problema de salud pública a nivel mundial, pero su magnitud varía geográfica y temporalmente. Por esta razón, el diseño de medidas de control efectivas debe basarse en el comportamiento local y regional de la resistencia.

Materiales y métodos. Se recolectó la información de sensibilidad a los antibióticos de los microorganismos aislados durante el 2009 en 14 instituciones hospitalarias de la región. Los datos se normalizaron e interpretaron con base en las guías del *Clinical and Laboratory Standards Institute* (CLSI). Se analizó la información considerando sólo el primer aislamiento de cada paciente y utilizando el programa WHONET 5.5. **Resultados.** De 30.176 aislamientos analizados, *Escherichia coli* fue el más frecuente (37%), seguido de *Staphylococcus aureus* (10%) y *Klebsiella pneumoniae* (9%). En todos los servicios, la sensibilidad de *S. aureus* a la oxacilina fue de 70,5% y a la vancomicina de 100%. La sensibilidad de *Enterococcus faecalis* y *E. faecium* a la vancomicina fue 98,7% y 70,2%, respectivamente. *E. coli* tuvo una sensibilidad a la ciprofloxacina de 68,1%. El porcentaje de aislamientos productores de betalactamasas de espectro extendido fue de 5,72% en *E. coli* y de 18,2% en *K. pneumoniae*. *Pseudomonas aeruginosa* tuvo una sensibilidad al cefepime de 75,6% y al carbapenem de 81,9%, mientras que, para *Acinetobacter baumannii* la sensibilidad al carbapenem fue de 69,7%. **Conclusiones.** Se demostraron problemas importantes de resistencia en los microorganismos más frecuentes, principalmente, en *P. aeruginosa*, *A. baumannii* y *E. faecium*. El conocimiento de estos datos de resistencia servirá para optimizar las estrategias de control a nivel regional y evaluar su impacto.

JO-34 Colonización nasal por *Staphylococcus aureus* resistente a metilina en preescolares sanos de Cartagena de Indias

Ceyla Causil, Carmen Herazo, Cindy Ordóñez, Juan Rebollo, Alfonso Bettin, Niradiz Reyes
Grupo de Genética y Biología Molecular, Universidad de Cartagena. nreyesr@unicartagena.edu.co

Introducción y objetivo. Los reportes de diversas áreas geográficas del mundo coinciden en mostrar un aumento notorio de infecciones por *Staphylococcus aureus* resistente a metilina comunitario, que afecta principalmente a niños y adolescentes. En Colombia se sabe poco sobre la epidemiología de *S. aureus* y su comportamiento en la comunidad, especialmente en niños. El objetivo fue determinar la frecuencia de colonización nasal de *S. aureus* sensible y resistente a metilina, en preescolares de Cartagena, y la presencia de genes para Pantón-Valentine (PVL) en los aislamientos. **Materiales y métodos.** Previo consentimiento informado de los padres, se realizaron hisopados nasales a 100 niños preescolares de la ciudad de Cartagena. Se obtuvieron 40 aislamientos de *S. aureus* y se evaluó la sensibilidad antibiótica mediante ensayo de difusión en disco. Mediante PCR múltiple, se detectó la presencia de los genes *nuc*, *mecA* y PVL en los aislamientos. **Resultados.** La prevalencia de portadores nasales de *S. aureus* sensible a la metilina en las fosas nasales fue de 40% (40/100). Una cepa de *S. aureus* sensible a la metilina fue positiva para PVL (1/100, 1%). El porcentaje de colonización por *S. aureus* resistente a la metilina fue de 5% (5/100), cepas que, en su totalidad, fueron posi-

tivas para PVL y resistentes a eritromicina. Se encontraron tres cepas de *S. aureus* sensibles a la meticilina y resistentes a eritromicina y siete con resistencia intermedia. **Conclusiones.** Las tasas de colonización para *S. aureus* resistente y sensible a la meticilina fueron mayores que las reportadas en otras áreas. Todas las cepas resistentes a la meticilina fueron positivas para PVL, lo que representa un riesgo para los niños portadores y la comunidad en general, ya que estas cepas PVL+ están implicadas en infecciones graves. Se necesitan estudios adicionales sobre la dinámica de la transmisión de *S. aureus* resistente a la meticilina entre preescolares y el diseño de estrategias preventivas.

JO-36 Clonación, expresión, purificación y determinación de la actividad antimicrobiana de un péptido de la familia de las cecropinas a partir de larvas de *Lucilia sericata*

Germán Alberto Téllez, Jhon Carlos Castaño
Universidad del Quindío

Introducción y objetivos. La resistencia a los antibióticos es un problema que afecta al sistema de salud en diferentes niveles; por lo tanto, es una necesidad inmediata emprender la búsqueda de nuevos productos con diferentes mecanismos de acción. Los péptidos antimicrobianos tienen gran potencial para el desarrollo de nuevos medicamentos por su estructura química, sus mecanismos de acción diferentes y su amplio espectro de acción. Por esta razón, los objetivos de este estudio fueron identificar, clonar y determinar la actividad de un péptido recombinante de las cecropinas de *Lucilia sericata* (usadas para larvaterapia). **Materiales y métodos.** A partir del ácido ribonucleico (ARN) de las larvas de *L. sericata*, se determinó la secuencia del ADNc de un péptido de la familia de las cecropinas mediante RACE PCR, se clonó en un plásmido pGEX5X1 y se produjo la proteína recombinante mediante inducción con IPTG. Luego, se purificó la proteína recombinante por medio de cromatografía de afinidad con glutatión sefarosa. Finalmente, se determinó la actividad antimicrobiana mediante difusión radial. **Resultados.** Se obtuvo la secuencia parcial del gen de las cecropinas a partir de *L. sericata* y se amplificó la secuencia genética correspondiente al péptido maduro; se produjeron, aproximadamente, 6 mg/100 ml de medio de proteína recombinante. No se observó actividad antimicrobiana contra *Escherichia coli*. **Conclusiones.** Se logró identificar la secuencia de una cecropina en *L. sericata*, lo que es un avance en el entendimiento del éxito de la terapia con larva. Además, se obtuvo un péptido con potencial aplicación biomédica. Es necesario verificar su actividad por otros métodos.

JO-37 Análisis de dos cepas mutantes de *Klebsiella pneumoniae* involucradas en la formación de biopelículas

Mónica Gabriela Huertas, Marcela Lozano, Diana Patricia Cruz, Lina Johanna Zárate, María Mercedes Zambrano
Corporación Corpogen, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivos. *Klebsiella pneumoniae* es un patógeno oportunista causante de infecciones hospitalarias, que puede formar biopelículas, lo cual contribuye a su persistencia y capacidad patógena. Este proyecto analizó dos mutantes de *K. pneumoniae*, M39 y M14, con mutaciones en los genes que codifican para las proteínas diguanilato ciclasa (DGC), involucradas en la señalización intracelular para entender por qué mutantes en genes homólogos presentan fenotipos contrastantes. **Materiales y métodos.** Se caracterizaron los mutantes bajo diversas condiciones de crecimiento, se utilizaron herramientas bioinformáticas para analizar la estructura y distribución de los genes que codifican para Diguanilato ciclasas (DGC), y se hicieron análisis de PCR en tiempo real para ver su expresión. **Resultados.** Aunque ambas mutantes afectan a los genes para DGC, la cepa mutante M39

presentó una biopelícula aumentada y cambios en su matriz extracelular, mientras que la M14 tuvo una biopelícula disminuida. El análisis de expresión en el mutante M39 indicó expresión exagerada del gen para DGC alterado (*yfiN*) y del gen para una celulosa sintasa putativa. En el estudio paralelo *in silico*, se identificaron dominios conservados y la presencia de múltiples copias de estos genes en los tres genomas de *K. pneumoniae* secuenciados hasta el momento. **Conclusiones.** La diferencia en expresión de los genes analizados explica el fenotipo observado en M39. El estudio comparativo de tres genomas identificó un alto nivel de conservación y algunas diferencias respecto a la presencia y ubicación genómica de estos genes. Con estos estudios se espera aportar al conocimiento de los mecanismos empleados por *K. pneumoniae* para formar biopelículas y contribuir al desarrollo de futuras estrategias para su control.

JO-38 Etiología bacteriana en infecciones endodónticas resistentes al tratamiento

Lina María Salazar, Rafael Fernández
Universidad CES, Medellín, Antioquia

Introducción y objetivo. Las causas del fracaso de un tratamiento endodóntico pueden ser muchas y se deben principalmente a fallas de índole procedimental, combinadas –o no– con infecciones endodónticas persistentes intrarradiculares o extrarradiculares. La microbiota detectada suele ser monomicrobiana y está constituida principalmente por cocos Gram positivos anaerobios facultativos, especialmente, *Enterococcus faecalis*. Sin embargo, se han propuesto hipótesis sobre las diferencias en esta prevalencia, basándose en la influencia relacionada con la procedencia geográfica del paciente. El objetivo de este estudio consistió en identificar la microbiota presente en los dientes de pacientes con fracaso endodóntico. **Materiales y métodos.** Se analizaron muestras provenientes de 28 pacientes con signos clínicos y radiológicos de infección endodóntica resistente al tratamiento. Las muestras correspondieron a puntas de papel y material de obturación, extraídos del conducto principal del diente afectado. Las muestras se sometieron a un análisis microbiológico en búsqueda de aerobios y anaerobios facultativos y anaerobios estrictos. Los aislamientos obtenidos se identificaron empleando el sistema MicroScan® y se determinó su perfil de sensibilidad antibiótica. **Resultados.** *E. faecalis* fue la especie aislada con mayor frecuencia (35,7%), seguida por *E. coagulans* negativa (14,3%) y *Pseudomonas aeruginosa* (10,7%). En 50% de los casos no fue posible determinar la etiología de la infección. Con respecto al perfil de sensibilidad antibiótica, 63,6% de los aislamientos de *E. faecalis* resultó resistente a la tetraciclina (uno de los medicamentos intraconducto más usados) 45,5% a Synercid® y 36,4% a la eritromicina. **Conclusiones.** *E. faecalis* es la especie más prevalente en casos de fracaso endodóntico en los pacientes de Medellín.

JO-39 Rv2163 es una proteína asociada a la resistencia a antibióticos betalactámicos en *Mycobacterium tuberculosis*

Nelson Enrique Arenas, Edgar Antonio Reyes, Carlos Yesid Soto, Luz Mary Salazar
Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío, y Departamento de Química, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivos. Recientemente se ha demostrado una gran efectividad de antibióticos, como meropenem-clavulanato, en cepas de *Mycobacterium tuberculosis* resistentes a múltiples medicamentos. Por esta razón, se ha sugerido un papel funcional de las betalactamasas en la selección de bacilos persistentes. Los objetivos de este estudio fueron caracterizar estructuralmente la proteína Rv2163 y establecer su posible

asociación en el surgimiento de la resistencia. **Materiales y métodos.** Se empleó el servidor I-Tasser para realizar el modelado completo de la proteína Rv2163, basado en métodos de *threading*, *ab initio* y refinamiento estructural y empleando cinco estructuras de proteínas de unión a penicilina (PUB) (códigos PDB 1QME, 1MWR, 1QME, 3EQU y 1VQQ). Además, se usó la combinación de servidores Smart, String, Conseq, Profunc, Tbpred y Toppred. **Resultados.** Se encontró que Rv2163 de *M. tuberculosis*, probablemente, se encuentra asociada a la membrana por una hélice transmembrana (91-109) y presenta un dominio similar a transpeptidasa/betalactamasa entre los residuos 339-654 y una dimerización de PUB entre 131-295. El dominio transpeptidasa/betalactamasa contiene los residuos implicados en la capacidad hidrolítica de antibióticos betalactámicos de la proteína. Las interacciones potenciales de Rv2163 se asociaron principalmente a enzimas que promueven la biosíntesis de la pared celular y la persistencia en la respuesta a antibióticos. El modelo construido es estructuralmente similar a otras PUB acomplejadas con antibióticos de patógenos resistentes a múltiples medicamentos. **Conclusiones.** La caracterización de Rv2163 corresponde a un paso inicial en el entendimiento de la resistencia natural de *M. tuberculosis* a antibióticos betalactámicos. Este modelo podría permitir una aproximación estructural útil para el desarrollo de nuevos antibióticos betalactámicos con mayor afinidad.

JO-40 Transcripción de gingipainas durante la adhesión de *Porphyromonas gingivalis* a células endoteliales

Diana Marcela Castillo, Gloria Inés Lafaurie, Jaime Eduardo Castellanos
Universidad El Bosque, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivo. Se ha reportado bacteriemia transitoria después de procedimientos periodontales, que son la puerta de entrada de microorganismos al compartimiento vascular. Se ha aislado *Porphyromonas gingivalis* con gran frecuencia en los ateromas de carótida. El papel de los mecanismos de adhesión de las células endoteliales no es claro. El objetivo de este estudio fue evaluar la expresión de genes de gingipainas *rgpA*, *rgpB* y *kgp* de aislamientos de *P. gingivalis* provenientes de sangre periférica y de la placa subgingival de pacientes con periodontitis en un modelo de adhesión a células endoteliales. **Materiales y métodos.** Se incubaron monocapas de células EAhy-926 con *P. gingivalis* (dos cepas de referencia y 14 aislamientos clínicos) para evaluar la adhesión después de 30 minutos. Se cuantificaron los transcritos para cada una de las gingipainas usando PCR en tiempo real. **Resultados.** La expresión de los genes *rgpA*, *rgpB* y *kgp* de cepas de referencia presentaron regulación negativa cuando se cultivaron con aire o 5% de CO₂ en comparación con anaerobiosis. Dos aislamientos presentaron diferencias significativas en el porcentaje de adhesión según su origen (sangre o placa). En el modelo de adhesión se indujo una regulación negativa de los tres genes en los aislamientos clínicos y en las cepas de referencia, en comparación con bacterias que no se encontraban simultáneamente en cultivo. **Conclusiones.** *P. gingivalis* induce una disminución de la expresión de los genes para gingipainas, lo cual sugiere que los dominios adhesina en estas proteínas no son el principal mecanismo implicado en el proceso de adhesión.

JO-41 Detección de proteínas de unión al gen *icaA* en *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina cepa USA300

Sebastián Gaines, Javier Antonio Escobar, Adriana Paola Durán, Ricaurte Alejandro Márquez, Betsy Esperanza Castro, Natasha Vanegas
Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivos. USA300 es un clon pandémico de *Staphylococcus aureus* resistente a todos los antibióticos betalactámicos, que posee una gran capacidad de formar biopelícula. El gen *icaA* es el principal factor relacionado con dicha capacidad. El objetivo de este trabajo fue determinar la existencia de proteínas de unión a una secuencia específica del gen *icaA* del operón *icaADBC* en *S. aureus* resistente a la meticilina, cepa USA300. **Materiales y métodos.** Se diseñó una sonda de ADN *in vitro* para simular una secuencia específica hallada en el gen *icaA* y se estandarizó un sistema de quimioluminiscencia para su detección. Se utilizó la técnica de retardo en gel (*Gel shift*) para evaluar la existencia de proteínas que reconocen esta secuencia, a partir de un extracto proteínico total de la cepa USA300 que forma y biopelícula que no lo hace. **Resultados.** Se encontró que la secuencia de ADN hallada en el gen *icaA* es palindrómica y está muy conservada en seis especies de *Staphylococcus* spp. formadoras de biopelícula. Se detectaron dos complejos proteínicos que reconocen de manera específica esta secuencia. Se confirmó la especificidad de la unión de los complejos proteínicos con la secuencia mediante ensayos de competición, utilizando competidores específicos e inespecíficos. En bacterias que forman biopelícula, sólo se detectó un complejo proteínico. **Conclusiones.** Las secuencias palindrómicas son de gran importancia en la regulación de la expresión génica. Es probable que estos complejos proteínicos, al reconocer esta secuencia dentro del gen *icaA*, actúen como proteínas reguladoras en la formación de la biopelícula de *S. aureus*.

JO-42 Análisis de mutantes *ycgR* involucrados en la formación de biopelículas de *Klebsiella pneumoniae*

Lina Johanna Zárate, Mónica Gabriela Huertas, Marcela Lozano, María Mercedes Zambrano
Corporación Corpogen, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivo. *Klebsiella pneumoniae* es uno de los patógenos oportunistas hospitalarios de mayor incidencia por la habilidad que tiene para formar biopelículas sobre diversas superficies. El objetivo de este trabajo fue analizar un grupo de mutantes afectados en la habilidad de formar biopelículas. **Materiales y métodos.** Se verificaron las características fenotípicas de los mutantes y se identificaron el contexto genómico de la mutación, los dominios conservados y las características a nivel de proteína, con análisis bioinformáticos a partir de los genomas reportados. Se diseñaron una estrategia de complementación de la mutación y ensayos orientados a eliminar genes específicos, para definir el papel del gen afectado de función desconocida (*ycgR*) en la formación de biopelículas de *K. pneumoniae*. **Resultados.** El gen afectado codifica para una proteína involucrada en el ensamblaje del *pili* de tipo IV, de importancia en procesos de adherencia y, por consiguiente, en los estadios tempranos de la formación de biopelícula. En esta proteína se encontró el dominio conservado PilZ de unión al segundo mensajero c-di-GMP, el cual modula diferentes funciones celulares. Aunque el gen afectado no se encuentra ubicado en un operón, está adyacente al gen que codifica para el regulador de transcripción LuxR involucrado en *Quorum sensing*, que es importante en los procesos de formación de biopelículas y que pudo, también, haberse visto perturbado. **Conclusiones.** A pesar de que los mutantes no forman biopelícula, presentan fenotipos similares a los de la cepa parental. Conociendo las características genotípicas que les confieren esta habilidad, se puede contribuir al planteamiento de estrategias de control.

JO-44 Vigilancia de *Acinetobacter* en un estudio multicéntrico: sensibilidad y epidemiología molecular

Aura Lucía Leal, Sandra Yamile Saavedra, Jorge A. Cortés, Giancarlo Buitrago, María Victoria Ovalle, Carlos A. Álvarez, Jorge Larrota, Gerson Arias
Universidad Nacional de Colombia y Pfizer Colombia, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivo. La resistencia antimicrobiana en *Acinetobacter* spp. ha crecido de forma importante en nuestro país. El objetivo del presente estudio fue describir la sensibilidad y la epidemiología molecular de *Acinetobacter* spp. en un estudio multicéntrico de vigilancia.

Materiales y métodos. Se realizó un estudio de vigilancia en el que se le solicitó a los hospitales enviar un número fijo de aislamientos de *Acinetobacter* spp. durante un año. Se realizó microdilución para evaluar la sensibilidad a la tigeciclina y otros antibióticos de amplio espectro. Se hizo electroforesis de campos pulsados sobre los aislamientos identificados, para evaluar el patrón molecular. **Resultados.** Durante el 2008, de 13 hospitales de tercer nivel en ocho ciudades, se enviaron 80 muestras de *Acinetobacter* spp. de aislamientos adquiridos por métodos invasivos. Se encontró un perfil de resistencia a múltiples medicamentos, con sensibilidad baja frente al imipenem (28,8%), al cefepime (22,5%), a la ciprofloxacina (20%), a la colistina (87,5%), y a la minociclina 88,8%. Se encontró sensibilidad a la tigeciclina en 100% de los aislamientos. En el análisis molecular se encontraron 10 grupos genómicos, de los cuales, los tres más importantes implicaban la mitad de los aislamientos. Se identificó un grupo genómico en ocho hospitales de cinco ciudades diferentes. **Conclusiones.** Los aislamientos de *Acinetobacter* spp. identificados en una red de vigilancia en Colombia tienen un alto perfil de resistencia a múltiples medicamentos y se han diseminado en clones en varios hospitales, incluso en diversas ciudades del país.

JO-45 Caracterización molecular de aislamientos colombianos de *Streptococcus pneumoniae* serotipo 1, agentes de enfermedad invasora

Carolina Duarte, Olga Marina Sanabria, Jaime Enrique Moreno
Grupo de Microbiología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivo. *Streptococcus pneumoniae* serotipo 1 es el segundo serotipo causante de enfermedad invasora en Colombia. Actualmente, se reconocen cuatro clones internacionales con ese serotipo: Suiza1 ST217, ST306 y ST304 y USA1 ST615. El objetivo de este estudio fue establecer las relaciones genéticas de los aislamientos colombianos de *S. pneumoniae* serotipo 1 recuperados de enfermedad invasora entre 1994 y 2008. **Materiales y métodos.** Se estudiaron 115 aislamientos de *S. pneumoniae* serotipo 1, con datos epidemiológicos y patrones de sensibilidad antimicrobiana (CLSI 2009). La relación genética se estableció por electroforesis en gel de campo pulsado usando la enzima SmaI. Se estandarizó la técnica de tipificación por secuencias de *multilocus* (MLST) para determinar la secuencia tipo en siete aislamientos representativos de los grupos clonales. **Resultados.** El 43,5% de los aislamientos se recuperó de niños menores de cinco años y 62,1% de pacientes con diagnóstico de neumonía. El 6,1% presentó resistencia al trimetoprim-sulfametoxazol; 4,3%, a la tetraciclina, y 0,9% a la eritromicina, y todos fueron sensibles a la penicilina y la vancomicina. Por electroforesis en gel de campo pulsado, 87,8% de los aislamientos se relacionó con el clon Suiza1 ST306; 4,4%, con el clon Suiza1 ST304, y 7,8% no se relacionaron por clones. Por la técnica de tipificación por secuencias de *multilocus*, en seis aislamientos se confirmó la ST306 y en uno la ST304. **Conclusiones.** La enfermedad invasora causada por *S. pneumoniae* serotipo 1 en Colombia se asocia, principalmente, con la circulación de aislamientos relacionados con el clon Suiza1 ST306, diferente de lo reportado en Brasil y en Estados Unidos, donde predominan los clones Suiza1 ST304 y ST227, respectivamente.

JO-46 Mecanismos de resistencia a las fluoroquinolonas de aislamientos clínicos de *Acinetobacter baumannii* en Montería

Francisco Alberto Buelvas, Catalina Tovar
Universidad del Sinú, Sincelejo, Sucre

Introducción y objetivo. *Acinetobacter baumannii* se ha convertido en una gran problemática debido a su habilidad para expresar de forma simultánea varios mecanismos de resistencia. Se han involucrado

las mutaciones en los genes *gyrA*, *parC* y la expresión exagerada de bombas de salida, como factores determinantes de resistencia a las quinolonas. El objetivo de este estudio fue determinar el mecanismo involucrado en la resistencia a las fluoroquinolonas en los aislamientos de Montería. **Materiales y métodos.** Se analizaron 16 aislamientos clínicos de *A. baumannii*, 2 sensibles y 14 resistentes a las fluoroquinolonas, obtenidos en instituciones hospitalarias de Montería, durante el periodo 2007 a 2008. Se identificaron mediante el sistema MicroScan® y la sensibilidad se evaluó por el método de Kirby-Bauer. Se evaluó la expresión exagerada de bombas de salida (AdeABC-AdeJJK) mediante RT-PCR y se amplificaron fragmentos de genes *gyrA* (344pb) y *parC* (327pb) en la región de resistencia a quinolonas para la detección de las mutaciones mediante RFLP, utilizando la enzima Hinf I. **Resultados.** Los dos aislamientos sensibles expresaron de forma aumentada genes codificantes de la bomba AdeJJK y presentaron dos fragmentos de restricción con la enzima Hinf I en *gyrA* (293pb-51pb) y *parC* (125pb-202pb). Todos los aislamientos resistentes presentaron ausencia del sitio de restricción para los dos genes y cinco de los 14 expresaron un aumento de genes de la bomba AdeJJK. Ninguno de los aislamientos expresó un aumento de genes para la bomba AdeABC. **Conclusiones.** La mutación simultánea en los genes *gyrA* y *parC* es la responsable de la gran resistencia a las fluoroquinolonas en la ciudad. El aumento de la expresión de la bomba AdeJJK, al parecer, no es determinante de resistencia para esta familia de antibióticos.

JO-47 Estudio de la transcripción del elemento móvil para el catabolismo de la arginina en *Staphylococcus aureus* extrahospitalario

Bibiana Chavarro, Gladys Pinilla, Javier Escobar, Jaime Enrique Moreno, Natasha Vanegas
Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana, Universidad El Bosque; Laboratorio de Biotecnología, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, y Grupo de Microbiología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivos. El elemento móvil para el catabolismo de la arginina es un nuevo elemento genético encontrado en el clon SARM-AC USA300 y se sugiere que aumenta su capacidad de supervivencia. El objetivo de este estudio fue determinar la presencia y transcripción del elemento móvil para el catabolismo de la arginina en aislamientos extrahospitalarios colombianos de *Staphylococcus aureus* resistente a la metilicina en condiciones aerobias y anaerobias. **Materiales y métodos.** Se analizaron 86 aislamientos extrahospitalarios de *Staphylococcus aureus* resistente a la metilicina recolectados entre junio de 2006 y enero de 2008 en hospitales de Colombia. Se determinó la presencia y transcripción del elemento móvil para el catabolismo de la arginina por medio de PCR y PCR en tiempo real, respectivamente. Para la evaluación fenotípica del elemento móvil para el catabolismo de la arginina, se realizó la curva de crecimiento en diferentes condiciones, como anaerobiosis y presencia de arginina. Se analizó un aislamiento clínico COL207 y, como control positivo y negativo, USA300 y N315, respectivamente. **Resultados.** De los 86 aislamientos analizados, sólo un aislamiento (COL207) (1,3%) presentó el elemento móvil para el catabolismo de la arginina. Se determinó el crecimiento de los microorganismos en condiciones anaerobias y se observó una disminución de 70% en el crecimiento. Cuando se agregó suplemento de arginina al medio, hubo una recuperación de 80%, lo que indica una corrección de la curva. Estos datos fueron corroborados por el conteo de unidades formadoras de colonias. Se observó un aumento en la transcripción del elemento móvil para el catabolismo de la arginina en los aislamientos (COL207, USA300) en anaerobiosis y en presencia de arginina. **Conclusiones.** Se demuestra la presencia del elemento móvil para el catabolismo de la arginina en un aislamiento clínico proveniente de un absceso relacionado con el clon USA300 re-

sistente a la oxacilina, la gentamicina y la tetraciclina. Dicho elemento aumenta su transcripción en anaerobiosis y con suplemento de arginina, lo que indica que su presencia en la bacteria puede ser importante para la supervivencia y el posible aumento de la patogenicidad.

JO-49 Caracterización fenotípica y genotípica de aislamientos colombianos invasores de *Streptococcus pneumoniae* entre el 2005 y el 2008

Jaime Enrique Moreno, Eliana Parra, Catering Rodríguez, Olga Marina Sanabria, María Elena Realpe
Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivo. *Streptococcus pneumoniae* ocasiona neumonía, meningitis y septicemia en niños y adultos mayores. En este estudio se caracterizaron fenotípica y genotípicamente los aislamientos invasores de *S. pneumoniae* recuperados en el programa de vigilancia de meningitis bacteriana aguda e infección respiratoria aguda entre el 2005 y el 2008. **Materiales y métodos.** Se estudiaron 1.243 aislamientos de *S. pneumoniae* con pruebas de optoquina, solubilidad en bilis, serotipificación por reacción de Quellung y sensibilidad a siete antibióticos, siguiendo las guías del *Clinical and Laboratory Standards Institute (CLSI)*. Se determinó la relación genética por electroforesis en gel de campo pulsado a aislamientos con concentración inhibitoria mínima (CIM) mayor de 0,060 µg/ml. **Resultados.** La población más afectada fue la menor de dos años (40,3%). Se informaron 334 aislamientos con diagnóstico de meningitis y 909 de pacientes sin meningitis. Los serotipos 14, 1, 6B, 23F, 6A, 19F, 5, 3, 9V y 18C fueron los más frecuentes. La resistencia a la penicilina, según las guías del CLSI del 2008, disminuyó de 24,6% a 0,2% en los aislamientos de los pacientes sin meningitis y se mantiene en 30,74% en meningitis. Los aislamientos fueron resistentes al trimetoprim-sulfametoxazol (46,2%), la tetraciclina (17%), la eritromicina (6%) y el cloramfenicol (4,2%). De 445 aislamientos con CIM mayor de 0,060 µg/ml, 70,6% se relacionaron genéticamente con los clones España9VST156 (63%), Colombia23FST338 (3,4%), España6BST90 (4%) y España23FST81 (2,92%). **Conclusiones.** La distribución de serotipos es similar a la de los años anteriores de vigilancia. Con los actuales parámetros del CLSI, disminuye la resistencia a la penicilina en los aislamientos de pacientes sin meningitis y la circulación del clon España9VST156 continúa siendo prevalente en el país.

JO-51 Detección y serotipificación de *Streptococcus pneumoniae* a partir de muestras nasofaríngeas mediante PCR múltiple antes de la introducción de la vacuna conjugada heptavalente en Popayán

Eliana Liseth Parra, Olga Marina Sanabria, Victoria Eljach, Yibby Forero, Jaime Enrique Moreno, María Elena Realpe
Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivo. *Streptococcus pneumoniae* forma parte de la flora bacteriana normal nasofaríngea del hombre, especialmente de niños y adultos mayores. El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia de portadores nasofaríngeos y la distribución de los serotipos de *S. pneumoniae* en niños menores de dos años en Popayán (Cauca) antes de la implementación de la vacuna conjugada heptavalente. **Materiales y métodos.** Se estudiaron 234 muestras nasofaríngeas de niños menores de dos años en 11 jardines infantiles. Las muestras se almacenaron en medio STGG. La identificación de *S. pneumoniae* se realizó por PCR múltiple, amplificando los genes *lytA*, *16S rARN* y *cpsA*. Las muestras positivas se serotipificaron por PCR múltiple para los serogrupos 6, 18, 23 y los serotipos 1, 3, 9V, 4, 14, 16F, 17F, 19A, 19F y 23F. **Resultados.** La frecuencia de portadores de *S. pneumoniae* fue de 72,6%. La PCR identificó el serotipo en 48,8% de

las muestras, en 8,8% de las cuales, se determinó un segundo serotipo. El serogrupo más frecuente fue el 6 (17,5%), seguido de los serotipos 14 (11,7%), 23F (10,6%), 19F (8,2%) y 19A (3,5%). El 44,1% de los niños portaban serotipos contenidos en la vacuna antineumocócica conjugada heptavalente. **Conclusiones.** Este estudio proporciona datos del porcentaje de portadores y la distribución de serotipos, lo cual es importante para detectar cambios ocasionados por la introducción de la vacuna. La PCR múltiple es útil para determinar los serotipos de *S. pneumoniae* circulantes; sin embargo, los estudios futuros deben enfocarse en los serotipos no contenidos en la vacuna.

JO-52 Informe microbiológico de casos de leptospirosis ocurridos en un brote en Sabanas de San Ángel, Magdalena, durante febrero y marzo de 2009

Flor Rodríguez, Solmara Bello, María Elena Realpe, Ivonne Hernández
Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivo. La leptospirosis es una enfermedad zoonótica febril aguda transmitida principalmente por animales domésticos. El objetivo de este estudio fue caracterizar microbiológicamente los casos de leptospirosis ocurridos en un brote en el municipio de Sabanas de San Ángel, Magdalena, durante febrero y marzo de 2009. **Materiales y métodos.** Se procesaron 154 muestras séricas pareadas, provenientes de 77 pacientes de casos índice y contactos. Las muestras se analizaron por ELISA IgM en el Laboratorio de Salud Pública del Magdalena y su control de calidad se realizó en el Grupo de Microbiología del Instituto Nacional de Salud, donde se hizo, además, el diagnóstico por inmunofluorescencia indirecta para *Rickettsia rickettsii*. Las muestras se evaluaron mediante la prueba de microaglutinación realizada por el Instituto Colombiano Agropecuario, utilizando antígenos de los serovares Hardjo, Pomona, Canicola, Icterohaemorrhagiae, Grippotyphosa y Bratislava. Se tomó como criterio para confirmación la seroconversión en cuatro títulos. **Resultados.** De los 77 pacientes analizados, 44 (57%) casos fueron positivos y 10 (13%) fueron probables por la técnica de ELISA IgM. Por la prueba de microaglutinación se confirmaron 11 (14%). El serovar Bratislava fue el más frecuente con cuatro (36,4%) casos, seguido de Icterohaemorrhagiae con tres (27,3%), Grippotyphosa con tres (27,3%) y Pomona con uno (9,0%). Las muestras restantes fueron negativas para los serovares analizados. Se identificó un posible caso de infección concomitante con *R. rickettsii*. **Conclusiones.** Se demostró reacción serológica con cuatro serovares de *Leptospira* spp. y, debido a que los reservorios de estos serovares son roedores y porcinos, se sugiere a estos animales como fuentes de infección. Se requiere realizar la prueba de microaglutinación (MAT), incorporando serovares representantes de los 25 serogrupos que existen.

JO-53 Evaluación de una metodología de PCR para la detección de *Streptococcus pneumoniae* y la identificación de serotipos en muestras nasofaríngeas

Paula Lucía Díaz, Olga Marina Sanabria, Elkin Enrique Hernández, Jaime Enrique Moreno
Grupo de Microbiología, Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivos. La serotipificación de *Streptococcus pneumoniae* se realiza con la prueba de Quellung. Alternativamente, se han descrito técnicas de PCR como una opción para estudios epidemiológicos. El objetivo de este estudio fue evaluar la técnica de PCR *lytA* y múltiple para la detección de *S. pneumoniae* y la identificación de serotipos en muestras nasofaríngeas. **Materiales y métodos.** Se estudiaron 246 muestras nasofaríngeas de niños sanos menores de

dos años, previamente procesadas por cultivo y reacción de Quellung para la identificación y serotipificación de *S. pneumoniae*. Se realizó una tamización inicial mediante PCR lytA para la detección de *S. pneumoniae*. Las muestras positivas se procesaron por PCR múltiple para identificación de los serogrupos 6, 18, 23 y los serotipos 1, 3, 4, 14, 9V, 16F, 17F, 19A, 19F, 23F, y se incluyó control interno de amplificación. **Resultados.** En 226 (92%) de las 246 muestras, los resultados concordaron por PCR lytA y por cultivo. Quince (6%) fueron positivas únicamente por PCR lytA y cinco (2%) sólo por cultivo. De las 132 (53,6%) muestras positivas para *S. pneumoniae*, y considerando los serotipos detectados por la PCR múltiple, 73 (55,3%) fueron identificados por las dos metodologías, tres (2,3%) únicamente por PCR, nueve (6,8%) sólo por reacción de Quellung y 47 (35,6 %) muestras tuvieron serotipos no incluidos en la PCR múltiple. La concordancia entre las dos metodologías fue de 90,9%. **Conclusiones.** La metodología de PCR evaluada puede aplicarse en estudios epidemiológicos de colonización nasofaríngea que requieran el procesamiento de un gran número de muestras en corto tiempo.

JO-54 Estudio de casos de fiebre tifoidea informados en una comunidad sin antecedentes de epidemia

Edna Catering Rodríguez, Lucy Angeline Montaña, María Elena Realpe, Jaime Enrique Moreno, Ivón Solarte
Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivo. El control de la fiebre tifoidea varía según las características y los factores de riesgo asociados a la transmisión de *Salmonella typhi*. El objetivo de este estudio fue determinar las características epidemiológicas y bacteriológicas de los casos de fiebre tifoidea presentados en Granada, Meta. **Materiales y métodos.** La identificación de casos se hizo a partir de la vigilancia, la evaluación de factores de riesgo, la búsqueda de portadores asintomáticos y de *S. typhi* en fuentes de agua y alimentos. Se estudiaron 20 aislamientos de pacientes recuperados de julio del 2008 a mayo del 2009. La caracterización fenotípica se realizó por pruebas bioquímicas, serotipificación y perfil de sensibilidad antimicrobiana. Para la caracterización genotípica se utilizó la técnica de electroforesis en campo pulsado (PFGE). **Resultados.** La distribución de los casos sugirió una fuente propagada no común y no se encontraron portadores asintomáticos entre los contactos. Todos los aislamientos de *S. typhi* estudiados fueron sensibles a los antibióticos. La PFGE con la enzima XbaI discriminó los 20 aislamientos en siete grupos clonales que agrupaban 50% de estos en el patrón COIN.JPPX01.0058; y con la enzima BlnI asoció 60% en el patrón COIN.JPPA.26.0004, lo que indicó que éste es el patrón electroforético frecuente. **Conclusiones.** Aunque no se encontró asociación entre los factores de riesgo ni las fuentes comunes entre los pacientes, la tipificación molecular de los aislamientos estableció la circulación de un clon de *S. typhi* en Granada, reportado por primera vez en Colombia, como el causante de la mayoría de los casos. Igualmente, se identificaron aislamientos de diferente origen clonal, que pueden llegar a convertirse en fuente de brotes.

JO-55 Evaluación de la expresión de citocinas en macrófagos U937 estimulados con lipopolisacárido de *Porphyromonas gingivalis*

Sebastián Bernau, Diego Fernando Gualtero, Jaime E. Castellanos, Gloria I. Lafaurie
Unidad de Investigación Básica Oral, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivos. La periodontitis induce episodios de bacteriemia y endotoxemia que generan una respuesta sistémica proinflamatoria en el paciente, que se relaciona con riesgo cardiovascular.

Las endotoxemias por Gram negativos ≥ 50 pg/ml pueden inducir aterosclerosis. En este proceso los macrófagos secretan citocinas, migran al subendotelio y se transforman en células espumosas. El objetivo de este estudio fue determinar si el lipopolisacárido de *Porphyromonas gingivalis* induce la expresión de citocinas proinflamatorias en macrófagos humanos U937 a concentraciones consideradas como de riesgo cardiovascular. **Materiales y métodos.** Se estimularon células U937 con el lipopolisacárido purificado de *P. gingivalis* (ATCC33277) a diferentes tiempos y concentraciones. Se evaluó la expresión de FNT α , IL1 β , IL-6, IL-8, IL-10 e IL-12 a nivel de ARNm por reacción en cadena de la polimerasa en tiempo real (RT-PCR). Como control, se estimularon células U937 con lipopolisacárido de *Escherichia coli* o con medio sin lipopolisacárido. Los experimentos se realizaron por duplicado. El nivel de expresión del ADNC de la citocina se determinó con respecto a la β -actina realizando análisis densitométricos con el programa ImageJ. **Resultados.** Las células U937 expresaron IL-6, IL1 β e IL-8 hasta por 24 horas de estímulo con lipopolisacárido de *P. gingivalis* y *E. coli* a concentraciones de 50 ng/ml y 100 ng/ml. El FNT α sólo fue inducido por el lipopolisacárido de *P. gingivalis* durante las primeras seis horas de estímulo. Ninguno de los lipopolisacáridos indujo la expresión de IL-10 e IL-12 en los macrófagos U937. **Conclusiones.** El lipopolisacárido de *P. gingivalis* a bajas concentraciones induce la expresión de citocinas proinflamatorias en macrófagos. *In vivo*, las endotoxemias subclínicas causadas por patógenos periodontales inducirían la activación de macrófagos, potenciando procesos aterogénicos en pacientes con periodontitis.

JO-58 Corredores endémicos como una estrategia epidemiológica para la determinación del comportamiento de la resistencia bacteriana en salas de hospitalización general de un hospital universitario de nivel III

Christian Hernández, Luisa Fernanda Ospina-Hincapié, Dolly Villegas, Ernesto Martínez
Unidad de Epidemiología y Control de Infecciones, Hospital Universitario del Valle Evaristo García, E.S.E., Cali, Valle del Cauca

Introducción y objetivo. El incremento de la resistencia bacteriana en los ambientes hospitalarios y en infecciones extrahospitalarias la pondera actualmente como un problema de salud pública. Un corredor endémico acumulativo permite identificar zonas de éxito, epidemia y alerta de brote para poblaciones estables con una incidencia regular de casos. Esto permite comparar casos reales con casos esperados, detectando tempranamente incrementos que permitan una intervención oportuna. El objetivo de este estudio fue establecer canales endémicos para el seguimiento de la resistencia bacteriana en un hospital de nivel III. **Materiales y métodos.** Se recolectó la información mediante el sistema de identificación microbiológica MicroScan-LabPro. Se estructuró el archivo histórico (4 años) a partir de WHONET 3.5 con puntos de corte según el CLSI 2009. Los marcadores de resistencia se determinaron según la literatura universal y la epidemiología local. La media geométrica, las desviaciones estándar y los intervalos de confianza de las tasas, permiten el desarrollo del corredor. **Resultados.** Se realizaron corredores endémicos acumulativos de *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* resistentes a la ceftriaxona, *Staphylococcus aureus* resistente a la metilina, *Acinetobacter* spp. resistente al imipenem y *Pseudomonas aeruginosa* resistente a la ciprofloxacina. *P. aeruginosa* estuvo presente en la zona de alerta de brote de la semana 22 a la 41, con picos en las semanas 22 (66%) y 34 (29,6%), mientras que *S. aureus* permaneció en la zona de éxito desde la semana 23 a la 9. **Conclusiones.** El análisis de los corredores endémicos es una importante herramienta, no sólo en el abordaje de las infecciones hospitalarias, sino también, para la vigilancia del comportamiento epidemiológico de la resistencia bacteriana en tiempo real en una institución hospitalaria y conduce a la toma de decisiones oportunas.

JO-65 Implementación de un programa de uso regulado de antibióticos en dos unidades de cuidados intensivos médico-quirúrgicos en un hospital universitario de tercer nivel en Colombia

Christian José Pallares, Ernesto Martínez
Hospital Universitario del Valle, Cali, Valle del Cauca

Introducción y objetivo. Determinar el impacto en el consumo de antibióticos y la resistencia bacteriana de la implementación de un programa de uso regulado de antibióticos en dos unidades de cuidados intensivos del Hospital Universitario del Valle, institución pública de recursos limitados, alto consumo de antibióticos y creciente resistencia bacteriana. Metodología. La estrategia consistió en el diagnóstico basal del perfil microbiológico basal y del consumo de antibióticos, la implementación de una guía de antibióticos por patologías específicas y un formato de prescripción. Se supervisó el cumplimiento de la guía con intervención de infectología y se controló la dispensación de antibióticos. Se comparó el consumo de antibióticos y la incidencia de infección por microorganismos resistentes en las dos unidades de cuidados intensivos, siete meses antes de la intervención y después de ella. La unidad de cuidados intensivos A es médica y la B es quirúrgica. **Resultados.** Entre marzo/septiembre 2009 la observancia de las guías fue de 81,6% (unidad de cuidados intensivos A) y 83,8% (unidad de cuidados intensivos B), disminuyó la incidencia de *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* BLEE+, 63% y 50%, respectivamente y de *Pseudomonas aeruginosa* resistente a la ciprofloxacina, 68% (unidad de cuidados intensivos A) y 59% (unidad de cuidados intensivos B). La implementación del programa de uso regulado de antibióticos fue un factor protector para la infección por *E. coli* y *K. pneumoniae* BLEE+ (unidad de cuidados intensivos A, RR=0,37, IC95%: 0,16-0,85, p=0,01; unidad de cuidados intensivos B, RR=0,49, IC95%: 0,27-0,91, p=0,02); para *P. aeruginosa* resistente a la ciprofloxacina (unidad de cuidados intensivos A, RR=0,31, IC95%: 0,11-0,89, p=0,02; unidad de cuidados intensivos B, RR=0,40, IC95%: 0,17-0,94, p=0,03); para *Staphylococcus aureus* resistente a la oxacilina (unidad de cuidados intensivos A, RR=0,47, IC95%: 0,23-0,98, p=0,04). Se redujo el consumo de antibióticos en general: de meropenem en 22% (unidad de cuidados intensivos A) y 66,4% (unidad de cuidados intensivos B); de ciprofloxacino, 51% (unidad de cuidados intensivos A) y 66% (unidad de cuidados intensivos B), y de vancomicina 60% (unidad de cuidados intensivos A). **Conclusión.** La implementación de un programa de uso regulado de antibióticos disminuye los esquemas empíricos inapropiados en estas unidades de cuidados intensivos, lo cual reduce el consumo de antibióticos y las tasas de infección por microorganismos resistentes.

JO-75 Implicaciones en un sistema de vigilancia en el cambio de puntos de corte de cefalosporinas y aztreonam para *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae* con prueba confirmatoria de betalactamasas de espectro extendido en Colombia de CLSI-2009 a CLSI-2010, GREBO 2003 a 2009

Andrés Fernando Meneses, Aura Lucía Leal, Jorge Alberto Cortés, Giancarlo Buitrago, Juan Sebastián Castillo, Carlos Arturo Álvarez
Grupo para el Control de la Resistencia Bacteriana de Bogotá (GREBO), Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivos. Comparar los cambios en el porcentaje de resistencia de enterobacterias a las cefalosporinas y el aztreonam con el uso de las normas CLSI2009-CLSI2010, a las que se les realizó la prueba confirmatoria para BLEE en ocho instituciones colombianas de alta complejidad pertenecientes a la red del GREBO, entre 2003 y 2009. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo de concentraciones inhibitorias mínimas (CIM) de los aislamientos de *Escherichia coli* y *Klebsiella pneumoniae*, provenientes de muestras clínicas de pacientes hospitalizados en ocho instituciones de alta complejidad de Colom-

bia, entre 2003 y 2009. A todos los aislamientos se les realizó prueba confirmatoria de BLEE con el método automatizado Vitek (Lyon-Biomerieux). La información se sistematizó usando Whonet 5.5®. **Resultados.** Se obtuvieron 15.275 aislamientos de *E. coli* (12.604 en salas generales y 2.671 en unidades de cuidado intensivo) y 4.975 de *K. pneumoniae* (3.014 en salas generales y 1.961 en unidades de cuidado intensivo). La frecuencia de BLEE para *E. coli* fue 5,9% en salas generales y 10,1% en unidades de cuidado intensivo. La frecuencia de BLEE para *K. pneumoniae* fue 24,1% en salas generales y 29,5% en unidades de cuidado intensivo. El porcentaje de resistencia según el CLSI2010 aumentó para la cefazolina y la cefotaxima (100%), para la ceftriaxona (>40%), para el aztreonam y para la ceftazidima (aumento absoluto de 2% a 4%). **Conclusiones.** La aplicación del CLSI2010 implicaría porcentajes mayores de resistencia a las cefalosporinas, que deben ser revisados antes de implementar las normas en un sistema de vigilancia. Su actualización supone un cambio drástico en los perfiles de sensibilidad de las enterobacterias, desconociendo el impacto que podría tener en las políticas de consumo de antibióticos.

JO-76 Análisis molecular de aislamientos de *Staphylococcus aureus* sensible a la metilina relacionados genéticamente con el clon USA300: ¿pérdida *in vivo* del SCCmec o aparición de un clon sensible?

Javier Antonio Escobar, Betsy Esperanza Castro, Alejandro Márquez, Bibiana Chavarro, Santiago Correa, David Guío, Nicolás Hernández, Natasha Vanegas
Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivo. El clon pandémico USA300 tiene un trasfondo genético único y con mayores ventajas adaptativas. El objetivo de este estudio fue realizar una comparación de las características microbiológicas y moleculares de aislamientos de *Staphylococcus aureus* resistente a la metilina y *S. aureus* sensible a la metilina, con énfasis en los relacionados con el clon USA300. **Materiales y métodos.** Se hizo la caracterización microbiológica, molecular y genética de 184 aislamientos de *S. aureus* (90 *S. aureus* resistente a la metilina y 94 *S. aureus* sensible a la metilina) causantes de infección, recolectados entre junio de 2006 y diciembre de 2007. Se determinó su relación genética por PFGE, MLST y el polimorfismo de los genes constitutivos. Además, se realizó un análisis del sitio attB (sitio de inserción del SCCmec) de *S. aureus* sensible a la metilina. **Resultados.** De los 184 aislamientos analizados, 30 (16,3%) (18 *S. aureus* resistente a la metilina y 12 *S. aureus* sensible a la metilina) presentaron características microbiológicas y moleculares relacionadas con el clon pandémico asociado a la comunidad USA300 (sensibilidad a múltiples medicamentos o resistencia a la tetraciclina, la eritromicina o ambas, presencia de genes para PVL, seq, sek, ST8 o CC8). Los pulsotipos de estos 30 aislamientos presentaron una similitud de 87% y 80%, respecto al clon USA300-0114, para *S. aureus* resistente a la metilina y *S. aureus* sensible a la metilina, respectivamente. En cuatro aislamientos de *S. aureus* sensible a la metilina, se encontró una alteración en la secuencia del sitio attB, lo cual sugiere una adquisición y posterior delección del elemento SCCmec. **Conclusiones.** Se demostró un aumento en las infecciones ocasionadas por aislamientos *S. aureus* sensible a la metilina con trasfondo genético USA300. Algunos aislamientos de *S. aureus* sensible a la metilina USA300 provienen posiblemente de aislamientos de *S. aureus* resistente a la metilina USA300 que han perdido el SCCmec.

JO-77 Diseño de dos metodologías para la identificación molecular rápida de aislamientos extrahospitalarios de *Staphylococcus aureus* resistente a la metilina en Colombia

Javier Antonio Escobar, Betsy Esperanza Castro, Alejandro Márquez, Martha Murillo, Natasha Vanegas
Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivos. Los aislamientos colombianos extrahospitalarios de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina están relacionados con el clon pandémico USA300, uno de los más virulentos y patogénicos en el mundo. El objetivo de estudio fue diseñar y estandarizar una metodología para la identificación rápida de aislamientos extrahospitalarios de *S. aureus* resistente a la meticilina en Colombia. **Materiales y métodos.** Se estandarizaron dos metodologías moleculares para la identificación de aislamientos extrahospitalarios de *S. aureus* resistentes a la meticilina. La primera se basó en la identificación por restricción del polimorfismo encontrado en los genes carbamato cinasa (*arcC*) y guanilato cinasa (*gmk*) utilizados para el MLST. La segunda se basó en la amplificación por PCR múltiple de los genes *seq*, *sek*, *lukF-LukS* (específicos para *S. aureus* extrahospitalario resistente a la meticilina) y *sem* y *seo* (específicos para *S. aureus* extrahospitalario resistente a la meticilina). **Resultados.** Las cepas USA300-0114 (ST8), clon chileno CHL93 (-ST5) y clon pediátrico HDE3 (ST5), se utilizaron como control. Se analizaron 138 aislamientos de *S. aureus* resistente a la meticilina, conformados por 101 *S. aureus* extrahospitalario resistente a la meticilina y 37 intrahospitalarios. La primera metodología identificó correctamente todos los aislamientos de *S. aureus* resistentes a la meticilina, extrahospitalario e intrahospitalario. Además, este resultado sugiere que *S. aureus* extrahospitalario resistente a la meticilina pertenece al complejo clonal 8. La segunda metodología identificó correctamente todos los aislamientos de *S. aureus* extrahospitalario resistente a la meticilina y 97% de los aislamientos *S. aureus* intrahospitalario resistente a la meticilina. Esta técnica tiene un bajo costo y un tiempo promedio de seis horas. **Conclusiones.** Con la aparición de *S. aureus* extrahospitalario resistente a la meticilina, su patogenicidad y su diseminación en los hospitales en Colombia y el mundo, es indispensable el desarrollo de técnicas costo-efectivas que permitan identificarlo rápidamente. Estas metodologías son una buena alternativa para la rápida identificación de este tipo de aislamientos en Colombia, comparada con otras técnicas más costosas y que consumen más tiempo, como la PFGE y el MLST.

JO-81 Caracterización clínica y molecular de aislamientos de *Staphylococcus aureus* y *Klebsiella pneumoniae* procedentes de bacteriemias de adultos en una institución de tercer nivel de Bogotá

Erika Paola Vergara, Betsy Esperanza Castro, Guillermo Ortiz, Alejandro Márquez, Juan Sebastián Castillo, Javier Antonio Escobar, Natasha Vanegas
Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivo. *Klebsiella Pneumoniae* y *Staphylococcus aureus* ocupan el segundo y el tercer lugar como patógenos hospitalarios. En sangre son una causa importante de morbilidad, mortalidad e incremento en la estancia hospitalaria. El objetivo de este estudio fue caracterizar clínica y molecularmente los aislamientos de *S. aureus* y *K. pneumoniae* procedentes de bacteriemias en pacientes adultos. **Materiales y métodos.** Estudio descriptivo retrospectivo de corte transversal. Entre mayo de 2008 y junio de 2009 se recolectaron los datos clínicos de los pacientes. En *S. aureus* se amplificó tipo y subtipo de cassette, cuatro enterotoxinas y leucocidina Pantón-Valentine (PVL). En *K. pneumoniae* se determinó la presencia de BLEE y AmpC. Se describieron posibles asociaciones entre variables clínicas y moleculares. **Resultados.** De 45 bacteriemias causadas por *S. aureus*, 35 (77%) fueron hospitalarias por criterios clínicos. Los principales focos fueron dispositivos intravasculares en 10 (22%) y piel y tejidos blandos en 5 (11%). De 26 aislamientos analizados molecularmente, siete (26%) fueron *S. aureus* resistente a la meticilina (relacionados con el clon chileno) y cinco fueron *S. aureus* sensible a la meticilina (19%) con PVL. De 38 bacteriemias por *K. pneumoniae*, 84% fueron hospitalarias;

19 (50%) pacientes tenían antecedente de hospitalización y consumo de antibióticos (últimos seis meses). Los focos fueron vías urinarias en 18% y dispositivos intravasculares en 15%. Trece (34%) de los aislamientos tenían fenotipo BLEE. Se analizaron 16 aislamientos por métodos moleculares, de los cuales, 14 (74%) tenían TEM y 2 (11%) CTXM (grupo 9 y 2). Se encontró asociación entre diabetes mellitus y BLEE. **Conclusiones.** Se encontró gran frecuencia de PVL en *S. aureus* sensible a la meticilina. No hubo asociación entre variables clínicas y moleculares en bacteriemias por *S. aureus*, mientras que, en *K. pneumoniae*, hay asociación entre BLEE y diabetes mellitus. Existe una alta frecuencia de bacteriemias primarias por estos gérmenes en la institución.

JO-82 Caracterización clínica, epidemiológica y molecular de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina causante de infecciones en niños de instituciones de tercer nivel en Bogotá: primeros 50 casos

Martha Isabel Álvarez, Javier Antonio Escobar, Betsy Esperanza Castro, Alejandro Márquez, Sandra Mujica, Carolina Bonilla, Rocío Barrero, Cristina Mariño, Aura Lucía Leal, Natasha Vanegas
Fundación Cardioinfantil y Universidad El Bosque, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivos. La información sobre infecciones por *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina en niños en Colombia es limitada. Se describen las características epidemiológicas, clínicas, genéticas y moleculares de aislamientos de *S. aureus* resistente a la meticilina en pacientes pediátricos de 12 instituciones de tercer nivel en Bogotá. **Materiales y métodos.** Se hace un reporte preliminar de un estudio observacional, prospectivo y descriptivo, entre febrero de 2009 y marzo de 2010, con confirmación microbiológica y molecular de cada aislamiento, tipo y subtipo de SCCmec, PVL, cuatro enterotoxinas y relación genética por PFGE. Se describieron los desenlaces clínicos, complicaciones y mortalidad dentro del primer mes de diagnóstico. **Resultados.** Los aislamientos con subtipo Ivc-E predominaron (90%), siendo todos PVL+, relacionados al CC8 y cerca de 75% poseen los genes *sek* y *seq*, perfil genético de aislamientos de comunidad. Se encontró resistencia para TET en 28%, ERY-CLIN en 6% y fenotipo MLSBc en 43% de los aislamientos resistentes a la eritromicina. Por criterios clínicos, 58% de las infecciones se clasificaron como extrahospitalarias, 36% asociadas al cuidado de la salud y 6% hospitalarias. El compromiso de piel y tejidos blandos afectó 44% de los pacientes, focos osteo-articulares a 40%, choque séptico a 26% y respiratorios a 8%. El 24% de los niños requirió admisión a cuidados intensivos y el 8% falleció. **Conclusiones.** Las infecciones por *S. aureus* resistente a la meticilina en niños son principalmente causadas por aislamientos extrahospitalarios. La aparición de este microorganismo en unidades de cuidado intensivo alerta a los sistemas de salud sobre la epidemiología emergente y el adecuado manejo de esta clase de infecciones; es más frecuente el compromiso de piel y tejidos blandos, seguido por la osteomielitis.

JO-84 Estandarización de una técnica de PCR en tiempo real para la detección de bacterias causantes de enfermedades transmitidas por alimentos

Elkin Hernández, Jaime Moreno
Instituto Nacional de Salud, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivos. Las enfermedades transmitidas por alimentos son causadas principalmente por microorganismos y, actualmente, constituyen un problema de salud pública. El objetivo de este estudio fue estandarizar una técnica de PCR múltiple en tiempo real

para detectar bacterias que frecuentemente causan enfermedades transmitidas por alimentos: *Salmonella* spp., *Shigella* sp., *Yersinia enterocolitica* y *Listeria monocytogenes*, a partir de suspensiones de ADN bacteriano y materia fecal. **Materiales y métodos.** En una misma PCR se mezclaron iniciadores para amplificar regiones génicas específicas: *invA* de *Salmonella* spp., *ipaH* de *Shigella* sp., *ail* de *Y. enterocolitica*, región intergénica 16S/23S de *L. monocytogenes*; se incluyó un control interno de amplificación dirigido al *ARNr 16S* y se emplearon cepas de control. Los productos amplificados se detectaron mediante sondas de hidrólisis. La sensibilidad se determinó mediante diluciones seriadas con suspensiones de ADN y, la especificidad, con cepas bacterianas del aparato gastrointestinal. A partir de materia fecal inoculada con las bacterias estudiadas, se extrajo el ADN con estuche comercial y se amplificó mediante PCR. **Resultados.** Se obtuvo detección de todos los productos de amplificación en una misma reacción, sin entrecruzamiento fluorescente. La sensibilidad fue de 4 a 39 unidades formadoras de colonias y no se presentó reactividad cruzada con los microorganismos analizados. En las muestras de materia fecal se detectaron las bacterias estudiadas con los resultados esperados. **Conclusiones.** La técnica estandarizada detecta de manera sensible y específica los patógenos bacterianos estudiados causantes de enfermedades transmitidas por alimentos y puede ser una herramienta útil para la vigilancia de la enfermedad y la inocuidad de productos alimentarios.

JP-4 Predominio de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina tipo IVc causante de infección asociada a la atención en salud en instituciones de alta complejidad en Medellín

Erika Andrea Rodríguez, Sigifredo Ospina, Lázaro A. Vélez, Luz A. Patiño, Carlos G. Garcés, Andrea V. Restrepo, Olga Lucía Molina, Carlos E. Muskus, Margarita María Correa, Judy Natalia Jiménez
Línea de Epidemiología Molecular, Grupo de Microbiología Molecular, Escuela de Microbiología, Universidad de Antioquia, Medellín, Colombia

Introducción y objetivo. Los estudios en hospitales a nivel mundial sugieren que la barrera entre las cepas de *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina asociadas a la atención en salud y *S. aureus* resistente a la meticilina asociadas a la comunidad es cada vez más incipiente. En este trabajo se propuso caracterizar clínica, epidemiológica y molecularmente los aislamientos de *S. aureus* resistente a la meticilina en dos instituciones de mediana y alta complejidad de Medellín. **Materiales y métodos.** Los datos clínicos y epidemiológicos se obtuvieron de la historia clínica. Los aislados de *S. aureus* y la resistencia a la meticilina se confirmaron molecularmente, empleando los genes *nuc* y *mec*. La tipificación se realizó empleando el casete cromosómico *mec* (SCCmec). Los pacientes se clasificaron en dos grupos mutuamente excluyentes, de acuerdo con los criterios clínicos y epidemiológicos descritos por los *Centers for Disease Control and Prevention* (CDC). Los datos se analizaron en SPSS. **Resultados.** Se incluyeron 228 aislamientos de *S. aureus* resistente a la meticilina, de los cuales se clasificaron: 22 (9,6%) como *S. aureus* extrahospitalario resistente a la meticilina; 106 (46,5%) como *S. aureus* intrahospitalario resistente a la meticilina de inicio en la comunidad y 100 (43,9%) como *S. aureus* intrahospitalario resistente a la meticilina de inicio en el hospital. La tipificación molecular de SCCmec mostró que todos los aislamientos clasificados como *S. aureus* extrahospitalario resistente a la meticilina presentaban únicamente el SCCmec tipo IVc. Los aislamientos clasificados como *S. aureus* intrahospitalario resistente a la meticilina presentaron los SCCmec tipo I, II, IVa y IVc. El SCCmec tipo IVc fue el predominante, seguido por el tipo I. Las cepas con SCCmec tipo IVc presentaron altos índices de sensibilidad a los antibióticos evaluados en las diferentes instituciones, excepto para la tetraciclina.

Conclusiones. Los resultados sugieren que, en instituciones de Medellín, las cepas tipo IVc, tradicionalmente extrahospitalarias, son las principales responsables de infecciones por *S. aureus* intrahospitalario resistente a la meticilina.

JP-78 Detección de los genes involucrados en la resistencia a antibióticos del grupo aminoglucósidos, macrólidos y lincosamidas en aislamientos de *Staphylococcus aureus* extrahospitalario resistente a la meticilina

Oscar Gómez, Alejandro Márquez, Betsy Esperanza Castro, Natasha Vanegas, Javier Antonio Escobar
Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana, Universidad El Bosque, Bogotá, D.C.

Introducción y objetivo. Una característica importante de los aislamientos de *Staphylococcus aureus* extrahospitalario resistente a la meticilina ha sido su múltiple sensibilidad a otros grupos de antibióticos diferentes a los betalactámicos y tetraciclinas. Estos pueden adquirir elementos genéticos móviles que favorecen la virulencia y la resistencia a otros grupos de antibióticos. Por lo anterior, el objetivo de este estudio fue determinar los mecanismos de resistencia a otros antibióticos de uso clínico en aislamientos de *S. aureus* extrahospitalario resistente a meticilina en Colombia. **Materiales y métodos.** Se analizaron 82 aislamientos clasificados como *S. aureus* extrahospitalario resistente a meticilina por criterios moleculares. Se determinó el perfil de resistencia a aminoglucósidos, macrólidos y lincosamidas por los métodos automatizado, difusión y dilución en agar y D-test. La confirmación molecular se realizó por la amplificación de los genes *aac(6'')/aph(2'')*, *aph(3'')-IIIa*, *ant(4'')-Ia*, *ermA*, *ermB* y *ermC* por PCR múltiple. **Resultados.** De los 82 aislamientos de *S. aureus* extrahospitalario resistente a meticilina analizados, 11 (13%) presentaron resistencia a macrólidos, 10 (12%) a lincosamidas y 5 (6%) a aminoglucósidos. Los genes *aph(3'')-IIIa*, *aac(6'')/aph(2'')* y *ant(4'')-Ia* se encontraron en 80%, 60% y 40% de los aislamientos resistentes a los aminoglucósidos, respectivamente. Los genes *ermA* y *ermC* se encontraron en ADN de plásmidos en 18% y 9%. De los aislamientos resistentes a los macrólidos, 2 (18%) presentaron fenotipo MLS_{bi} y 1 (9%) MLS_{bc}. **Conclusiones.** Estos resultados confirman la aparición de aislamientos de *S. aureus* extrahospitalarios resistente a meticilina resistentes a aminoglucósidos, macrólidos y lincosamidas con fenotipo MLS_{bi} y MLS_{bc}. La mayor virulencia de *S. aureus* extrahospitalario resistente a meticilina y su emergente resistencia a múltiples medicamentos, los convierte en una de las principales amenazas para la salud pública a nivel hospitalario y en la comunidad.

JP-16 Sensibilidad y especificidad de una prueba rápida para establecer la resistencia a la oxacilina en *Staphylococcus aureus* y sus consecuencias en el tratamiento

Mónica Cecilia Cuartas, Olga Lucía Molina, Ana Cristina Restrepo, Gloria Patricia Marín, Jaime Alberto López
Hospital Pablo Tobón Uribe, Medellín, Antioquia

Introducción y objetivo. La determinación rápida de la sensibilidad de *Staphylococcus aureus* a la oxacilina permite su tratamiento oportuno y el uso adecuado de los antibióticos. El objetivo de este estudio fue evaluar una prueba rápida para establecer la sensibilidad de *S. aureus* a la oxacilina y sus consecuencias en el tratamiento. **Materiales y métodos.** Se probaron cepas de *S. aureus* cultivadas en muestras de pacientes en tratamiento empírico con linezolid, vancomicina u oxacilina, con algún riesgo de estar infectados por una cepa resistente a este último antibiótico. Se empleó la prueba *Slidex MRSA Detection*® (BioMeriux) y se reportó verbalmente inmediatamente

después de obtener el resultado. Se compararon los resultados con la técnica de difusión con disco y, en los no concordantes, se realizó la técnica de concentración inhibitoria mínima. **Resultados.** Se estudiaron 107 cepas. Las 17 cepas resistentes a la oxacilina fueron detectadas por la prueba rápida (sensibilidad 100%). En 88 de 90 cepas sensibles a la oxacilina, la prueba fue negativa (especificidad de 97,8%). El reporte del resultado originó la disminución del espectro de acción del antibiótico en 43 (40%) de los pacientes y en 1 (0,9%) al cambio de oxacilina a vancomicina. **Conclusiones.** La prueba rápida evaluada presentó una excelente sensibilidad y una buena especificidad para detectar la resistencia de *S. aureus* a la oxacilina, lo cual aportó beneficios, principalmente, en el cambio precoz a un antibiótico de menor espectro de acción, por el oportuno reporte del laboratorio de microbiología.

JP-18 Respuesta al resultado de las pruebas de sensibilidad en las bacterias cultivadas en el laboratorio de un hospital de cuarto nivel de complejidad

Mónica Cecilia Cuartas, Olga Lucía Molina, Ana Cristina Restrepo, Gloria Patricia Marín, Jaime Alberto López
Hospital Pablo Tobón Uribe, Medellín, Antioquia

Introducción y objetivo. El establecer la respuesta que genera el reporte de las pruebas de sensibilidad se constituye en uno de los pasos para determinar la necesidad de implementar métodos que proporcionen resultados más oportunos. El objetivo de este estudio fue determinar la respuesta al resultado de las pruebas de sensibilidad relacionadas con el tratamiento antibiótico. **Materiales y métodos.** Durante el año 2007, se evaluó en cada bacteria cultivada la sensibilidad al antibiótico administrado al paciente dentro de las primeras 48 horas de recolectada la muestra. Se verificó si se realizó un cambio en el manejo antibiótico en las primeras 48 horas de reportada la sensibilidad y, en los que se presentó un cambio, se estableció si correspondía a disminución del espectro de acción del antibiótico. La información se analizó empleando el programa WHO-NET. **Resultados.** Se estudiaron 4.448 cepas. La distribución de los grupos de acuerdo con la evaluación del antibiótico empírico, fue: sin dato, 2.146 (48%); sin antibióticos, 302 (6,8%); sensibles, 1.622 (36%), y resistentes 600 (13,5%). De 2.513 cepas en las cuales fue evaluable la respuesta al resultado, en 1.151 (45,8%) se presentó un cambio en el manejo antibiótico y, de éstas, 178 (15,5%) correspondieron a disminución del espectro de acción. **Conclusiones.** En casi la mitad de los aislamientos bacterianos en los que fue posible evaluar la respuesta al resultado, se generó un cambio en el tratamiento antibiótico al conocerse el reporte de las pruebas de sensibilidad. Esto podría constituirse en un argumento para la implementación de métodos más oportunos de pruebas de sensibilidad.

JP-28 Colonización nasal por *Staphylococcus aureus* que porta los genes para la leucocidina Pantón-Valentine en estudiantes de medicina

Alfonso Bettin, Ceyla Causil, Juan Rebollo, Niradiz Reyes
Universidad de Cartagena, Grupo de Genética y Biología Molecular, Cartagena - Bolívar.

Introducción y objetivo. *Staphylococcus aureus* sensible y resistente a la metilina se presenta como un importante patógeno causante de infecciones tanto intrahospitalarias como extrahospitalarias, debido en parte a su capacidad para establecerse como colonizador de las narinas anteriores. El objetivo de este estudio fue determinar la frecuencia de colonización nasal de *S. aureus* sensible y resistente a la metilina en estudiantes de medicina y la presencia en los aislamientos de genes para la leucocidina Pantón-Valentine. **Materiales y métodos.** Se obtuvieron 372 muestras nasales de es-

tudiantes voluntarios de la facultad de medicina de la Universidad de Cartagena. Se evaluó la sensibilidad antibiótica a todos los aislamientos de *S. aureus* y por PCR múltiple se detectó la presencia de los genes *nuc*, *mea* y *PVL*. **Resultados.** La prevalencia de portadores nasales de *S. aureus* sensible a la metilina en localización nasal, fue de 25% (93/372). Los genes para la leucocidina Pantón-Valentine se detectaron en cuatro cepas de *S. aureus* sensible a la metilina (4/93, 4,3%) aisladas de estudiantes en rotación clínica. El porcentaje de colonización por *S. aureus* resistente a la metilina en aislamientos de estudiantes en rotaciones clínicas, fue de 1,62% (6/372), detectándose los genes para la leucocidina Pantón-Valentine en cinco de ellos (5/6, 83%). Las cepas de *S. aureus* resistentes a la metilina y las positivas para leucocidina Pantón-Valentine, fueron sensibles a los antibióticos ensayados, encontrándose dos cepas de *S. aureus* sensible a la metilina y positivas para leucocidina Pantón-Valentine resistentes a la eritromicina. **Conclusiones.** Se demuestra la presencia y posible diseminación en Cartagena de cepas de *S. aureus* resistente a la metilina y de *S. aureus* sensible a la metilina portadoras de genes para la leucocidina Pantón-Valentine, lo que pudiera representar un riesgo para la comunidad en general, ya que los estudiantes de medicina estarían actuando como portadores de estas cepas y podrían jugar un papel importante en su diseminación.

JP-80 Diseminación de aislamientos de *Klebsiella pneumoniae* productores de KPC en hospitales de Colombia

Sandra Yamile Saavedra, Carlos Arturo Álvarez, Carlos Humberto Saavedra, Sonia Isabel Cuervo, Javier Antonio Escobar, María Victoria Ovalle, Narda Olarte, Aura Lucía Leal
GREBO (Grupo para el Control de la Resistencia Bacteriana Bogotá); Facultad de Medicina, Universidad Nacional de Colombia; Hospital Universitario San Ignacio; Instituto Nacional de Cancerología, E.S.E.; Universidad El Bosque, Bogotá, D.C

Introducción y objetivos. La resistencia a los carbapenémicos en *Klebsiella pneumoniae* es mediada principalmente por los carbapenemasas KPC. Desde el primer reporte de estas enzimas en 1996, en Estados Unidos, los reportes de KPC han aumentado a nivel mundial. En Colombia, el primer reporte de KPC se realizó en 2006. El objetivo de este estudio fue caracterizar microbiológica y molecularmente los aislamientos de *K. pneumoniae* resistentes a carbapenémicos. **Materiales y métodos.** Se analizaron 67 aislamientos de *K. pneumoniae* (61 aislamientos clínicos y 6 ambientales) procedentes de 10 hospitales de Colombia (ocho hospitales de Bogotá, uno de Medellín y uno de Barranquilla) recolectados entre el 2008 y el 2009. La identificación y sensibilidad se realizó con Vitek 2. La sensibilidad al imipenem, meropenem y ertapenem se confirmó por difusión en disco, a la tigeciclina por microdilución y la detección fenotípica de carbapenemasas se evaluó con prueba de Hodge. La detección del gen *blaKPC* se realizó por PCR. La confirmación de la variante KPC se realizó por secuenciación y por ensayo de restricción del amplión, usando las enzimas BstNI y RsaI. La tipificación de los aislamientos se realizó por electroforesis en gel de campo pulsado, usando la enzima XbaI, y por ERIC-PCR. Las huellas genómicas obtenidas se analizaron con el software *Fingerprinting II*. **Resultados.** Todos los aislamientos fueron sensibles a la tigeciclina y portadores de la carbapenemasa KPC-3. Los resultados de la tipificación evidencian la presencia de un genotipo circulante en siete hospitales de Bogotá y de tres huellas genómicas únicas. **Conclusiones.** Los resultados indican la diseminación de un genotipo de *K. pneumoniae* productor de KPC-3.

JP-87 Sensibilidad antimicrobiana de cepas aisladas de bovinos en Montería

Maricela Ortiz, Marco González, Salim Máttar
Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad de Córdoba; Departamento de Ciencias Pecuarias; Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico, Montería, Córdoba

Introducción y objetivo. El empleo de antimicrobianos en medicina veterinaria y su uso como promotores de crecimiento, se han asociado con la aparición de cepas bacterianas resistentes a múltiples medicamentos que ocasionan enfermedades en humanos. El objetivo de este estudio fue determinar la susceptibilidad antimicrobiana de cepas aisladas de muestras de bovinos sanos en Montería. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio epidemiológico descriptivo de corte transversal que incluyó 621 muestras (secreciones nasales, leche y heces). La identificación de microorganismos se realizó por métodos estándares de la *American Society for Microbiology*. La sensibilidad antimicrobiana se determinó por el método de Bauer y Kirby, y las cepas resistentes a múltiples medicamentos se confirmaron por MicroScan. **Resultados.** Se aislaron 584 cepas, de las cuales, 366 (62,7%) fueron bacterias Gram negativas distribuidas así: *Escherichia coli* (n=268), *Klebsiella sp* (n=31), *Pseudomonas sp.* (n=25), *Pasteurella sp.* (n=20), *Salmonella sp.* (n=17), *Enterobacter sp.* (n=5); y 218 (37,3%) fueron Gram positivas distribuidas así: *Staphylococcus sp.* (n=181), *Streptococcus sp.* (n=19) y *Corynebacterium sp.* (n=18). El 44,8% (164) de las Gram negativas y 67,8% (148) de las Gram positivas mostraron resistencia al menos a una familia de antibiótico y 4,7% (28) del total de las cepas aisladas mostró resistencia a múltiples medicamentos. **Conclusiones.** La aparición de cepas resistentes a múltiples medicamentos, consideradas flora normal en bovinos sanos, indica que es posible que, por mal manejo de carnes o leches, pueda darse una colonización de estas bacterias en el ser humano y transmitirse, tanto a humanos como a animales, extendiéndose la cadena de resistencia bacteriana.

Trabajos completos

JT-27 Primera descripción de los genes de resistencia *ISAbal1/bla_{ADC-7} aph(3')-VIa* y *gyrA* en aislamientos hospitalarios de *Acinetobacter baumannii* en Montería, Colombia

Pedro Martínez, Salim Máttar
Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico, Universidad de Córdoba, Montería, Córdoba
pjmartinezr@yahoo.com

Objetivo. Investigar los genes que codifican la resistencia a carbapenems, cefalosporinas, aminoglucósidos y fluoroquinolonas en los aislamientos multiresistentes de *Acinetobacter baumannii*. **Materiales y métodos.** Entre agosto de 2005 y febrero de 2007 se recolectaron 20 aislamientos multiresistentes de *A. baumannii* de una clínica privada de tercer nivel en Montería. Se investigaron los genes de la resistencia a carbapenems, cefalosporinas, aminoglucósidos y fluoroquinolonas y se secuenciaron. Para el análisis de las secuencias se usó la base de datos *GenBank* y el motor de búsqueda BLASTX. Los aislamientos se tipificaron por PFGE utilizando *Apal*. **Resultados.** De los 20 aislamientos que fueron resistentes a los carbapenems, 15 portaban el gen *bla_{OXA-23}* y 4 contenían *ISAbal1* corriente arriba de *OXA-51*. En 18 aislamientos se encontró el gen *bla_{ADC-7}* y en 9, *ISAbal1* corriente arriba de este gen. En 17 aislamientos resistentes a la amikacina se detectó el gen *aac(3)-II* y en 16 de ellos, el gen *aph(3')-VIa*. En 12 de los aislamientos se encontró mutación en el gen *gyrA* con el cambio de Ser-83 a Leu. Todos los aislamientos portaban 1 o más integrones de clase 1. La PFGE mostró 11 pulsotipos con tres clones en 12 aislamientos (pulsotipos I, II y III). Conclusión. Los hallazgos de los genes *bla_{OXA-23-51}*, *bla_{ADC-7}*, e *ISAbal1* corriente arriba de estos genes es preocupante por la resistencia a carbapenems y cefalosporinas. La resistencia a los aminoglucósidos estuvo codificada por el gen *aph(3')-VIa* y el gen *aac(3)-II*. En los aislamientos resistentes a las fluoroquinolonas se hallaron mutaciones en el gen *gyrA*. La presencia de integrones de clase 1 en todos los aislamientos es preocupante ya que cada integrón posee la capacidad de aceptar múltiples casetes genéticos.

JT-74 Determinación de la presencia y transcripción de factores de virulencia en aislamientos colombianos de *Staphylococcus aureus* resistentes a la meticilina adquiridos en la comunidad

Bibiana Chavarro, Gladys Pinilla, Betsy Castro, Nancy Yomayusa, Jaime Enrique Moreno, Javier Escobar, Natasha Vanegas
Laboratorio de Genética Molecular Bacteriana, Universidad El Bosque; Laboratorio de Biotecnología, Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca; Grupo de Microbiología Instituto Nacional de Salud; Grupo de Investigación Traslacional, Fundación Universitaria Sanitas. Organización Sanitas, Bogotá D.C., Colombia. bibi1772@gmail.com

Introducción. Las cepas SARM-AC USA300 poseen varios factores de virulencia, como PVL y otras toxinas, que pueden ser los responsables de su fácil, sostenible y frecuente producción de infecciones humanas graves. **Objetivo.** Determinar la presencia y transcripción de factores de virulencia en aislamientos colombianos de SARM-AC. **Materiales y métodos.** Se analizaron las características clínicas y moleculares de 86 muestras de SARM-AC, y se determinó la presencia de los genes que codifican para 17 toxinas mediante PCR múltiple. Se determinó la presencia y la transcripción de ACME y se construyó la curva de crecimiento en diferentes condiciones: aerobiosis, anaerobiosis y en presencia de arginina o en ausencia de ella. **Resultados.** Se encontró PVL, enterotoxinas K y Q en el 92%, 92% y 81% de SARM-AC, respectivamente. Los genes *fnbPA* y *FnbPB* B se encontraron en 79% de los aislamientos. Las infecciones más frecuentes fueron el absceso cutáneo con 51%, las infecciones de sitio operatorio con 19,6% y la bacteriemia confirmada por el laboratorio con 13,6%. **Conclusiones.** Se encontró una alta frecuencia de los genes de PVL, enterotoxinas K y Q y proteínas de unión a fibronectina A y B en los aislamientos colombianos de SARM-AC. Se demostró la presencia de ACME en un aislamiento clínico; la presencia de este elemento puede ser importante para la supervivencia y posible aumento de la capacidad patógena. Se estableció una posible relación entre la presencia y la transcripción de estos genes con la producción de abscesos, lo cual indica que la combinación de los factores de virulencia podría ser un factor predictor del tipo de infecciones producidas por SARM-AC.

INVESTIGACIÓN CLÍNICA

CP-17 Determinación de integrasa tipo 1 y casete genético en cepas de *Staphylococcus coagulasa negativa*

Jennifer Carolina Gutiérrez, Jeannette Navarrete, Gladys Pinilla, Bibiana Chavarro, Liliana Constanza Muñoz
Universidad Colegio Mayor de Cundinamarca, Bogotá, D.C.
jenniffertgutiérrez@gmail.com

Introducción y objetivo. Existen tres clases de integrones relacionados con la resistencia bacteriana. Uno de los más frecuentes es el integrón clase 1, que se incorpora al genoma mediante elementos móviles, y que se encuentra en aislamientos procedentes de infecciones. Su importancia radica en que puede albergar varios casetes genéticos que confieren resistencia a múltiples antibióticos. Nuestro grupo identificó, por primera vez, la presencia de este integrón en un aislamiento de *Staphylococcus epidermidis* causante de sepsis en una unidad neonatal. El objetivo fue determinar la presencia de los integrones clase 1, y su casete genético acetil-transferasa en *Staphylococcus* spp. coagulasa negativa aislados de las puntas de los catéteres y de hemocultivos en tres unidades neonatales de Bogotá. **Materiales y métodos.** Se buscó el gen *intI 1* y el casete *Caac* en 65 aislamientos de *Staphylococcus* spp. coagulasa negativa, provenientes

de pacientes de tres unidades neonatales de Bogotá; se usó como control positivo un aislamiento clínico de *Salmonella Typhi* y, como control negativo, uno de *Staphylococcus epidermidis* ATCC 12228. **Resultados.** De los aislamientos analizados, se encontró que 69,3% eran resistentes a la gentamicina y todos amplificaron para el gen *intl 1* y el casete Caac, que confiere resistencia a los aminoglucósidos. De los aislamientos sensibles a la gentamicina, 70% presentó el gen Caac y 75% el gen *intl 1*. **Conclusiones.** Estos resultados indican que *Staphylococcus* spp. coagulasa negativa, que ha sido considerado como microorganismo oportunista, puede adquirir diferentes mecanismos de resistencia bacteriana mediados por integrones tipo 1, que favorecen su supervivencia y la resistencia a múltiples medicamentos.

CP-2 Características clínicas de la toxoplasmosis ganglionar en el departamento del Quindío

Jessica Tatiana Gaitán, Alejandra De La Torre, Jorge Enrique Gómez
Universidad del Quindío, Armenia, Quindío
titi.tomate@hotmail.com

Introducción y objetivos. La toxoplasmosis ganglionar es una enfermedad de consulta frecuente en el departamento del Quindío. Su importancia radica en el diagnóstico diferencial que se debe hacer con la mononucleosis infecciosa. En Colombia no existen reportes de otros pacientes que presenten cuadros clínicos similares. **Materiales y métodos.** Se estudió una serie de casos de pacientes que consultaron al centro de salud de la Universidad del Quindío en el periodo transcurrido entre febrero de 2007 y enero de 2010, a quienes en la consulta de toxoplasmosis, se les hizo diagnóstico de toxoplasmosis ganglionar. Los criterios diagnósticos fueron la presencia de adenopatías de aparición reciente y pruebas positivas de IgG e IgM anti-*Toxoplasma*. **Resultados.** Se revisaron las historias clínicas de 32 casos que aparecían en los registros de consulta con diagnóstico de toxoplasmosis ganglionar. De éstos, 20 cumplían con los criterios diagnósticos de toxoplasmosis ganglionar confirmada. La edad media de los casos fue de 11 años (rango, 1,3 a 48 años). El 45% fue de sexo femenino. La media en semanas, entre el inicio de síntomas y la consulta, fue de 5 (rango, 2 a 60 semanas). La frecuencia de las manifestaciones clínicas fue: fiebre en 65% de los pacientes, astenia en 54%, cefalea en 25%, esplenomegalia en 15% y hepatomegalia en 10%. La localización de las adenopatías fue: cervical en 95% de los casos, occipital en 30%, inguinal en 25% y axilar en 15%. El promedio de adenopatías fue de 6 (rango 1 a 18). El 23% de éstas fueron dolorosas, y 93% eran móviles. La media de los títulos de IgG fue de 380 UI/ml (rango, 100 a 10.000 UI/ml), y de IgM, de 6 (rango, 0,7 a 149) en unidades de absorbancia. La IgA estuvo presente en 90% de los casos. Hubo leucocitosis en el 21% de los casos, y linfocitosis en el 53%. La avidez de anticuerpos anti-*Toxoplasma* sp. fue baja en 50% de los casos y estuvo relacionada con el tiempo de demora para consultar. El promedio de porcentaje de avidez de los anticuerpos en el primer mes con síntomas fue de 18%, y luego fue de 53% (p=0,02). En 12 de los 16 casos tratados con sulfadoxina-pirimetamina, con una dosis semanal durante un mes, se encontró mejoría (75%), demostrada por disminución de tamaño o desaparición de las adenopatías. En 8 pacientes examinados luego de un mes de seguimiento no se observaron lesiones de retinocoroiditis. **Conclusiones.** La toxoplasmosis ganglionar en el departamento del Quindío se presenta principalmente en jóvenes, aunque puede afectar personas de cualquier edad, y no hay diferencia por sexo. Los síntomas más importantes son adenopatías móviles, la mayoría cervicales, y fiebre. El cuadro hemático se caracteriza por linfocitosis. La avidez de los anticuerpos anti-*Toxoplasma* tiene valor diagnóstico si se presenta durante el primer mes con síntomas. Hay buena respuesta al tratamiento específico.

CP-9 Búsqueda de inmunógenos mediante cribado de una genoteca de expresión de *Chlamydomonas pneumoniae*, para su uso en sistemas de diagnóstico clínico

Enrique Villegas, Ana Camacho, Antonio Solórzano, Joaquín Mendoza, José Gutiérrez
Departamento de Microbiología, Universidad de Granada y
Vircell Microbiologists, España. evillegas@ugr.es

Introducción y objetivo. *Chlamydomonas pneumoniae* es un patógeno humano intracelular obligado y causa común de enfermedades respiratorias, tanto agudas como crónicas. Hasta el momento no se han descrito en esta bacteria, antígenos con suficiente capacidad inmunógena, a partir de los cuales se puedan desarrollar técnicas de diagnóstico indirecto con valores satisfactorios de sensibilidad y especificidad. Por esta razón, nuestro principal objetivo fue la identificación de nuevos antígenos que funcionen como candidatos útiles en el desarrollo de un ensayo diagnóstico serológico de este importante patógeno humano. **Materiales y métodos.** Sobre una genoteca de expresión de *C. pneumoniae*, realizada a partir de ARN de las formas infectivas de este patógeno, se desarrolló un cribado inmunológico con anticuerpos policlonales, obtenidos a partir de un conejo inmunizado con cuerpos elementales de esta bacteria. Los clones recombinantes seleccionados se expresaron en forma exagerada y se purificaron. Los antígenos obtenidos se detectaron mediante la técnica ELISA, usando sueros controles, tanto positivos (título de IgG $\geq 1/64$) como negativos (título de IgG $< 1/64$), que previamente habían sido validados por la técnica de referencia, la inmunofluorescencia indirecta (IFI). **Resultados.** Realizado el cribado sobre 5.000 clones de la genoteca de expresión para la detección de antígenos inmunorreactivos, se obtuvieron 23 clones que mostraron inmunoreactividad. Diez de ellos eran clones humanos. Los otros 13 contenían secuencias de *C. pneumoniae*. De éstos, 6 fueron seleccionados para ser "sobrexpresados" como proteínas recombinantes, purificarlos y estudiarlos con ELISA. Todas las proteínas seleccionadas mostraron ser inmunogénicas. **Conclusiones.** El uso de un cribado inmunológico sobre una genoteca de expresión, en este caso de *C. pneumoniae*, es una buena herramienta para la detección de potenciales inmunógenos. Todos los polipéptidos recombinantes seleccionados, al ser analizados por ensayos ELISA, mostraron ser inmunógenos. Un estudio posterior, y más exhaustivo, de los antígenos seleccionados demostró que los polipéptidos o su mezcla resultan más adecuados para el desarrollo de un ensayo de diagnóstico serológico para este patógeno.

CO-11 Utilidad de una técnica de biología molecular en el diagnóstico etiológico de la sepsis, Hospital Universitario San Vicente de Paúl, Medellín, 2009-2010

Carlos Adrian Peñata, Sigifredo Ospina, María Isabel Gutiérrez, María Gabriela Becerra, Diego José Duque, Fabián Jaimes
Hospital Universitario San Vicente de Paúl, Medellín, Antioquia. soox@elhospital.org.co

Introducción y objetivos. La sepsis es un problema de salud que afecta a la población general. Una de los factores limitantes para el diagnóstico etiológico es la baja sensibilidad de los métodos microbiológicos, especialmente, del hemocultivo. Se ha descrito una prueba que permite la detección de hasta 25 microorganismos (bacterias y hongos) en una muestra de sangre. Presentamos los resultados preliminares de un estudio para evaluar la utilidad de dicha prueba en comparación con el hemocultivo y un estándar clínico en pacientes

con sospecha de bacteriemia en la unidad de cuidados intensivos. **Materiales y métodos.** Fue un estudio transversal de evaluación de una prueba de biología molecular (Septifast®, Roche) en pacientes hospitalizados en unidades de cuidados intensivos de adultos, entre 2009 y 2010. Se aplicó una encuesta clínico-epidemiológica y, de forma simultánea, se tomaron muestras de sangre para hemocultivos y prueba molecular. **Resultados.** Se han estudiado 53 pacientes; el 28,3% (15) fue positivo por la prueba molecular, mientras que sólo el 9,4% (5) lo fue por el hemocultivo. El 69,8% (37) de los pacientes fueron negativos por ambos métodos y un paciente tuvo hemocultivo positivo y prueba molecular negativa. El diagnóstico más frecuente fue neumonía asociada a la atención en salud (25%), seguido de la neumonía adquirida en la comunidad (23%). Los microorganismos detectados por la prueba molecular y no detectados por el hemocultivo, fueron: *Enterobacter* spp. (5), *Staphylococcus aureus* (2), *Pseudomonas aeruginosa* (2), *Klebsiella* spp. (2), *Escherichia coli* (1), *Enterococcus faecalis* (1) y *Stenotrophomonas maltophilia* (1). **Conclusiones.** La prueba molecular aumenta significativamente los resultados positivos en comparación con el hemocultivo. Esto sugiere que la técnica puede ser utilizada para el diagnóstico precoz de la bacteriemia.

CO-12 Densidad y localización de células CD8+ y CD4+ en lesiones preneoplásicas y cáncer de cuello uterino

Astrid Milena Bedoya, Armando Baena, Roberto Jaramillo, Natalia Olaya, Carolina López, Mary Luz Uribe, Víctor Flórez, Rolando Herrero, Gloria Inés Sánchez
Grupo Infección y Cáncer, Facultad de Medicina, Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia. astridbedoya@une.net.co

Introducción y objetivos. La respuesta inmunitaria juega un papel importante en la eliminación de la infección por el virus del papiloma humano (VPH) y previene la progresión a cáncer de cuello uterino, y una baja densidad de células T se asocia con un incremento en el riesgo de recaídas. El objetivo del estudio fue describir la densidad y la localización de células CD4+, CD8+, CD25+ y Foxp3+ en lesiones precursoras y en cáncer de cuello uterino. **Materiales y métodos.** Se obtuvieron 96 bloques de parafina de casos de NIC1, NIC2, NIC3 y cáncer. Se realizó un estudio inmunohistoquímico de doble tinción para CD4, CD8, CD25 y Foxp3. El número de células/mm² fue obtenido por dos patólogos. Para la asociación entre la enfermedad y el número de células, se utilizaron modelos de regresión logística donde la variable respuesta fueron diferentes combinaciones de la enfermedad, y la variable explicativa fue el conteo dicotómico, tomando como punto de corte el tercil superior. **Resultados.** El análisis descriptivo de las poblaciones celulares en lesiones preneoplásicas y cáncer de cuello uterino, muestra una respuesta inmunitaria heterogénea en cuanto al número y su relación con los diferentes grados histológicos. En cáncer invasivo de cuello uterino, el grupo de mujeres con altos conteos de células CD8+ del estroma tienen un mayor riesgo de enfermedad comparado con el grupo de mujeres que tienen bajos conteos (OR=4,25; IC95% 1,1-17). **Conclusiones.** Independientemente del grado histológico de la lesión y la localización, el número promedio de células CD8+ epiteliales y del estroma fue mayor que el número promedio de células CD4+ y un alto número de células CD8+ se asocia con riesgo de cáncer.

CO-25 Algoritmo de manejo para síndrome febril agudo que reduce la tasa de hospitalización en una institución de primer nivel de un área endémica para dengue

Fredi Alexander Díaz, Ruth Aralí Martínez, Luis Angel Villar
Grupo de Epidemiología Clínica, Centro de Investigaciones Epidemiológicas, Universidad Industrial de Santander, Bucaramanga, Santander; Hospital Local de Piedecuesta, Piedecuesta, Santander. frediazq@msn.com

Introducción y objetivos. Evaluar el efecto sobre la necesidad de hospitalización de un algoritmo para el manejo de pacientes con síndrome febril agudo en una institución de salud de primer nivel en un área endémica para dengue. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio cuasiexperimental en el Hospital Local de Piedecuesta, Santander. Se compararon dos periodos de cuatro meses cada uno, antes y después de la implementación del algoritmo. Éste incluía recomendaciones para diagnosticar clínicamente el dengue, programar consultas de control y hemogramas, y criterios de hospitalización y de suspensión del seguimiento. Empleando el análisis de Poisson, se compararon las tasas de hospitalización en los dos periodos. Las unidades de análisis fueron las semanas; la población analizada fue aquella que consultó por síndrome febril agudo. Para el ajuste, se incluyó el número de casos con dengue (IgM positivos) identificados en el mismo municipio. **Resultados.** Se obtuvo información de 963 pacientes en el primer periodo y de 1.350 en el segundo, y hubo 42 y 13 hospitalizaciones, respectivamente. De esta manera, la implementación del algoritmo se asoció a una reducción significativa de la tasa de hospitalización (razón de tasas=0,22; IC95% 0,12-0,41). Esta asociación no se modificó al ajustar por el número de casos de dengue identificados en la ciudad. No hubo diferencias significativas en la tasa de consultas de control (p=0,85) y de hemogramas (p=0,19) en los dos periodos. No hubo casos fatales. **Conclusiones.** Los resultados sugieren que es posible optimizar los recursos asistenciales en el manejo del dengue mediante la implementación del algoritmo.

CP-14 Detección microbiológica, parasitológica e inmunológica de agentes asociados a enfermedad diarreica aguda en niños menores de cinco años en cuatro instituciones prestadoras de salud de Montería

Viviana Domínguez, Sandra Montes, Bony Mora, Mayra Racini, Catalina Tovar
Grupo de Investigaciones en Enfermedades Tropicales y Resistencia Bacteriana de la Universidad del Sinú, Montería, Córdoba. catalina@unisinu.edu.co

Introducción y objetivos. Las enfermedades diarreicas continúan entre las primeras causas de morbilidad y mortalidad de la población infantil en los países en desarrollo; el subdiagnóstico de su etiología se refleja en inadecuados esquemas de tratamiento. El objetivo del estudio fue identificar la etiología de la enfermedad diarreica aguda en menores de cinco años en instituciones de salud. **Materiales y métodos.** Se recolectaron 100 muestras de materia fecal. Se identificaron parásitos por técnicas directas, de concentración y tinción de Ziehl Neelsen para los oportunistas. Los agentes bacterianos fueron evidenciados por el sistema MicroScan® e inmunocromatografía directa (RIDA®QUICK/r-biopharm) para la detección de virus. **Resultados.** Se obtuvieron 75 aislamientos bacterianos, donde prevalecieron: *Enterobacter cloacae* (35%), *Escherichia coli* (17%) y *Klebsiella pneumoniae* (10%). Dieciséis muestras fueron positivas para virus, 11 (11%) para rotavirus y 6 (6%) para adenovirus. En 20 muestras se obtuvieron hallazgos parasitarios; se destacan *Endolimax nana* (8%), *Blastocystis hominis* (7%), tricocéfalos (6%) y *Giardia lamblia* (6%). De acuerdo con los datos epidemiológicos, se identificó que 52% de los tratamientos fueron encaminados equivocadamente con respecto a su etiología. **Conclusiones.** Estos hallazgos demuestran un cambio en el comportamiento epidemiológico de la enfermedad diarreica aguda, en el que 80% de estos procesos son de origen bacteriano. Sin embargo, es importante resaltar que los agentes virales identificados fueron exclusivos de la población entre los 0 y 2 años. Se observó una asociación entre las deficientes condiciones sanitarias y el desarrollo

de la diarrea. De igual manera, se encontró que los esquemas de tratamiento no son los adecuados; su correcto enfoque no sólo disminuye la mortalidad, sino que disminuye la gravedad de la enfermedad.

CO-22 La vacuna 23-valente de *Streptococcus pneumoniae* induce una significativa respuesta inmunitaria humoral específica en mujeres durante el tercer trimestre de embarazo

Jairo Antonio Rodríguez, Ana María Silva, Carlos Fernando Narváez, Dolly Castro, Jaime Moreno, Martha Rocío Vega, Doris Salgado
Universidad Surcolombiana, Neiva, Huila
ana_maria_silva@live.com4

Introducción y objetivo. *Streptococcus pneumoniae* es la principal causa de infecciones invasivas bacterianas en niños menores. Ya que no existe vacuna eficiente para ellos, la vacunación de las madres podría aumentar los anticuerpos antineumococo y proteger al bebé por vía transplacentaria. No existen estudios en Colombia que evalúen la capacidad de generar reacciones y de respuesta inmunitaria de la vacuna antineumococo de polisacáridos 23-“valente” (23V) en mujeres embarazadas. Se analizó la respuesta de IgG específica de las mujeres en el tercer trimestre del embarazo, antes y después de la aplicación de la 23V. **Materiales y métodos.** Sesenta mujeres en el tercer trimestre de embarazo se distribuyeron aleatoriamente en dos grupos. Uno recibió la vacuna 23V y el control recibió la vacuna conjugada para *Haemophilus influenzae* tipo b. Se determinaron los títulos de IgG antineumococo antes y después de la vacunación, para los serotipos 1, 3, 4, 5, 6B, 9V, 14, 18C, 19F y 23F mediante ELISA (protocolo de la Organización Mundial de la Salud). Además, se analizaron por PCR 88 muestras nasofaríngeas para tipificar serológicamente el neumococo prevalente en estos grupos, previa vacunación. **Resultados.** Ninguna vacuna generó reacción. Se encontró un aumento estadísticamente significativo en los títulos de IgG antineumococo posteriores a la vacuna en comparación con los posteriores a la misma para los 10 serotipos estudiados en el grupo de neumococo y sólo para cuatro en el grupo control. La prevalencia en la nasofaringe fue de 9% y 21% para los serotipos 6 y 14, respectivamente. **Conclusiones.** La vacuna 23V no implicó riesgos para las madres, es inmunogénica y el mecanismo de transferencia pasiva de anticuerpos podría usarse como un importante factor de protección contra esta bacteria en etapas tempranas de la vida.

CO-19 Tamización por oftalmoscopia indirecta para retinocoroiditis por *Toxoplasma sp.* en personal militar en Colombia

Alejandra De La Torre, Patricia Barrios, Catalina Álvarez, Claudia Herrera, Fernando Gómez, Jorge Enrique Gómez
Universidad del Quindío, Armenia, Quindío

Introducción y objetivos. La toxoplasmosis es considerada como una enfermedad emergente en el personal militar que opera en la región selvática. Nuestro objetivo fue medir la prevalencia de cicatrices retinocoroideas en personal militar en Colombia. **Materiales y métodos.** Se evaluaron 501 soldados que operaron en la selva (grupo 1), pertenecientes a la fuerza de despliegue rápido (FUDRA) y 502 soldados que operaban en Bogotá (grupo 2). Se realizó serología anti-*Toxoplasma* y fundoscopia indirecta por tres oftalmólogos de manera independiente. Los criterios diagnósticos se basaron en la presencia de cicatrices retinocoroideas típicas y la detección de anticuerpos IgG positivos en sangre. Se realizó campimetría computarizada Humphrey c-20-5 en los soldados

con cicatrices retinocoroideas. **Resultados.** Se encontraron cicatrices características de retinocoroiditis por toxoplasmosis en cuatro individuos del grupo 1 (0,8%) y en un individuo del grupo 2 (0,19%). Esta diferencia no fue estadísticamente significativa (OR=4,0; IC95% 0,44-35,73; p: 0,21). El compromiso en todos fue unilateral y no hubo cicatrices bilaterales ni múltiples. Se observó compromiso en el campo visual, correspondiente al área de la cicatriz, en dos de los pacientes del grupo 1 y en el paciente del grupo 2. El tamaño de las lesiones varió entre 0,5 y 1 diámetro de disco. **Conclusiones.** El campo visual de los pacientes con cicatrices se vio afectado en tres de los cinco pacientes con lesiones. Se recomienda la tamización por fundoscopia del personal militar, antes de operaciones en la selva.

CP-10 Desarrollo de un nuevo sistema de diagnóstico serológico para *Chlamydia pneumoniae* basado en antígenos recombinantes

Enrique C. Villegas, Ana Camacho, Antonio Solórzano, Joaquín Mendoza, José Gutiérrez
Departamento de Microbiología de la Universidad de Granada y Vircell Microbiologists, España. evillegas@ugr.es

Introducción y objetivos. Aunque la inmunofluorescencia indirecta (IFI) continúa siendo el ensayo de referencia para el serodiagnóstico de la infección por *Chlamydia pneumoniae*, numerosos estudios han informado de dificultades en la interpretación de los títulos, lo que indica la necesidad de desarrollar métodos alternativos. **Materiales y métodos.** Se trabajó mediante cribado inmunológico sobre una genoteca de recombinantes con secuencias de *C. pneumoniae*. De los 13 clones obtenidos inicialmente, se seleccionaron seis que fueron sobreexpresados y purificados para obtener polipéptidos recombinantes. Estos antígenos recombinantes se fijaron a placas de ELISA y se analizaron frente a 40 sueros IgG positivos (título de IgG \geq 1/64) y 40 sueros IgG negativos (título de IgG $<$ 1/64), previamente validados por IFI y ELISA, de una población de sujetos hospitalizados. **Resultados.** Aunque la mayoría de polipéptidos recombinantes purificados obtuvieron una elevada especificidad (95% a 97,5%), cuando se probaron aisladamente, ninguno mostró sensibilidad por encima de 30%. Sin embargo, cuando en el mismo ensayo de ELISA se utilizó una combinación de tres inmunógenos con los que, por separado, se obtenía mayor sensibilidad, la sensibilidad final del ensayo fue superior al 50% y se mantuvo la especificidad. **Conclusiones.** Nuestros resultados sugieren que una mezcla de antígenos recombinantes podría incrementar la sensibilidad del ensayo, manteniendo una adecuada especificidad. Un estudio posterior de los antígenos demostraría qué combinación de polipéptidos sería la más adecuada para el desarrollo de un ensayo serológico para uso en diagnóstico.

Trabajo completo

CT-5 Evaluación de la calidad de vida en toxoplasmosis ocular

Gilberto González-López, Alejandra de-la-Torre Cifuentes, Jorge Enrique Gómez-Marín, Johanna Milena Montoya-Guitérrez
Universidad del Quindío, centro de investigaciones biomédicas, Armenia - Quindío. gilberto.gonzalez.lopez@gmail.com

Objetivos. Evaluar la calidad de vida de los pacientes con toxoplasmosis ocular que asistieron al centro de salud de la Universidad del Quindío. Metodología. Participaron 29 casos con toxoplasmosis ocular y 29 controles, a quienes les fue aplicada la encuesta *Eye Institute 25-item visual function questionnaire* (NEI-VFQ25). Los casos correspon-

dían a pacientes con lesiones retinocoroidales secundarias a infección por *Toxoplasma gondii*; los controles eran personas con función visual normal, coincidentes en sexo, edad y nivel socioeconómico a los casos. **Resultados.** Los pacientes con toxoplasmosis ocular tuvieron puntajes estadísticamente significativos menores que los controles para todas las escalas evaluadas, excepto para las escalas de visión de colores. Los resultados fueron independientes del tipo de lesión retiniana (unilateral o bilateral, central o periférica) con la excepción de la escala de dificultades en el rol en la que se vieron más afectados los casos con lesiones bilaterales. El promedio de cálculo compuesto en los casos fue de 79 (rango, 35 a 99) y en los controles fue de 95 (rango, 72 a 98). **Conclusiones.** Encontramos un efecto significativo relacionado con la presencia de toxoplasmosis ocular sobre la calidad de vida en pacientes colombianos, independientemente de la naturaleza y la extensión de las lesiones retinianas.

CT-26 Estudio de la resistencia bacteriana y sus factores determinantes por medio del modelado de series de tiempo en instituciones colombianas de tercer nivel de atención

Giancarlo Buitrago, Carlos Arturo Álvarez, Aura Lucía Leal, Ricardo Sánchez, Jorge Martínez, Juan Sebastián Castillo, Edgar Bernal, Carlos Humberto Saavedra, Guillermo Prada, Ernesto Martínez, Sigifredo Ospina, Óscar Chaves, Adriana Jiménez, Felipe Zamora, Claudia Echeverry
Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.; Hospital San Ignacio, Bogotá, D.C.; Clínica Reina Sofía, Bogotá, D.C.; Hospital Universitario Clínica San Rafael, Bogotá, D.C.; Fundación Santa Fe de Bogotá, Bogotá, D.C.; Hospital Universitario del Valle, Cali; Hospital San Vicente de Paúl, Medellín; Hospital Erasmo Meoz, Cúcuta; Hospital San José, Bogotá, D.C.; Hospital Simón Bolívar, Bogotá, D.C.; Hospital Federico Lleras Acosta, Ibagué

Objetivo. Relacionar la resistencia bacteriana con sus factores determinantes, mediante el uso exhaustivo de técnicas de análisis de series de tiempo. **Metodología.** Se midieron la resistencia bacteriana (CLSI 2009), el consumo de antibióticos en dosis diarias definidas por 100 días-cama, el consumo de alcohol con glicerina y las intervenciones para contención de la resistencia, retrospectivamente durante ocho años en 10 hospitales de Colombia. Se hizo un análisis descriptivo de los perfiles de resistencia y el consumo de antibióticos, un análisis del comportamiento del fenómeno, por medio de un modelado univariado de series de tiempo (ARIMA) y, luego, por medio de la función de transferencia, se evaluó la relación entre la resistencia bacteriana y sus factores determinantes mediante modelos multivariados de series de tiempo y análisis de series de tiempo interrumpidas. **Resultados.** Se presentan perfiles de resistencia bacteriana parecidos a los ya descritos por diferentes redes de vigilancia, así como perfiles de consumo de antibióticos que miden su magnitud, información previamente no conocida. La evaluación de la relación del consumo de antibióticos y la resistencia bacteriana, muestra asociaciones temporales entre antibióticos y microorganismos blancos terapéuticos de estos, relaciones indirectas entre antibióticos y resistencias a diferentes familias, relaciones multivariadas entre consumo de diferentes familias y medidas intermedias de lavado de manos en función de la resistencia bacteriana y, por último, la evaluación del impacto de intervenciones multimodales sobre perfiles de resistencia. **Conclusiones.** Estos resultados muestran, mediante una metodología de análisis muy fuerte, relaciones de asociación estadística y tiempos necesarios para sus efectos.

CT-27 Factores de riesgo y desenlaces de la bacteriemia por *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina en pacientes críticamente enfermos: estudio multicéntrico

Juan Sebastián Castillo, Aura Lucía Leal Castro, Jorge Alberto Cortés, Carlos Arturo Álvarez, Ricardo Sánchez, Giancarlo Buitrago, Liliana Isabel Barrero, Daibeth Helena Henríquez
Grupo para el Control de la Resistencia Bacteriana (GREBO), Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.
jscastillo@unal.edu.co

Introducción. Los estudios internacionales sugieren un impacto negativo en la estancia hospitalaria y en la mortalidad general asociado con bacteriemia *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina en las unidades de cuidado intensivo. **Objetivos.** Evaluar los factores asociados a la resistencia y los desenlaces clínicos en pacientes con bacteriemia por *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina en las unidades de cuidados intensivos de 16 centros hospitalarios de Colombia. **Materiales y métodos.** Se llevó a cabo un estudio de casos y controles, anidado en una cohorte multicéntrica. Se hizo una revisión médica de los registros clínicos de los pacientes atendidos entre diciembre de 2005 y diciembre de 2008. La validación estuvo a cargo de un comité y por expertos en el tema. Se hizo análisis descriptivo, bivariado y multivariado de los factores predictores de resistencia y supervivencia. **Resultados.** Se encontraron 187 bacteriemias por *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina 187 *Staphylococcus aureus* sensibles a la meticilina. La mortalidad general fue de 51,6%, con un exceso de mortalidad por la resistencia de 19,4%, el promedio de exceso de la estancia hospitalaria fue de 11,1 días. La exposición al antibiótico, las cirugías, los dispositivos invasivos y la estancia previa incrementaban el riesgo de adquirir *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina. Las morbilidades concomitantes fueron: choque séptico, terapia inicial apropiada y falla orgánica múltiple, como factores predictores de mortalidad. **Conclusión.** Existen diferencias significativas en la supervivencia y en la estancia hospitalaria en las bacteriemias por *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina y *Staphylococcus aureus* sensible a la meticilina. Los factores de riesgo para la resistencia se relacionaron con las exposiciones que tienen que ver con la atención médica previa. Los factores predictores de la mortalidad se relacionaron con la gravedad de la bacteriemia y la susceptibilidad del paciente. Los hallazgos de nuestra investigación respaldan el compromiso de nuestro sistema sanitario para la contención de este microorganismo multirresistente en los ambientes hospitalarios.

INFECCIONES INTRAHOSPITALARIAS

GP-1 Estudio de costos relacionados con infecciones asociadas a la atención en salud en pacientes con endometritis en un hospital universitario

Carlos Hernando Gómez, Claudia Janneth Linares, Jorge Oswaldo Suarez, Sandra Liliana Valderrama, Carlos Arturo Álvarez, María Clara Castro
Hospital Universitario San Ignacio, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C. *carlosgomez1074@gmail.com*

Introducción y objetivo. las infecciones obstétricas esperadas son menores al 1%; a nivel local la frecuencia ha sido mayor. En el historial de nuestra institución el indicador de endometritis es del 2%.

El objetivo fue determinar los costos, tanto por exceso de estancia hospitalaria como por el uso excesivo de antimicrobianos, asociados a la endometritis, y expresados en Dosis Diarias Definidas (DDD). **Materiales y métodos.** Estudio de casos y controles (asignación 1:1) que se presentaron en el Hospital Universitario San Ignacio de marzo a diciembre de 2009. El estimativo del costo neto de atención fue elaborado según el protocolo de análisis de la Organización Mundial de la Salud. Se asignaron 43 casos y 43 controles, la calidad del pareo fue de 95% para la edad, diagnóstico y vía de atención del parto. **Resultados.** En endometritis posterior al parto o a la cesárea se encontró una estadía prolongada que correspondió, respectivamente, a 2,6 y 3,8 días, con un exceso en el uso de antimicrobianos de 6,2 DDD para la endometritis posparto y de 9,02 DDD para la endometritis posterior a la cesárea. Al desglosar los costos directos relacionados con la endometritis es la estadía prolongada la que explica el 99% de los costos, seguidos por el uso de antimicrobianos. **Conclusiones.** El exceso de estancia hospitalaria para cada caso de endometritis, posterior al parto o a la cesárea, genera un exceso de costos de US\$ 200,2 y US\$ 293,3, respectivamente. El uso de antimicrobianos en exceso genera un sobrecosto de US\$ 1,49 y US\$ 3,47. Se requiere implementar un programa de supervisión y vigilancia de prácticas tendientes a prevenir la endometritis

GP-15 Implementación de un programa de uso prudente de antibióticos en una institución de tercer nivel de Boyacá

Nicolás Andrés Rodríguez, Mildred Liliana Torres, Nubia Esperanza Zea, Carmen Helena Tovar, Otto Sussmann
Hospital San Rafael de Tunja, E.S.E., Tunja, Boyacá
farmacia@hospitalsanrafaeltunja.gov.co

Introducción y objetivos. Entre las distintas estrategias que buscan optimizar el uso hospitalario de antibióticos, la instauración de políticas restrictivas muestra ser uno de los mecanismos más efectivos como práctica de seguimiento y control a la prescripción, en el que el servicio farmacéutico juega un papel muy importante. El objetivo de este trabajo fue informar los resultados de la implementación del programa del uso racional de antibióticos luego de año y medio de ejecución. **Materiales y métodos.** Una evaluación interna de la institución indicó un alto grado de prescripción inapropiada, lo que llevó a implementar el programa de uso racional de antibióticos, al que se incorporó un listado de agentes restringidos que, a su vez, condicionó al profesional que prescribe el medicamento al diligenciamiento de un formato para la entrega del antibiótico por farmacia. Ésta realizó seguimiento de las solicitudes y, además, registró consumo, gasto y seguimiento de las guías. Cuando identificó errores en indicación, dosis y frecuencia, informó sobre esto, con el fin de realizar los ajustes correspondientes. Se comparó y analizó la información de uso, costo, cumplimiento de guías y cambios en el perfil de sensibilidad de los gérmenes hospitalarios, en el periodo comprendido entre julio de 2008 y diciembre de 2009. **Resultados.** El consumo de antibióticos, expresado en Dosis Diarias Definidas por 100 camas/día, se redujo en 31%, con disminución de penicilinas, quinolonas, aminoglucósidos y carbapenémicos, y aumento de cefalosporinas, macrólidos y lincosamidas. Los patrones de resistencia mostraron incrementos significativos. Los gastos disminuyeron en 10,8% trimestralmente, con un ahorro acumulado de \$ 114'896.252,00. **Conclusiones.** El programa del uso racional de antimicrobianos logró disminuir el consumo de antibióticos, con reducción de gastos y modificación del perfil de sensibilidad, lo que permitió priorizar las áreas de intervención.

GO-17 Uso de la técnica de control estadístico de calidad en el estudio de un brote infeccioso en el Instituto Nacional de Cancerología

Ricardo Sánchez, Giancarlo Buitrago, Mónica Ballesteros, Sonia Isabel Cuervo
Instituto Nacional de Cancerología, E.S.E., y Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.
rsanchezpe@unal.edu.co

Introducción y objetivos. En el presente trabajo se ilustra la utilización de una metodología derivada del control estadístico de calidad, que permite utilizar sistemas de vigilancia activa de los brotes infecciosos, que se traducen en medidas rápidas y efectivas, y que no requieren mayor sofisticación en el análisis. **Materiales y métodos.** Se tomaron los datos correspondientes a 23 meses de seguimiento de los pacientes de la unidad de cuidados intensivos del Instituto Nacional de Cancerología. Se utilizó un método de análisis estadístico de control de calidad para vigilar la presencia de un brote infeccioso. Teniendo en cuenta la línea de base (eventos raros) se seleccionó un método de gráficos de control C, utilizando el modelo de tres desviaciones estándar. Los datos se procesaron con el programa R. **Resultados.** Mediante la utilización de un gráfico C se detectó un valor que indica que el proceso está fuera de control, lo cual sugiere la presencia de un brote infeccioso. Se estimó un valor esperado de 0,13 episodios (DE=0,36), y se establecieron como límites del proceso dentro de los intervalos de control el cero (límite inferior) y 1,21 (límite superior). El punto fuera de control también se detecta si se utilizan métodos de análisis que consideran la presencia de autocorrelación. **Conclusiones.** La metodología de control estadístico de la calidad es una herramienta útil en el contexto de la vigilancia y el control de las infecciones, ya que permite detectar la presencia de brotes de manera rápida, y con períodos de seguimiento relativamente cortos. Su aplicación no requiere métodos estadísticos complejos ni programas sofisticados, estando al alcance de la mayoría de personal encargado de la vigilancia epidemiológica.

GP-5 Caracterización de las infecciones del sitio operatorio en el paciente oncológico

Julio César Gómez, Julián David Escobar, Martha Cecilia Orozco, Anyul Milena Vera
Instituto Nacional de Cancerología, Bogotá, D.C. *infecciones.cancerologia@gmail.com*

Introducción y objetivos. Las infecciones del sitio operatorio son una complicación posquirúrgica, cuya frecuencia varía de acuerdo con el tipo de cirugía, su duración y la institución donde se realiza. El paciente con cáncer tiene factores de riesgo que incrementan la probabilidad de desarrollar infección. El objetivo en este trabajo fue describir los índices de infecciones del sitio operatorio, según su localización y tipo de herida, que se presentaron en el Instituto Nacional de Cancerología, durante el año 2009. **Materiales y métodos.** De acuerdo con los criterios de los *Centers for Disease Control and Prevention* (CDC), se realizó vigilancia activa de las infecciones del sitio operatorio, que se clasificaron según el tipo de herida (limpia, limpia-contaminada o contaminada) y según la localización (superficial, órgano/espacio y profunda). Se hizo uso de frecuencias absolutas para representar las infecciones del sitio operatorio según tipo y grupo tratante, y se compararon las tasas globales de infección según el tipo de cirugía. **Resultados.** La tasa global de infecciones del sitio operatorio fue de 2,04 por 100 cirugías. En cirugías contaminadas fue de 5,28%, en cirugías limpias-contaminadas de 3,80% y en cirugías limpias de 1,56%. El índice en cirugía gastrointestinal fue de 6,37%, en neurocirugía de 4,71%, en urología de 3,19%, en el grupo de seno y tejidos blandos

de 3,10%, en ginecología de 2,11%, en el grupo de cirugía de cabeza y cuello de 1,99% y en cirugía pediátrica de 2,72%. **Conclusiones.** Las tasas de infecciones del sitio operatorio, según el tipo de herida, en las cirugías practicadas en el Instituto Nacional de Cancerología, se encuentran dentro de los rangos establecidos por la Secretaría de Salud de Bogotá, fenómeno explicado parcialmente por el subregistro de casos. Se propone fortalecer la captación de información sobre infecciones del sitio operatorio mediante un programa de clasificación de riesgo quirúrgico y su seguimiento. La descripción de los tiempos quirúrgicos de los procedimientos oncológicos más frecuentes, permitirá establecer de manera más acertada el riesgo de infecciones del sitio operatorio en los pacientes oncológicos.

GP-6 Análisis de costo-efectividad de linezolid Vs. vancomicina en pacientes con sospecha de *Staphylococcus aureus* resistente a la metilina en neumonía asociada a respiración mecánica asistida en Colombia

Francisco Molina, Carlos Izquierdo, Heidy A. Cáceres, Jorge Cortés, Rodolfo Soto
LACER CO, Houston, TX, USA; Pfizer Colombia, Bogotá, D.C.; Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.; Centro Médico Imbanaco, Cali, Valle del Cauca; Unidad de Cuidado Intensivo, Clínica Bolivariana, Medellín.
sofipacho@hotmail.com

Objetivo. Evaluar la costo-efectividad de linezolid Vs. vancomicina en el tratamiento empírico de la neumonía asociada al respirador, con sospecha de *Staphylococcus aureus* resistente a la metilina en Colombia. **Métodos.** Se desarrolló un árbol de decisiones para determinar la costo-efectividad de linezolid en pacientes con neumonía asociada al respirador con sospecha de *Staphylococcus aureus* resistente a la metilina. La perspectiva utilizada fue la del sistema general de seguridad en salud colombiano. Se incluyeron los costos derivados del manejo integral de los pacientes, contemplando: medicamentos, hospitalización en unidad de cuidados intensivos y sala general, tratamiento de los efectos adversos secundarios al uso de los medicamentos, las valoraciones médicas y los exámenes paraclínicos. El horizonte temporal fue de 12 semanas. El modelo fue desarrollado por un equipo de médicos especialistas en cuidado crítico e infectología, con asesoría de especialistas en economía de la salud, en el año 2009. **Resultados.** La diferencia de la efectividad clínica a favor de linezolid es de 2,13 AVG (7,13 Vs. 5 AVG). Teniendo en cuenta el costo integral de atención, el linezolid constituye la alternativa de elección sobre vancomicina, al tener una relación de costo-efectividad favorable, correspondiente a \$1'180.044/AVG frente a \$1'679.697/AVG para vancomicina y una razón de costo-efectividad incremental (ICER) cercana a 0 (\$7.150/AVG). **Conclusiones.** El linezolid constituye una alternativa muy costo-efectiva en comparación con vancomicina para el tratamiento empírico de primera línea de la neumonía asociada al respirador con sospecha de *S. aureus* resistente a la metilina en Colombia (ICER: US\$3.62/AVG), incluso cerca de ser costo ahorrativa.

GP-9 Caracterización clínica y epidemiológica de pacientes con bacteriemia por *Staphylococcus aureus* resistente a la metilina en pacientes hospitalizados en el Hospital Universitario San Ignacio, entre los años 2005 a 2009

Carlos Andrés Arias, Dimas Felipe Herrera, Carlos Hernando Gómez, Carlos Arturo Álvarez
Hospital Universitario San Ignacio, Bogotá, D.C.
carlosgomez1074@gmail.com

Introducción y objetivos. Establecer la incidencia y las características clínicas, epidemiológicas, microbiológicas y la mortalidad atribuibles. **Materiales y métodos.** Estudio observacional descriptivo de pacientes con diagnóstico de bacteriemia por *S. aureus* resistente a la metilina, en los años 2005 y 2009. Se evaluaron variables demográficas, factores de riesgo, exposición previa a antimicrobianos, desenlaces y mortalidad atribuible a la bacteriemia. **Resultados.** 145 historias clínicas de pacientes que estuvieron hospitalizados y cuyo rango de edad estaba entre los 19 y los 99 años, promedio de 57,8 años, 42% eran mujeres y 58% hombres. La estancia hospitalaria promedio en UCI fue de 19,3 días, mientras que en hospitalización fue de 12,5 días. Entre los factores de riesgo que se encontraron estuvo la inmunosupresión (31%), la enfermedad renal crónica en hemodiálisis (26,8%) y la diabetes (18,9%). Se encontró exposición a antibióticos de amplio espectro dentro de los 30 días anteriores a la bacteriemia en 26% de casos. El dispositivo que más se relacionó como factor de riesgo fue el catéter venoso central (64%), seguido por la asistencia respiratoria mecánica (44%) y las infecciones del sitio operatorio (33%). Los sitios de aislamiento microbiano fueron: catéter venoso central (33,3%), bacteriemia primaria (24%), infección de tejidos blandos (15%), infección del sitio operatorio (8,6%), endocarditis (5,5%) y neumonía (3,7%). La susceptibilidad antimicrobiana sugiere un fenotipo comunitario en el 44% de los pacientes (SAMR AC). El tratamiento de elección fue la vancomicina, en 75% de los casos, con respuesta positiva en 70%. La mortalidad atribuible a bacteriemia por *S. aureus* fue de 8,2%. **Conclusiones.** La alta incidencia de bacteriemia por *S. aureus* resistente a la metilina extrahospitalaria hace que se deben ajustar los protocolos de tratamiento empírico.

Trabajo completo

GT-16 Determinación de los costos atribuibles a la infección intrahospitalaria en pacientes de una institución de tercer nivel en Bogotá, 2008: costos desde la perspectiva del prestador

Carlos Humberto Saavedra, Karen Melissa Ordóñez
Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, D.C.
karenmelissao@gmail.com

Introducción. Las infecciones nosocomiales son eventos de alto impacto dentro de los hospitales. Es necesario establecer su costo para evaluar la costo efectividad de los programas diseñados para su prevención. Nuestro objetivo es establecer el costo atribuible a la infección nosocomial desde la perspectiva del prestador. **Metodología.** Los pacientes con infección nosocomial del Hospital Universitario Clínica San Rafael del año 2008 fueron seleccionados aleatoriamente a partir de la base de datos institucional. Adicionalmente, se seleccionó aleatoriamente una muestra de pacientes no infectados emparejados por edad y diagnóstico de ingreso. Los costos son en pesos colombianos del año 2008. **Resultados.** Se evaluaron costos en 96 casos con infección nosocomial y 93 pacientes no infectados. Las infecciones más frecuentes fueron: neumonía (31, 25%), infección sitio operatorio órgano espacio (15,63%) e infección de vías urinarias (15,63%). Las medianas de los costos de hospitalización para los casos fueron de \$18.500.000 (\$8.285.711 - \$39.700.000) y en los no infectados de \$2.141.600 (\$622.654 - \$4.760.233). La estancia fue 18 días superior en los casos en comparación con los no infectados (medianas: infectados: 23 RI(rango intercuartilico): 14-39, no infectados: 5 RI 2-9). El riesgo de morir entre los infectados fue 32 veces el de los no infectados, con un total de hasta 68,3 años de vida perdidos, con un costo de US 7400 cada uno. **Conclusiones.** La infección nosocomial incrementa hasta 8.6 veces los costos de atención hospitalaria, hasta 18 días la estancia hospitalaria y hasta 32 veces la mortalidad.

INFECCIONES EN PEDIATRÍA

DO-1 Historia natural de la toxoplasmosis congénita en el departamento del Quindío

Jorge Enrique Gómez, Alejandra De la Torre, Vanessa López Ramírez

Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío. gepamol2@uniquindio.edu.co

Introducción y Objetivo. Existen pocos datos en la literatura de Suramérica sobre la historia natural de la toxoplasmosis congénita en niños, donde existe evidencia de una mayor seriedad de la infección. El objetivo del presente trabajo fue reportar los desenlaces primarios al nacimiento de los niños con infección congénita y sin tratamiento prenatal. **Materiales y métodos.** El tipo de estudio fue una serie de casos que se llevó a cabo en la consulta de toxoplasmosis del centro de salud de referencia de la Universidad del Quindío. Los criterios diagnósticos fueron: presencia de IgM o IgA anti-*Toxoplasma* específica en el primer mes de vida o presencia de síntomas indicativos (coriorretinitis, calcificaciones cerebrales o hidrocefalia), y con IgG e IgM positivos en la madre. El compromiso de coriorretinitis se estableció por el examen de oftalmoscopia y el neurológico, por los resultados de la tomografía computarizada cerebral o la ecografía a través de la fontanela. El estudio se llevó a cabo en el periodo comprendido entre septiembre de 2000 y enero de 2010. **Resultados.** Se revisaron las historias clínicas de 56 casos con diagnóstico de toxoplasmosis congénita confirmada. De éstos, 33 no tuvieron tratamiento prenatal y 23 sí lo tuvieron. En los 33 niños que no tuvieron tratamiento, hubo 3 muertes (10%). En 16 de 25 con examen por oftalmoscopia, se encontraron lesiones de retinocoroiditis (64%). En 7 de 30 se encontró hepatoesplenomegalia (23%) y en 12 de 16 se encontró compromiso neurológico (75%). En 21 de 30 (70%) hubo presencia de IgM anti-*Toxoplasma* y en 13 de 18 (72%), presencia de IgA. **Conclusiones.** La historia natural de la infección congénita no tratada demuestra que existe mortalidad neonatal y que la gran mayoría de los pacientes que presentan la infección, van a presentar lesiones de tipos neurológico. Las alteraciones neurológicas encontradas fueron, principalmente, hidrocefalia, microcefalia y calcificaciones cerebrales que se presentaron con mayor frecuencia que las anteriores. La coriorretinitis fue la alteración ocular que se encontró más frecuentemente entre las alteraciones oculares, lo cual explica por qué la toxoplasmosis es la segunda causa de ceguera congénita en Colombia.

DO-4 Evaluación del tratamiento con pirimetamina-sulfadoxina en la toxoplasmosis congénita: efecto sobre la hemoglobina y la reducción en los niveles de IgG anti-*Toxoplasma*

Camila Alejandra Rodríguez, Alejandra De la Torre, Jorge Enrique Gómez

Centro de Investigaciones Biomédicas, Universidad del Quindío, Armenia, Quindío. gepamol2@uniquindio.edu.co

Introducción y Objetivos. La toxoplasmosis congénita se produce cuando una mujer gestante sufre infección aguda por el parásito *Toxoplasma gondii* y la trasmite al feto. En Colombia, se estima que, actualmente, de 2 a 10 de cada 1.000 nacidos vivos presentan toxoplasmosis congénita y es una de las tres primeras causas de infección prenatal que conlleva a serias complicaciones neurológicas y oftalmológicas. Éstas se pueden reducir si se inicia un tratamiento oportuno

y adecuado pero, al mismo tiempo, puede implicar una serie de reacciones adversas. No existen reportes sobre la frecuencia de los efectos secundarios y su manejo en el país. El objetivo del presente trabajo fue determinar la proporción de niños que presentaron anemia con hemoglobina menor de 12 g/dl después de recibir el tratamiento, y la proporción de niños que respondieron al cambio de dosis en el ácido fólico, llevando la hemoglobina a niveles normales. Se examinó también el efecto del tratamiento sobre los niveles de anticuerpos IgG anti-*Toxoplasma* durante el seguimiento. **Materiales y métodos.** Durante el periodo de septiembre del 2000 a marzo del 2010, en el centro de salud de la Universidad del Quindío se examinaron 17 casos de toxoplasmosis congénita que tuvieron control durante el primer año de vida y que fueron tratados con la combinación sulfadoxina-pirimetamina en dosis semanales de 1 mg/kg de pirimetamina, 25 mg/kg de sulfadoxina y 7,5 mg de ácido fólico cada dos días, y con seguimiento mensual de los valores de hemoglobina por el método de cianmetahemoglobina (Serapak, Bayer, USA) y de IgG anti-*Toxoplasma* por el método ELISA (Human, Alemania). En caso de presentarse disminución de la hemoglobina, se cambiaba a 7,5 mg de ácido fólico en dosis diaria. Cuando se presentaba anemia por debajo de 10 g/dl, se interrumpía la combinación pirimetamina-sulfadoxina y se iniciaba azitromicina. Se calculó un índice ajustado del porcentaje de reducción de los niveles de IgG anti-*Toxoplasma*, como una medida indirecta de la eficacia del tratamiento y según los meses de seguimiento y el número de muestras tomadas. **Resultados.** De los 17 niños en estudio, 13 (76,4%) presentaron anemia durante el tratamiento, con resultados de hemoglobina menores de 12 g/dl. De los 13 niños con anemia, seis (46,1%) presentaron una respuesta total al ácido fólico, recuperándose de la anemia y llevando la hemoglobina a niveles normales (HGB \geq 12 gr/dl) y cuatro (30,7%) se recuperaron parcialmente de la anemia con un rango de hemoglobina entre 10 y 11 g/dl. En tres niños (23%) no hubo respuesta y la hemoglobina fue menor de 10 g/dl, por lo que se suspendió el tratamiento y se inició azitromicina. El promedio de reducción en porcentaje ajustado fue de 10,4% por mes y seis de 17 niños (35%) se tornaron seronegativos. **Conclusiones.** El tratamiento con pirimetamina-sulfadoxina lleva a anemia en un porcentaje importante de los casos que, aunque responden en su mayoría al aumento en frecuencia del ácido fólico, hace necesaria la búsqueda de alternativas con menos efectos adversos. Se observó un efecto positivo con la reducción progresiva de los niveles de IgG e, incluso, su conversión negativa con este esquema.

DO-5 Deficiencias en el cuidado y estado de salud de mascotas de niños inmunodeprimidos

Katia Abarca, Juan Carlos López, Javier López, Ana María Peña
Departamento de Pediatría, Pontificia Universidad Católica de Chile, Santiago de Chile, Chile
juanklo24@mail.com

Introducción. A pesar del beneficio del contacto con mascotas, se expone el ser humano a riesgos en su salud, mordeduras, alergias e infecciones. Estas últimas son relevantes en niños inmunodeprimidos **Objetivos.** Determinar la presencia de mascotas en hogares de niños inmunodeprimidos y evaluar el estado de salud de estos animales. **Materiales y métodos.** Se trató de un estudio descriptivo observacional realizado en dos hospitales de Santiago. Se hizo mediante entrevista a los padres de niños con enfermedad oncológica, con trasplante o con infección por VIH. El estado de salud de las mascotas fue evaluado por un veterinario con examen coproparasitológico, búsqueda de dermatofitos en el pelaje y ácaros en pelo y piel. **Resultados.** De setenta

familias de niños inmunodeprimidos, 67% tenía mascotas. El 86% de las familias tenía perro; 21%, gato, y 17%, otras mascotas. Las conductas de riesgo fueron: niños que besan o son lamidos por la mascota (38%), limpian las excretas (12%), o comieron alimento de mascotas (7%). Cincuenta y una mascotas fueron evaluadas por el veterinario: 41 perros, 7 gatos y otras 3. De los perros evaluados: 51% estaba sin control veterinario, 12% tenía la vacunación antirrábica al día, 58% no había recibido antihelmínticos y ninguno, antiprotozoarios. Encontramos 20 perros con enfermedades en el examen clínico, cuatro de ellas zoonóticas (brucelosis, leptospirosis, sarna, dipilidiasis). Con estudios de laboratorio, la cifra de perros enfermos aumentó a 73%. Se encontraron: ectoparásitos en 59% de los perros, dermatofitos en el pelaje (24%), enteroparásitos en 42% de los perros, helmintos en 10 y protozoos en 4; las especies zoonóticas fueron: *Giardia* sp., *Cryptosporidium* sp., *Toxocara canis*, *Toxascaris leonina*, *Ancylostoma* sp. y *Strongiloides* sp.. De siete gatos evaluados, ninguno estaba en control veterinario. **Conclusiones.** Se encontró una elevada presencia de mascotas en las familias de niños inmunodeprimidos y situaciones de riesgo para la salud, como ciertos hábitos, baja frecuencia de control veterinario e inmunizaciones, desparasitación de mascotas y presencia de agentes zoonóticos.

DO-6 Niveles de ST2s e IL-33 en niños con miocarditis como forma de dengue severo

Guerrero CD*, Ramírez ND*, Arrieta AF*, Rodríguez LS, Vega R., Fierro DE, Castro D, Narváez CF, Salgado DM, Rodríguez JA. *Grupo de Parasitología y Medicina Tropical, Facultad de Salud, Universidad Surcolombiana, Neiva. Instituto de Genética Humana, Facultad de Medicina, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá.* * Estos autores contribuyeron por igual en este trabajo, Semillero SINEDIR.

Introducción. La infección por virus dengue (VD) cursa con formas leves hasta formas letales como el dengue severo (DS). La miocarditis dengue (MD) es la responsable de más de la mitad de los casos de muerte en el Huila. Mediadores inflamatorios participan en la patogénesis de la enfermedad. El ST2s, un factor proinflamatorio, está incrementado en pacientes con infección por VD. La IL-33, citocina asociada con cardioprotección, es el ligando de ST2s y la unión a éste, inhibe su acción cardioprotectora. **Objetivo.** Determinar los niveles plasmáticos de ST2s e IL-33 en niños con miocarditis como forma de DS. **Materiales y métodos.** Muestras de plasma de cuarto o quinto día de enfermedad de 40 pacientes pediátricos que cumplían los criterios de la OMS para DS (n=19) y dengue con signos de alarma (DCSA) (n=21) fueron obtenidas. Las concentraciones de ST2s e IL-33 se cuantificaron mediante ELISA. **Resultados.** Los niveles de ST2s se relacionan con la severidad de la enfermedad. La mediana y rangos de la concentración de ST2s (pg/mL) en niños sanos (NS), DCSA y DS, fueron de 35 (15-517), 1,739 (15-12,824) y 4,151 (384-113,621), respectivamente, encontrándose diferencia significativa entre los grupos (p<0.0006, prueba de Mann-Whitney). La IL-33 no fue detectada en la mayoría de los pacientes analizados.

DP-10 El dengue cada vez más cerca de las unidades de cuidados intensivos

Doris Martha Salgado, Juana María Quevedo, Tatiana Esther Zabaleta, Óscar Cortés *Universidad Surcolombiana, Grupo de Parasitología y Medicina Tropical, Neiva, Huila* domasal59@yahoo.com

Introducción. El dengue causa anualmente 25.000 muertes a nivel mundial, afectando especialmente los niños. Durante el 2009, el Hospital Universitario de Neiva recibió 396 pacientes pediátricos con dengue, algunos con manifestaciones clínicas graves, atendidos en la unidad pediátrica de cuidados intensivos. **Objetivo.** Caracterizar el dengue grave en los niños hospitalizados en la unidad pediátrica de cuidados intensivos del Hospital Universitario de Neiva. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo, retrospectivo, entre enero y diciembre de 2009, con 55 pacientes hospitalizados en la unidad pediátrica de cuidados intensivos con diagnóstico de dengue, según los criterios de la Organización Mundial de la Salud y la confirmación serológica. **Resultados.** De 396 pacientes atendidos en la unidad pediátrica de cuidados intensivos, 55 (13,8%) presentaron dengue, que correspondió a la segunda causa de ingreso; 74,5% (41) presentó fuga vascular grave documentada, con un índice de derrame pleural mayor de 30%; en 10 niños (17,8%) se demostró por ecocardiografía, disfunción miocárdica, cuatro (7,2%) cursaron con hepatitis grave, 40 pacientes (76,3%) requirieron soporte inotrópico, 12 (21,8%) soporte respiratorio y dos (3,7%) terapia dialítica. Siete (12,7%) fallecieron con choque que no respondió a la administración de líquidos y 85,7% de las muertes ocurrió durante las primeras 12 horas. **Conclusiones.** El dengue ha comenzado a tener una importante repercusión como enfermedad grave que lleva pacientes a las unidades pediátricas de cuidados intensivos y se ubica entre las primeras causas de ingreso a ellas, situación similar a la vivida en otros países, como India y algunos del sudeste asiático. El compromiso visceral cobra importancia como marcador de gravedad. En el compromiso orgánico, la disfunción miocárdica, la hepática y la falla multiorgánica aparecen cada vez con mayor frecuencia y pueden generar desenlaces fatales si no se reconocen.

DP-7 Algoritmo diagnóstico para la detección y el manejo de la tuberculosis en niños

Sonia Lorena Villegas, Beatriz Eugenia Ferro, Christian Mauricio Rojas, Carlos Mario Pérez-Vélez *Centro Internacional de Entrenamiento e Investigaciones Médicas, CIDEIM, Cali, Valle del Cauca* zolovian@gmail.com

Introducción. En el Valle del Cauca hay comunidades con una incidencia de tuberculosis mayor de 100 por 100.000 habitantes, como Buenaventura, donde los casos esperados en niños deberían corresponder a 20% a 40%. Sin embargo, hasta el 2008, los casos de niños que recibieron tratamiento para tuberculosis activa no superaron el 7% del total. Se ha encontrado que el personal clínico y el de los programas de control de la enfermedad desconocen el diagnóstico de tuberculosis probable en niños y espera la confirmación bacteriológica para ofrecer el tratamiento. **Objetivo.** Implementar una herramienta de tamización (algoritmo) para el diagnóstico y el manejo de la tuberculosis en niños, en una cohorte de pacientes pediátricos, contactos de casos de tuberculosis en adultos. **Materiales y métodos.** Se desarrolló un algoritmo de diagnóstico y clasificación de la tuberculosis en niños, con base en los criterios de la Organización Mundial de la Salud, que incluyó estratificación del riesgo y recomendaciones para el manejo del caso, y se implementó como piloto en la evaluación de una cohorte de niños, contactos de adultos con tuberculosis de Cali, durante 2006 a 2008. **Resultados.** De 53 niños evaluados con el algoritmo, 19 tuvieron criterios para tuberculosis probable (dos confirmados microbiológicamente) y recibieron tratamiento antituberculoso con adecuada evolución. Además, 19 casos fueron clasificados como tuberculosis latente y 15 tuvieron otros diagnósticos. **Conclusiones.** La aplicación de este algoritmo permitió

detectar casos de tuberculosis latente y activa, asegurando su tratamiento por parte del programa de control de la tuberculosis de Cali. Ésta puede convertirse en una estrategia efectiva para el estudio de contactos y el abordaje de casos clínicos.

Trabajo completo

DT-8 Uso de pentoxifilina para la modulación de la respuesta inmunitaria en población pediátrica con dengue hemorrágico

Doris Martha Salgado, Jairo Antonio Rodríguez, Carlos Fernando Narváez, Tatiana Esther Zabaleta
Universidad Surcolombiana, Neiva, Huila
domasal59@yahoo.com

Introducción. El dengue es la principal infección viral transmitida por vectores en el mundo. La presentación de las formas graves se convierte en un reto para el clínico, dado que en la actualidad no se dispone de tratamiento específico y se observa un incremento en los casos de complicaciones y mortalidad. **Objetivos.** Establecer la eficacia de la pentoxifilina para la modulación de la respuesta inmunitaria en pacientes pediátricos con fiebre por dengue hemorrágico. **Materiales y métodos.** Se trató de un estudio prospectivo de distribución aleatoria, doble ciego, desarrollado entre abril y agosto de 2009. Se incluyeron 55 pacientes con criterios clínicos de la Organización Mundial de la Salud para dengue y confirmación serológica, asignados en dos grupos que, además de las medidas clínicas necesarias, recibieron, el primero, pentoxifilina y, el segundo, placebo. Se hicieron un seguimiento clínico completo y mediciones de FNT α durante tres días consecutivos. **Resultados.** Se encontró una disminución estadísticamente significativa de la reducción de los niveles de FNT α en todos los casos en que el medicamento fue administrado ($p=0,02$), pero fue especialmente significativa en el grupo con pentoxifilina y con clasificación clínica de dengue grado III ($p=0,003$). **Conclusiones.** Teniendo en cuenta el papel del FNT α en la fisiopatología del dengue y en el daño tisular, se presenta la pentoxifilina como una medida terapéutica costo-efectiva durante la fase aguda del dengue grave que permite la reducción de complicaciones y muerte.

INFECCIONES EXTRAHOSPITALARIAS

EO-6 Utilidad pronóstica y concordancia entre observadores de dos métodos de lectura de la radiografía de tórax en adultos con neumonía adquirida en la comunidad

Diana Carolina Moncada, Antonio Macías, Zulma Vanessa Rueda, Tatiana Suárez, Héctor José Ortega, Lázaro Agustín Vélez,
Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
clamona@une.net.co

Introducción y Objetivos. La lectura tradicional de las radiografías en la neumonía adquirida en la comunidad tiene baja utilidad pronóstica y baja concordancia entre observadores. Se han propuesto métodos cuantitativos para mejorar ambos aspectos. El objetivo fue determinar la concordancia entre observadores e intraobservador, empleando dos formatos de lectura en pacientes con neumonía adquirida en la comunidad y explorar los hallazgos radiológicos asociados con la mortalidad y la gravedad. **Materiales y métodos.** Se trató de un estudio transversal. Un neu-

mólogo y un radiólogo interpretaron 170 radiografías, de forma ciega, utilizando dos formatos de lectura: 1) tradicional, tipo y localización de infiltrados y hallazgos pleurales; 2) cuantitativo, compromiso pulmonar categorizado de cero a diez. Se estimó la concordancia entre observadores, y se consideró buena si era mayor de 0,6. La concordancia intraobservador se evaluó en una submuestra de 25 radiografías tres meses después de la lectura inicial. Por último, se hizo una lectura conjunta para explorar la asociación con mortalidad y gravedad. **Resultados.** Se excluyeron 33 radiografías por mala calidad. La concordancia (prueba estadística kappa) entre observadores para la presencia de derrame pleural, infiltrados en el lóbulo superior derecho, lóbulo inferior derecho y lóbulo inferior izquierdo, fue de 0,72 (IC95% 0,60-0,83), 0,77 (IC95% 0,65-0,89), 0,73 (IC95% 0,62-0,84) y 0,67 (IC95% 0,54-0,80), respectivamente. Las variables de infiltrados intersticiales, neumonía unilateral o bilateral e infiltrados alveolares, presentaron concordancias menores de 0,6. La lectura cuantitativa tuvo una concordancia entre observador (correlación de Spearman) de 0,66 ($p<0,001$). La concordancia intraobservador sólo fue mayor de 0,6 para localización de los infiltrados y la presencia de derrame pleural. La correlación de la lectura cuantitativa para cada lector fue 0,48 y 0,79 ($p<0,01$). Una puntuación mayor de 6 se asoció con neumonía grave (OR=2,7; 1,2-5,8). No hubo asociación con mortalidad. **Conclusiones.** La lectura de la radiografía de tórax depende del observador.

EO-8 *Staphylococcus aureus* resistente a meticilina asociado a la comunidad, reporte de un brote en soldados colombianos

Sandra Liliana Valderrama, Daniel Santa, Javier Escobar, Alejandro Márquez, María Nilse González, Ángela Pescador, Carlos Gómez, Patricia Reyes, Julio Gómez, Mónica Rodríguez
Hospital Militar Central, Bogotá, D.C.
sandra.valderrama@gmail.com

Introducción y Objetivos. Las poblaciones de alto riesgo, como los militares, presentan niveles significantes de colonización por *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina adquirido en la comunidad relacionado al clon USA300, lo cual favorece la generación de posteriores infecciones. Se presenta la descripción de un brote de infección de tejidos blandos por *S. aureus* resistente a la meticilina adquirido en la comunidad en un grupo de militares en Colombia. **Materiales y métodos.** Se realizó un estudio descriptivo de brote, en el que se analizan las características clínicas, microbiológicas y moleculares de los aislamientos de *S. aureus* resistente a la meticilina causantes de infección de tejidos blandos. Se evaluó la presencia y tipo de SCCmec, PLV y enterotoxinas. Se determinó la relación genética de los aislamientos por PFGE y polimorfismo de genes constitutivos. Se evaluó la resistencia a 12 antibióticos. **Resultados.** Se analizó un brote de 11 soldados con sepsis por celulitis y abscesos en la región glútea y el muslo por *S. aureus* resistente a la meticilina, después de la aplicación de estiboglucanato de sodio. La mayoría de los pacientes ($n=9$) se manejaron con vancomicina más clindamicina; ninguno de los pacientes murió o presentó secuelas permanentes. Los aislamientos presentaron resistencia a tetraciclina. La caracterización molecular evidenció relación genética con el CC8, SCCmec IVc-E, presencia de PVL y el gen para la enterotoxina estafilocócica sec; además, presentaron genes relacionados con fenotipos de adherencia (FnBP, Fib, clfA y clfB). El análisis por PFGE mostró un único pulsotipo, con relación genética con el clon pandémico USA300. **Conclusiones.** Se hace el primer reporte de un brote por *S. aureus* resistente a la meticilina

adquirido en la comunidad en Colombia. Debido a la diseminación de este tipo de aislamientos, es necesario tenerlos en cuenta en el diagnóstico diferencial de las infecciones de piel y tejidos blandos graves adquiridas en la comunidad.

EP-1 *Staphylococcus aureus* resistentes a meticilina productores de PVL aislados en individuos sanos de Montería, Córdoba

Salim Máttar, Marco Gonzales, Dayan Lozano
Instituto de Investigaciones Biológicas del Trópico, Universidad de Córdoba, Montería, Córdoba
mattarsalim@hotmail.com

Introducción y Objetivos. *Staphylococcus aureus* resistente a la meticilina ha emergido globalmente como un patógeno importante en la comunidad y en un período corto. La colonización de *S. aureus* resistente a la meticilina en personas sin contacto reciente con ambientes hospitalarios, adquirido en la comunidad, puede convertirse en un problema de salud pública. El objetivo fue estudiar cepas asociadas a la comunidad de *S. aureus* resistente a meticilina y productoras de PVL en individuos sanos de Montería.

Materiales y métodos. Fue un estudio descriptivo, prospectivo, de corte transversal, a partir de un total de 253 muestras obtenidas de hisopados faríngeos en tres comunidades: 91 internos de la cárcel de Montería (19 a 58 años), 100 estudiantes adultos jóvenes de la Universidad de Córdoba (17 a 30 años) y 62 niños en edad escolar (4 a 9 años) del Colegio de la Universidad de Córdoba. Los individuos participantes no habían estado hospitalizados en los últimos meses, ni habían recibido tratamiento antimicrobiano, y no habían presentado signos ni síntomas clínicos al momento del muestreo. Los aislamientos fueron identificados por pruebas microbiológicas convencionales y se determinó la sensibilidad antimicrobiana para los diferentes antibióticos mediante MicroScan® combo 1A (Siemens, CA, USA). Para la detección de los genes *nuc*, *mecA* y *PVL*, se utilizaron los protocolos de Brakstad *et al.*, Oliveira *et al.* y Gerard *et al.*, respectivamente. **Resultados.** De las 253 muestras analizadas, 62 (24,5%) resultaron positivas para *S. aureus*; de éstas, cuatro (6,45%) fueron resistentes a la meticilina, y dos de ellas (25%) resultaron productoras de PVL; 58 (93,54%) fueron sensibles a meticilina y, de éstas, seis (75%) eran productoras de PVL. **Conclusiones.** Los resultados obtenidos demuestran la colonización por *S. aureus* resistente a meticilina en individuos sanos. La colonización fue mayor en la población infantil y en adultos jóvenes.

EP-3 Neumonía en pacientes gravemente inmunosuprimidos: características clínico-epidemiológicas, etiología y pronóstico

María Angélica Maya, Zulma Vanessa Rueda, Yudy Alexandra Aguilar, Diego Alejandro Castaño, Lázaro Agustín Vélez
Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
mangelica@une.net.co

Introducción y Objetivos. El conocimiento a profundidad de las características y la dinámica epidemiológica de la neumonía en pacientes inmunocomprometidos es fundamental para un manejo adecuado. El objetivo fue describir las características clínico-radiológicas, las de laboratorio y la mortalidad en pacientes inmunosuprimidos con sospecha de neumonía, y comparar su etiología con la de una cohorte previa (2000-2001). **Materiales y métodos.** Fue un estudio de cohorte. A los pacientes incluidos se les recolectaron variables socio-demográficas, clínicas y de laboratorio, y se les practicó lavado broncoalveo-

lar, el cual fue estudiado por microscopía y cultivos. El seguimiento se programó hasta un año a partir del ingreso hospitalario. **Resultados.** Entre el 7 de julio y el 9 de noviembre de 2009, se estudiaron 172 pacientes con: sida (80%), trasplante de órgano sólido (14%), colagenopatía en tratamiento con inmunosupresores (3%) y neoplasia hematológica (3%). La mediana de CD4 fue de 53 células/ml (RIQ: 16-132) y de la PaO₂ fue de 71 mm Hg (RIQ: 55-83). El 20% (34/169) recibía profilaxis con trimetoprim/sulfametoxazol. La mayoría tuvo fiebre (79%) y tos (77%); también, presentaron disnea (41%), dolor pleurítico (9%) y hemoptisis (8,3%). En 44% de los pacientes no se observaron infiltrados pulmonares en la radiografía. La tuberculosis fue la etiología más frecuente (30%), seguida de neumocistosis (16,6%), neumonía piógena (11,3%), criptococosis (10%) e histoplasmosis (5,4%), datos semejantes a los publicados en la cohorte previa. La mortalidad fue de 12% durante la estadía hospitalaria y de 19% a los seis meses. Ninguna de las variables estudiadas se asoció con mortalidad. **Conclusiones.** Los pacientes gravemente inmunosuprimidos con neumonía tienen pocos síntomas y, frecuentemente, escasos hallazgos radiológicos. La etiología no ha cambiado en los últimos ocho años. La tuberculosis sigue siendo la primera causa de infección.

EO-4 Factores asociados con neumonía por *Pneumocystis jirovecii* en pacientes inmunocomprometidos: estudio de casos y controles

Zulma Vanessa Rueda, María Angélica Maya, Santiago Giraldo, Yudy Alexandra Aguilar, Lázaro Agustín Vélez
Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
zulma_rueda@yahoo.com

Introducción y Objetivos. La neumonía por *Pneumocystis jirovecii* es una causa importante de morbilidad en pacientes inmunosuprimidos. Hay pocos estudios que caractericen esta enfermedad en nuestro medio. El objetivo fue identificar los factores clínicos, los de laboratorio y los desenlaces asociados con la presencia de esta enfermedad en la región. **Materiales y métodos.** Se trató de un estudio de casos y controles, pareados 1:1 por edad y fecha del lavado broncoalveolar. Se estudiaron pacientes sintomáticos respiratorios, gravemente inmunocomprometidos (con sida, tratamiento inmunosupresor o neoplasia hematológica). Los casos (n=27) fueron pacientes con diagnóstico de neumonía por *Pneumocystis jirovecii* confirmado por azul de toluidina o inmunofluorescencia en lavado broncoalveolar y los controles (n=27) tenían otra enfermedad pulmonar. Se realizó análisis bivariado y multivariado para identificar factores asociados con la neumonía por *Pneumocystis jirovecii*. **Resultados.** El 96% de los casos y el 78% de los controles tenían sida. Ambos grupos fueron similares en el conteo de linfocitos CD4 (18 Vs. 24 células/ml). La probabilidad de tener neumonía por *Pneumocystis jirovecii* fue mayor en quienes ingresaron con disnea (OR=8,8, IC95% 2,3-33,1), tos (100% Vs. 69%, p=0,008), oximetría de pulso menor de 90% (OR=23,4, IC95% 2,6-213,7) y frecuencia respiratoria ≥ 24 /minuto (OR=5,7, IC95% 1,6-19,9). El estar recibiendo terapia HAART (*highly active antiretroviral therapy*) (OR=0,13, IC95% 0,02-0,71) y profilaxis con trimetoprim-sulfametoxazol (0% Vs. 30,8%, p=0,002) disminuyeron la probabilidad de neumonía por *Pneumocystis jirovecii*. En el análisis multivariado, tener sida y disnea se asoció con la enfermedad. El valor de DHL no permite diferenciar la neumonía por *Pneumocystis jirovecii* de otras infecciones pulmonares. No hubo diferencias en el ingreso a la unidad de cuidado intensivo ni en los días de estancia hospitalaria. **Conclusiones.** Los pacientes con sida que ingresan con disnea, tos, taquipnea y baja saturación de oxígeno, tienen alta probabilidad de estar sufriendo neumonía por *Pneumocystis jirovecii*.

EP-5 Utilidad del esputo en muestras con ≥ 25 leucocitos/campo de bajo aumento en pacientes con neumonía adquirida en la comunidad

Mariana Herrera, Yudy Alexandra Aguilar, Lázaro Agustín Vélez
Universidad de Antioquia, Medellín, Antioquia
marianah8@hotmail.com

Introducción y Objetivos. Para evaluar la calidad del esputo en pacientes con neumonía adquirida en la comunidad, se utilizan los criterios de Murray (1975). Las categorías 4 y 5 (calidad intermedia y buena), las únicas consideradas representativas de infección pulmonar, sólo incluyen muestras con más de 25 leucocitos por campo de bajo aumento. El objetivo fue determinar si las muestras con ≤ 25 leucocitos por campo de bajo aumento, eran de categoría 4 (10 a 25 células epiteliales por campo de bajo aumento) o 5 (menos de 10 células epiteliales por campo de bajo aumento), difieren de aquéllas con más de 25 células epiteliales por campo de bajo aumento, están asociadas a patógenos específicos o ambas cosas. **Materiales y métodos.** Se seleccionaron 120 muestras de esputo de categorías 4 y 5 provenientes de pacientes con neumonía adquirida en la comunidad. De acuerdo con el agente causante, se establecieron cuatro grupos: bacterias piógenas; agentes atípicos (virus o bacterias atípicas); mixta (piógenos más atípicos); y sin germen. Se estimó la diferencia de proporciones entre los grupos de acuerdo con el número de leucocitos (más de 25 y ≤ 25 por campo de bajo aumento), utilizando la prueba de ji al cuadrado de independencia y un nivel de significación de 5%. **Resultados.** El estudio microbiológico del esputo sugirió el germen responsable en 38/120 (31,7%) muestras estudiadas (30/87 con más de 25 leucocitos por campo de bajo aumento versus 8/33 con ≤ 25 , $p=0,28$). Utilizando también pruebas serológicas y antígenos microbianos, se pudo identificar un agente etiológico en 72% (63/87) y 70% (23/33) de estos pacientes ($p=0,7$). La proporción de muestras con ≤ 25 leucocitos por campo de bajo aumento entre los grupos de piógenos ($n=35$), atípicos ($n=29$), mixta ($n=22$) y sin germen ($n=34$), no varió significativamente: fue de 26%, 28%, 27% y 29%, respectivamente ($p=0,98$). **Conclusiones.** En pacientes con neumonía adquirida en la comunidad, no hay diferencias en la utilidad del esputo (categorías 4 y 5) al comparar las muestras que tienen más de 25 o ≤ 25 leucocitos por campo de bajo aumento.

INFECCIONES EN UCI

FO-17 Caracterización clínica y molecular de *Klebsiella pneumoniae* productoras de betalactamasas de espectro extendido en la unidad de cuidados intensivos de adultos del Hospital Universitario Hernando Moncaleano Perdomo

Sandra Milena Gualtero, Dagoberto Santofimio, Ingrid Pulido, Martha Ramírez, José Ramón Mantilla, Emilia María Valenzuela, Abner Lozano
Hospital Universitario Hernando Moncaleano Perdomo, Universidad Surcolombiana, Universidad Nacional, Neiva, Huila
dagosanto@gmail.com

Introducción y Objetivos. El objetivo fue caracterizar *Klebsiella pneumoniae* productoras de betalactamasas de espectro extendido (BLEE) en la unidad de cuidados intensivos de adultos del Hospital Universitario Hernando Moncaleano Perdomo. **Materiales y**

métodos. Se estudió una cohorte prospectiva de aislamientos de pacientes y medio ambiente en la unidad de cuidados intensivos de adultos entre febrero y octubre de 2007. Se evaluaron las características clínicas, las epidemiológicas, la genotipificación y los mecanismos de resistencia de *K. pneumoniae*. La información fue analizada en Stata®. **Resultados.** De 334 microorganismos aislados durante el periodo, *K. pneumoniae* fue el microorganismo más frecuente, con una incidencia de 24% (80 aislamientos), encontrada en 47 pacientes. El 62,5% (51/80) de los aislamientos correspondió a *K. pneumoniae* productora de BLEE. *K. pneumoniae* se asoció con 26 eventos de infección hospitalaria de unidad de cuidados intensivos y 6 de infección hospitalaria no adquiridas en la unidad de cuidados intensivos; de estos, *K. pneumoniae* productora de BLEE correspondió a 17 (65%) y 4, respectivamente. Los aislamientos restantes fueron colonizadores. Las infecciones asociadas a *K. pneumoniae* productora de BLEE fueron bacteriemia (47,62%), neumonía (19,05%) e infección urinaria (19,05%). Los pacientes con infección por *K. pneumoniae* tenían una edad promedio de 54,4 años y 76,6% fueron hombres. El diagnóstico de ingreso fue trauma o hemorragia en el sistema nervioso central (40%), sepsis abdominal (17%) e insuficiencia cardíaca congestiva (10,6%). Como antecedentes, tres presentaron diabetes, dos con cáncer y uno insuficiencia cardíaca congestiva. Diecisiete pacientes fallecieron, 23,5% de ellos asociados a infección. El 83% de los pacientes con *K. pneumoniae* productora de BLEE recibieron antibióticos previamente (cefalosporinas de tercera generación RR1,46 (1,04-2,04) En cuanto a mecanismos de resistencia, 29/51 presentaron genes *blaCTX-M-12*, encontrados en plásmidos transferibles por conjugación, y 10 presentaron genes *blaSHV*. Dos aislamientos presentaron simultáneamente genes *blaCTX-M12*, *blaSHV-12* y genes *blaKPC-2*; su perfil fenotípico fue la resistencia a múltiples medicamentos. La genotipificación mostró un comportamiento policlonal. En aislamientos del medio ambiente tomados al azar, se encontró *K. pneumoniae* productora de BLEE en una cama. **Conclusiones.** *K. pneumoniae* productora de BLEE es un microorganismo prevalente en la unidad de cuidados intensivos de adultos. Los factores predominantes relacionados fueron la antibioticoterapia previa, el perfil policlonal y el predominio del gen *CTX-M-12*, probablemente relacionado con transmisión de plásmidos de resistencia.

FO-3 Mortalidad asociada a la terapia antibiótica inicial inapropiada en pacientes con bacteriemia por *Pseudomonas aeruginosa* en la unidad de cuidados intensivos

Aura Lucía Leal, Carlos Arturo Álvarez, Jorge Alberto Cortés, Andrés Leonardo González, Ricardo Sánchez, Juan Sebastián Castillo, Giancarlo Buitrago, Liliana Isabel Barrero, Daibeth Henríquez, Jaime Saravia
Universidad Nacional, Secretaría Distrital de Salud, Asociación Nacional de Infectología Capítulo Central, Grupo para el Control de la Resistencia Bacteriana de Bogotá (GREBO), Bogotá, D.C.
algonzalezr@unal.edu.co

Introducción y objetivo. *Pseudomonas aeruginosa* es el tercer Gram negativo causante de bacteriemia y se asocia con alta mortalidad. Se propone que el tratamiento antibiótico empírico apropiado es un factor de pronóstico. **Objetivo.** Cuantificar la asociación entre la terapia antibiótica inicial inapropiada y la mortalidad

intra-hospitalaria a treinta días, en pacientes con bacteriemia por *P. aeruginosa* en unidades de cuidado intensivo. **Materiales y métodos.** Se estudió una cohorte retrospectiva de pacientes mayores de dos años, con bacteriemia monomicrobiana por *P. aeruginosa*, en unidades de cuidado intensivo de 17 hospitales de Bogotá, entre 2005 y 2008. Se definió la terapia antibiótica inicial inapropiada como resistencia *in vitro* al antibiótico inicial o dosis inadecuada. El desenlace fue muerte intra-hospitalaria al día treinta a partir del hemocultivo. Se hizo análisis de supervivencia para calcular la asociación cruda y ajustada por variables de confusión. **Resultados.** Los hallazgos preliminares de 240 pacientes fueron: 63,7% de hombres, edad mediana de 50 años (rango 2 a 89), estancia hospitalaria mediana de 36 días (rango <1 a 289), mortalidad global de 50,4% y mortalidad al día treinta de 42,5%. Recibieron terapia antibiótica inicial inapropiada, 103 pacientes. La terapia antibiótica inicial inapropiada se asoció con un aumento del riesgo de falla orgánica múltiple (RR=1,69, IC95% 1,21-2,36), mortalidad atribuible (54,4 Vs. 80,4%, p=0,008) y mortalidad a treinta días (15,8 Vs. 30,1/1000 días-paciente, HR=1,81, IC95% 1,18-2,77). Tras ajustar esta última por los factores determinantes de mortalidad (edad, sexo, APACHE II, Charlson, McCabe, cirugía previa, foco, origen intra-hospitalario, infección concomitante y recaída), la relación encontrada fue mayor (HR=2,66, IC95% 1,51-4,67). **Conclusiones.** La terapia antibiótica inicial inapropiada en bacteriemias por *P. aeruginosa* es un factor independiente de mal pronóstico durante la estancia hospitalaria.

FP-1 Descripción de los casos de infección por influenza subtipo A H1N1 hospitalizados en una unidad de cuidado intensivo de Bogotá

Iván Ramiro Tenorio, Jorge Oswaldo Suárez, Aura María Calderón, Carlos Hernando Gómez, Carlos Arturo Álvarez
Hospital Universitario San Ignacio, Pontificia Universidad Javeriana, Bogotá, D.C.
carlogomez1074@gmail.com

Objetivo. El objetivo fue describir las características demográficas, las clínicas y los exámenes de laboratorio, de los pacientes con infección confirmada por influenza subtipo A H1N1, hospitalizados en una unidad de cuidados intensivos en Bogotá durante 2009. **Materiales y métodos.** Se revisaron las historias clínicas de los pacientes con criterios para caso confirmado de influenza A H1N1. Se creó una base de datos donde se registraron datos demográficos, clínicos, exámenes imaginológicos y de laboratorio, índices respiratorios, tratamiento y evolución de los pacientes. **Resultados.** Se registraron 38 casos confirmados de infección por influenza A H1N1, de los cuales ocho pacientes fueron hospitalizados en la unidad de cuidados intensivos por falla respiratoria. La incidencia fue mayor en mujeres que en hombres (6/2) y la edad promedio fue de 44,6 años.

Los síntomas más frecuentes fueron tos, fiebre y disnea. Los principales hallazgos imaginológicos fueron los infiltrados alveolares difusos y localizados. El promedio de tiempo desde la aparición de los síntomas hasta la consulta en el servicio de urgencias, fue de cuatro a cinco días. El promedio de días de estancia hospitalaria fue de 26 días, con una desviación estándar (DE) de 24,9 días, y el promedio de días de estancia en la unidad de cuidados intensivos fue de 11 días. Se presentaron dos muertes, una asociada a síndrome de dificultad respiratoria del adulto (SDRA) y otra a falla multiorgánica. **Conclusiones.** La sintomatología de los casos de influenza AH1N1 reportados es inespecífica. No existen diferencias en cuanto a las características demográficas y los resultados clínicos ya descritos en otras cohortes con una mayor prevalencia de pacientes adultos y de sexo femenino.

FP-11 Epidemiología, características clínicas y mortalidad de candidemia en un centro cardiovascular

Adriana Paola Franco, Sandra Liliana Valderrama, Claudia Marcela Poveda, Ricardo Buitrago, Claudia Marcela Poveda, Johanna Osorio, Ángela María Novoa, Jackelin Perea, Martha Janeth Neira
Fundación Abood Shaio, Bogotá, D.C.
apfr2691@gmail.com

Introducción y Objetivos. La candidiasis es una infección prevalente en la unidad de cuidados intensivos y está asociada a mortalidad elevada (40%). El objetivo de este trabajo fue conocer la epidemiología, los factores de riesgo y la mortalidad de la candidemia en un centro cardiovascular. **Materiales y métodos.** Es un estudio descriptivo de tipo serie de casos, de pacientes con candidemia hospitalizados en la clínica Shaio, de enero del 2007 a diciembre del 2009. **Resultados.** Se analizaron 31 pacientes (55% eran hombres), con 70 años de mediana de edad. En el 2009 se duplicaron los casos encontrados de candidemia con respecto a los años previos. Los factores de riesgo más relevantes fueron: uso de antibióticos de amplio espectro (90%), antecedente quirúrgico (96,7%), cirugía abdominal (45%) y uso de azoles previamente (3,78%). La principal especie de *Candida* aislada fue *C. albicans* (58%), seguida de *C. tropicalis* (12,9%). Todos los pacientes estuvieron en cuidado intensivo, con una estancia de 21 días en promedio; la mortalidad atribuible a *Candida* fue de 48,3%. Con mayor frecuencia, los pacientes que fallecieron se encontraban en hemodiálisis (46,6% Vs. 28,5%) y tenían estancias prolongadas en la unidad de cuidados intensivos (26,4 Vs. 15,4 días). **Conclusiones.** En este grupo de pacientes, *C. albicans* es la especie más frecuentemente relacionada con candidemia. Los factores de riesgo más prevalentes fueron el uso de antibióticos de amplio espectro y el antecedente quirúrgico. La elevada mortalidad coincide con lo reportada en la literatura.